
Post-doctorat - 24 mois - 2026-2027

Modélisation couplée de la structure génétique des populations et de la dynamique de métacommunautés au sein de réseaux d'habitats

Thématique	Post-doctorat en modélisation et écologie spatiale
Localisation	Laboratoire ThéMA, Besançon
Durée	24 mois
Date limite de candidature	16 novembre 2025
Date de démarrage	Début 2026
Contact	paul.savary@umlp.fr

[English version follows]

Contexte scientifique

Les écologues ont fait des progrès considérables dans la compréhension des processus éco-évolutifs à l'origine des patrons de biodiversité observés dans des paysages parfois fortement anthropisés. Les travaux de génétique du paysage ont mis en lumière la façon dont la structure du paysage et les réseaux d'habitats affectent les processus évolutifs qui façonnent la structure génétique des populations (flux et dérive génétiques en particulier). De même, la théorie des métacommunautés a rassemblé en un même ensemble conceptuel la façon dont les filtrages environnementaux, les interactions biotiques et la dispersion des espèces structurent la diversité spécifique à échelle paysagère. Les connaissances apportées par ces travaux peuvent guider la conservation de populations diversifiées génétiquement et de communautés riches en espèces.

Néanmoins, cette mise en application a plusieurs limites. Premièrement, il existe encore assez peu de travaux sur les relations entre diversité génétique des populations et diversité spécifique des communautés. Sans compréhension précise des facteurs de la corrélation entre ces deux niveaux de diversité, une mesure visant à favoriser la diversité spécifique pourrait limiter la diversité génétique des populations d'une espèce, et inversement. Par ailleurs, quand bien même les facteurs de ces corrélations seraient identifiés, il resterait à identifier les contextes paysagers dans lesquels de telles corrélations peuvent émerger. La compréhension de ces mécanismes est cruciale pour le succès des stratégies de conservation, en particulier dans des milieux exposés aux pressions anthropiques, aux paysages fortement diversifiés et dont les réseaux d'habitats sont contraints par des infrastructures humaines (par exemple, les milieux péri-urbains).

Pour éclairer ces relations, ce projet vise à modéliser de façon couplée la structure génétique des populations de plusieurs espèces soumises à une dynamique de métacommunauté, c'est-à-dire dont la démographie et la distribution spatiale dépendent des filtrages environnementaux, des interactions compétitives et de la dispersion des individus. La simulation de telles dynamiques au sein de paysages hétérogènes réalistes (issus de bases de données d'occupation du sol) s'appuiera sur les précédents travaux de l'équipe sur la connectivité des réseaux d'habitat et leur influence sur les dynamiques

éco-évolutives. Elle permettra d'identifier les contextes paysagers donnant lieu à certains patrons de diversité particuliers, dans lesquels diversités génétique et spécifique sont corrélées positivement, négativement, ou indépendantes. Les prédictions qu'il permettra de formuler pourront par la suite être testées empiriquement. Un tel outil de simulation couplée trouverait de multiples autres applications dans les champs concernés.

Objectifs du projet

Le projet poursuit les objectifs suivants :

- Développement et mise en application de simulations démo-génétiques considérant à la fois la génétique des populations et la dynamique des métacommunautés dans lesquelles elles s'intègrent
- Analyses mettant en évidence les relations potentielles entre patrons de diversité génétique et spécifique en fonction de l'importance relative des processus éco-évolutifs
- Mise en évidence des contextes paysagers (composition du paysage, structure des réseaux d'habitats occupés par les populations/communautés) donnant lieu à certains patrons caractéristiques. Une attention particulière sera accordée aux paysages urbains et péri-urbains
- Synthèse des principaux résultats et formulation d'hypothèses à tester empiriquement sur cette base
- Si le temps le permet, confrontation des patrons simulés à des données empiriques

Le déroulement exact du projet pourra être ajusté en fonction des compétences et intérêts de la personne recrutée.

Profil recherché

La personne recrutée devra :

- Être titulaire d'un doctorat en écologie et biologie des populations, idéalement spécialisé en écologie des communautés, écologie du paysage, écologie urbaine, génétique des populations ou génétique du paysage
- Avoir des compétences en géomatique et programmation (QGIS, R et facultativement : PostGIS, Julia, Git, utilisation de clusters de calcul)
- Être familière avec la rédaction scientifique en anglais
- Être motivée par les échanges scientifiques avec les membres du collectif de recherche

Accompagnement scientifique et moyens mis à disposition

Le projet scientifique sera mené au sein du laboratoire ThéMA en étroite collaboration avec Paul Savary (enseignant-chercheur en écologie et modélisation spatiale, UMLP). Des interactions sont prévues avec l'ensemble de l'équipe de recherche rassemblée autour du logiciel Graphab, et en particulier avec Jean-Christophe Foltête (professeur de géographie, UMLP) et Gilles Vuidel (ingénieur de recherche, CNRS). Des collaborations externes sont également envisagées.

Le projet devra permettre à la personne recrutée de faire preuve d'autonomie scientifique, de proposer de nouvelles idées et de communiquer autour de son travail. Un budget sera prévu pour ses déplacements et de potentielles collaborations. Elle aura également accès au cluster de calcul de l'Université Marie et Louis Pasteur.

Période et lieu de travail

- **Période** : pour une durée de 24 mois à partir du début de l'année 2026 (date de prise de poste flexible)
- **Lieu de travail** : au sein du laboratoire ThéMA (UMR 6049 CNRS-UMLP, 32 rue Mégevand, 25000 Besançon), au cœur du centre ville de Besançon. Télétravail partiel possible, selon modalités à établir avec l'équipe de recherche.
- **Salaire brut** : entre 2800 et 3000 euros/mois selon expérience

Candidatures

Les candidatures (CV, lettre de motivation) et toute demande d'informations supplémentaires sont à adresser par email avant le 16 novembre à : paul.savary@umlp.fr. La lettre de motivation devra décrire de façon qualitative 3 expériences de recherche, de préférence liées à la thématique, et non nécessairement associées à une publication.

Références

Précédents travaux de l'équipe de recherche en lien avec le projet

Savary, P., Tannier, C., Foltête, J.-C., Bourgeois, M., Vuidel, G., Khimoun, A., Moal, H., & Garnier, S. (2024). How does dispersal shape the genetic patterns of animal populations in European cities? A simulation approach. *Peer Community Journal*, 4. <https://doi.org/10.24072/pcjournal.407>

Savary, P., Lessard, J.-P., & Peres-Neto, P. R. (2024). Heterogeneous dispersal networks to improve biodiversity science. *Trends in Ecology & Evolution*, 39(3), 229-238. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2023.10.002>

Savary, P. (2025). Spatial networks of habitats, populations, and communities : Connecting approaches to keep cutting edges. Preprint. Disponible en ligne : <https://ecoevorxiv.org/repository/view/10312/>

Khattar, G., Savary, P., & Peres-Neto, P. R. (2024). The biotic and abiotic contexts of ecological selection mediate the dominance of distinct dispersal strategies in competitive metacommunities. *Philosophical Transactions of the Royal Society B : Biological Sciences*, 379(1907), 20230132. <https://doi.org/10.1098/rstb.2023.0132>

Références clés pour le projet

Fahrig, L., Watling, J. I., Arnillas, C. A., Arroyo-Rodríguez, V., Jörger-Hickfang, T., Müller, J., Pereira, H. M., Riva, F., Rösch, V., Seibold, S., Tschardtke, T., & May, F. (2022). Resolving the SLOSS dilemma for biodiversity conservation : A research agenda. *Biological Reviews*, 97(1), 99-114. <https://doi.org/10.1111/brev.12792>

Laroche, F., Jarne, P., Lamy, T., David, P., & Massol, F. (2015). A Neutral Theory for Interpreting Correlations between Species and Genetic Diversity in Communities. *The American Naturalist*, 185(1), 59-59. <https://doi.org/10.1086/678990>

Lokatis, S., Jeschke, J. M., Bernard-Verdier, M., Buchholz, S., Grossart, H.-P., Havemann, F., Hölker, F., Itescu, Y., Kowarik, I., Kramer-Schadt, S., Mietchen, D., Musseau, C. L., Planillo, A., Schittko, C., Straka, T. M., & Heger, T. (2023). Hypotheses in urban ecology : Building a common knowledge base. *Biological Reviews*, 98(5), 1530-1547. <https://doi.org/10.1111/brev.12964>

Martin, C. A., Proulx, R., Vellend, M., & Fahrig, L. (2021). How the relationship between vegetation cover and land-cover variance constrains biodiversity in a human dominated world. *Landscape Ecology*, 36(11), 3097-3104. <https://doi.org/10.1007/s10980-021-01312-9>

Overcast, I., Calderon-Sanou, I., Creer, S., Dominguez-Garcia, V., Hagen, O., Hickerson, M., Jörger-Hickfang, T., Krehenwinkel, H., Lennon, J. T., Méndez, L., Méndez, M., Onstein, R., Pereira, H. M., Qin, C., Yu, D. W., Zurell, D., & Gillespie, R. G. (2025). The Community Genetic Distribution (CGD) : A unifying measure for monitoring biodiversity change. Preprint. Disponible en ligne : <https://ecoevorxiv.org/repository/view/9169/>

Overcast, I., Noguerales, V., Meramveliotakis, E., Andújar, C., Arribas, P., Creed, T. J., Emerson, B. C., Vogler, A. P., Papadopoulou, A., & Morlon, H. (2023). Inferring the ecological and evolutionary determinants of community genetic diversity. *Molecular Ecology*, 32(23), 6093-6109. <https://doi.org/10.1111/mec.16958>

Vellend, M. (2005). Species Diversity and Genetic Diversity : Parallel Processes and Correlated Patterns. *The American Naturalist*, 166(2), 199-215. <https://doi.org/10.1086/431318>

Vellend, M., & Geber, M. A. (2005). Connections between species diversity and genetic diversity. *Ecology Letters*, 8(7), 767-781. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2005.00775.x>

Youngsteadt, E., Terando, A., Costanza, J., & Vukomanovic, J. (2023). Compact or Sprawling Cities : Has the Sparing-Sharing Framework Yielded an Ecological Verdict? *Current Landscape Ecology Reports*, 8(1), 11-22. <https://doi.org/10.1007/s40823-022-00081-8>

Open post-doctoral position - 24 months - 2026-2027
**Coupled modelling of population genetic structure and
metacommunity dynamics in habitat networks**

Topic	Post-doctoral position in spatial ecology and modelling
Location	ThéMA laboratory, Besançon
Duration	24 months
Application deadline	November, 16 th , 2025
Start date	Early 2026
Contact	paul.savary@umlp.fr

Context

Ecologists have made considerable progress in understanding the eco-evolutionary processes shaping biodiversity patterns in landscapes subject to multiple human pressures. Landscape genetics has shed light on the influence of landscape structure and habitat networks on the evolutionary processes determining population genetic structure (gene flow and genetic drift in particular). Similarly, metacommunity theory now provides a unified conceptual framework integrating the role of environmental filtering, biotic interactions, and dispersal for the diversity and distribution of species at landscape scale. This knowledge can serve as a basis to guide the conservation of genetically diversified populations and species-rich communities.

However, there are some limitations to the transfer of this theoretical knowledge into conservation practice. First, the literature on the relationships between genetic diversity and species diversity is still rather limited. Without a precise understanding of the drivers of the potential correlations between these two levels of diversity, a conservation strategy targeting species diversity might limit genetic diversity in some species, and conversely. Besides, even if these relationships were better understood, we would still have to identify the real-world landscape and biotic contexts in which they are likely to emerge. Improving our understanding of these mechanisms and their determinants is therefore crucial for conservation, especially in human-shaped landscapes with a high diversity of land uses and when habitat networks are disrupted by human infrastructures (for instance, peri-urban areas).

To investigate these relationships, this project aims to model jointly the genotypes of populations from multiple species whose diversity and distribution are governed by metacommunity dynamics. To simulate these dynamics, the project will use realistic landscapes (gathered from open land cover databases) and build on previous works of the research team about the connectivity and eco-evolutionary dynamics of habitat networks. This will help identify landscape contexts in which genetic diversity and species diversity are typically correlated positively, negatively, or instead, independent. This will also generate predictions that can be later tested using empirical data. Such a simulation tool will find multiple uses in the related fields.

Objectives of the project

The project has the following objectives :

- Development and implementation of demo-genetic simulations jointly considering population genetics and metacommunity dynamics
- Analyses of the potential relationships between genetic diversity and species diversity in realistic landscapes, for different relative strengths of the eco-evolutionary processes
- Identification of landscape contexts (landscape composition, habitat network structure) in which characteristic relationships emerge. Special attention will be given to peri-urban areas, in line with other works of the research team.
- Synthesis of main findings and formulation of empirically testable hypotheses
- If time allows, comparison with empirical patterns

The project steps are flexible and will be adjusted to the profile and skills of the hired researcher.

Requirements

Candidates must have completed a PhD in ecology or population biology by January 2026, ideally specialized in community ecology, landscape ecology, urban ecology, population genetics, or landscape genetics. Solid skills in geomatics and programming (QGIS, R, optionally : PostGIS, Julia, Git, use of computation cluster) will be appreciated. The project will require a significant experience in scientific writing and an interest for scientific interactions with other members of the research team.

Working environment

The project will take place in the ThéMA laboratory (Besançon) under the supervision of Paul Savary (assistant professor in ecology and spatial modelling, Univ. Marie et Louis Pasteur). The researcher will interact with the research team working on the development of the Graphab modelling software, and in particular with Jean-Christophe Foltête (professor of geography, Univ. Marie et Louis Pasteur) and Gilles Vuidel (research engineer at CNRS).

The project should allow the hired researcher to freely develop their own ideas, engage in external collaborations if needed, and communicate about their work in scientific conferences (dedicated funding). They will have access to the computation facilities of Université Marie et Louis Pasteur.

Duration, start date, and location

- **Duration and start date** : For 24 months, starting in early 2026 (flexible start date)
- **Location** : ThéMA laboratory (UMR 6049 CNRS-UMLP, 32 rue Mégevand, 25000 Besançon) in the historic city center of Besançon. Partial remote working possible
- **Salary** : gross salary from 2,800 to 3,000 euros/month

How to apply ?

Applications (CV, cover letter) should be sent by email by November, 16th to Paul Savary : paul.savary@umlp.fr. The cover letter should qualitatively describe 3 previous research experiences, preferably related to the project, but not necessarily associated with a publication. Should you have any questions, please feel free to send them by email at the same address.

References

Previous works of the research team relevant to the project

Savary, P., Tannier, C., Foltête, J.-C., Bourgeois, M., Vuidel, G., Khimoun, A., Moal, H., & Garnier, S. (2024). How does dispersal shape the genetic patterns of animal populations in European cities? A simulation approach. *Peer Community Journal*, 4. <https://doi.org/10.24072/pcjournal.407>

Savary, P., Lessard, J.-P., & Peres-Neto, P. R. (2024). Heterogeneous dispersal networks to improve biodiversity science. *Trends in Ecology & Evolution*, 39(3), 229-238. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2023.10.002>

Savary, P. (2025). Spatial networks of habitats, populations, and communities : Connecting approaches to keep cutting edges. Preprint. Disponible en ligne : <https://ecoevortex.org/repository/view/10312/>

Khattar, G., Savary, P., & Peres-Neto, P. R. (2024). The biotic and abiotic contexts of ecological selection mediate the dominance of distinct dispersal strategies in competitive metacommunities. *Philosophical Transactions of the Royal Society B : Biological Sciences*, 379(1907), 20230132. <https://doi.org/10.1098/rstb.2023.0132>

Other key references

Fahrig, L., Watling, J. I., Arnillas, C. A., Arroyo-Rodríguez, V., Jörger-Hickfang, T., Müller, J., Pereira, H. M., Riva, F., Rösch, V., Seibold, S., Tschamtké, T., & May, F. (2022). Resolving the SLOSS dilemma for biodiversity conservation : A research agenda. *Biological Reviews*, 97(1), 99-114. <https://doi.org/10.1111/brv.12792>

Laroche, F., Jarne, P., Lamy, T., David, P., & Massol, F. (2015). A Neutral Theory for Interpreting Correlations between Species and Genetic Diversity in Communities. *The American Naturalist*, 185(1), 59-59. <https://doi.org/10.1086/678990>

Lokatis, S., Jeschke, J. M., Bernard-Verdier, M., Buchholz, S., Grossart, H.-P., Havemann, F., Hölker, F., Itescu, Y., Kowarik, I., Kramer-Schadt, S., Mitchen, D., Musseau, C. L., Planillo, A., Schittko, C., Straka, T. M., & Heger, T. (2023). Hypotheses in urban ecology : Building a common knowledge base. *Biological Reviews*, 98(5), 1530-1547. <https://doi.org/10.1111/brv.12964>

Martin, C. A., Proulx, R., Vellend, M., & Fahrig, L. (2021). How the relationship between vegetation cover and land-cover variance constrains biodiversity in a human dominated world. *Landscape Ecology*, 36(11), 3097-3104. <https://doi.org/10.1007/s10980-021-01312-9>

Overcast, I., Calderon-Sanou, I., Creer, S., Dominguez-Garcia, V., Hagen, O., Hickerson, M., Jörger-Hickfang, T., Krehenwinkel, H., Lennon, J. T., Méndez, L., Méndez, M., Onstein, R., Pereira, H. M., Qin, C., Yu, D. W., Zurell, D., & Gillespie, R. G. (2025). The Community Genetic Distribution (CGD) : A unifying measure for monitoring biodiversity change. Preprint. Disponible en ligne : <https://ecoevortex.org/repository/view/9169/>

Overcast, I., Noguerales, V., Meramveliotakis, E., Andújar, C., Arribas, P., Creed, T. J., Emerson, B. C., Vogler, A. P., Papadopoulou, A., & Morlon, H. (2023). Inferring the ecological and evolutionary determinants of community genetic diversity. *Molecular Ecology*, 32(23), 6093-6109. <https://doi.org/10.1111/mec.16958>

Vellend, M. (2005). Species Diversity and Genetic Diversity : Parallel Processes and Correlated Patterns. *The American Naturalist*, 166(2), 199-215. <https://doi.org/10.1086/431318>

Vellend, M., & Geber, M. A. (2005). Connections between species diversity and genetic diversity. *Ecology Letters*, 8(7), 767-781. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2005.00775.x>

Youngsteadt, E., Terando, A., Costanza, J., & Vukomanovic, J. (2023). Compact or Sprawling Cities : Has the Sparing-Sharing Framework Yielded an Ecological Verdict? *Current Landscape Ecology Reports*, 8(1), 11-22. <https://doi.org/10.1007/s40823-022-00081-8>