

## **Titre : Contribution à l'étude de la relation entre diversité spécifique et diversité génétique dans les métacommunautés forestières**

**Contexte - Le stage proposé vient en appui d'une étude menée dans le cadre d'un stage de master 2, stage qui lui-même s'inscrit dans un projet de recherche portant sur la fragmentation des habitats forestiers et les menaces qui pèsent sur la biodiversité.** Ce projet vise à explorer la relation qui existe entre perte d'habitat, réduction de la taille des populations, perturbations génétiques (échanges et diversité) et diversité spécifique. Alors qu'un nombre croissant d'études montrent une corrélation (C) positive entre diversités (D) spécifique (S) *versus* génétique (G) (SGDC), peu nombreuses sont celles qui révèlent aucune corrélation voire une relation négative entre les deux diversités. Diverses hypothèses ont ainsi été avancées pour expliquer ces résultats contradictoires, impliquant en outre des différences de cycle de vie des organismes, des effets confondants des perturbations de l'habitat, des biais d'échantillonnage, etc.

A partir d'une approche multi-espèces, le projet vise à (i) explorer les rôles respectifs de la métacommunauté forestière et des caractéristiques de la matrice paysagère sur la relation SGDC, (ii) comprendre et expliquer les relations divergentes qui existent entre les deux composantes de la diversité.

Le protocole de cette étude a été conçu pour permettre d'évaluer l'impact de plusieurs déterminants (temps, latitude, fragmentation et perméabilité des matrices paysagères) sur les réponses SGDC. Ainsi, 3 fenêtres paysagères contrastées (bocage, *openfield*, grande forêt non fragmentée) ont été échantillonnées dans 8 régions européennes situées le long d'un gradient latitudinal dans le but :

- i. d'inventorier les espèces de plantes vasculaires pour l'estimation de la diversité spécifique (SD) ;
- ii. de géotyper (à l'aide de marqueurs moléculaires microsatellites) les individus de deux espèces de plantes, *Geum urbanum* (la benoîte commune) et *Oxalis acetosella* (l'oseille des bois), collectés dans 15 fragments forestiers de chacune des trois fenêtres paysagères, et ceci pour en mesurer la diversité génétique (GD).

### **Méthodologie :**

- Matériel biologique : feuilles séchées de *G. urbanum* *versus* *O. acetosella*
- Protocole moléculaire : extraction d'ADN génomique, amplification par PCR de loci microsatellites.

### **Compétences attendues :**

- Profil niveau L2, BTS, DUT, L3.
- Etudiant motivé et rigoureux, présentant un intérêt pour la biologie moléculaire.

**Unité d'accueil (lieu du stage) :** EDYSAN UMR 7058 CNRS – UPJV (<https://www.u-picardie.fr/edysan/>), 33 rue St Leu, 80000 Amiens

**Durée et date de stage :** 8 semaines maximum (date de début « flexible », fin janvier 2021 souhaité).

**Encadrant :** Annie Guiller (PR)

Les candidats doivent envoyer un CV et une lettre de motivation à **Annie GUILLER** ([annie.guiller@u-picardie.fr](mailto:annie.guiller@u-picardie.fr))