

Quels processus expliquent la diversité taxonomique et adaptative des animaux benthiques ? étude de la lignée des Polynoidae à travers les différents biomes et régions de l'océan mondial.

Directeurs de thèses : Sarah Samadi (PR MNHN, ISYEB), Stéphane Hourdez (CR CNRS, LECOB),
Co-encadrante : Magalie Castelin (MC MNHN, ISYEB)

L'océan est une des dernières frontières de l'exploration sur terre et la diversité des organismes qui les peuplent reste peu documentée car de nombreux environnements sont difficiles d'accès. Les données disponibles pour caractériser la diversité des organismes vivant sur les fonds marins (organismes benthiques) sont ainsi déséquilibrées en faveur des milieux côtiers de l'hémisphère nord et de quelques milieux phares comme les milieux hydrothermaux, les plaines à nodules polymétalliques ou encore les milieux antarctiques. Ce biais d'échantillonnage introduit une forte distorsion dans la reconstruction de l'histoire évolutive des lignées notamment celles qui sont présentes dans tous les biomes et régions de l'océan mondial. En raison de ce biais, les hypothèses quant aux processus qui expliquent la diversité taxonomique et adaptative de ces lignées sont peu robustes (cf cas des lignées hydrothermales in Samadi, 2015).

*L'objectif du projet de recherche doctoral est d'étudier une lignée d'animaux benthiques, présente à toutes les profondeurs et dans toutes les régions océaniques, afin de reconstruire son évolution et comprendre l'origine des adaptations morphologiques et écologiques des espèces qui la composent. Les programmes d'exploration des équipes impliquées dans le projet et les collections du MNHN fournissent un matériel unique pour aborder ces questions. **Ce projet s'inscrit ainsi dans l'axe 1 de l'Institut Océan « La Mer dans l'histoire de la Terre, de la vie et des sociétés ».***

Choix du modèle biologique : Parmi les organismes des milieux benthiques, les annélides représentent une part importante de la biodiversité. Sur la soixantaine de familles d'annélides identifiées actuellement, les Polynoidae comprennent environ 1000 espèces qui occupent une grande variété d'habitats, depuis les milieux côtiers jusqu'aux très grandes profondeurs (>3000 m) ainsi que dans les sources hydrothermales profondes (Hourdez et al., 2022, Hourdez, 2022). Cette famille d'annélides est aussi celle qui établit le plus de relations symbiotiques avec d'autres animaux benthiques tels que les cnidaires, les échinodermes ou les mollusques (Martin and Britayev, 2018). Les espèces présentent une grande diversité de caractères morphologiques (degré de développement des élytres, présence et structure des branchies, dimensions des parapodes, etc...). Des études ponctuelles sur certaines espèces ont analysé ces caractères pour comprendre comment ils peuvent être interprétés comme des réponses aux pressions de l'environnement (Hourdez and Jouin-Toulmond, 1998; Jollivet et al., 2000; Projecto-Garcia et al., 2010) mais peu reposent sur des études comparatives dans un cadre phylogénétique robuste (Projecto-Garcia et al., 2017 sur l'évolution des globines; Zhang et al., 2017 sur la comparaison de trois transcritomes). Ces études reposent en effet sur un échantillonnage centré sur quelques milieux phares (i.e. sources hydrothermales, milieux antarctiques ou plaines à nodules de l'Est Pacifique) loin de couvrir la diversité des habitats occupés par cette lignée. **Dans ce contexte, l'objectif de projet de recherche doctoral est l'étude de la diversification adaptative des Polynoidae. L'originalité du projet repose sur la combinaison d'un vaste échantillonnage avec des données moléculaires, morphologiques et physiologiques et s'appuie sur des compétences complémentaires des encadrants du projets (taxonomie, phylogénie, physiologie, écologie benthique). Le projet abordera deux questions principales :**

La diversification vers les différents habitats océaniques repose-t-elle sur des adaptations clé ? Les espèces de Polynoidae de certains habitats partagent des caractères morphologiques originaux. Par exemple, les espèces de milieu abyssal ont des parapodes allongés et de longs cirres dorsaux qu'ils partagent avec des espèces des grottes anchialines (Gonzalez et al., 2021). De même, les études de physiologie focalisées sur des milieux considérés contraignants (tels que les sources hydrothermales ou les milieux polaires) ont mis en évidence des caractéristiques physiologiques interprétées comme des réponses adaptatives aux contraintes de ces milieux. Par exemple, la présence de pigments respiratoires et leur évolution en milieu hydrothermal est interprétée comme une réponse à l'hypoxie chronique (Le Layec and Hourdez, 2021; Projecto-Garcia et al., 2017). Cependant, peu de données sont disponibles pour les espèces des autres milieux, ce qui empêche de comprendre comment au cours de l'évolution ces réponses se sont mises en place.

L'approche phylogénétique sur un vaste échantillonnage permettra de déterminer si ces caractères, morphologiques ou physiologiques, ont été acquis plusieurs fois indépendamment (réponse adaptative à une même contrainte) ou si leur acquisition est corrélée à la diversification d'une même lignée dans un même habitat. Pour tester ces hypothèses, il faut associer une étude détaillée des caractères morphologiques/physiologiques à une reconstruction phylogénétique avec des caractères moléculaires. Cela permettra de reconstruire les états de caractères ancestraux et ainsi de déterminer la trajectoire évolutive des lignées dans les différents milieux.

Les associations symbiotiques influent-elles les trajectoires évolutives des Polynoidae ? De nombreuses espèces de Polynoidae ont développé des associations étroites avec d'autres animaux benthiques. Certaines espèces hydrothermales sont par exemple strictement inféodées à la cavité palléale de moules chimiosynthétiques associées à

ce même milieu. De même, de certaines espèces sont associées à des cnidaires comme par exemple les coraux dentelles (Stylasteridae). Comment se distribue dans l'histoire évolutive des Polynoidae ces modes de vie symbiotique ? La ou les lignées qui ont acquis ce mode de vie ont-elles une dynamique de diversification différente des autres lignées ?

Méthodologie. Pour répondre à ces deux questions le travail de recherche doctoral comprend trois principaux chantiers : (1) Etablir une phylogénie robuste de l'ensemble des Polynoidae ; (2) Obtenir des données morphologiques, physiologiques et transcriptomiques sur un échantillonnage représentatif des différents habitats et des différentes lignées mise en évidence par la phylogénie ; (3) Obtenir des données phylogénétiques et morphologiques sur les hôtes des lignées symbiotiques identifiées.

Faisabilité. La faisabilité du projet repose sur un échantillonnage issu des expéditions naturalistes qui couvrent une grande variété d'habitats et de milieux. Le premier chantier consistera à compléter les données réunies lors de la thèse de Perrine Mandon (2018) et complétées lors du stage de M2 de Maxime Aernout en 2021 et qui inclut 180 espèces. Les expéditions prévues par l'équipe en 2024 qui couvrent les milieux côtiers et profonds dans différentes régions permettront de compléter les analyses physiologiques et transcriptomiques. Le projet s'appuiera notamment sur le programme [ATLASea](#) qui viendra compléter les 19 transcriptomes déjà obtenus. Ces transcriptomes permettront par exemple d'étudier l'évolution de gènes impliqués dans des processus adaptatifs, comme par exemple les metallothioneines pour répondre aux fortes concentrations de métaux lourds des milieux hydrothermaux, ou encore les gènes impliqués dans les mécanismes de réponse au stress oxydatif. Ce travailera s'appuiera également sur les thèses antérieures réalisées sur la physiologie des Polynoidae réalisées sous la direction de Stéphane Hourdez (Projecto-Garcia 2009, Le Layec 2022). Pour l'étude des lignées symbiotiques, le travail repose sur les collaborations déjà établies avec notamment l'association entre les Polynoidae et les coraux Stylasteridae avec Daniela Pica spécialiste des coraux et Magalie Castelin chargée des collections de cnidaires au MNHN (Pica et al 2018). Des échantillons de différents océans seront étudiés afin de tenir compte de la dimension phylogéographique dans cette association. Une autre association est celle entre des moules hydrothermales Bathymodiolinae et les Polynoidae du genre *Branchipolynoe*. Pour cette association, l'équipe a déjà réuni un important jeu de données pour la phylogéographie de l'hôte (Thubaut et al. 2013 et travaux non publiés issus de cette thèse repris dans une collaboration avec Hsin Lee, National Museum of Marine Biology and Aquarium, Taiwan).

Portée scientifique et valeur ajoutée pour le doctorant.

Les travaux associés à ce projet doctoral apporteront une meilleure compréhension de l'évolution de caractères morphologiques, physiologiques et moléculaires, ainsi des modes de vie d'une lignée d'animaux benthique méconnue. L'originalité du travail repose sur l'échantillonnage original fourni par les expéditions réalisées au cours des dix dernières années dans des milieux marins variés avec une grande distribution géographique. Cette approche permettra d'apporter un regard critique sur les études généralement ciblées sur quelques milieux océaniques phares. En réalisant ce projet, le doctorant se formera à des disciplines complémentaires (systématique, génomique, physiologie, biologie des organismes). A l'heure de la course aux ressources et de l'économie bleue, ce projet permettra d'illustrer comment l'échantillonnage centré sur quelques milieux phares distord la compréhension des capacités adaptatives et évolutives des organismes de ces mêmes milieux.

Références bibliographiques citées

- Gonzalez BC, et al. 2021. Morphological convergence and adaptation in cave and pelagic scale worms (Polynoidae, Annelida). Scientific Reports. 11:10718.
- Hourdez, S. (2022). Annelida: Pleistoannelida, Errantia II, Phyllodocida. Section 7.13.1.4 Polynoidae Kinberg, 1856. Handbook of Zoology. pp. 93-113.
- Hourdez, S. et al (2022). Annelida: Pleistoannelida, Errantia II, Phyllodocida. Section 7.13.1 Aphroditiformia. Handbook of Zoology. pp. 65-74.
- Hourdez, S., Jouin-Toulmond, C., 1998. Functional anatomy of the respiratory system of Branchipolynoe species (Polychaeta, Polynoidae), commensal with Bathymodiolus species (Bivalvia, Mytilidae) from deep-sea hydrothermal vents. Zoomorphology 118, 225–233.
- Jollivet, D., et al. 2000. Reproductive biology, sexual dimorphism, and population structure of the deep sea hydrothermal vent scale-worm, *Branchipolynoe seepensis* (Polychaeta: Polynoidae). J. Mar. Biol. Assoc. U. K. 80, 55–68.
- Le Layec, V., Hourdez, S., 2021. Oxygen consumption rates in deep-sea hydrothermal vent scale worms: Effect of life-style, oxygen concentration, and temperature sensitivity. Deep Sea Res. Part Oceanogr. Res. Pap. 103531.
- Martin, D., Britayev, T.A., 2018. Symbiotic polychaetes revisited: An update of the known species and relationships (1998–2017). Oceanogr. Mar. Biol. 56, 371–448.
- Projecto-Garcia, J., et al 2017. Evolution of single-domain globins in hydrothermal vent scale-worms. J. Mol. Evol. 85, 172–187.
- Projecto-Garcia, J., et al, 2010. Origin and evolution of the unique tetra-domain hemoglobin from the hydrothermal vent scale worm Branchipolynoe. Mol. Biol. Evol. 27, 143–152.
- Pica D, Puce S, Samadi S & Castelin M. 2018. Stylasterid corals in the deep sea of New Caledonia region. 15th Deep-Sea Symposium. September 9-14, 2018 in Monterey, California
- Samadi, S. 2015. Evolutionary origins of hydrothermal vents metazoans. In BIO Web of Conferences (V4 p.00007). EDP Sciences.
- Thubaut, J., et al.. (2013). The contrasted evolutionary fates of deep-sea chemosynthetic mussels (Bivalvia, Bathymodiolinae). Ecology and evolution, 3(14), 4748-4766.
- Zhang, Y et al., 2017. Adaptation and evolution of deep-sea scale worms (Annelida: Polynoidae): insights from transcriptome comparison with a shallow-water species. Sci. Rep. 7, 46205.