

Phylogéographie pour des marqueurs neutres (mtDNA) et sélectionnés (CMH) du Flamant rose (*Phoenicopterus roseus*) à l'échelle de son aire de distribution.

Encadrement: Rémi WATTIER¹, Arnaud BECHET² & Frank CEZILLY¹

1. Equipe Ecologie Evolutive, UMR Biogéosciences Ub-CNRS 5561, Univ. de Bourgogne, 6 Boulevard Gabriel, 21000 DIJON
2. La Tour du Valat, Centre de recherche pour la conservation des zones humides méditerranéennes, Le Sambuc, 13200 ARLES

Contact : remi.wattier@u-bourgogne.fr, bechet@tourduvalat.org, Frank.Cezilly@u-bourgogne.fr,

Mots clés : biologie de la conservation, CMH, histoire démographique, flux géniques, métapopulation, phylogéographie, mtDNA.

Le projet de recherche

La conservation des espèces d'oiseaux d'eau coloniaux doit généralement être appréhendée dans un cadre métapopulationnel. Etablir des plans de gestion efficace nécessite notamment une bonne connaissance du niveau de diversité génétique et de sa structuration spatiale actuelle, mais également d'identifier les facteurs historiques (nombre de refuges glaciaires, goulot d'étranglement historique) susceptibles d'avoir eu un impact sur le niveau de diversité et sa structuration spatiale (Milot et al 2008).

Le Flamant rose, *Phoenicopterus roseus*, espèce emblématique de la conservation des zones humides, possède une large distribution géographique actuelle (Bassin méditerranéen, Afrique, Asie mineure et du sud ouest) mais n'exploite qu'un nombre très limité de sites pour sa reproduction (Johnson & Cézilly 2007).

Une analyse phylogéographique pour des marqueurs neutres (mtDNA, COI) entamée pour un ensemble de 11 sites (Méditerranée, Kazakhstan, Botswana) a permis de mettre en évidence : 1) une faible diversité haplotypique et nucléotidique qui peut être associée à un goulot d'étranglement historique, 2) une seule lignée haplotypique signe de l'existence probable d'un seul refuge glaciaire à l'échelle géographique étudiée et 3) une absence totale de différenciation pour les fréquences haplotypiques signe d'une forte connectivité actuelle.

L'objectif du présent stage est d'étendre cette analyse géographiquement à l'ensemble de l'aire de distribution de l'espèce (Iran, Tanzanie, Madagascar, Inde). De plus, parallèlement au marqueur mitochondrial neutre une portion de deux gènes potentiellement sélectionnés codant pour le Complexe Majeur d'Histocompatibilité (CMH) sera analysée. La sélection potentiellement forte et variable dans l'espace sur le CMH pourrait induire une diversité plus grande par rapport aux marqueurs neutres de même qu'une structuration spatiale (Babik et al 2009, Bos et al 2008).

Bibliographie

- Babik W, Pabijan M, Arntzen JW, et al 2009 Long-term survival of a urodele amphibian despite depleted major histocompatibility complex variation *Molecular Ecology*. 18: 769-781
- Bos, DH; Gopurenko, D; Williams, RN, et al. 2008 Inferring population history and demography using microsatellites, mitochondrial DNA, and major histocompatibility complex (MHC) genes. *Evolution* 62: 1458-1468.
- Johnson, A.R. & Cézilly, F. 2007. *The Greater Flamingo*. Poyser, Londres.
- Milot E, Weimerskirch H & Bernatchez L 2008. The seabird paradox: dispersal, genetic structure and population dynamics in a highly mobile, but philopatric albatross species. *Molecular Ecology*. 17: 1658-1673.