

## Cycle de vie, connectivité et génétique

La dispersion larvaire permet d'assurer la connectivité entre populations, la colonisation de nouveaux habitats, et elle influe sur la structure et la dynamique des communautés. La génétique des populations à grande échelle permet de comprendre les flux de gènes et la connectivité, la diversité génétique, et des patrons d'évolution. Mais ces patrons peuvent être compliqués par des événements historiques qui ne reflètent pas les échanges larvaires contemporains. Or, dans le contexte actuel d'une exploitation éventuelle des ressources marines profondes où des stratégies de protection de ces habitats devront être mises en place, il est indispensable d'élucider les mécanismes à l'oeuvre dans le couplage entre phase larvaire pélagique et phase adulte benthique. En effet, le manque de connaissance des traits d'histoire de vie des espèces profondes ne nous permet pas actuellement d'évaluer l'impact éventuel de l'exploitation des ressources sur la survie des communautés environnantes.

Afin d'établir des modèles prédictifs du transport larvaire et de la connectivité, il est impératif d'obtenir des données concernant la durée de la phase larvaire planctonique (le temps pendant lequel une larve reste exposée aux courants océaniques, qui détermine la distance susceptible d'être parcourue par cette larve), la physiologie et le comportement larvaire (qui déterminent la manière dont une larve interagit avec son environnement), le moment de l'entrée des larves dans la colonne d'eau (identification des rythmes de reproduction permettant de déterminer la temporalité de la présence de larves dans la colonne d'eau), et le moment du retour à la vie benthique, incluant toutes les étapes conduisant à la sédentarisation, la métamorphose et au recrutement dans la population adulte.

Notre objectif sera donc de renforcer nos connaissances du cycle de vie des organismes du profond. Nous nous intéresserons à la phase planctonique pendant laquelle les larves se développent pour devenir compétentes (prêtes à se sédentariser), en développant des approches expérimentales visant à estimer la durée de vie larvaire, la physiologie et le comportement larvaire. Celles-ci pourront bénéficier des développements technologiques en cours en matière de systèmes de culture en pression (projet Bathytron qui sera présenté au CPER en 2013). En parallèle, une autre approche consistera à aller rechercher ces larves dans le milieu afin d'évaluer leur distribution (développement de systèmes de capture de larves). Les méthodes moléculaires (« barcoding ») déjà mises en oeuvre dans notre Laboratoire permettront l'identification de ces larves. Enfin, nous nous intéresserons également à la phase de recrutement à travers une série d'expériences de colonisation déployées en milieu profond (campagnes Momarsat, ANR et campagne Congolobe, collaboration avec le Jamstec au Japon) dont certaines sont couplées à une mesure du flux larvaire vers le compartiment benthique (pièges à particules). Ainsi, les dernières campagnes sur la dorsale médio-Atlantique ont non seulement permis la caractérisation fine des moulières du champ Lucky Strike mais aussi le déploiement de nombreux substrats de colonisation instrumentés. Ces substrats organiques et inorganiques permettront d'étudier les processus de colonisation et le recrutement à proximité des édifices hydrothermaux en fonction du niveau d'activité hydrothermale. Tous les compartiments de faune, y compris la méiofaune, y seront étudiés notamment grâce à l'arrivée d'une chercheuse post-doctorale à l'automne 2012 (programme de post doc international financé par la région, le Labex mer et l'Ifremer). Des expériences similaires ont été déployées dans des écosystèmes de fluides froids (WACS 2011) et des écosystèmes sédimentaires (campagnes japonaises). Elles permettront d'évaluer les processus de colonisation entre différents environnements marins profonds, d'évaluer la connectivité écologique à différentes échelles spatiales ainsi que le rôle de certains facteurs environnementaux (profondeur, température, substrat) sur la biodiversité et la distribution de la faune dans ces écosystèmes.

Dans le cas particulier des organismes inféodés aux habitats basés sur la chimiosynthèse, l'acquisition de symbiotes bactériens après la sédentarisation est une étape clé permettant de boucler le cycle de vie de ces espèces symbiotiques à transmission non verticale en permettant le recrutement effectif de la post-larve dans la population adulte. Cet aspect sera développé en collaboration avec le LM2E. Par ailleurs, le GDR MarCo s'inscrit dans une démarche tournée vers l'accès aux informations sur la connectivité contemporaine. L'objectif est de contribuer à l'amélioration de l'interprétation des données moléculaires en génétique des populations, et de leur couplage avec les informations sur les traits d'histoire de vie et les informations océanographiques. Dans ce cadre, les données apportées au Laboratoire sur les cycles de vie et l'acquisition des épibiontes compléteront les données déjà acquises en génétique des populations sur les

crevettes et les vésicomidés hydrothermaux et de fluides froids notamment, afin d'affiner les inférences concernant la connectivité contemporaine. En effet, les études concernant la plupart des organismes hydrothermaux étudiés au laboratoire et au sein d'autres équipes, montrent d'une part l'importante présence d'espèces cryptiques (renforçant l'importance du barcoding), et d'autre part une panmixie généralisée sur de vastes échelles spatiales allant jusqu'au millier de kilomètres par exemple pour les crevettes hydrothermales de la ride médio-Atlantique.

Dans ce contexte, il est essentiel d'appréhender la part de la migration efficace contemporaine à l'origine, ou non de cette homogénéité génétique. L'analyse parallèle des communautés d'épibiontes a débuté en utilisant les nouvelles technologies de séquençage, et la caractérisation des communautés est en cours d'analyse afin d'établir leur structure et d'estimer l'apport que celle-ci peut avoir sur la compréhension de la structure génétique de leurs hôtes : les temps de générations étant plus courts, les procaryotes sont susceptibles de porter sur leur génome la signature d'évènements récents n'ayant pas encore affecté le génome de l'hôte.