

## Thèse en Écologie Évolutive 2025-2028

# Démogénétique prédictive des dynamiques écologiques et évolutives de populations dulçaquicoles et côtières invasives

### Description de l'unité et de l'équipe d'accueil :

L'UMR DECOD (Dynamique et durabilité des écosystèmes : de la source à l'océan) rassemble plus d'une centaine de chercheurs, ingénieurs et techniciens de laboratoires situés à Brest (IFREMER), Lorient (IFREMER), Nantes (IFREMER) et Rennes (INRAE et L'INSTITUT AGRO). Elle a pour ambition de contribuer à produire des connaissances pour anticiper les changements liés aux différentes pressions exercées par les activités humaines sur la biodiversité liée aux réseaux aquatiques continentaux et aux biomes côtiers et marins. Les résultats de ces recherches sont utilisés pour développer des outils et des méthodes d'évaluation de l'état des écosystèmes et des ressources exploitées, et donc d'aide à la décision pour la gestion. La thèse se déroulera sur le site INRAE Rennes de l'UMR.

### Missions et activités confiées :

#### **Contexte**

Les invasions biologiques sont des opportunités uniques pour étudier les processus d'évolution rapide face à des changements environnementaux soudains. Elles peuvent profondément perturber les écosystèmes, affectant chaînes alimentaires, fonctions écologiques et activités humaines. Ces espèces sont souvent surveillées par les gestionnaires et scientifiques, qui collectent des données sur leur biologie, diversité génétique et abondance. C'est notamment le cas des écrevisses invasives, des jussies, de certaines algues dulçaquicoles et côtières, des champignons pathogènes ou encore des truites introduites à Kerguelen. Ces suivis visent à comprendre les facteurs favorisant l'apparition, le maintien ou la disparition de ces populations invasives. Ils permettent par ailleurs de fournir des leviers d'action aux gestionnaires d'espaces naturels et d'éclairer les politiques publiques.

La démogénétique est un outil de choix dans ce contexte. Elle combine démographie et génétique du paysage pour modéliser et prédire les trajectoires des populations dans le temps et l'espace. Elle surmonte les limites des modèles de génétique des populations traditionnels face à des changements rapides de composition génétique et de fortes variations démographiques dans le temps et l'espace. Elle permet de suivre l'évolution des génotypes, des phénotypes et des dynamiques démographiques, en lien avec les données environnementales. Au-delà des invasions, la démogénétique éclaire les mécanismes d'adaptation rapide des populations. En permettant formellement d'exploiter les séries temporelles de suivis de populations, elle a pour but d'affiner les prédictions, de contribuer aux connaissances des processus évolutifs et écologiques impactant une ou quelques populations cibles, et d'améliorer la planification et la gestion écologique. La démogénétique présente l'intérêt de combler les écarts entre les différents objectifs du suivi de populations (e.g., comprendre les dynamiques écologiques et évolutives en cours, évaluer les stratégies de gestion, identifier les réponses biologiques des populations face aux nouvelles contraintes environnementales) et d'agréger les différentes questions dans un cadre commun adapté aux objectifs de suivi, à leurs échelles (populations contemporaines) et aux spécificités de leurs spatialités.

Dans ce contexte, notre équipe a développé un modèle mathématique formel de démogénétique spatiale sous forme de chaîne de Markov et d'équations différentielles stochastiques, dont le calcul numérique est optimisé dans des algorithmes parallélisés (approche simplifiée exploitée déjà utilisées dans deux publications). Notre hypothèse principale est que les suivis de populations, dont une partie est génotypée, fournissent plus qu'une succession d'états mais bien des séries spatio-temporelles dont on peut tirer des inférences de vitesse et de direction (dynamiques) des processus biologiques, démographiques et écologiques en cours. En ce qui concerne les dynamiques de diversité génétique dans les populations changeant d'aires de répartition, notre hypothèse de travail est que ces populations se différencient des natives par les effets synergiques ou antagonistes de fondations répétées, des

démographies locales, des flux migratoires et de la variabilité des succès reproducteurs locaux, en particuliers lors des premières phases de colonisation. On s'attend donc à observer et quantifier les probabilités d'apparition de divergences locales fortes, de quantifier leurs vitesses d'apparition puis de disparition, et potentiellement de rétropropagation aux populations spatiales attenantes en fonction des effets qualitatifs et quantitatifs conjoints des trois processus listés au-dessus.

### **Objectifs de la thèse**

L'objectif de la thèse consistera à i) étudier les forces et limites méthodologiques de la démogénétique, en comparaison avec les méthodes classiques de génétique et de biologie des populations, pour proposer des recommandations méthodologiques claires en matière d'analyse de suivi de populations, à ii) utiliser ce paradigme pour mieux comprendre comment les effets répétés de fondation, les démographies complexes de fronts d'invasions et la variabilité aléatoire des succès reproducteurs peuvent expliquer l'émergence et le maintien de spécificités biologiques propres aux populations en périphérie d'aires de répartition, et enfin, à iii) appliquer ces approches analytiques sur des suivis de populations réelles pour inférer quantitativement les processus en cours dans ces populations et faire la démonstration appliquée des apports de la démogénétique à la compréhension des dynamiques de populations contemporaines.

Le/la candidat.e utilisera pour ce faire le modèle mathématique décrit plus haut, un simulateur et les outils d'analyse de séries (spatio)temporelles que nous avons couplés au modèle, ainsi que plusieurs jeux de données d'espèces eucaryotes ayant fait l'objet d'un suivi pour avancer sur ces trois objectifs.

### **Question de recherche proposée au candidat**

La thèse s'intéressera sur un plan méthodologique à identifier la capacité des suivis spatio-temporels de populations à permettre l'inférence conjointe des caractéristiques démographiques (taux de croissance, capacité de charge locale), de propagation de l'espèce (vitesse, direction), biologiques (mode de reproduction, importance relative des différentes étapes du cycle de vie) et de résistivité/perméabilité des différents habitats et de lignées adaptées localement (i.e., dont l'ancestralité augmente plus rapidement ou se maintient localement plus qu'attendu sous les seules forces démographiques, de propagation et de fondation). Sur un plan scientifique, la thèse s'intéressera à qualifier et quantifier les conditions spatio-temporelles, biologiques et démographiques qui favorisent l'émergence de spécificités locales (variants génétiques peu probables hors invasion ; structuration, divergence voire spéciation péripatrique) et, à l'inverse, les conditions qui favorisent le maintien d'une cohérence génétique entre populations natives et invasives.

### **Moyens disponibles et collaborations**

Le doctorant disposera à son arrivée d'un modèle spatio-temporel discret formalisé sous la forme de chaîne de Markov et de scripts de calculs numériques optimisés. Il/Elle disposera des moyens de calculs numériques intensifs locaux et dédiés, d'une licence du langage mathématique formel Mathematica en complément de Sympy, et des réseaux d'interactions avec les producteurs de données de terrains. Le doctorant aura accès à plusieurs jeux de données déjà disponibles pour tester les modèles et méthodes développés : les séries temporelles de données d'abondance et de génotypage i) de jussies dans le bassin de la Loire (responsable D. Barloy et S. Stoeckel ; suivi 2018-2024) ; ii) d'écrevisses invasives dans les marais de la Brière (resp. E. Petit et J.-M. Paillisson ; suivi 2014-2023), iii) d'épidémies de rouille du peuplier à l'échelle de la France et de la vallée de la Durance (resp. F. Halkett, 2004-2020) ; iv) de truites invasives dans les îles Kerguelen (resp. S. Muratorio et J. Labonne ; 1954-2024) et v) d'algues dulçaquicoles (*Batrachospermum*) et côtières (*Chondria* & *Gracilaria*) aux USA (resp. S. Krueger-Hadfield, 2018-2024). Via un comité de thèse actif dans les questionnements abordés par la thèse, le doctorant ou la doctorante pourra interagir avec des mathématicien.ne.s en probabilité et processus stochastiques, et avec des collègues américaines impliquées dans le consortium Clonix2D (Université du Kansas et VIMS Norfolk).

## **FORMATIONS ET COMPÉTENCES ATTENDUES**

### **Formation recommandée :**

- Master ou formation équivalente en Évolution, Écologie, Sciences de l'environnement, Probabilités et Processus stochastiques appliquées à l'écologie des populations.

### **Connaissances souhaitées :**

- Connaissances solides théoriques et/ou appliquées en Génétique des populations, Évolution et Écologie des populations, Génétique du paysage.
- Maîtrise d'au moins un langage efficient en calcul numérique (Python, C/C++, Fortran, Julia, ...).

- Des bases en probabilité et modèles mathématiques déterministes (EDO, EDP), stochastiques (Chaîne de Markov, EDS), modèles de Monte-Carlo individu-centrés.
- Maîtrise des logiciels d'analyse de données (Python, R, ...) et de représentation graphique des données (matplotlib, seaborn, ggplot, ...).
- Maîtrise de la langue anglaise écrite et parlée pour les sciences.
- Des bases ou la volonté de maîtriser rapidement l'analyse de séries spatio-temporelles.
- Des bases ou la volonté de maîtriser rapidement un langage de calcul mathématique symbolique (SymPy, Mathematica, Maple, ...).

### **Aptitudes recherchées :**

- Curiosité et rigueur scientifique
- Enthousiasme et dynamisme
- Sens de l'organisation
- Rédaction scientifique, communication orale et écrite
- Gout pour la démarche scientifique
- Gout pour l'analyse de données, la modélisation et l'évolution

### ↘ Modalités d'accueil

Unité d'affectation : UMR DECOD, Dynamique et Durabilité des Écosystèmes, INRAE, Institut Agro, Ifremer (<https://www.umr-decod.fr/fr>)

Adresse du lieu d'exercice : UMR DECOD, 65 rue de Saint Briec, 35042 Rennes

Centre INRAE de rattachement : Bretagne-Normandie

Type de contrat : thèse

Durée du contrat : 3 ans

Date d'entrée en fonction : Novembre 2025

Salaire : ~ 2300€ brut / mois

### ↘ Modalités pour postuler

Pièces du dossier à transmettre :

- Lettre de motivation
- *Curriculum Vitae*
- 2 contacts d'encadrants passés

Coordonnées e-mail des personnes à qui transmettre le dossier :

**Solenn Stoeckel**, [solenn.stoeckel@inrae.fr](mailto:solenn.stoeckel@inrae.fr), UMR DECOD, Rennes.

**Éric Petit**, [eric.petit@inrae.fr](mailto:eric.petit@inrae.fr), UMR DECOD, Rennes

**Date limite pour postuler : 15 Juin 2025. Pour les dossiers retenus, des entretiens oraux auront lieu fin Juin/début juillet. La délibération est prévue mi-Juillet.**