

Offre de Post-doctorat MNHN

**Génomique des populations du rat brun (*Rattus norvegicus*) à Paris:
Histoire démographique et adaptation locale**



Chercheurs encadrant le projet et localisation : **Stefano MONA** (Equipe « Biologie intégrative des populations, Evolution moléculaire ») et **Bertrand BED'HOM** (Equipe « Systématique, Phylogéographie, Évolution, Conservation ») de l'UMR7205 ISYEB, Muséum National d'Histoire Naturelle – Paris, France.

Durée et salaire : Contrat à durée déterminée d'une durée de 24 mois à partir du **1er septembre 2021**. Salaire à partir de 2300€ net.

Modalités de candidature : Les dossiers de candidatures en français ou en anglais comportant un CV détaillé avec liste des publications, une lettre de motivation et les noms et coordonnées (email et téléphone) de deux personnes de référence qui pourront être contactées le cas échéant sont à envoyer avant le **30 avril 2021** aux adresses : mona@mnhn.fr et bertrand.bedhom@mnhn.fr

Contexte: Le rat brun (*Rattus norvegicus*) est un rongeur synanthrope géographiquement répandu, qui atteint de fortes densités de population dans les zones urbaines où les ressources alimentaires et les abris sont abondants (Kajdacsi *et al.*, 2013 ; Feng *et al.*, 2014). Les rats bruns et les humains vivent ensemble dans les villes européennes depuis les années 1500 (Puckett *et al.*, 2016). Aujourd'hui, le rat brun fait toujours partie des écosystèmes urbains modernes, mais la croissance actuelle des populations de rats de ville présente un risque pour la santé publique en raison des zoonoses qu'ils peuvent transmettre (Himsworth *et al.*, 2013 ; Kosoy *et al.*, 2015). Ces dernières années, le rat brun a particulièrement attiré l'attention à Paris, ce qui a conduit à des opinions contradictoires entre les protecteurs de la faune urbaine et les gestionnaires de la santé publique (Pimentel *et al.*, 2005 ; Almeida *et al.*, 2013 ; Byers *et al.*, 2019). Il est surprenant de constater qu'il existe peu de données contemporaines sur les populations de rats en milieu urbain ou sur les maladies associées aux rats (Guenther *et al.*, 2012 ; Desvars-Larrive *et al.*, 2019), et aucune pour Paris. Ce manque de connaissances empêche les scientifiques et les gestionnaires des villes d'évaluer les risques de santé publique associés aux rats et de développer ensuite des stratégies pour surveiller et atténuer ces risques. Il est donc crucial de mener des études approfondies pour mieux comprendre la biologie des populations et l'écologie des maladies des rats parisiens.

Objectif: L'objectif principal du (de la) post-doctorant(e) engagé(e) sera de reconstruire l'histoire démographique des rats parisiens et leur dynamique de dispersion dans la ville en utilisant la théorie de la génétique des populations à partir de données de génome entier. Il (elle) détectera également la signature de l'adaptation locale afin de déterminer les conséquences du processus d'urbanisation sur la variabilité génétique des rats.

Moyens mis à disposition et analyses attendues: Le poste est financé par le projet ANR ARMAGUEDON (coordonné par Aude Lalis, ISYEB). Le séquençage du génome entier (WGS) d'un échantillon d'environ 20 rats parisiens sera déjà disponible en début de post-doctorat pour commencer à étudier les questions clés concernant la démographie et l'adaptation. Sur la base des premiers résultats, d'autres analyses moléculaires seront effectuées en ciblant un panel restreint de loci (en utilisant des approches de capture) dans un échantillon plus grand de rats. Le (la) post-doctorant(e) devra effectuer les analyses suivantes : i) filtrage et alignement des données brutes *fastq* issues du premier séquençage WGS. ii) analyse de la structure de la population à petite échelle pour détecter les barrières ou les corridors du flux génétique à Paris ; iii) application de la théorie de la coalescence pour reconstruire la variation de la taille efficace de la population au fil du temps ; iv) analyses d'homozygotie et utilisation de méthodes basées sur la distorsion du spectre de fréquence pour détecter les régions soumises à différentes pressions sélectives. Dans la deuxième partie du projet, le (la) post-doctorant(e) devra déterminer les séquences d'oligonucléotides qui seront utilisés pour capturer les séquences des loci d'intérêt précédemment détectés afin d'étendre à un plus grand nombre d'individus les analyses de structure fine et de mieux détailler l'histoire sélective de régions génomiques spécifiques.

Profil de candidat recherché: Le (la) post-doctorant(e) sera expert(e) en analyse de données WGS : bioinformatique en amont et génétique des populations en aval. Il est donc nécessaire de maîtriser la réalisation de scripts shell pour travailler sur des clusters UNIX/LINUX et de connaître au moins un langage de programmation (R, python, perl, C++...). Faisant partie d'une grande équipe avec des compétences différentes, le (la) post-doctorant(e) devra être indépendant(e), autonome et disposé(e) à travailler en groupe.

Bibliographie: Feng, A.Y. *et al.* 2014. *Urban Ecosystems* 17:149-62 ; Kajdacs, B. *et al.* 2013. *Mol.Ecol.* 22:5056-70 ; Puckett, E. E. *et al.* 2016. *Proc.Royal.Soc.B.* 283:1762 ; Himsforth, C. G. *et al.* 2013. *Vector-Borne. Zoonot.* 13:349-59 ; Kosoy, M. *et al.* 2015. *Vector-Borne. Zoonot.* 15(1):3-12 ; Pimentel, D. *et al.* 2005. *Ecological Economics* 52:273-88 ; Almeida, A. *et al.* 2013. *Suburban Sustainability* 1:1-11 ; Byers, K. A. *et al.* 2019. *BMC Public Health* 19(1):853 ; Guenther, S. *et al.* 2012. *PLoS One* 7(11):e50331 ; Desvars-Larrive, A. *et al.* 2019. *Euro Surveill.* 24(32):e1900149.