

## PROPOSITION DE SUJET DE THESE

Formulaire demande de financement : ARED - ISblue - ETABLISSEMENTS - ...

pour dépôt sur le serveur <https://theses.u-bretagne.fr/sml> au format PDF

NB : ce dossier ne vous dispense pas de déposer en parallèle votre dossier à la Région

## Identification du projet

Acronyme du projet : README

Intitulé du projet en langue française : Effets du REpeuplement sur l'ADaptation locale des populations naturelles de deux Mollusques Emblématiques en Bretagne

Intitulé du projet en langue anglaise : Effects of restocking on the local adaptation of natural populations of two emblematic molluscs in Brittany

## Présentation de l'établissement porteur (bénéficiaire de l'aide régionale)

Établissement porteur du projet : Université de Bretagne Occidentale

Ecole Doctorale : EDSML  SPI ou MATHSTIC pour les projets ISblue 

## Identification du responsable du projet (futur directeur de thèse)

Nom du laboratoire d'accueil : Laboratoire des Sciences de l'Environnement marin (LEMAR)

Code du laboratoire : UMR 6539 UBO CNRS IRD Ifremer

Directeur<sup>1</sup> du Laboratoire : Géraldine Sarthou

Nom de l'équipe de recherche : PANORAMA

Nombre HDR dans le laboratoire : 51      Nombre de thèses en cours : 61      Nombre de post-docs en cours : 8

Nom et prénom du directeur\* de thèse (HDR), porteur du projet : Eric PANTE

- e-mail : Eric.Pante@univ-brest.fr

- Téléphone : 06 38 48 46 75

- Publications récentes du directeur de thèse : 44 publications au total

- Malkocs T, Viricel A, Becquet V, Evin L, Dubillot E, Pante E (accepted) Complex mitogenomic rearrangements within the *Pectinidae* (Mollusca: *Bivalvia*). *BMC Evolutionary Biology* doi:10.21203/rs.3.rs-916420/v1
- Capt C, Bouvet K, Guerra D, Robicheau BM, Stewart DT, Pante E, S Breton (2020) Unorthodox features in two venerid bivalves with doubly uniparental inheritance of mitochondria. *Scientific Reports* 10, 1-13. doi:10.1038/s41598-020-57975-y
- Pante E, Becquet V, Viricel A, Garcia P (2019) Investigation of the molecular signatures of selection on ATP synthase genes in the marine bivalve *Limecola balthica*. *Aquatic Living Resources* 32(3): 7p (proceedings of PhysioMar17) doi:10.1051/alr/2019001
- Viricel A, Becquet V, Dubillot E, Pante E (2018) De novo assembly and functional annotation of the transcriptome of *Mimachlamys varia*, a bioindicator marine bivalve. *Marine Genomics* 41:42-45. doi:10.1016/j.margen.2018.04.002

1 Ce formulaire est rédigé en style épïcène

- Pante E, Poitrimol C, Saunier A, Becquet V, Garcia P (2017) Putative sex-linked heteroplasmy in the tellinid bivalve *Limecola balthica* (Linnaeus, 1758). *Journal of Molluscan Studies* 83(1):226–228. doi:/10.1093/mollus/eyw038

**- Expériences d'encadrement et co-encadrement de doctorants (passées et en cours)**

- Co-direction de thèse
  - **Léa Demay**, 2018-22, Université de La Rochelle. Sujet : Phylogéographie des pétrels. Financement : CPER/FEDER. Thèse en cours
  - **Lucas Torres**, 2015-19, Université de La Rochelle. Sujet : Phylogéographie des pétrels. Financement : CPER/FEDER. Date de soutenance : 14 juin 2019. Situation actuelle : freelance data analyst
- Participation à la formation d'étudiants en doctorat
  - **Tamas Malkocs**, 2020, Erasmus+ fellow, University of Debrecen, Hungary : bioinformatique
  - **Marine Malfant**, 2016, UPMC (Roscoff, dir. F. Viard) : phylogénomique
  - **Alice Saunier**, 2012-15, Université de La Rochelle : biologie moléculaire
  - **Esprit Heestand**, 2010, ULL : systématique, méthodes en biologie moléculaire
  - **Anne Simpson**, 2008, University of Maine : méthodes en biologie moléculaire

**Et/ou co-encadrant-e scientifique :**

**Laboratoire de recherche co-encadrant** Grégory CHARRIER (LEMAR)

- e-mail : gregory.charrier@univ-brest.fr

- Téléphone : 02 98 49 86 26

**- Expériences d'encadrement et co-encadrement de doctorants (passées et en cours)**

- **Jennifer Laurent**, 2020-23, (co-encadrement 30 %). Sujet : Couplage de la protéo-génomique avec des biomarqueurs de la fitness chez le flet (*Platichthys flesus*), pour explorer la qualité écologique des estuaires atlantiques (de la pollution accidentelle au stress chronique). Financement : 50 % CEDRE, 50 % UBO. Fin de thèse prévue : fin 2023
- **Pierre Chauvaud**, 2018-22, UBO (co-encadrement 30%). Sujet : Semer l'ORMeau dans le milieu naturel : rôles du milieu et des caractéristiques biologiques d'*Haliotis tuberculata* dans la réussite du repeuplement. Financement : 50 % CEDRE, 50 % UBO. Soutenance prévue à partir de mi-mars 2022
- **William Handal**, 2016-19, UBO (co-encadrement 50%). Sujet : Rôle de l'adaptation locale, de l'histoire phylogéographique et de la connectivité dans la structure et le fonctionnement des populations de coquille Saint-Jacques (*Pecten maximus*). Financement : 50 % UBO, 50 % ARED. Date de soutenance : 22 nov. 2019. Situation actuelle : en formation production animale
- **Elodie Borcier**, 2015-19, UBO (co-encadrement 30%). Sujet : Vulnérabilité de populations de poisson (*Platichthys flesus*) face aux multi-stress en estuaires : une approche intégrative. Financement : 50 % UBO, 50 % ARED. Date de soutenance : 6 mars 2019. Situation actuelle : inconnue
- **Nicolas Pedron**, 2012-16, UBO. Sujet : Structure génétique, réponses bioénergétiques et traits de vie, de populations de flets (*Platichthys flesus*) soumises au réchauffement climatique, sur un gradient latitudinal. Financement : 50 % UBO, 50 % ARED. Date de soutenance : 29 septembre 2016. Situation actuelle : Aquaculture

Le cas échéant, autres collaborations : Amélia VIRICEL-PANTE (LEMAR)

**Financement du projet de thèse**

**En cas de financement à 50 %, le cofinancement est-il déjà identifié (oui/non) :** OUI

**Si oui, préciser la nature du cofinancement (ANR, partenaire privé, Ademe, etc.) :** UBO

**Si le cofinancement n'est pas encore confirmé, date prévue de réponse du cofinancier :** -

**En cas de non-obtention du cofinancement demandé, une autre source de cofinancement est-elle identifiée (oui/non) :** OUI

**Si oui, laquelle :** ISBlue

**Sollicitez-vous un co-financement Is-Blue ( y compris ARED Is-Blue) (oui/non) ?** OUI

## Projet de thèse en cotutelle internationale

S'agit-il d'un projet de thèse en cotutelle internationale dans le cadre d'une convention (oui/non) : **NON**

Si oui, préciser l'établissement pressenti (et le pays de rattachement) : -

Ce projet de thèse fera-t-il l'objet d'un cofinancement international (oui/non) : **NON**

*(Rémunération du doctorant par l'établissement implanté sur le territoire régional (18 mois sur 36 mois), et l'établissement étranger, qui s'engage également à rémunérer le doctorant dans le cadre de son séjour à l'étranger, soit durant 18 mois -a minima-)*

**En cas de cofinancement international, préciser -si vous en avez connaissance- l'organisation du calendrier des périodes de séjour :**

Préciser quel est le stade du projet international (joindre une lettre d'engagement du partenaire)

## **Résumé du projet :**

La production de juvéniles en écloserie est régulièrement employée pour soutenir des populations marines en déclin suite à la surpêche et/ou des conditions environnementales défavorables<sup>1</sup>. Cette approche revêt un intérêt particulier en Finistère, qui présente sur son territoire les **deux seules écloséries françaises en mesure de produire du naissain pour repeupler les stocks de deux espèces emblématiques, la coquille Saint-Jacques *Pecten maximus* (Écloserie du Tinduff) et l'ormeau européen *Haliotis tuberculata* (France Haliotis)**. Pour *P. maximus*, l'ensemencement régulier de naissain d'écloserie au sein des gisements de Rade de Brest depuis les années 80<sup>2,3</sup>, et dans le Golfe Normano-Breton particulièrement en Baie de Granville, constitue une particularité des pêcheries françaises. Pour *H. tuberculata*, des mortalités massives ont été enregistrées en Bretagne Nord et Normandie entre 1998 et 2004<sup>5,6</sup>, provoquant le déclin des populations naturelles voire leur disparition. Des efforts sont actuellement conduits pour évaluer la possibilité de repeupler des stocks d'ormeaux décimés à partir de naissain d'écloserie.

Le repeuplement de populations naturelles à partir d'individus d'élevage peut **altérer l'adaptation de ces populations face à la variabilité environnementale**<sup>7</sup>, et ainsi menacer la durabilité des pêcheries concernées. Dans le cas de *P. maximus*, les semis massifs de naissain d'écloserie affectent peu la diversité génétique de la population naturelle de Rade de Brest<sup>12</sup>, probablement grâce à des flux de gènes provenant de Mer d'Iroise<sup>13</sup>. Néanmoins, les individus semés semblent contribuer activement à la reproduction de la population locale<sup>12</sup>, ce qui soulève une question majeure :  **dans quelle mesure l'hybridation entre individus semés et naturels peut-elle impacter l'adaptation locale des populations naturelles face à la variabilité environnementale ?** Cette interrogation est d'autant plus prégnante que le même naissain brestois est utilisé depuis plusieurs années pour soutenir divers gisements naturels distribués des Pertuis Charentais au Golfe Normano-Breton. Or, le suivi des débarquements à Granville a révélé récemment une proportion surprenante de coquilles Saint-Jacques avec un patron de maturation gonadique anormalement semblable à celui rencontré en Rade de Brest. Ce constat a ainsi soulevé la question de **l'impact potentiel des semis effectués depuis 2009-10 à Granville à partir de naissain brestois sur les traits de vie de la population locale de *P. maximus***. Ce questionnement est renforcé par la **différenciation génomique significative possiblement adaptative observée entre la Rade de Brest et le Golfe Normano-Breton**<sup>13</sup>. Concernant *H. tuberculata*, la différenciation génétique et adaptative des populations sauvages en Bretagne et Normandie reste mal connue. Il est donc **crucial de combler ce déficit de connaissance afin de ne pas altérer le potentiel adaptatif, et donc la survie à long terme**, des stocks exploités à travers les opérations de repeuplement envisagés.

Les questions posées concernant l'effet du repeuplement sur l'adaptation locale des populations naturelles présentent un **intérêt majeur pour la durabilité des pêcheries**. Pour répondre à ces questions, le projet de thèse README s'articule autour de trois axes alliant génomique de populations naturelles et expérimentation en jardin commun : **Axe 1 : Etude de signatures génomiques d'adaptation locale chez les populations naturelles ; Axe 2 : Évaluation de l'adaptation locale des populations d'ormeau en jardin commun ; Axe 3 : Exploration de l'effet possible d'une introgression génétique entre coquilles Saint-Jacques naturelles et issues de semis d'écloserie**

## **Présentation détaillée du projet :**

### **1 - Hypothèse et questions posées, état de l'art, identification des points de blocages scientifiques**

Pour assurer la **durabilité des pêcheries côtières**, la production de juvéniles en écloserie est régulièrement employée pour **soutenir des populations ayant décliné** suite à la surpêche et/ou des conditions environnementales défavorables<sup>1</sup>. Cette approche revêt un intérêt particulier en Finistère, qui présente sur son territoire les **deux seules écloséries françaises en mesure de produire du naissain pour repeupler les stocks de deux espèces emblématiques, la coquille Saint-Jacques *Pecten maximus* (Écloserie du Tinduff) et l'ormeau européen *Haliotis tuberculata* (France Haliotis)**. Pour *P. maximus*, l'ensemencement régulier de naissain d'écloserie au sein des gisements de Rade de Brest depuis les années 80<sup>2,3</sup>, et dans le Golfe Normano-Breton particulièrement en Baie de Granville, constitue une particularité des pêcheries françaises. Pour *H. tuberculata*, des mortalités massives ont été reportées en Bretagne Nord et Normandie entre 1998 et 2004<sup>5,6</sup>, provoquant le déclin des populations naturelles voire leur disparition (e.g. Chausey). La production de juvéniles en écloserie a été initiée en 2004<sup>7</sup>, et des efforts sont en cours pour évaluer la possibilité de repeupler des stocks d'ormeaux décimés à partir de naissain d'écloserie.

Le repeuplement de populations naturelles à partir d'individus d'élevage peut **altérer l'adaptation des populations face à la variabilité environnementale**<sup>7</sup>, et ainsi menacer la durabilité des pêcheries. Un tel impact négatif peut résulter d'une érosion de la diversité génétique en écloserie<sup>8</sup> et/ou de processus de domestication, qui peuvent fortement réduire la valeur adaptative des individus nés en écloserie et introduits dans le milieu naturel<sup>9,10,11</sup>.

Dans le cas de *P. maximus*, les semis massifs de naissain d'écloserie affectent peu la diversité génétique de la population naturelle de Rade de Brest<sup>12</sup>, probablement grâce à des flux de gènes provenant de Mer d'Iroise<sup>13</sup>. Néanmoins, les individus semés semblent contribuer activement à la reproduction de la population locale<sup>12</sup>, ce qui soulève une question majeure :  **dans quelle mesure l'hybridation entre individus semés et naturels peut-elle impacter l'adaptation locale des populations naturelles face à la variabilité environnementale ?** Cette interrogation est d'autant plus prégnante que le même naissain brestois est utilisé depuis plusieurs années pour soutenir divers gisements naturels distribués des Pertuis Charentais au Golfe Normano-Breton. Or, le suivi des débarquements à Granville a révélé récemment une proportion surprenante de coquilles Saint-Jacques avec un patron de maturation gonadique anormalement semblable à celui rencontré en Rade de Brest. Ce constat a ainsi soulevé la question de **l'impact potentiel des semis effectués depuis 2009-10 à Granville à partir de naissain brestois sur les traits de vie de la population locale de *P. maximus*. Ce questionnement est renforcé par la divergence génomique possiblement adaptative observée entre la Rade de Brest et le Golfe Normano-Breton<sup>13</sup>.**

Concernant *H. tuberculata*, la différenciation génétique et adaptative des populations sauvages en Bretagne et Normandie reste mal connue. Il est donc **crucial de combler ce déficit de connaissance pour ne pas altérer le potentiel adaptatif des stocks, et donc leur survie à long terme**, par les opérations de repeuplement envisagées.

Les questions posées concernant l'effet du repeuplement sur l'adaptation locale des populations naturelles sont d'un **intérêt majeur pour la durabilité des pêcheries**. Pour répondre à ces questions, le projet README vise trois objectifs : **1/ Clarifier la différenciation adaptative des populations des deux espèces le long des côtes bretonnes ; 2/ Evaluer si le repeuplement peut induire une introgression des populations naturelles par les semis d'écloserie ; 3/ Explorer de possibles effets de ces introgressions sur l'adaptation locale des populations naturelles.**

## **2 - Approche méthodologique et techniques envisagées**

Pour atteindre les objectifs affichés ci-dessus, le projet de thèse README s'articule autour de trois axes de recherche. Ces trois axes couvrent des approches complémentaires alliant 1/ étude des populations dans leur **environnement naturel** (Axes 1 et 3) et 2/ **expérimentation en milieu contrôlé** (Axe 2).

### **Axe 1 : Etude de signatures génomiques d'adaptation locale chez les populations naturelles**

La première étape du travail consistera à **évaluer la différenciation génétique de populations de coquille Saint-Jacques** distribuées de la Rade de Brest au Golfe Normano-Breton. Des **données génomiques RADseq** (*Restriction Associated DNA sequencing*) obtenues précédemment<sup>13</sup> seront ré-analysées en utilisant comme référence le **génom de coquille Saint-Jacques publié récemment<sup>14</sup>**. Cette analyse comportera une part importante de travail bioinformatique qui sera réalisée sur le calculateur DATARMOR (Ifremer). L'alignement des données RADseq sur le génome de référence devrait permettre d'identifier de **possibles régions génomiques particulières impliquées dans la différenciation adaptative des populations naturelles de coquille Saint-Jacques le long des côtes bretonnes**. De nouvelles données de séquençage haut-débit obtenues par méthode RADseq dans le cadre d'une collaboration menée avec le SMEL (<https://www.smel.fr/>) à travers le projet FEAMP COGECO (Axe 3) pourront également être ajoutées à cette analyse génomique des populations naturelles de coquille Saint-Jacques.

Dans un second temps, la **structure génétique des populations naturelles d'ormeau** en Bretagne et Normandie sera étudiée à partir de **200 marqueurs SNP** (*Single Nucleotide Polymorphism*) génotypés dans le cadre du projet FEAMP OURMEL (coord. S. Roussel, UBO LEMAR). Cette étude permettra de définir la **structure spatiale des populations naturelles d'ormeau**. A partir de ces résultats, un **séquençage RADseq** sera effectué pour détecter une éventuelle **divergence adaptative associée à la structure des populations** précédemment identifiée.

### **Axe 2 : Évaluation de l'adaptation locale des populations d'ormeau en jardin commun**

Cet axe sera centré sur une expérimentation de six mois qui sera menée à Océanopolis dans le cadre du projet OCEANOLAB. **Trois populations d'ormeau parmi celles détectées dans l'Axe 1 seront comparées en jardin commun** en comparant leurs performances phénotypiques dans des conditions environnementales (température, lumière, voire hydrodynamisme) propres à chacune des populations. La différenciation phénotypique des populations sera mesurée à travers différents traits : e.g. croissance coquillière, mesures biométriques, métabolisme énergétique, mesures comportementales. Cette expérience en jardin commun visera à évaluer la **valeur adaptative de la variabilité phénotypique entre populations naturelles**. Par ailleurs un lot d'écloserie sera ajouté à l'expérimentation pour estimer le **potentiel adaptatif des individus d'élevage**.

### **Axe 3 : Exploration de l'effet possible d'une introgression génétique entre coquilles Saint-Jacques naturelles et issues de semis d'écloserie**

Cet axe reposera sur des actions menées sur la coquille Saint-Jacques à Granville en **collaboration étroite avec le**

**SMEL** dans le cadre du projet FEAMP COGECO. Un échantillonnage hivernal sera mené en 2022-23 pour collecter 100 coquilles anormalement sexuellement matures (coraillées) en hiver et 100 coquilles non coraillées sur la même période. Un lot de 25 individus sera également prélevé en Rade de Brest. La diversité génétique des échantillons sera étudiée par **séquençage RADseq**. Cette analyse permettra ainsi de **déterminer si l'existence des patrons « anormaux » de maturation gonadique observés chez certaines coquilles Saint-Jacques à Granville pourrait être due à une introgression de la population naturelle locale par des coquilles semées d'origine brestoise.**

### **3 - Positionnement et environnement scientifique dans le contexte régional, national et international**

Le projet README repose sur la **forte expérience du LEMAR dans l'étude de la coquille Saint-Jacques et de l'ormeau européen**. Cette expérience couvre une vaste gamme d'approches couvrant les aspects écologiques, physiologiques, ou génétiques. En particulier, G. Charrier, co-encadrant e la thèse, a une **expérience notable concernant la génétique des populations de coquille Saint-Jacques**<sup>12,15,16,17,18,19</sup>.

La thèse sera réalisée dans un **environnement scientifique bien structuré avec plusieurs projets financés**. Tout d'abord, dans le cadre du projet OURMEL (FEAMP) 17k€ sont destinés au génotypage/séquençage des populations d'ormeau le long des côtes bretonnes prévu dans l'Axe 1. D'autre part, une collaboration avec le SMEL à travers le projet COGECO (FEAMP) permettra de financer le génotypage des échantillons de coquille Saint-Jacques à Granville décrit dans les Axes 1 et 3 (25k€ dédiés à cette action). Enfin la partie expérimentale (expérience de jardin commun) sera effectuée par le biais d'une collaboration avec Océanopolis à travers le projet OCEANOLAB (CPER, UBO, Océanopolis). Le projet OCEANOLAB offre en effet la possibilité de fournir toutes les installations nécessaires à la partie expérimentale de l'Axe 2, et permettra également de développer un programme de médiation scientifique en lien avec le projet README. Cette médiation portera sur l'évolution des populations exploitées de coquille Saint-Jacques et d'ormeau face au changement climatique. Il est à noter que l'expérimentation décrite dans le projet README est prévue de démarrer début 2023 dans OCEANOLAB.

Par ailleurs le projet reposera sur une collaboration avec Florentine Riquet (INRAE - Sophia Antipolis), qui possède une **expérience significative en génétique et génomique des populations, écologie expérimentale et bioinformatique**. La collaboration avec F. Riquet s'inscrit dans le cadre du montage par celle-ci d'un projet interdisciplinaire de candidature au CNRS (section 52) : « Activités anthropiques et préservation du milieu : le cas de l'ormeau *Haliotis tuberculata* ».

Au niveau européen, le projet s'appuiera sur une collaboration avec Ewan Harney (Institute of Evolutionary Biology CSIC-UPF, Barcelone, Espagne). E. Harney possède une expérience significative concernant l'étude moléculaire de l'ormeau<sup>20,21</sup> et a également conduit une expérience de jardin commun pour étudier les bases de la diversité phénotypique des populations européennes de coquille Saint-Jacques lors d'un post-doc au LEMAR sous la direction de G. Charrier (article en prep). La collaboration avec E. Harney sera donc très utile pour la réalisation de l'expérimentation de jardin commun prévue dans l'Axe 2.

Enfin, une **mobilité internationale au Canada** sera sollicitée pour le doctorant, afin de lui permettre d'aller travailler quelques mois dans l'équipe de Ian Bradbury (Bedford Institute of Oceanography, DFO, Canada). Cette équipe possède en effet une expérience significative dans l'analyse génomique de populations de pectinidés et dans l'identification de signatures de divergence adaptative des populations<sup>22,23,24</sup>, ce qui devrait être très profitable pour aborder les Axes 1 et 3 du projet README.

### **4 - Contexte scientifique et partenarial : éléments généraux (ERC, CPER, FEDER, Breizhcop ...)**

D'une part, le projet sera mené en **lien étroit avec différents acteurs socio-économiques régionaux**. Le projet sera en effet réalisé en collaboration avec le SMEL (<https://www.smel.fr/>) pour les deux espèces, que ce soit à travers le projet OURMEL ou COGECO. Le travail sur l'ormeau sera aussi réalisé en collaboration étroite avec France Haliotis.

D'autre part, le projet README bénéficiera du fait que les encadrants sont intégrés dans **divers réseaux scientifiques de haut niveau, que ce soit à l'échelle nationale ou internationale**. Au niveau national, les trois co-encadrants de la thèse sont impliqués dans le GDRi MarCo (Marine Connectivity ; <https://www.ifremer.fr/gdrmarco/>). Par ailleurs, G. Charrier est membre de deux réseaux internationaux : 1/ consortium CeMEB (Linnaeus Centre for Marine Evolutionary Biology, Univ. Göteborg, Suède ; <https://www.gu.se/en/cemeb-marine-evolutionary-biology>), qui s'intéresse aux processus gouvernant l'évolution et l'adaptation des organismes marins ; 2/ ICES WGAGFA (ICES Working Group on Application of Genetics in Fisheries and Aquaculture ; <https://www.ices.dk/community/groups/Pages/WGAGFA.aspx>), qui se focalise sur l'application des outils génétiques et génomiques pour la conservation et la gestion des espèces marines exploitées. **Tous ces réseaux fourniront au doctorant un contexte scientifique riche et stimulant, propice à sa progression.**

## Vous sollicitez un financement ISblue, ou une ARED ISblue :

Précisez le lien du sujet avec les thèmes ISblue

Thème ISblue	Thème principal	Thème secondaire (si nécessaire)	Autre (si nécessaire)
la régulation du climat par l'océan			
les interactions entre la Terre et l'océan			
la durabilité des systèmes côtiers		X	
l'océan vivant et les services écosystémiques	X		
les systèmes d'observation à long terme			

Expliquez/précisez en quelques lignes dans quelle mesure votre demande correspond à l'un ou plusieurs des critères ISblue ci-dessous :

### 1- Originalité, impact potentiel du projet

Le projet puise son originalité et son ambition dans la **complémentarité** entre 1/ la génomique des populations, qui s'appuie sur les **dernières avancées techniques et analytiques**, et 2/ une expérimentation relativement longue en jardin commun adossée aux **moyens uniques** de OCEANOLAB. Ceci offre un **contexte parfait** pour étudier une **question d'intérêt majeur et mal connue** : quel effet du repeuplement sur l'adaptation locale des populations marines ?

### 2- Positionnement international du sujet, cotutelle ou co-encadrement international

Le projet s'appuiera sur deux collaborations internationales notables : 1/ **Collaboration avec E. Harney** (Institute of Evolutionary Biology CSIC-UPF, Espagne), qui possède une expérience significative sur les réponses de l'ormeau et la coquille Saint-Jacques face aux variations de l'environnement, et 2/ **Mobilité doctorale de quelques mois chez I. Bradbury** (DFO, Canada), qui est internationalement reconnu pour l'étude génomique des populations marines.

### 3- Effet intégrateur entre unités de recherche et / ou interdisciplinarités

Le projet présente un **intérêt structurant évident** pour le LEMAR, puisque deux des trois co-encadrants ont nouvellement rejoint le laboratoire, fin 2021 (E. Pante et A. Viricel). Par ailleurs, le projet bénéficiera d'une **ouverture notable vers l'interdisciplinarité**, grâce à la collaboration avec le montage du projet CNRS de F. Riquet qui aborde des aspects socio-économiques et juridiques liés au repeuplement des populations exploitées d'ormeau en Bretagne.

### 4- Potentiel d'insertion à un haut niveau dans la communauté académique ou non académique du docteur

Le projet est en phase avec les avancées actuelles en génomique des populations, et fournira ainsi au diplômé un profil très attractif pour une **carrière académique**. La mobilité chez I. Bradbury devrait constituer une **piste sérieuse de post-doc**. Par ailleurs, la collaboration étroite avec les acteurs de la filière pêche (SMEL, France Haliotis) offrira un contexte favorable pour ouvrir au futur docteur des portes vers une **insertion dans le monde non académique**.

## Le candidat

**Profil souhaité du candidat (spécialité/discipline principale, compétences scientifiques et techniques requises) :**

Le candidat devra présenter une forte expérience en génétique des populations, et devra avoir les compétences nécessaires pour conduire les analyses de bioinformatique prévues dans le projet. En outre, une solide formation en écologie marine sera vivement appréciée. Le candidat devra être capable à la fois de développer des approches novatrices de génomique des populations, mais également de travailler en relation étroite avec les écologistes étudiant le fonctionnement des populations de coquille Saint-Jacques et d'ormeau, ainsi

qu'avec les acteurs non académiques impliqués dans l'exploitation et la gestion des stocks (écloseries, professionnels de la filière pêche).

## Références bibliographiques

- <sup>1</sup> Bell JD, Leber KM, Blankenship HL, Loneragan NR, Masuda R (2008). A new era for restocking, stock enhancement and sea ranching of coastal fisheries resources. *Reviews in Fisheries Science* 16: 1–9
- <sup>2</sup> Fleury P-G, Carval J-P, Muzellec M-L, Gérard A, Barret J, Cochard J-C, Dao J-C (2003) 1983-2002: The 20-year development of the King scallop (*Pecten maximus*) sea-farming industry in the bay of Brest (France): historical record, results, prospect. *Abstract for the 14th Pectinid Workshop, St-Petersburg (Floride, U.S.A)*, 2pp
- <sup>3</sup> Alban F, Boncoeur J (2008) Sea-ranching in the Bay of Brest (France): technical change and institutional adaptation of a scallop fishery. *FAO Fisheries Technical Paper* 504: 41
- <sup>4</sup> Lachambre S (2017) Mise en place d'un plan de sélection génétique pour l'ormeau européen *Haliotis tuberculata*. *Thèse de Doctorat*, Université de Bretagne occidentale, Brest.
- <sup>5</sup> Mazurié J, Thébault A, Le Mao P, Véron G, Tigé G, Richard O (1999) Les mortalités d'ormeaux en Bretagne Nord en 1998 - Synthèse des observations et analyses. *Rapport Ifremer, La Tremblade*. 14 pp.
- <sup>6</sup> Huchette SMH, Clavier J (2004) Status of the ormer (*Haliotis tuberculata* L.) industry in Europe. *Journal of Shellfish Research* 23: 951-956
- <sup>7</sup> Chilcote MW, Chilcote M, W.Goodson K, Goodson K, Falcu MR, Falcu M (2011) Reduced recruitment performance in natural populations of anadromous salmonids associated with hatchery-reared fish. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 68: 511-522
- <sup>8</sup> Lallias D, Boudry P, Lapegue S, King JW, Beaumont AR (2010) Strategies for the retention of high genetic variability in European flat oyster (*Ostrea edulis*) restoration programmes. *Conservation Genetics* 11: 1899–1910
- <sup>9</sup> Araki H, Cooper B, Blouin MS (2007) Genetic effects of captive breeding cause a rapid, cumulative fitness decline in the wild. *Science* 318: 100-103
- <sup>10</sup> Christie MR, Marine ML, French RA, Blouin MS (2012) Genetic adaptation to captivity can occur in a single generation. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 109: 238-242
- <sup>11</sup> Christie MR, Ford MJ, Blouin MS (2014) On the reproductive success of early-generation hatchery fish in the wild. *Evolutionary Applications* 7: 883-896
- <sup>12</sup> Morvezen R, Boudry P, Laroche J, Charrier G (2016). Stock enhancement or sea ranching? Insights from monitoring the genetic diversity, relatedness and effective population size in a seeded great scallop population (*Pecten maximus*). *Heredity* 117: 142-148
- <sup>13</sup> Handal W (2019) Rôle de la connectivité et de l'adaptation locale dans la structure et le fonctionnement des populations de coquille Saint-Jacques (*Pecten maximus*) en Manche, Mer d'Iroise et Rade de Brest. *Thèse de Doctorat*, Université de Bretagne occidentale, Brest. 225 pp
- <sup>14</sup> Kenny NJ, McCarthy SA, Dudchenko O, James K, Betteridge E, Corton C, Dolucan J, Mead D, Oliver K, Omer AD, Pelan S, Ryan Y, Sims Y, Skelton J, Smith M, Torrance J, Weisz D, Wipat A, Aiden EL, Howe K, Williams ST (2020) The gene-rich genome of the scallop *Pecten maximus*. *GigaScience* 9: g1aa037
- <sup>15</sup> Charrier G, Morvezen R, Calves I, Laroche J (2012) Development of new microsatellite markers derived from expressed sequence tags for the great scallop (*Pecten maximus*). *Conservation Genetics Resources* 4: 931-934
- <sup>16</sup> Morvezen R, Cornette F, Charrier G, Guinand B, Lapègue S, Boudry P, Laroche J (2013) Multiplex PCR sets of novel microsatellite loci for the great scallop *Pecten maximus* and their application in parentage assignment. *Aquatic Living Resources* 26: 207-213
- <sup>17</sup> Morvezen R, Charrier G, Boudry P, Chauvaud L, Breton F, Strand Ø, Laroche J (2016) Genetic structure of a commercially exploited bivalve, the great scallop *Pecten maximus*, along the European coasts. *Conservation Genetics* 17: 57-67
- <sup>18</sup> Vendrami D L J, De Noia M, Telesca L, Handal W, Charrier G, Boudry P, Eberhart-Philips L, Hoffman J I (2019) RAD sequencing sheds new light on the genetic structure and local adaptation of European scallops and resolves their demographic histories. *Scientific Reports* 9(1): 7455
- <sup>19</sup> Handal W, Szostek C, Hold N, Andrello M, Thiébaud E, Harney E, Lefebvre G, Borcier E, Jolivet A, Nicolle A, Boyé A, Foucher E, Boudry P, Charrier G (2020) New insights on the population genetic structure of the great scallop (*Pecten maximus*) in the English Channel coupling microsatellite data and demo-genetic simulations. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* 30: 1841-1853
- <sup>20</sup> Harney E, Dubief B, Boudry P, Basuyaux O, Schilhabel MB, Huchette S, Paillard C, Nunes FLD (2016) De novo assembly and annotation of the European abalone *Haliotis tuberculata* transcriptome. *Marine Genomics* 28:



- <sup>21</sup> Harney E, Lachambre S, Roussel S, Huchette S, Enez F, Morvezen R, Haffray P, Boudry P (2018) Transcriptome based SNP discovery and validation for parentage assignment in hatchery progeny of the European abalone *Haliotis tuberculata*. *Aquaculture* 491: 105-113
- <sup>22</sup> Van Wyngaarden M, Snelgrove PVR, DiBacco C, Hamilton LC, Rodríguez-Ezpeleta N, Jeffery NW, Stanley RRE, Bradbury I (2017) Identifying patterns of dispersal, connectivity and selection in the sea scallop, *Placopecten magellanicus*, using RADseq-derived SNPs. *Evolutionary Applications* 10: 102-117
- <sup>23</sup> Van Wyngaarden M, Snelgrove PVR, DiBacco C, Hamilton LC, Rodríguez-Ezpeleta N, Zhan L, Beiko RG, Bradbury I (2018) Oceanographic variation influences spatial genomic structure in the sea scallop, *Placopecten magellanicus*. *Ecology and Evolution* 8: 2824-2841
- <sup>24</sup> Lehnert SJ, DiBacco C, Van Wyngaarden M, Jeffery NW, Lowen BJ, Sylvester E, Wringe BF, Stanley RRE, Hamilton L, Bradbury IR (2019) Fine-scale temperature associated genetic structure between inshore and offshore populations of sea scallop (*Placopecten magellanicus*). *Heredity* 122: 69-80