

Contexte

Les océans couvrent 70 % de la surface terrestre, mais la lumière ne pénètre en moyenne que les 200 premiers mètres. Au-delà s'étend l'océan profond, pouvant dépasser par endroit dix kilomètres, qui représente environ 95 % du volume et de la surface océanique¹. Immense et encore sous-exploré, il constitue un environnement extrêmement contraint (peu ou pas de lumière, faible disponibilité en nutriments, pression élevée, faibles densités de population), mais relativement stable à l'échelle géologique et globale. Malgré ces contraintes, il abrite une biodiversité hautement spécialisée, révélant une diversité écologique et fonctionnelle remarquable.

Les faunes profondes ont fait l'objet d'un intérêt scientifique renouvelé ces dernières décennies, cependant, du fait notamment d'un registre fossile parcellaire, leurs origines et évolution anciennes restent mal comprises. Deux scénarios non exclusifs sont avancés. Dans certains cas, l'océan profond agirait comme un « berceau de diversité », générant des clades ultérieurement diversifiés dans d'autres milieux marins². Selon le second, il constituerait un « refuge de diversité », sa stabilité relative ayant permis à certaines lignées de survivre aux crises climatiques et extinctions de masse, notamment à la limite Crétacé–Paléogène (K–Pg)^{3,4,5}.

Parmi les organismes concernés, les « poissons » téléostéens constituent un modèle privilégié. Avec plus de 3000 espèces décrites (environ une espèce sur dix) les téléostéens profonds présentent une diversité et une importance écologique considérable. Certaines figurent parmi les animaux vivant aux plus grandes profondeurs connues. La plupart des grandes lignées actuelles comprennent des représentants abyssaux, suggérant des colonisations multiples au cours de l'évolution. Ces transitions surface-profond représentent des événements écologiques majeurs chez les vertébrés, mais leurs dynamiques temporelles et phylogénétiques restent très mal connues^{3,4}.

Objectifs scientifiques

Ce projet de thèse vise à mieux comprendre comment l'océan profond a façonné la diversification des téléostéens. Il s'appuiera sur des phylogénies moléculaires datées, intégrant des données paléontologiques, afin d'évaluer les scénarios de colonisation, de refuge et de résilience à travers les crises du passé.

Deux clades-clés ont été ciblés pour cette thèse, en raison de leur importante diversité dans l'océan profond, de l'abondance du matériel disponible pour le séquençage, et de données phylogénétiques publiées mais incomplètes. Ces clades ont également un registre fossile attesté au Crétacé et persistant après la crise K-Pg, suggérant une possible continuité écologique⁵. Il s'agit des Stomiiformes (poissons-vipères et apparentés) et des Ophidiiformes (donzelles et brotules). Seules quelques études de phylogénie moléculaire avec un échantillonnage relativement restreint existent sur ces clades^{6,7}. Les phylogénies moléculaires seront complétées avec de nouvelles données d'ADN mitochondrial, afin de solidifier le cadre phylogénétique pour ces lignées mal connues.

Parallèlement, le registre fossile ancien des Stomiiformes et Ophidiiformes sera réévalué par la redescription anatomique de leurs plus anciens représentants du Crétacé-Paléogène^{5,8,9}. La comparaison avec l'anatomie des formes actuelles permettra de les replacer solidement dans la phylogénie des deux clades, qui sera ainsi ancrée dans le temps.

Méthodes et résultats attendus

Le volet moléculaire impliquera le séquençage de tout ou partie des génomes mitochondriaux et quelques marqueurs nucléaires. Il s'appuiera sur des PCRs multiplexées en NGS, standardisées et pratiquées en routine à l'ISYEB dans le cadre du projet de référentiel national de séquences

génétiques des taxons français (MNHN/OFB). Ce choix de techniques maîtrisées optimise la faisabilité du projet dans le temps limité d'une thèse. Des échantillons de tissus couvrant la majorité des genres de Stomiiformes, ainsi qu'une diversité importante d'Ophidiiformes, sont disponibles dans les collections de tissus du MNHN (Paris et Concarneau). Les séquences mitochondriales nouvelles seront incorporées dans les jeux de données publiés par des méthodes de total evidence et/ou de super-arbres, permettant de « densifier » l'échantillonnage taxonomique par rapport aux études existantes.

Tout le matériel fossile nécessaire pour l'étude est conservé dans les collections paléontologiques du MNHN : Stomiiformes du Crétacé du Maroc, Ophidiiformes et Stomiiformes de l'Eocène d'Iran. Leur anatomie, décrite il y a plusieurs décennies^{8,9}, sera réévaluée à l'aide d'outils modernes (microtomographie à rayons X notamment, à partir de données déjà disponibles auprès des encadrants).

Les caractères morphologiques présents dans la littérature seront réévalués sur les taxons actuels à partir de spécimens mis à disposition pour la thèse pour dissection ou diaphanisation. Ils seront nécessaires aux analyses phylogénétiques incorporant actuels et fossiles.

Les âges de divergence seront estimés à partir de l'horloge moléculaire (données nucléaires existantes, mitochondriales existantes et nouvelles), calibrée temporellement grâce aux méthodes de « tip dating » en plein développement¹⁰. Les phylogénies obtenues permettront de reconstruire finement les scénarios d'évolution des clades d'étude relativement au milieu profond et aux contextes biotiques et abiotiques au cours du temps.

Adéquation à l'Institut

Bien que difficilement accessible, l'océan profond est soumis à des pressions anthropiques croissantes (acidification, surpêche, changement climatique), dont les effets restent mal évalués^{1,11}. Elucider comment les faunes profondes ont répondu aux perturbations passées est essentiel pour estimer leur résilience future : comprendre l'avenir de l'océan profond suppose d'en éclairer le passé. Ce projet permettra d'éclairer les prises de décisions futures, dans les enjeux énoncés par le baromètre *Starfish* : axe 1 (état de santé de l'océan), axe 2 (pressions exercées par les activités humaines), axe 3 (politiques de protection et de régénération).

Encadrement

L'équipe encadrante mobilise de façon complémentaire le volet paléontologique et le volet de phylogénie moléculaire du projet.

Éric Queinnec (20%) est spécialiste en phylogénie et évolution moléculaire, et a mené des travaux sur des organismes marins tels que les cnidaires, les cténophores et les tuniciers^{12,13}. Donald Davesne (50%) est un spécialiste de la systématique et de la phylogénie des téléostéens sur la base de critères morphologiques, et de leur registre fossile^{14,15,16}. Gaël Clément (30%) est paléontologue, chargé de collection des poissons fossiles au MNHN et a notamment travaillé sur l'histoire évolutive des cœlacanthes et leur adaptation aux environnements profonds¹⁷.

Références bibliographiques

¹ Danovaro *et al.* (2017) *Curr. Biol.*; ² Martinez *et al.* (2021) *Ecol. Lett.*; ³ Priede & Froese (2013) *J. Fish Biol.*; ⁴ Miller *et al.* (2022) *PNAS*; ⁵ Friedman (2009) *PNAS*; ⁶ Møller *et al.* (2016) *Mol. Phyl. Evol.*; ⁷ Chang *et al.* (2025) *BMC Ecol. Evol.*; ⁸ Arambourg (1954) *Bull. Soc. Géol. Fr.*; ⁹ Arambourg (1966) *Notes Moy. Or.*; ¹⁰ Arcila *et al.* (2015) *Mol. Phyl. Evol.*; ¹¹ Ramirez-Llodra *et al.* (2011) *PLoS ONE*; ¹² Krasovec *et al.* (2023) *Evol. Lett.*; ¹³ Simion *et al.* (2017) *Curr. Biol.*; ¹⁴ Davesne *et al.* (2021) *PNAS*; ¹⁵ Davesne *et al.* (2016) *Front. Ecol. Evol.*; ¹⁶ Davesne *et al.* (2023) *J. Vert. Pal.*; ¹⁷ Cupello *et al.* (2017) *Roy. Soc. Open Sci.*