

Quels sont les processus qui 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.

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 difficilement accessibles (Hughes et al. 2021). Les données disponibles sont 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 qui sont présentes dans tous les biomes et régions de l'océan mondial avec pour conséquence des hypothèses peu robustes quant aux processus qui expliquent la diversité taxonomique et adaptative de ces lignées (Samadi, 2015). Dans ce contexte, ce projet de recherche doctoral vise à retracer l'histoire évolutive d'une lignée d'animaux benthiques présente à toutes les profondeurs et dans toutes les régions océaniques afin de comprendre les processus adaptatifs qui ont permis aux organismes de cette lignée de se diversifier dans tous les océans et à toutes les profondeurs. Les programmes d'exploration des milieux benthiques des équipes impliquées dans le projet, combinés aux données moléculaires fournies par le PEPR ATLASea, fournissent un matériel et des données uniques pour aborder ces questions avec les outils de la génomique comparative. **Ce projet s'inscrit ainsi principalement 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 importante part de la biodiversité, ils occupent des habitats qui vont du milieu littoral aux plus grandes profondeurs, et sont présents des pôles à l'équateur. Sur la soixantaine de familles d'annélides reconnues à l'heure actuelle, les Polynoidae comprennent environ 1000 espèces qui occupent une grande variété d'habitats, y compris ceux des très grandes profondeurs (>3000 m) ou encore les sources hydrothermales profondes (Hourdez, 2022). Cette famille est aussi riche en caractères morphologiques variables entre espèces pouvant correspondre à des réponses adaptatives aux contraintes des différents environnements occupés (i.e. degré de développement des élytres, présence et structure des branchies, dimensions des parapodes, etc...). En effet, des études ponctuelles sur certaines espèces ont permis de mettre en évidence des caractéristiques qui représentent probablement des adaptations aux environnements hydrothermaux profonds (Hourdez and Jouin-Toulmond, 1998; Jollivet et al., 2000; Projecto-Garcia et al., 2010) mais peu d'entre elles s'appuient sur des études comparatives dans un cadre phylogénétique (Projecto-Garcia et al., 2017 sur l'évolution des globines; Gonzalez et al 2023 sur la comparaison de 12 transcriptomes). De plus, ces études reposent sur un échantillonnage centré sur quelques milieux phares (i.e. sources hydrothermales, milieux antarctiques ou plaines à nodules de l'Est Pacifique) qui sont loin de couvrir la diversité des habitats occupés par cette lignée et ne permettent donc pas de confirmer les hypothèses adaptatives proposées.

Dans ce contexte, l'objectif de cette thèse est d'étudier la diversification adaptative à l'échelle de l'ensemble des Polynoidae. L'originalité du projet repose sur la combinaison d'un vaste échantillonnage taxonomique avec l'analyse de données moléculaires, morphologiques et physiologiques. Le projet se découpera en deux questions principales

1) 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 qui ont été 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 ne permet pas de comprendre comment au cours de l'évolution ces réponses se sont mises en place. Une approche phylogénétique, couvrant la diversité taxonomique des Polynoidae, est requise pour déterminer si ces caractères ont été acquis plusieurs fois indépendamment (réponse adaptative à une même contrainte) ou si l'acquisition de ces caractères morphologiques ou physiologiques est corrélée à la diversification d'une même lignée dans un même habitat. Pour tester ces hypothèses, il est nécessaire d'étendre l'échantillonnage des Polynoidae à tous les habitats et à toutes les profondeurs de l'océan afin de confronter leur diversité morphologique, écologique et physiologique à une phylogénie moléculaire robuste. Ces données permettront de proposer, notamment grâce à la reconstruction des états de caractères ancestraux, les scénarios d'adaptation des Polynoidae aux différents habitats de l'océan.

2) Les grandes transitions écologiques identifiées par l'approche phylogénétique sont-elles accompagnées d'évolutions moléculaires majeures chez les Polynoidae ?

L'objectif est de déterminer comment la sélection naturelle a permis les grandes transitions écologiques comme la colonisation du milieu profond ou des sources hydrothermales ou encore la transition vers les températures très stables rencontrées en Antarctique. Pour aborder cette question, la transcriptomique comparative est une approche qui permet de caractériser l'évolution de la fonction des gènes. Cette approche permettra notamment de tester si les scénarios proposés dans le premier axe de la thèse sont soutenus au niveau moléculaire. Dans l'écosystème hydrothermal les Polynoidae sont diversifiés et les différentes espèces occupent une large gamme de conditions environnementales (température et concentration en oxygène). Cette situation permet d'envisager l'étude des adaptations à la pression hydrostatique, à des températures variées, et à l'hypoxie (faible concentration en oxygène). La réponse évolutive à ces paramètres est particulièrement intéressante dans le contexte du changement global qui voit une augmentation des températures environnementales, une diminution de la concentration en oxygène, et une possibilité pour les espèces d'aller chercher refuge dans des zones plus profondes. L'équipe a déjà obtenu des données de transcriptomes pour 19 espèces et des publications récentes (Gonzalvez, 2023) ont ajouté des données pour une douzaine d'espèces. D'autres données seront prochainement disponibles grâce aux programmes de séquençage génomique en cours dans le monde (e.g. Europe Darwin Tree of Life, Biogenoma de Catalunya, PEPR ATLASea, etc..). Ces transcriptomes permettront par exemple d'étudier l'évolution de certains gènes importants dans l'adaptation aux sources hydrothermales, comme les métallothionéines pour répondre aux fortes concentrations de métaux lourds, ou encore les mécanismes de réponse au stress oxydatif. Ces données nous permettront de chercher à détecter l'effet des forces de sélection.

Faisabilité - La faisabilité du projet repose sur un échantillonnage taxonomique issu des expéditions naturalistes qui couvrent une grande variété d'habitats, de milieux et de régions de l'océan mondial. Le premier chantier consistera à compléter les données réunies lors de la thèse de Perrine Mandon (2018) et de finaliser la reconstruction phylogénétique des Polynoidae. Les expéditions prévues par l'équipe en 2024-2025 qui couvrent les milieux côtiers et profonds dans différentes régions (Atlantique, côtes métropolitaines, Nouvelle Calédonie, Taiwan, et Papouasie Nouvelle Guinée) 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 en s'appuyant sur les collectes réalisées en 2024 et 2025 lors des expéditions organisées par l'équipe.

Résultats attendus - 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, B. C., et al. (2023). A transcriptome-based phylogeny for Polynoidae (Annelida: Aphroditiformia). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 185, 107811.

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, Phyllococida. Section 7.13.1.4 Polynoidae Kinberg, 1856. *Handbook of Zoology*. pp. 93-113.

Hourdez, S., Jouin-Toulmond, C., (1998). Functional anatomy of the respiratory system of Branchipolynoe species (Polychaeta, Polynoidae), commensal with Bathymodiulus species (Bivalvia, Mytilidae) from deep-sea hydrothermal vents. *Zoomorphology* 118, 225–233.

Hughes AC et al. (2021). Sampling biases shape our view of the natural world. *Ecography*, 44(9), 1259-1269.

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.

Mandon, P. (2018). Origines et évolution de lignées hydrothermales. Sorbonne Université, 2018.. (NNT : 2018SORUS467). (tel-02924873)

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.

Samadi, S. 2015. Evolutionary origins of hydrothermal vents metazoans. In *BIO Web of Conferences* (V4 p.00007). EDP Sciences.