

# Proposition de sujet de thèse 2021

(A remplir par les équipes d'accueil et à retourner à Isabelle HAMMAD : [hammad@cerege.fr](mailto:hammad@cerege.fr)  
\*à renseigner obligatoirement pour la validation du sujet, (1) : A remplir lors de la campagne d'attribution des allocations, à l'issue de la session de juin des Masters

## Sujet de doctorat proposé \*: Evolution en environnement marin hétérogène : génomique des populations de la gorgone jaune *Eunicella cavolini* (Koch, 1887)

Encadrant(s), nom, prénom, adresse mail \*:

AURELLE Didier [didier.aurelle@mio.osupytheas.fr](mailto:didier.aurelle@mio.osupytheas.fr)

SAMADI Sarah [sarah.samadi@mnhn.fr](mailto:sarah.samadi@mnhn.fr)

Laboratoire \*: Institut Méditerranéen d'Océanologie / MIO

Tableau récapitulatif du sujet

<b>Candidat(e)</b> <sup>(1)</sup>	
Nom - Prénom :	
Date de naissance :	
Licence (origine, années, mention) :	
Mention et classement au Master 1 année (Xème sur Y)	
Mention et classement au S3 du Master 2 (Xème sur Y)	
Mention et classement au S4 du Master 2 (Xème sur Y)	
Mention et classement au M2 (année) (Xème sur Y)	
MASTER (nom, université)	
<b>Sujet de doctorat proposé*</b>	
Encadrants (2 max, indiquer si HDR ou pas)*	Didier AURELLE (MCF HDR) Sarah SAMADI (PRCE HDR)
Laboratoire*	Institut Méditerranéen d'Océanologie / MIO
Programme finançant la recherche (indiqué si obtenu ou envisagé) (1)	Programme A*Midex Holodiv (obtenu) Programme Eccorev GorPol (obtenu) Programme Biodivera Genrest (soumis)

## Sujet de doctorat proposé\*

**Intitulé\*** : Evolution en environnement marin hétérogène : génomique des populations de la gorgone jaune *Eunicella cavolini* (Koch, 1887)

## Descriptif \*:

### Résumé et contexte de la thèse :

Ce sujet de thèse vise à étudier l'évolution génétique de la gorgone jaune *Eunicella cavolini* dans différents environnements, au niveau de sites plus ou moins pollués, plus ou moins profonds, et sur des substrats artificiels. Par l'utilisation d'outils de génomique des populations (dont l'application sera sous-traitée), il s'agira d'étudier la diversité et la structure génétique des populations. Les données obtenues permettront aussi de réaliser des inférences évolutives : taille et histoire des populations, flux de gènes, adaptation locale. Ce projet s'inscrit notamment dans le cadre du projet Holodiv A\*Midex qui permettra de financer la plupart des analyses moléculaires. Un nombre conséquent de populations a déjà été échantillonné et d'autres le seront en 2021. Les extractions des échantillons sont déjà en cours avec pour objectif d'avoir les premières données au démarrage de la thèse. La partie biologie moléculaire sera relativement réduite, ce qui permettra d'avoir un travail essentiellement dédié à l'important travail d'analyse de données requis par le sujet.

**Un(e) doctorant(e) est essentiel pour valoriser pleinement les échantillonnages et les données à venir. Le contexte est tout à fait favorable à un démarrage de thèse en octobre 2021.**

### Contexte scientifique :

Le changement global dans ses différentes composantes (exploitation, introductions d'espèces, destruction d'habitats, pollution, changement climatique) constitue un champ d'étude majeur en biologie évolutive. Les espèces se trouvent confrontées à des modifications rapides de leur environnement biotique et abiotique, modifications susceptibles de changer leurs trajectoires évolutives (Otto, 2018). La biodiversité marine en Méditerranée est particulièrement impactée par le changement global. Des vagues de chaleur ont déjà entraîné des mortalités massives d'espèces sessiles, et de tels événements extrêmes pourraient devenir plus intense dans le futur en lien avec le réchauffement climatique (Darmaraki et al., 2019; Garrabou et al., 2009). Par ailleurs l'important développement urbain sur le littoral a de multiples conséquences en milieu marin : implantation de substrats artificiels, destruction d'habitats naturels, augmentation de la pêche, rejets d'effluents pollués. De telles pressions contribuent à l'hétérogénéité des habitats disponibles, et donc de pressions de sélection, à relativement courte distance. L'étude de l'évolution en milieu anthropisé, voire urbanisé, est en plein essor en milieu terrestre (Szulkin et al., 2020), mais elle reste encore relativement limitée en tant que telle en ce qui concerne les écosystèmes marins, en dehors de l'étude de l'impact de la pollution (Alter et al., 2020). Cette anthropisation des écosystèmes marins peut avoir des conséquences majeures sur l'évolution des populations (voir revue dans Alter et al., 2020). Par des réductions de taille des populations, l'anthropisation peut accélérer la dérive génétique et entraîner une perte de diversité. La destruction de populations locales va modifier le réseau de connectivité et peut contribuer à l'isolement de populations. Inversement des substrats artificiels (parfois placés volontairement comme dans le cas des récifs artificiels) peuvent créer de nouveaux nœuds de connectivité. Les nouvelles pressions engendrées par l'anthropisation peuvent s'accompagner en retour de processus d'adaptation génétique ou d'acclimatation face à ces nouveaux environnements. Ainsi, l'étude de la réponse du poisson *Fundulus heteroclitus* dans les estuaires, fournit un cas d'école de réponse à la pollution par adaptation génétique (Whitehead et al., 2017). La possibilité d'une telle réponse dépendra de la taille et de la diversité des populations, de l'étendue spatiale des pressions par rapport aux capacités de dispersion, du temps de génération de l'espèce considérée ainsi que de ses capacités d'acclimatation individuelle. La réponse à une pression donnée sera aussi influencée par les interactions avec d'autres pressions : dans quelle mesure le stress induit par la pollution va-t-il par exemple influencer la thermotolérance et donc l'impact du réchauffement climatique ? Enfin, des processus d'introgession entre espèces, éventuellement initiés par des changements de connectivité, peuvent également influencer les possibilités d'adaptation génétique.

D'un point de vue fondamental, l'étude génétique des populations en environnement hétérogène et partiellement anthropisé fournit un modèle d'étude de l'évolution de métapopulations, à l'interaction entre flux de gènes, dérive et sélection locale. Il est notamment possible de tester dans quelle mesure les flux de gènes vont limiter l'adaptation locale. D'autre part, une telle étude peut également être utile à la gestion des populations. Ainsi des inférences évolutives sur la taille efficace, les flux de gènes et l'adaptation locale

peuvent permettre d'identifier des cibles de conservation ou d'orientation des actions de gestion, telles que les transplantations ou la mise en place de récifs artificiels.

## Objectifs et modèle d'étude :

L'objectif de cette thèse sera d'étudier les capacités d'évolution et d'adaptation de la gorgone jaune *Eunicella cavolini* (Koch, 1887) (figure 1) en milieu hétérogène et soumis à divers niveaux de pressions anthropiques. Cette espèce est un des octocoralliaires les plus fréquents en Méditerranée : elle est présente en Méditerranée occidentale (nord et sud) et orientale (Sini et al., 2015). Cette espèce sessile et longévive peut être observée depuis moins de 10 m de profondeur (par exemple à Marseille), jusqu'à plus de 100 m de profondeur, et donc dans des régimes thermiques contrastés. *Eunicella cavolini* peut être aussi observée dans des environnements plus ou moins impactés par les activités humaines, comme par exemple à proximité de l'émissaire des eaux usées de Marseille (Cortiou) au sein du Parc National des Calanques, ou en mer de Marmara où elle est impactée par la sédimentation et les activités de pêche (Topçu & Öztürk, 2015). *Eunicella cavolini* est une espèce gonochorique avec une phase larvaire (dont la durée reste à préciser) et une fécondation interne. Cette espèce présente une structure génétique significative à relativement courte distance (quelques kilomètres ; Cánovas-Molina et al., 2018)). Des différences de thermotolérance ont été observées chez cette espèce entre individus issus de 20 et de 40 m de profondeur (Pivotto et al., 2015). Ces différences de réponse au stress thermique sont accompagnées d'une faible différenciation génétique selon la profondeur (Cánovas-Molina et al., 2018; Pivotto et al., 2015), mais ce dernier point reste à approfondir à l'aide d'un nombre suffisant de marqueurs génétiques.

La large distribution de cette espèce, ainsi que sa présence dans des environnements contrastés en font donc un bon modèle d'étude de l'évolution en environnement hétérogène, notamment en lien avec l'anthropisation. Dans le cadre du projet A\*Midex Holodiv (<https://holodiv.mio.osupytheas.fr/>), nous analysons la diversité de l'holobionte associé à cette gorgone dans des sites plus ou moins impactés et à différentes profondeurs. Cette thèse sera dédiée à l'étude de la diversité génomique de l'hôte cnidaire. Nous étudierons plusieurs populations plus ou moins soumises à la pollution ou à d'autres pressions, avec une caractérisation de l'état des populations (contaminants, densité, structure de taille), notamment à Marseille dans le Parc National des Calanques. Nous pourrions comparer les résultats obtenus à Marseille avec l'étude des populations d'Annaba (Algérie) et de la mer de Marmara (Turquie). À Marseille, cette espèce s'est aussi installée sur les récifs artificiels immergés en 2007 : nous disposons d'échantillons qui permettront d'étudier le processus de colonisation de ces substrats artificiels. Nous allons également étudier des populations de Corse sur des zones a priori moins impactées par la pollution et l'artificialisation, incluant également des profondeurs plus importantes (tableau 1).

### Dans ce contexte, les principales questions abordées dans la thèse seront :

- **la diversité génomique des populations est-elle influencée par l'anthropisation ?** nous testerons les différences de diversité entre environnements, en tenant compte d'autres effets confondants tels que la profondeur et l'histoire évolutive (goulot d'étranglement par exemple).
- **à Marseille, la présence en environnements contrastés (pollution et profondeur) correspond-elle à des processus d'adaptation locale ?** Cette question sera étudiée indirectement par la recherche d'associations génétique x environnement. Dans le cas de la pollution, cette question sera aussi abordée par une expérience de transplantation croisée.
- **quelles sont les capacités de colonisation de substrats anthropisés (récifs artificiels et zones sous l'influence d'émissaire pollué) ?** Nous utiliserons notamment des estimations de flux de gènes et des analyses d'assignation pour étudier l'origine des migrants. Nous testerons différents scénarios d'évolution pour comprendre l'évolution de ces populations : effet fondateur, goulot ou expansion démographique, origine et fréquence des événements de colonisation...
- **les populations les plus profondes constituent-elles des refuges potentiels face aux pressions subies par les populations moins profondes (réchauffement climatique, pollution) ?** Pour cela nous étudierons comme précédemment les flux de gènes et la taille efficace des populations le long de gradients de profondeur à Marseille et en Corse.

En fonction de l'avancement des analyses de diversité microbiennes (virus, bactéries, eucaryotes) réalisées dans le cadre du projet Holodiv, le (la) doctorant(e) sera impliqué(e) dans les analyses de corrélations

et d'interactions entre les différents niveaux de diversité de l'holobionte, et leur rôle dans la plasticité de l'organisme.

## **Matériel et méthodes :**

### **Échantillonnage :**

L'ensemble des échantillons est présenté dans le tableau 1. À Marseille l'échantillonnage a déjà été réalisé et inclut également des comparaisons entre profondeurs. L'échantillonnage en Algérie et Turquie sera réalisé par nos partenaires sur place en 2021 (Université d'Annaba : Lamy Chaoui et Hichem Kara ; Université d'Istanbul : Nur Eda Topçu), et les échantillons seront envoyés en France pour les analyses moléculaires. Pour ces deux derniers pays, l'analyse et la valorisation des résultats sera réalisée principalement par des étudiants de ces universités. Les données seront utilisées à titre comparatif dans le cadre de cette thèse.

Des populations corses ont été échantillonnées dans le cadre des missions de la Planète Revisitée du MNHN dirigées par Line le Gall : cap Corse en 2019, et Bouches de Bonifacio en 2020. La prochaine mission de la Planète Revisitée en Corse occidentale en avril 2021 permettra d'avoir des échantillons complémentaires. Enfin des échantillons profonds de la région du cap Corse (au delà de 70 m de profondeur) devraient être obtenus à l'été 2021 dans le cadre de l'Expédition Gombessa 6 dirigée par Laurent Ballesta et Andromède Océanologie. Cependant le nombre important d'échantillons déjà disponibles (tableau 1) peut permettre le déroulement d'une thèse, quelles que soient les éventuelles difficultés de nouveaux échantillonnage en lien avec la crise sanitaire.

### **Caractérisation écologique :**

À Marseille, en Turquie et en Algérie, les principales zones d'étude du projet Holodiv, nous étudierons l'état des populations et le contexte thermique. Des enregistreurs de température sont déjà (Marseille) ou seront installés (Turquie, Algérie) pour déterminer le régime thermique annuel des zones échantillonnées. Sur ces trois zones, la démographie des populations échantillonnées sera caractérisée par des mesures de la densité, de la structure de taille et de la fréquence des nécroses (voir figure 2 pour Marseille). Ces analyses seront complétées par des mesures de contaminants inorganiques qui seront réalisées au CEREGE. À Marseille *E. cavolini* est présente en sympatrie avec deux espèces congénériques : *E. singularis* et *E. verrucosa*. Des résultats préliminaires suggèrent des possibilités d'hybridation entre ces espèces (Aurelle et al., 2017).

### **Expérience de transplantation croisée :**

Une expérience de transplantation croisée entre Riou sud (a priori moins impacté par la pollution) et Cortiou (près de l'émissaire des eaux usées) sera réalisée entre mars et octobre 2021. Les colonies seront analysées en termes de contaminants inorganiques et de variation d'expression de gènes à l'échelle du transcriptome.

### **Analyses moléculaires :**

L'ADN des échantillons sera extrait à l'aide d'un kit Macherey-Nagel. La diversité génomique des populations sera étudiée par la technique du séquençage RAD (Baird et al., 2008). Cette technique a déjà été utilisée avec succès chez un autre octocoralliaire méditerranéen, le corail rouge *Corallium rubrum* (Pratlong et al., 2018). Le développement des banques et leur séquençage sera sous-traité à la plateforme MGX de Montpellier. Nous avons déjà travaillé sur des données produites de cette façon par MGX dans le cadre de l'étude de la gorgone *Paramuricea clavata*. Un premier lot de 192 échantillons sera envoyé MGX pour analyse au premier semestre 2021. Un premier séquençage du génome de cette espèce a également été réalisé à partir de lectures courtes de type Illumina. Les ARNs des échantillons de l'expérience de transplantation seront extraits à l'aide d'un kit Macherey-Nagel. Ils seront envoyés à la plateforme Bioenvironnement à Perpignan.

### **Analyses statistiques :**

L'assemblage des données RAD sera effectué à l'aide du logiciel iPyrad (Eaton & Overcast, 2020) installé sur le cluster de calcul de l'OSU Pythéas. Le génome d'*E. cavolini* sera utilisé comme référence pour l'assemblage. Une étape exploratoire sera réalisée pour tester l'impact de différentes options d'assemblage et de niveaux de données manquantes sur les résultats obtenus (nombre de locus, diversité et structure des populations). Nous testerons la présence éventuelle de locus liés au sexe par l'analyse d'un sous-échantillon d'une quarantaine d'individus pour lesquels le sexe a été déterminé par observation des gonades sous la loupe

binoculaire. Nous avons déjà effectué ce type d'analyse chez le corail rouge *C. rubrum*, et nous avons observé que de tels locus peuvent être identifiés comme des outliers sous sélection balancée (Pratlong et al., 2017). : ces locus ne seront donc pas retenus pour la suite des analyses. Nous rechercherons des locus potentiellement impliqués dans l'adaptation locale à l'aide de différentes méthodes de recherche d'associations génétique x environnement en tenant compte des biais inhérents à ces approches (Bierne et al., 2011; Hoban et al., 2016; Pratlong et al., 2018). Un jeu de données "neutre" sera construit en retirant les locus potentiellement sous sélection. Ce dernier jeu de données sera utilisé pour des analyses de structure génétique de type ACP ou snmf (Frichot & François, 2015; Jombart & Ahmed, 2011). Des analyses d'assignations individuelles seront utilisées pour étudier les échanges récents et l'origine de la colonisation de substrats artificiels (Gosselin et al., 2016). Nous réaliserons des inférences démographiques : tests de scénario d'évolution, estimations des niveaux de flux de gènes et de taille efficace (Excoffier et al., 2013; Kamm et al., 2020). Des simulations seront réalisées pour évaluer l'impact des choix réalisés lors de l'assemblage et du tri de données sur les résultats obtenus.

Nous testerons l'existence de différentiels d'expression de gènes entre les différentes conditions de l'expérience de transplantation croisée (Brener-Raffali et al., 2019; Pratlong et al., 2015). Nous rechercherons si certaines fonctions sont enrichies dans les gènes différentiellement exprimés afin d'étudier les bases moléculaires de l'acclimatation ou de l'adaptation génétique face à la pollution (Brener-Raffali et al., 2019).

## Références :

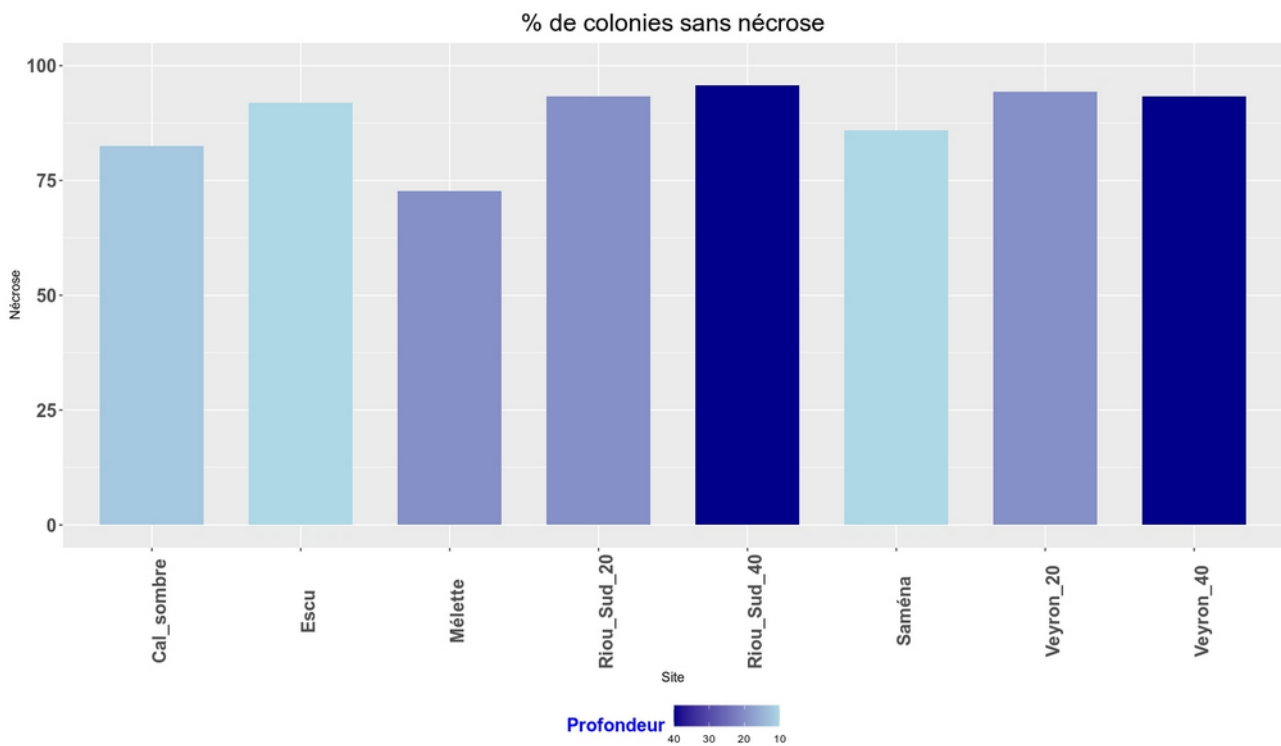
### (\* références issues des porteurs du projet)

- \* Aurelle, D., Pivotto, I. D., Malfant, M., Topcu, N. E., Masmoudi, M. B., Chaoui, L., ... Haguenaer, A. (2017). Fuzzy species limits in Mediterranean gorgonians (Cnidaria, Octocorallia): Inferences on speciation processes. *Zoologica Scripta*, 46(6), 767–778.
- Baird, N. A., Etter, P. D., Atwood, T. S., Currey, M. C., Shiver, A. L., Lewis, Z. A., ... Johnson, E. A. (2008). Rapid SNP Discovery and Genetic Mapping Using Sequenced RAD Markers. *PLoS ONE*, 3(10), e3376. doi: 10.1371/journal.pone.0003376
- Bierne, N., Welch, J., Loire, E., Bonhomme, F., David, P. (2011). The coupling hypothesis: Why genome scans may fail to map local adaptation genes. *Molecular Ecology*, 20(10), 2044–2072.
- \* Brener-Raffali, K., Vidal-Dupiol, J., Adjeroud, M., Rey, O., Romans, P., Bonhomme, F., ... Toulza, E. (2019). Gene expression plasticity and frontloading promote thermotolerance in *Pocillopora* corals. *BioRxiv*, Peer-Reviewed and Recommended by Peer Community in Ecology. Retrieved from <https://doi.org/10.1101/398602>
- \* Cánovas-Molina, A., Montefalcone, M., Bavestrello, G., Masmoudi, M. B., Haguenaer, A., Hammami, P., ... Aurelle, D. (2018). From depth to regional spatial genetic differentiation of *Eunicella cavolini* in the NW Mediterranean. *Comptes Rendus Biologies*, 341(9–10), 421–432.
- Darmaraki, S., Somot, S., Sevault, F., Nabat, P., Narvaez, W. D. C., Cavicchia, L., ... Sein, D. V. (2019). Future evolution of marine heatwaves in the Mediterranean Sea. *Climate Dynamics*, 53(3), 1371–1392.
- Eaton, D. A., & Overcast, I. (2020). ipyrad: Interactive assembly and analysis of RADseq datasets. *Bioinformatics*, 36(8), 2592–2594.
- Elizabeth Alter, S., Tariq, L., Creed, J. K., & Megafu, E. (2020). Evolutionary responses of marine organisms to urbanized seascapes. *Evolutionary Applications*.
- Excoffier, L., Dupanloup, I., Huerta-Sánchez, E., Sousa, V. C., & Foll, M. (2013). Robust Demographic Inference from Genomic and SNP Data. *PLoS Genetics*, 9(10), e1003905. doi: 10.1371/journal.pgen.1003905
- Frichot, E., & François, O. (2015). LEA: an R package for landscape and ecological association studies. *Methods in Ecology and Evolution*, 6(8), 925–929.
- Garrabou, J., Coma, R., Bensoussan, N., Bally, M., Chevaldonné, P., Cigliano, M., ... Cerrano, C. (2009). Mass mortality in Northwestern Mediterranean rocky benthic communities: Effects of the 2003 heat wave. *Global Change Biology*, 15(5), 1090–1103. doi: 10.1111/j.1365-2486.2008.01823.x
- Gosselin, T., Anderson, E., & Bradbury, I. (2016). *Assigner: Assignment Analysis with GBS/RAD Data using R. R package version 0.4. 1.*

- Hoban, S., Kelley, J. L., Lotterhos, K. E., Antolin, M. F., Bradburd, G., Lowry, D. B., ... Whitlock, M. C. (2016). Finding the genomic basis of local adaptation: Pitfalls, practical solutions, and future directions. *The American Naturalist*, 188(4), 379–397.
- Jombart, T., & Ahmed, I. (2011). adegenet 1.3-1: New tools for the analysis of genome-wide SNP data. *Bioinformatics*, 27(21), 3070–3071.
- Kamm, J., Terhorst, J., Durbin, R., & Song, Y. S. (2020). Efficiently Inferring the Demographic History of Many Populations With Allele Count Data. *Journal of the American Statistical Association*, 115(531), 1472–1487. doi: 10.1080/01621459.2019.1635482
- Otto, S. P. (2018). Adaptation, speciation and extinction in the Anthropocene. *Proceedings of the Royal Society B*, 285(1891), 20182047.
- \* Pivotto, I. D., Nerini, D., Masmoudi, M., Kara, H., Chaoui, L., & Aurelle, D. (2015). Highly contrasted responses of Mediterranean octocorals to climate change along a depth gradient. *Royal Society Open Science*, 2(5). doi: 10.1098/rsos.140493
- \* Pratlong, M., Haguenaier, A., Chabrol, O., Klopp, C., Pontarotti, P., & Aurelle, D. (2015). The red coral (*Corallium rubrum*) transcriptome: A new resource for population genetics and local adaptation studies. *Molecular Ecology Resources*, 15(5), 1205–1215.
- \* Pratlong, M., Haguenaier, A., Chenesseau, S., Brener, K., Mitta, G., Toulza, E., ... Pontarotti, P. (2017). Evidence for a genetic sex determination in Cnidaria, the Mediterranean red coral *Corallium rubrum*. *Royal Society Open Science*, 4(3). doi: 10.1098/rsos.160880
- \* Pratlong, M., Haguenaier, A., Brener, K., Mitta, G., Toulza, E., Garrabou, J., ... Aurelle, D. (2018). Separate the wheat from the chaff: Genomic analysis of local adaptation in the red coral *Corallium rubrum*. *BioRxiv*, Peer-Reviewed and Recommended by Peer Community in Ecology. Retrieved from <https://doi.org/10.1101/306456>
- Sini, M., Kipson, S., Linares, C., Koutsoubas, D., & Garrabou, J. (2015). The Yellow Gorgonian Eunicella cavolini: Demography and Disturbance Levels across the Mediterranean Sea. *PLoS ONE*, 10(5), e0126253. doi: 10.1371/journal.pone.0126253
- Szulkin, M., Munshi-South, J., & Charmantier, A. (2020). *Urban evolutionary biology*. Oxford University Press, USA.
- Topçu, E. N., & Öztürk, B. (2015). Composition and abundance of octocorals in the Sea of Marmara, where the Mediterranean meets the Black Sea. *Scientia Marina*, 79(1), 125–135.
- Whitehead, A., Clark, B. W., Reid, N. M., Hahn, M. E., & Nacci, D. (2017). When evolution is the solution to pollution: Key principles, and lessons from rapid repeated adaptation of killifish (*Fundulus heteroclitus*) populations. *Evolutionary Applications*, 10(8), 762–783.



**Figure 1** : la gorgone jaune *Eunicella cavolini* ; photo : Dorian Guillemain OSU Pythéas



**Figure 2** : pourcentages de colonies sans nécrose sur les différents sites étudiés à Marseille à l'automne 2019. Le dégradé de bleu indique la profondeur, plus foncé pour les sites plus profonds.

Région	Site	Profondeur	Date échantillonnage	Extractions d'ADN	Programme	Notes
Marseille	Saména	10 m	2019	Faites	Holodiv	
Marseille	Escu	10 m	2019	Faites	Holodiv	À proximité de Cortiou (Ouest)
Marseille	Mélette	20 m	2019	Faites	Holodiv	À proximité de Cortiou (Ouest)
Marseille	Calanque Sombre	12 m	2019	Faites	Holodiv	À proximité de Cortiou (Est)
Marseille	Riou	20 et 40 m	2019 - 2020	Faites	Holodiv	30 individus à chaque profondeur
Marseille	Veyron	20 et 40 m	2019 - 2020	Faites	Holodiv	30 individus à chaque profondeur
Marseille	Récifs artificiels	25 – 30 m	2015 – en cours	À faire	Holodiv	Déjà une centaine d'individus
Marseille	Cap Caveaux	25 m	2012	À faire	Hors programme	
Marseille	Méjean	20 et 30-40 m	2012	À faire	Hors programme	30 individus à chaque profondeur
Cap Corse	CR05	39-41 m	2019	En cours	La Planète Revisitée	
Cap Corse	CR10	32-38 m	2019	À faire	La Planète Revisitée	
Cap Corse	CR14	40-44 m	2019	À faire	La Planète Revisitée	
Cap Corse	-	> 70 m	2021	-	Gombessa 6	À venir
Bonifacio	CR58	16 m	2020	À faire	La Planète Revisitée	
Bonifacio	CR59	29 m	2020	À faire	La Planète Revisitée	
Bonifacio	CR62	42 m	2020	À faire	La Planète Revisitée	
Bonifacio	CR67	28 m	2020	À faire	La Planète Revisitée	
Bonifacio	CR82	34 m	2020	À faire	La Planète Revisitée	
Ouest Corse	-	-	2021	-	La Planète Revisitée	À venir
Annaba	Cap Garde	de 20 – 30 m	2021	-	Holodiv	
Annaba	Oued Mafragh	20 – 30 m	2021	-	Holodiv	Site plus impacté
Turquie	Sivriada	35 – 40 m	2021	-	Holodiv	
Turquie	Marmara 2	35 – 40 m	2021	-	Holodiv	Site en cours de définition

**Tableau 1 :** liste des sites d'échantillonnage. Les échantillonnages à venir sont sur fond gris. Les tailles d'échantillons sont de 30 colonies par site dans la plupart des cas.



## Contexte de la co-direction de thèse

La thèse sera co-encadrée par Sarah Samadi et Didier Aurelle, à 50 % chacun. Sarah Samadi travaille depuis plusieurs années sur l'évolution, la diversité et les processus de spéciation chez les organismes marins de milieu profond. Didier Aurelle a développé des études de génétique des populations sur les octocoralliaires méditerranéens afin d'étudier la structure des populations et l'adaptation à différents régimes thermiques. Cette co-direction de thèse permettrait de faire rejoindre les différentes approches développées par les co-directeurs sur l'étude de la biodiversité marine aux niveaux intra et péri-spécifique. Par ailleurs ce projet permettrait de faire converger les échantillonnages réalisés dans le cadre des projets Holodiv et la Planète Revisitée. Les deux co-directeurs de thèse ont déjà collaboré dans le cadre du GDRI MarCo sur l'étude de la connectivité marine. Les deux co-directeurs ont aussi co-encadré une étudiante de master 2, Marwa Melki, sur l'étude de l'évolution génétique du corail rouge *Corallium rubrum* en fonction de la profondeur. Dans le cadre de sa délégation CNRS, Didier Aurelle travaille dans l'équipe de Sarah Samadi à l'ISYEB et il est correspondant scientifique du MNHN.

## Composition prévisionnelle du comité de suivi de thèse :

(les membres potentiels seront contactés et le choix sera finalisé au démarrage de la thèse)

- |  |                            |
|--|----------------------------|
| • Sarah Samadi                                 | co-directrice              |
| • Didier Aurelle                               | co-directeur               |
| • Christelle Desnues (DR CNRS MIO)             | membre projet Holodiv      |
| • Marc Bally (CR CNRS MIO)                     | membre projet Holodiv      |
| • Line le Gall (PR MNHN)                       | missions Planète Revisitée |
| • Frédéric Austerlitz (DR CNRS EA)             | extérieur                  |
| • Eric Pante (DR CNRS LIENSS)                  | extérieur                  |
| • Hélène Magalon (MC Université de la Réunion) | extérieur                  |
| • Emese Meglécz (MC AMU)                       | représentante ED251        |

## Compétences demandées :

Le candidat ou la candidate devra avoir une formation en biologie marine et en biologie évolutive. Il / elle devra avoir été formé aux concepts et outils de la génétique des populations. Le sujet requiert l'analyse bioinformatique d'importants jeux de données : la maîtrise d'outils tels que R ou Python, ainsi que l'utilisation de clusters de calcul seront nécessaires dans ce travail. Des compétences en plongée sous-marine seraient un plus.

## Planning prévisionnel et déroulement de la thèse :

Une grande partie des échantillonnages a déjà été réalisée. D'autre part les premiers séquençages devraient avoir lieu au premier semestre 2021, ce qui permettra un démarrage rapide de la thèse. En dehors des extractions d'ADN, les expériences de biologie moléculaire (séquençage RAD) seront sous-traitées : ceci laissera donc du temps pour le travail d'analyse et de rédaction. Une attention particulière sera accordée en début de thèse au choix et au test des outils d'analyses qui seront utilisés par la suite.

Le bon déroulement du co-encadrement sera assuré par la tenue de réunions hebdomadaires entre le (la) candidat(e) et les directeurs de thèse. Selon l'évolution de la situation sanitaire ces réunions se feront en présence ou à distance. Enfin les outils nécessaires à l'analyse des données sont ou seront installés sur des clusters de calcul (OSU Pythéas et MNHN), et permettront ainsi un travail à distance le cas échéant. L'étudiant(e) sera également impliqué(e) dans la collaboration avec les partenaires et étudiants étrangers du projet Holodiv (Turquie et Algérie).

Le (la) doctorant(e) sera principalement basé(e) à Marseille avec des séjours réguliers à Paris.

Année civile	2021			2022												2023												2024										
Mois	10	11	12	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	1	2	3	4	5	6	7	8	9		
<b>Année de thèse</b>	<b>Année 1</b>												<b>Année 2</b>												<b>Année 3</b>													
analyse bibliographique																																						
échantillonnages complémentaires																																						
extractions ADN																																						
séquençage RAD (MGX)																																						
simulations et tests analyses																																						
analyses de données																																						
article adaptation locale																																						
article gradient profondeur																																						
article substrats anthropisés																																						
rédaction manuscrit de thèse																																						

## Valorisation des résultats :

Les résultats obtenus donneront lieu à des publications dans des revues scientifiques internationales à comité de lecture. L'étudiant(e) participera à au moins deux congrès internationaux avec présentation orale. Par ailleurs il / elle sera amené(e) à présenter l'avancement de son travail au niveau des équipes et laboratoires respectifs des encadrants. Nous proposerons également un ou plusieurs séminaires de restitution aux personnels et membres du conseil scientifique du Parc National des Calanques.

## Détail du Programme finançant la recherche\* :

### Obtenus :

#### Programme principal :

##### **Projet A\*Midex "Holodiv" 2019 - 2022**

80 k€ dont 25 k€ pour le séquençage RAD inclus dans le sujet de thèse

**Site internet du projet :** <https://holodiv.mio.osupytheas.fr>

#### **Résumé du projet :**

Holodiv est un projet financé par la fondation universitaire A\*Midex. Dans le cadre du projet "HoloDiv", nous étudierons le potentiel adaptatif de la gorgone jaune *Eunicella cavolini*, par une analyse de la diversité génétique de l'hôte et de son microbiome (bactéries, virus, eucaryotes). Nous étudierons des populations de différentes régions et dans différents contextes écologiques (profondeur, pollution). Les résultats participeront à la réflexion conduite avec les AMPs pour développer des actions de gestion innovantes. Le projet Holodiv comporte un volet d'étude de la diversité génomique de la gorgone. Le sujet de thèse proposé ici sera focalisé sur cette étude génomique des populations de la gorgone. Les résultats obtenus alimenteront la réflexion sur l'étude de l'holobionte.

### Autres programmes obtenus :

#### **Projet Eccorev "Gorpol" 2021**

9 k€ pour l'expérience de transplantation croisée, dont 6 k€ pour le séquençage du transcriptome

#### **Projet Actions Sud MIO "étude des gorgones en Algérie" 2021**

9,225 k€ notamment pour l'échantillonnage en Algérie

### Programmes soumis ou à soumettre :

**Projet Biodiversa Genrest soumis en réponse à l'appel "Conservation and restoration of degraded ecosystems and their biodiversity, including a focus on aquatic systems" (soumis) :**

Budget demandé : 190,639 k€ (incluant un post-doc)

#### **Demande ATM MNHN (à soumettre mi 2021) :**

Budget demandé : 8 k€

## Directeur(s) de thèse proposé(s)\*

(limiter au plus à deux personnes principales, dont au moins une titulaire de l'HDR)

### Directeur HDR proposé\*

**Nom - Prénom : AURELLE Didier**

Corps : Maître de Conférences Hors Classe, HDR

Laboratoire (i.e. formation contractualisée de rattachement, éventuellement équipe au sein de cette formation) : Institut Méditerranéen d'Océanologie ; équipe Ecologie Marine et Biodiversité

**Adresse mail : [didier.aurelle@mio.osupytheas.fr](mailto:didier.aurelle@mio.osupytheas.fr)**

Choix de cinq publications récentes (souligner éventuellement les étudiants dirigés co-signataires) :

Reynes L., Thibaut T., Mauger S., Blanfuné A., Holon F., Cruaud C., Couloux A., Valero M., **Aurelle D.** (2021 ; accepté). Genomic signatures of clonality in the deep water kelp *Laminaria rodriguezii*. *Molecular Ecology*.

**Aurelle D.**, Tariel J., Zuberer F., Haguenaier A., Ribout C., Masmoudi M., Kara H., Chaoui L., Garrabou J., Ledoux J.-B., Gambi M. C. (2020) Genetic insights into recolonization processes of Mediterranean octocorals. *Marine Biology*. 167, 73. <https://doi.org/10.1007/s00227-020-03684-z>

Pratlong M., Haguenaier A., Brener K., Mitta G., Toulza E., Garrabou J., Bensoussan N., Pontarotti P.\*, **Aurelle D.\*** (2018). Separate the wheat from the chaff: genomic analysis of local adaptation in the red coral *Corallium rubrum* (2018), bioRxiv, 306456, ver. 3 peer-reviewed and recommended by Peer Community in Evolutionary Biology. (\* égale contribution)  
<https://evolbiol.peercommunityin.org/public/rec?id=151&reviews=True>

Pratlong M., Haguenaier A., Chenesseau S., Brener K., Mitta G., Toulza E., **Aurelle D.\***, Pontarotti P.\* (2017) Evidences for a genetic sex-determination in Cnidaria, the Mediterranean red coral (*Corallium rubrum*). *Royal Society Open Science*, 4 (3), 160880. (\* égale contribution)  
<http://rsos.royalsocietypublishing.org/content/4/3/160880>

Pratlong M., Rancurel C., Pontarotti P., **Aurelle D.** (2017). Monophyly of Anthozoa (Cnidaria): why do nuclear and mitochondrial phylogenies disagree?. *Zoologica Scripta*, 46(3), 363-371

### Thèses encadrées ou co-encadrées au cours des quatre dernières années\*

Nom : Lauric Reynes

Intitulé : Connectivité des forêts marines dans la région Provence-Alpes-Côte d'Azur

Type d'allocation : Région PACA

Date de début de l'allocation de doctorat : 10/2017

Date de soutenance (si la thèse est soutenue) : 05/2021

Programme finançant la recherche : MarFor (Biodiversa)

Situation actuelle du docteur (si la thèse est soutenue) :

Pourcentage de participation du directeur à l'encadrement en cas de co-direction : .50 %

### Autre directeur proposé (éventuellement)\*

**Nom - Prénom : SAMADI Sarah**

Corps : Professeur MNHN Classe Exceptionnelle

**Adresse mail : [sarah.samadi@mnhn.fr](mailto:sarah.samadi@mnhn.fr)**

Laboratoire (i.e. formation contractualisée de rattachement, éventuellement équipe au sein de cette formation) : Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (UMR CNRS, MNHN, Sorbonne Université, EPHE, Université des Antilles)

Choix de cinq publications récentes (souligner éventuellement les étudiants dirigés co-signataires) :

Lee, H., Chen, W. J., Puillandre, N., Aznar-Cormano, L., Tsai, M. H., & **Samadi, S.** (2019). Incorporation of deep-sea and small-sized species provides new insights into gastropods phylogeny. *Molecular phylogenetics and evolution*, 135, 136-147.

Delavenne\*, J., Keszler\*, L., Castelin, M., Lozouet, P., Maestrati, P., & **Samadi, S.** (2019). Deep-sea benthic communities in the largest oceanic desert are structured by the presence of polymetallic crust. *Scientific reports*, 9(1), 1-11.(\* co-1<sup>st</sup> authors)

- Kenworthy, J. M., Rolland, G., **Samadi, S.**, & Lejeusne, C. (2018). Local variation within marinas: Effects of pollutants and implications for invasive species. *Marine Pollution Bulletin*, 133, 96-106.
- Mandon, P., Aznar-Cormano, L., Hourdez, S., & **Samadi, S.** (2017). Assembly of the mitochondrial genome of the hydrothermal vent crab *Segonzacia mesatlantica* and detection of potential nuclear pseudogenes. *Mitochondrial DNA Part B*, 2(1), 291-293.
- Le Gros, A., Clergeau, P., Zuccon, D., Cornette, R., Mathys, B., **Samadi, S.**, (2016). Invasion history and demographic processes associated with rapid morphological changes in the Red-whiskered bulbul established on tropical islands. *Molecular Ecology* 25(21), 5359-5376.

**Thèses encadrées ou co-encadrées au cours des quatre dernières années\***

Nom : MéliSSa Hanafi-Portier

Intitulé : Structure de la biodiversité des monts sous-marins en relation avec l'hétérogénéité de l'habitat

Type d'allocation : Contrat de collaboration IFREMER-MNHN-Total

Date de début de l'allocation de doctorat : 15/01/2019

Date de soutenance (si la thèse est soutenue) :

Programme finançant la recherche : Contrat de collaboration IFREMER-MNHN-Total

Situation actuelle du docteur (si la thèse est soutenue) :

Pourcentage de participation du directeur à l'encadrement en cas de co-direction : 50%