

# Proposition de sujet de thèse 2024

(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 \*:

Encadrant(s), nom, prénom, adresse mail \*: Schenkelaars Quentin ([quentin.schenkelaars@imbe.fr](mailto:quentin.schenkelaars@imbe.fr)),  
Borchiellini Carole ([carole.borchiellini@imbe.fr](mailto:carole.borchiellini@imbe.fr)).

Laboratoire \*: Institut méditerranéen de biodiversité et d'écologie marine et continentale (IMBE)

## 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>	Diversité spécifique, diversité de couleur et diversité de réponse au sein du genre <i>Oscarella</i>
Encadrants (2 max, indiquer si HDR ou pas)*	Schenkelaars Quentin/Borchiellini Carole (HDR)
Laboratoire*	Institut Méditerranéen de Biodiversité et d'Ecologie marine et continentale (IMBE)
Programme finançant la recherche (indiqué si obtenu ou envisagé) (1)	ANR JCJC (Demandé)

## Sujet de doctorat proposé\*

Intitulé\* : Diversité spécifique, diversité de couleur et diversité de réponse au sein du genre *Oscarella*

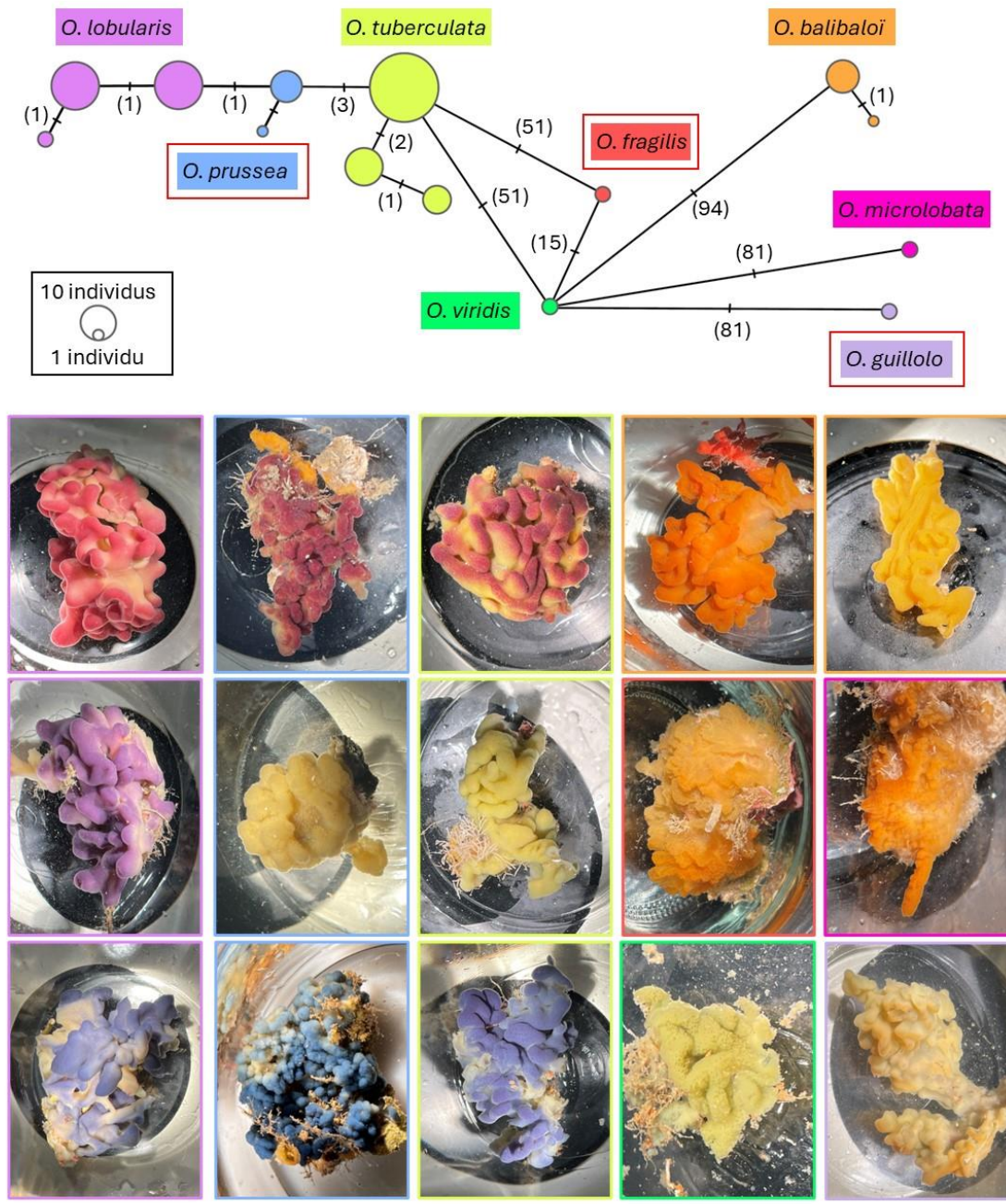
Descriptif \*:

### Contexte scientifique :

Les éponges jouent un rôle majeur dans les écosystèmes marins en constituant des zones de reproduction et de protection de nombreux organismes. Elles sont également un réservoir de biodiversité, source de production de métabolismes secondaires potentiellement d'intérêt pharmaceutique<sup>1</sup>. Il est donc important de suivre ces communautés c'est à dire d'évaluer leur diversité, leur abondance et leur dynamique afin d'appréhender leur réponse face aux pressions environnementales. Parmi les 4 grandes lignées d'éponges, la diversité spécifique des éponges de la classe des Homoscleromorpha n'a été que très peu étudiée et elles représentent actuellement la plus petite lignée d'éponges (~136 espèces, ~1% de la diversité des éponges)<sup>2</sup>. Toutefois, un travail génétique

préliminaire réalisé au sein des *Oscarella* (Porifera, Homoscleromorpha) vivant dans la rade de Marseille nous a permis de révéler une diversité insoupçonnée d'espèces et de couleurs chatoyantes (rose, mauve, bleu, jaune, orange, verte, noir) (Figure 1)<sup>3</sup>. Les objectifs de ce projet de thèse sont triples :

1. Etendre ce travail à d'autres zones géographiques afin d'effectuer une analyse minutieuse de la diversité spécifique au sein du genre *Oscarella*.
2. Comprendre le déterminisme de la couleur dans les espèces présentant un fort polymorphisme de couleur et son évolution.
3. Faire un suivi photographique et environnemental sur un site d'intérêt de la baie de Marseille afin d'établir la dynamique des communautés d'*Oscarella*.



**Figure 1 :** Réseau d'haplotype obtenu pour le marqueur mitochondrial *atp8-nad1*. Celui-ci met en évidence par un code couleur les différentes espèces identifiées grâce à deux marqueurs mitochondriaux et un marqueur nucléaire sur plus de 200 individus de la Baie de Marseille. Les numéros entre parenthèses indiquent le nombre de SNPs observés entre chaque haplotype et le nom des espèces nouvellement identifiées est encadré en rouge. Des photos illustrant chaque espèce sont fournies mettant ainsi en évidence le fort polymorphisme de couleur dans le complexe *O. lobularis*, *O. prussea* et *O. tuberculata*.

## Axes scientifiques :

### **Axe I/ Inventaire exhaustif des *Oscarella*.**

#### Tâche 1 : La collecte des échantillons

24 espèces valides sont recensées actuellement dans le genre *Oscarella* dont 6 sur les côtes françaises<sup>4</sup>. L'échantillonnage de plus de 200 individus dans la rade de Marseille nous a permis de caractériser avec l'outil moléculaire 5 des 6 espèces décrites sur le site ainsi que 3 nouvelles (Figure 1)<sup>3</sup>. Ce travail préliminaire souligne une diversité spécifique largement sous-estimée sur un site pourtant largement étudié par la communauté scientifique. Le premier volet de cette thèse a donc pour objectif d'étendre cette approche à d'autres localités en France. A l'heure actuelle notre vision de la répartition des *Oscarella* sur les côtes françaises est très parcellaire. Afin d'éviter des déplacements et des plongées inutiles, il sera donc question ici de discuter au préalable avec les services de plongées des différentes stations marines, de contacter les personnels de différents clubs de plongée mais également d'identifier des signalements sur divers sites internet dédiés à la plongée ou à la photo sous-marine afin de cibler les localités ayant le plus fort potentiel. Nous pouvons d'ores et déjà compter sur des sites situés en Bretagne et à Monaco où des *Oscarella* sont clairement présentes (e.g. *O. rubra*, Ria d'Etel)<sup>5</sup>. Des individus adultes seront récoltés grâce aux contacts que nous avons établis dans les différentes stations marines (Villefranche-sur Mer, Concarneau, Roscoff, Wimereux, Arcachon, Monaco). Des photos seront réalisées *in situ* lors du prélèvement pour recenser les communautés présentes sur le site d'échantillonnage mais également après récolte pour attester de la couleur et de la morphologie de chaque individu. Les individus ainsi prélevés seront ensuite fixés grâce à une solution de paraformaldéhyde et conservés dans du méthanol en vue des analyses génétiques et de potentielles analyses histologiques.

#### Tâche 2 : Analyse génétique

Le travail préliminaire que nous avons effectué dans la rade de Marseille a permis de valider deux marqueurs mitochondriaux (*atp6* et *atp8-nad1*) et un nucléaire (*epic12*), suffisamment discriminants au niveau de ces espèces. Ces mêmes marqueurs seront amplifiés ici par PCR direct (sans étape d'extraction d'ADN) dans les différents individus récoltés et les produits de PCR seront envoyés au séquençage (Sanger, Eurofins). L'alignement de ces séquences permettra l'obtention d'un réseau d'haplotypes pour chaque marqueur (PopArt). La comparaison des trois réseaux permettra alors l'identification de potentielles nouvelles espèces. En effet, lorsqu'un isolement génétique pour certains individus sera observé de manière réciproque et systématique entre les différents marqueurs, nous suspecterons que les individus concernés représentent une espèce à part entière. Dans ce contexte, les photos prises pour chaque individu dans la **Tâche 1** nous permettront peut-être de corrélérer les différentes espèces à des différences morphologiques ou de couleur.

#### Tâche 3 : Description des nouvelles espèces

Pour chaque nouvelle espèce, le séquençage de l'ADN mitochondrial complet sera réalisé. Ici des extractions d'ADN seront réalisées sur un échantillon type de chaque espèce afin d'amplifier la mitochondrie en deux grands fragments qui seront ensuite séquencés (Sanger, Eurofins). De plus, certains échantillons seront fixés au glutaraldéhyde, post-fixés à l'osmium et inclus dans de la résine araldite afin de réaliser des coupes histologiques semi-fines. Cela permettra de décrire l'anatomie interne de ces nouvelles espèces. Enfin un échantillon type sera envoyé au Museum National d'Histoire Naturelle (Paris) pour rentrer dans la collection Porifère.

### **Axe II/ Origine du polymorphisme de couleur**

Notre travail préliminaire révèle que trois espèces abondantes dans la baie de Marseille forment un complexe d'espèces présentant un polymorphisme de couleur très important comparativement aux autres espèces qui se situent en dehors du complexe. En effet, *O. lobularis*, *O. tuberculata* et la nouvelle espèce *O. prussea*

présentent des couleurs variées au sein de chaque espèce, allant du bleu au rose en passant par le jaune alors que les espèces en dehors de ce complexe présentent uniquement des individus dans une gamme de tons allant de l'orange éclatant au beige (Figure 1). Le second volet de ce travail visera donc à déterminer l'origine de ce polymorphisme sachant que les premiers résultats obtenus ont exclu la possibilité que des métabolites secondaires puissent être à l'origine des couleurs vives observées dans le complexe. Il s'agira donc ici d'analyser le transcriptome d'individus aux couleurs différentes au sein de chaque espèce concernée afin d'identifier (i) le polymorphisme des acides nucléiques (SNPs) et (ii) les gènes différentiellement exprimés (DEGs) dans les différentes couleurs afin de mettre en évidence un lien entre un contexte moléculaire particulier et un phénotype de couleur. Pour ce faire, les reads du RNA-seq (NS2000 Illumina, 150 nt, paired-end) seront mappées sur un génome de niveau chromosomique obtenu pour l'espèce *O. lobularis* (NCBI, GCA\_947507565.1)<sup>6</sup>.

### Axe III/ Réponse des communautés d'*Oscarella* aux conditions environnementales

Ce volet consistera à étudier la dynamique des espèces d'*Oscarella* vivant en sympatrie sur un site choisi en fonction du nombre d'espèces représentatives présentes et de son accessibilité. Des photographies du site seront réalisées sous différents angles toutes les deux semaines avec l'aide du service plongée de l'OSU Pythéas et aux plongeurs de l'IMBE. Les clichés seront analysés par les techniques de photogrammétrie grâce au logiciel Agisoft Metashape afin de reconstruire le site d'étude en 3-dimension et d'évaluer finement le cycle de vie de chaque spécimen de chaque espèce, présent sur le site expérimental (e.g. reproduction asexuée, morbidité, croissance). Parallèlement des mesures de température, de luminosité, de salinité et de turbidité de l'eau (proxi de la matière organique en suspension) seront réalisées en continu. Ce travail permettra d'identifier si les paramètres environnementaux étudiés sont susceptibles d'être reliés à des étapes clés du cycle de vie des espèces suivies et si des différences majeures existent entre les différentes espèces d'*Oscarella*.

#### Références bibliographiques citées :

<sup>1</sup> Leal et al. *PLoS One* 2012. Trends in the Discovery of New Marine Natural Products from Invertebrates over the Last Two Decades – Where and What Are We Bioprospecting?

<sup>2</sup> de Voogd, N.J., Alvarez, B., Boury-Esnault, N., Cárdenas, P., Díaz, M.-C., Dohrmann, M., Downey, R., Goodwin, C., Hajdu, E., Hooper, J.N.A., Kelly, M., Klautau, M., Lim, S.C., Manconi, R., Morrow, C., Pinheiro, U., Pisera, A.B., Ríos, P.; Rützler, K., Schönberg, C., Turner, T., Vacelet, J., van Soest, R.W.M., Xavier, J. (2024). World Porifera Database. Accessed at <https://www.marinespecies.org/porifera> on 2024-03-26. doi:10.14284/359

<sup>3\*</sup> Guiollot et al. *In prep.* *Oscarella* diversity in the Marseille Bay and the origine of color polymorphism.

<sup>5\*</sup> Gazave et al. *PloS One* 2013. Systematics and molecular phylogeny of the family Oscarellidae (Homoscleromorpha) with description of two new *Oscarella* species

<sup>6\*</sup> Riesgo et al. *In prep.* The genome sequence of *Oscarella lobularis* (Schmidt, 1862).

\*Articles incluant des membres de l'équipe d'accueil

#### Détail du Programme finançant la recherche\* :

- Biologie moléculaire et séquençage : Les PCRs et le séquençage seront financés par des crédits déjà disponibles chez Eurofins (6700 euros), par les crédits récurrents de l'équipe « origine et Evolution de la Biodiversité » et le service commun de biologie moléculaire et cellulaire de l'IMBE. Enfin, les données de RNA-seq ont d'ores et déjà été acquises pour l'analyse du polymorphisme de couleur prévu dans l'axe II.
- La collecte des échantillons dans la baie de Marseille, le suivi photographique et l'enregistrement des paramètres environnementaux seront pris en charge par le service plongée de l'OSU Pythéas ainsi que le service commun Moyen à la mer de l'IMBE. De plus, une ANR JCJC (Schenkelaars) en cours d'évaluation (2<sup>nd</sup> tour) rejoint cet objectif et pourra donc aider au montage financier de cet aspect de la thèse en cas de succès.
- Les missions effectuées sur les autres sites seront financées par les crédits récurrents des responsables de thèse (1000 euros/personne).

## 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 : Borchiellini Carole

Corps : MCF

Laboratoire : IMBE

Adresse mail : [carole.borchiellini@imbe.fr](mailto:carole.borchiellini@imbe.fr)

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

Rocher, C., Vernale, A., Fierro-Constain, L., Sejourne, N., Chenesseau, S., Marschal, C., Issartel J., Le Golf, E., Stroebel D., Jouvion J., Dutilleul, M., Matthews, C., Marschal, F., Brouilly N., Massey-Harroche D., Ereskovsky A., Le Bivic A., Renard E. and **Borchiellini C.** *JEZ Part B : Molecular and Developmental Evolution* in press. The buds of *Oscarella lobularis* (Porifera): a new convenient model for sponge cell and developmental biology.

Santini S., Schenkelaars Q., Jourda C., Duschene M., Belahbib H., Rocher C., Selva M., Riesgo A., Vervoort M., Leys S.P., Kodjabachian L., Le Bivic A., **Borchiellini C.**, Claverie J.M., Renard E. The compact genome of the sponge *Oopsacas minuta* (Hexactinellida) is lacking key metazoan core genes. *BMC Biol* 21, 139. 2023.

De Pao Mendonca K., Angeletti B., Dufour A., **Borchiellini C.**, Heimbürger-Boavida L.E., Renard E., Issartel J. The sponge *Oscarella lobularis* (Porifera, Homoscleromorpha) as a suitable biomonitor of metallic contamination in Mediterranean coastal ecosystems. *Marine Pollution Bulletin*, Mar:188:114665. 2023.

A. Vernale, M. Mandela Prünster, F. Marchianò Henry Debost, N. Brouilly, C. Rocher, D. Massey Harroche, E. Renard, A. Le Bivic, B. H. Habermann, **C. Borchiellini**. « Evolution of mechanisms controlling epithelial morphogenesis across animals: new insights from dissociation-reaggregation experiments in the sponge *Oscarella lobularis*. *BMC Ecology and Evolution*. 21(1):160. 2021.

Renard, E., Leys, S. P., Wörheide, G., & **Borchiellini, C.** Understanding Animal Evolution: The Added Value of Sponge Transcriptomics and Genomics: The disconnect between gene content and body plan evolution. *BioEssays*, 40(9), 1700237. 2018.

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

Nom : Vernale

Intitulé : Amélie

Type d'allocation : bourse inter-ED

Date de début de l'allocation de doctorat : 2017

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

Programme finançant la recherche :

Situation actuelle du docteur (si la thèse est soutenue) : Enseignante dans le secondaire.

Pourcentage de participation du directeur à l'encadrement en cas de co-direction : 70 %

Nom : De Pao Mendonca

Intitulé : Kassandra

Type d'allocation : bourse transverse CNRS

Date de début de l'allocation de doctorat : 2019

Date de soutenance (si la thèse est soutenue) : 2023

Programme finançant la recherche :

Situation actuelle du docteur (si la thèse est soutenue) : IR AMU contractuelle.

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

### Autre directeur proposé (éventuellement)\*

Nom - Prénom : Schenkelaars Quentin

Corps : MCF

Adresse mail : [quentin.schenkelaars@imbe.fr](mailto:quentin.schenkelaars@imbe.fr)

Laboratoire : IMBE

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

**Schenkelaars Q.** and Gazave E. *The Annelid Platynereis dumerilii as an Experimental Model for Evo-Devo and Regeneration Studies*. Handbook of Marine Model Organisms in Experimental Biology Established and Emerging Marine organisms in experimental biology. 2021

Fierro-Constain L., Rocher C., Marschal F., **Schenkelaars Q.**, Séjourné N., Borchiellini C. and Renard E. *In Situ*

*Hybridization Techniques in the Homoscleromorph Sponge Oscarella lobularis*. Developmental Biology of the Sea Urchin and Other Marine Invertebrates, 181-194. 2021

**Schenkelaars Q., Perez-Cortes D.,** Perruchoud C. and Galliot B. *The polymorphism of Hydra microsatellite sequences provides strain-specific signatures*. PlosOne 15 (9). 2020

Tomczyk S., Suknovic N., **Schenkelaars Q.,** Wenger Y., Ekundayo K., Buzgariu W., Bauer C., Fischer K., Austad S., and Galliot B. Deficient autophagy in epithelial stem cells drives aging in the freshwater cnidarian Hydra. Development 147 (2), dev177840. 2020

**Schenkelaars Q., Vernale A.,** Fierro-Constain L. Borchiellini, C and Renard E. *A Look back over 20 years of evo-devo studies on sponges: A challenged view of Urmetazoa*. Evolution, origin of life, concepts and methods, 135-160. 2019

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

Recruté en 2021, aucune thèse encadrée.