



Offre de thèse

Intitulé

Biodiversité actuelle et historique des girafes. Apport des nouvelles technologies de séquençage.

Organisme finançant la thèse

Labex « Diversités biologiques et culturelles : origines, évolution, interactions, devenir » (BCDiv ; MNHN-CNRS-UPMC-IRD-EPHE).

Unités d'accueil

Le doctorant sera basé au Muséum national d'Histoire naturelle, où il travaillera en étroite collaboration avec l'équipe « Phylogénomique et Anatomie Comparée » de l'Institut de Systématique, Evolution, Biodiversité (ISYEB - UMR 7205 MNHN CNRS UPMC EPHE) et le Centre d'Ecologie et de Sciences de la CONservation (UMR 7204 CESCO).

Descriptif du projet de recherche

Contexte

Toutes les girafes sont actuellement rangées dans l'espèce *Giraffa camelopardalis*. Sur la base de caractères phénotypiques et de la répartition géographique des populations, la plupart des classifications récentes reconnaissent neuf sous-espèces, dont les effectifs ont fortement diminué au cours du XXe siècle. La sous-espèce type, *G.c.camelopardalis*, a probablement disparu de sa région d'origine (Éthiopie et Soudan), mais certains auteurs suggèrent que la sous-espèce *G.c.rotschildi*, présente en Ouganda et au Kenya, devrait être traitée comme son synonyme. D'autres sous-espèces subsistent à de très faibles effectifs, notamment *G.c.peralta* au Niger (environ 200 individus), dont la distribution au début du XXe siècle recouvrait encore toutes les zones de savane arborée d'Afrique de l'Ouest (de l'est du Niger jusqu'au Sénégal et la Gambie, en passant par le Nigeria, le Mali et la Mauritanie).

Les précédentes études moléculaires ont montré une forte structuration géographique des haplotypes mitochondriaux et une importante divergence entre les girafes du Nord et deux groupes localisés plus au Sud. Des données microsatellites ont suggéré que la plupart des sous-espèces pouvaient être élevées au rang d'espèce. Deux raisons empêchent cependant de faire aboutir d'éventuelles conclusions taxonomiques : (1) l'absence d'information sur certaines populations

éteintes, et en particulier celles de la sous-espèce type *G.c.camelopardalis* ; et (2) l'existence de plusieurs zones d'hybridation entre sous-espèces, comme au Kenya entre *G.c.reticulata* et *G.c.tippelskirchi*, suggérant que des flux de gènes ont pu avoir lieu entre des populations divergentes.

Objectifs

Le projet de thèse vise à élucider la systématique et l'évolution des girafes par une approche moléculaire. Plusieurs populations éteintes, et en particulier des représentants de la sous-espèce type *G.c.camelopardalis*, seront intégrées dans les analyses grâce aux techniques de l'ADN ancien. Notre échantillonnage inclut plusieurs spécimens d'intérêt historique, tels que la célèbre Zarafa, la première girafe amenée vivante sur le territoire français en 1826. L'étude de spécimens fossiles de l'Holocène et du Pléistocène supérieur est aussi envisagée. Les nouvelles technologies de séquençage haut débit seront utilisées afin de produire un grand nombre de marqueurs moléculaires, y compris sur des extraits d'ADN dégradé obtenus à partir d'os, de dent ou de fèces.

L'analyse des données permettra de tester l'existence de flux de gènes anciens ou récents entre des populations aujourd'hui isolées et de mieux comprendre la phylogéographie des girafes, notamment le rôle évolutif de certaines barrières biogéographiques, comme le Nil, le Sahara ou le lac Méga-Tchad. A l'issue de cette étude, nous espérons fournir des arguments robustes et fiables pour proposer d'éventuels changements taxonomiques. A terme, nos résultats pourraient avoir d'importantes répercussions sur les mesures de conservation des populations sauvages et sur la gestion des populations maintenues en captivité dans les zoos.

Début : 01/11/2015

Durée : 3 ans

Compétences requises

Master 2 en Biologie évolutive. Le candidat doit maîtriser les concepts et méthodes de génétique des populations, de phylogénie moléculaire et de biogéographie. Une expérience en séquençage NGS, depuis la préparation des banques d'ADN jusqu'à l'analyse bioinformatique des données, serait un avantage. Une bonne connaissance des techniques utilisées en « ADN ancien » serait aussi appréciée.

Le dossier de candidature (CV détaillé, copies des diplômes, lettre de motivation, lettre(s) de recommandation et coordonnées de deux références (nom, E-mail et téléphone) doit être adressé conjointement à Alexandre HASSANIN (hassanin@mnhn.fr) et Michel SAINT JALME (mstjalme@mnhn.fr), impérativement avant le 15 Septembre 2015.