

> **Émilie BOULANGER**

Informer la conservation de la biodiversité marine grâce au séquençage nouvelle génération : des gènes aux communautés.

Soutenance de thèse

Lundi 08 novembre 2021 à 09h00
Amphithéâtre de la Délégation régionale
du CNRS, 1919 route de Mende,
Montpellier



JURY

Oscar PUEBLA

Professeur, Leibniz Centre for Tropical Marine Research (ZMT)
Brème, Allemagne
Rapporteur

Sophie VON DER HEYDEN

Professeure associée, Stellenbosch University, Afrique du Sud
Rapporteuse

Robert BUNET

Directeur de recherche, Institut Océanographique Paul Ricard,
Île des Embiez
Examineur

Frédérique VIARD

Directrice de recherche, CNRS, UMR ISEM Montpellier
Examinatrice

Stéphanie MANEL

Directrice d'Études, EPHE, UMR CEFE Montpellier
Directrice de thèse

David MOUILLOT

Professeur, Université de Montpellier, UMR MARBEC
Co-Directeur de thèse

Résumé

Les écosystèmes marins présentent une grande diversité d'espèces, de populations et de gènes, ce qui se traduit par une variété de fonctions et services écosystémiques. Cette biodiversité est confrontée à des menaces anthropiques croissantes et, par conséquent, diminue plus rapidement que jamais. Des aires marines protégées (AMP) permettent de préserver la biodiversité à ses différents niveaux ainsi que les mécanismes qui la génèrent. Pourtant, les mécanismes par lesquels les AMP peuvent préserver cette biodiversité sont insuffisamment connus alors qu'ils sont primordiaux pour assurer le succès et la mise en œuvre d'AMP. Cette thèse s'appuie sur le séquençage nouvelle génération (NGS) pour étudier la biodiversité des poissons méditerranéens à trois niveaux – communautés, populations et gènes – et améliorer leur conservation dans un contexte de réchauffement climatique et pression de pêche croissante.

Comprendre l'effet des AMP sur les communautés de poissons nécessite la détection d'un large éventail d'espèces. J'ai appliqué le metabarcoding de l'ADN environnemental (ADNe) pour étudier la diversité des communautés de poissons dans six AMP méditerranéennes. Les résultats mettent en évidence un nouveau paradoxe de la conservation : les AMP sont moins riches en espèces que les zones hors AMP. Cependant, elles abritent des assemblages d'espèces différents comparés aux zones extérieures, augmentant ainsi la diversité régionale.

La biodiversité dépend également de la connectivité entre les populations grâce à une dispersion de larves ou d'individus entraînant un flux de gènes. J'ai donc étudié la connectivité de deux poissons, le rouget de roche (*Mullus surmuletus*) et le sar commun (*Diplodus sargus*), à l'échelle de la mer Méditerranée en utilisant des marqueurs SNP. J'ai développé une approche basée sur les graphes spatiaux pour comparer la connectivité larvaire et génétique, ce qui révèle comment les populations de rougets atteignent des flux de gènes élevés par le biais d'une dispersion en stepping-stone sur plusieurs générations. Des calculs de parenté révèlent ensuite que le sar est capable d'une dispersion exceptionnelle sur de longues distances (environ 2 000 km) en seulement deux ou trois générations.

De tels niveaux de flux de gènes pourraient cependant diminuer la structure des populations et freiner l'adaptation locale. L'analyse de marqueurs hautement différenciés m'a permis de démêler les influences relatives de la distance spatiale, la dispersion larvaire et les conditions environnementales – qui devraient changer sous l'effet du changement climatique – sur la structure génomique des deux espèces. Les analyses révèlent que la température joue un rôle important dans la structure génomique du rouget et du sar, permettant la détection de gènes potentiellement impliqués dans l'adaptation locale.

En combinant des outils génomiques et statistiques performants, cette thèse révèle de nouveaux patrons de biodiversité avec des implications pour la conservation. Les résultats soulignent comment les AMP peuvent préserver la biodiversité des poissons et la structure des communautés face à la pression de pêche. Ils suggèrent également comment des réseaux d'AMP connectés pourraient assurer la persistance et le potentiel adaptatif des populations confrontées au changement climatique.

Mots-clés

Biodiversité marine, Aires marines protégées, Connectivité, ADNe, Génomique du paysage marin, Mer Méditerranée

