

Etat des connaissances sur l'amphidromie des Neritidae (Mollusca : Gastropoda) d'eau douce

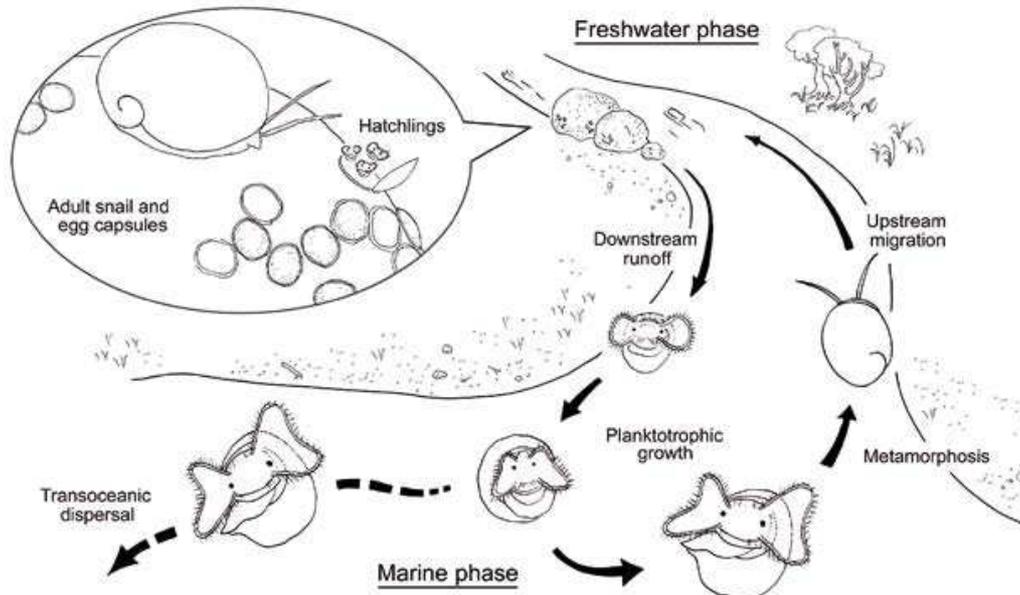
ABDOU Ahmed

Doctorant

Equipe n°: 4

E-mail : abdou@mnhn.fr

Les eaux douces des îles tropicales abritent des mollusques de la famille des Neritidae, ayant un cycle de vie spécifique adaptée à l'environnement insulaire. Les adultes se développent, se nourrissent et se reproduisent dans les rivières. Après l'éclosion, les larves dévalent vers la mer où elles passent un laps de temps variable selon les espèces. Ce cycle de vie est appelé amphidromie. Bien que cette famille soit la plus diversifiée des mollusques d'eau douce, leur cycle biologique, les paramètres et les processus évolutifs qui conduisent à une telle diversité sont peu connus. Cette présentation fait le point sur l'état actuel des connaissances sur la reproduction, le recrutement, la migration vers l'amont et la dispersion, les stratégies de gestion et de restauration pour la préservation des nérites amphidromes, exigeant une meilleure compréhension de leur cycle de vie.



(d'après Kano, 2011)

Développement d'un cadre Bayésien pour les méthodes d'évaluation de stocks à données limitées et proposition de scénarios de gestion. Application à deux cas d'études, la seiche (*Sepia officinalis*) et le lieu jaune (*Pollachius pollachius*)

ALEMANY Juliette

Doctorant

Equipe n°: 5

E-mail : juliette.alemany@ifremer.fr

L'évaluation scientifique de l'état des ressources vivantes exploitées est un préalable indispensable à l'application de mesures efficaces de gestion. Ce préalable n'est cependant pas toujours réalisé. Au niveau Européen, le Conseil International pour l'Exploration de la Mer (CIEM) est l'organisme référent dont les avis alimentent la politique communautaire des pêches pour nombre de ressources partagées. Classiquement, diagnostics et objectifs durables sont définis à partir de modèles de dynamique de populations structurés par âges. Ces modèles sont très gourmands en données puisqu'ils nécessitent de connaître à chaque date et pour chaque segment de la flottille les effectifs capturés (débarqués ou rejetés) par classe d'âge, ainsi que l'âge de reproduction. Les stocks faisant l'objet d'une évaluation complète représenteraient 20% des productions mondiales et des alternatives à l'approche classique sont recherchées dans les nombreux cas de "stocks à données limitées".

Cette thèse se veut porteuse d'une méthodologie générale pour l'évaluation de stocks à données limitées, tout en soulignant la nécessité d'utiliser des modèles adaptés aux particularités biologiques des stocks étudiés. Plusieurs méthodes d'évaluation de stocks à données limitées sont explorées et testées sur deux cas d'étude : le lieu jaune (*Pollachius pollachius*) et la seiche (*Sepia officinalis*). L'utilisation d'un cadre Bayésien a été recommandée par plusieurs auteurs, afin de pouvoir utiliser différentes sources d'information et d'estimer de façon adéquate l'incertitude associée aux sorties des modèles.

Des méthodes basées sur des données historiques de capture, ainsi que des méthodes basées sur les fréquences de tailles ont été employées pour le lieu jaune. Avec la seiche, une attention particulière est portée à la distinction de modèles adaptés à des cycles de vie courts. Un modèle de déplétion basé sur des données mensuelles de capture et d'effort, ainsi qu'un modèle de biomasse à deux stades ont été explorés et appliqués, avec pour le modèle de biomasse à deux stades un recodage en statistiques Bayésiennes. Ces deux types d'outils sont présentés ici et comparés aussi bien du point de vue du diagnostic que des perspectives d'amélioration.

Etude de la symbiose chez *Chorocaris chacei*, crevette hydrothermale de la ride médio-Atlantique

APREMONT Vincent

Doctorant

Equipe n°: 3

E-mail : vincent.apremont@ifremer.fr

Quatre espèces de crevettes alvinocarididés sont présentes sur les sites de la dorsale médio-Atlantique: *Rimicaris exoculata*, *Chorocaris chacei*, *Alvinocaris markensis* et *Mirocaris fortunata*. Ces espèces présentent une gamme d'adaptations morphologiques, anatomiques et physiologiques, ainsi que différents profils de comportements et distributions. L'espèce *Rimicaris exoculata*, de loin la plus abondante sur ces sites, est aussi la plus étudiée du point de vue de la symbiose. La comparaison avec les autres espèces, tant sur le plan morphologique que sur le plan de la nutrition (analyses des isotopes stables du carbone et de l'azote), ont mis en évidence différents degrés d'interactions et de dépendance vis à vis de bactéries symbiotiques, depuis *Rimicaris*, qui est hautement spécialisée à *Alvinocaris*, le plus proche en apparence des crevettes brésiliidés non-hydrothermales (Segonzac, 1992 ; Segonzac et al., 1993 ; Casanova et al., 1993 ; Gebruk et al., 1993, 1997, 2000, Colaço et al., 2002 ; Ponsard et al., 2012). D'après la littérature, *C. chacei* occuperait une position intermédiaire entre *Rimicaris* et *Alvinocaris* : les scaphognathites sont de même taille que chez *Alvinocaris* (1/3 de la carapace), mais présentent une couverture de soies bactériophores, qui servent également de point d'ancrage à des bactéries, moins abondante que chez *Rimicaris*. Il semble que son régime alimentaire soit mixte, entre consommateur primaire (bactéries symbiotiques) et secondaire (nécrophage). De plus le régime alimentaire pourrait varier entre juvéniles et adultes : reposant essentiellement sur les bactéries épibiontes chez les jeunes, de la prédation / nécrophagie aux dépends de *Rimicaris* pourrait s'ajouter au régime bactérien chez les stades plus âgés (Segonzac et al., 1993, Gebruk et al., 2000). Une étude détaillée de la symbiose, sur le plan de la diversité morphologique, phylogénétique et métabolique a été entreprise et les premiers résultats seront présentés ici.

Rôle des habitats benthiques sur le recrutement des bivalves sauvages en milieu côtier tempéré : cas de l'archipel de Chausey

BARBIER Pierrick

Doctorant

Equipe n°: 6

E-mail : pierrickbarbier@hotmail.com

Le renouvellement des populations des bivalves sauvages est principalement attribuable à l'échec ou au succès de la colonisation du substrat par les premiers stades de vie (larves, post - larves et juvéniles), que l'on qualifie plus généralement de recrutement. Il est crucial de comprendre le rôle des facteurs environnementaux influençant la transition des larves des compartiments pélagique à benthique et l'établissement durable des juvéniles. Les écosystèmes côtiers de la Manche présentent une grande diversité d'habitat, chacun représenté par des communautés macrobenthiques caractéristiques. L'archipel de Chausey, en Normandie, arbore une mosaïque d'habitats benthiques de fonds meubles comme les biohermes à *Lanice conchilega*, les herbiers de *Zostera marina*, les sables hétérogènes plus ou moins envasés intertidaux et subtidaux, les fond à Maërl et les bancs de *Crepidula fornicata*.

Cette étude vise à déterminer le rôle fonctionnel des habitats benthiques de fonds meubles sur le déterminisme du recrutement des bivalves sauvages. L'évaluation du rôle de ces habitats a été réalisée de deux manières, d'une part en faisant un bilan du recrutement en fin de saison de reproduction et, d'autre part, en mesurant les performances de croissance et la qualité physiologique de juvéniles d'huitres plates.

Le bilan du recrutement des bivalves effectué, au début de l'automne 2013 et 2014, sur 6 habitats benthiques majeurs montre un recrutement moyen plus important dans les habitats subtidaux que dans les intertidaux et plus fort et diversifié dans l'habitat à crépidule. Ces différences sont en partie explicables par les textures sédimentaires propres à chacun des habitats benthiques. La structure des communautés des recrues de bivalves est plus homogène dans les habitats à maërl, crépidule et zostère contrairement aux habitats à lanice et à sables hétérogènes envasés inter- et subtidaux.

Aucune différence majeure dans les performances de croissance n'est observée entre les huitres plates immergées dans les différents habitats benthiques. L'analyse de la composition en acides gras de leur glande digestive montre que la ressource trophique disponible pour les recrues de bivalves est uniforme entre les principaux habitats benthiques de l'archipel. Cependant la concentration d'acides gras est deux fois plus grande dans les individus de l'habitat à crépidule que dans ceux du maërl et des sables hétérogènes envasés subtidaux, traduisant des états physiologiques différents. Ces résultats sont en cours d'interprétation et une publication est en cours d'écriture.

Assemblage *de novo* de génomes mitochondriaux de Crustacés (branchiopodes et cirripèdes)

BELLEC Laure

ATER

Equipe n°: 4

E-mail : laure.bellec@mnhn.fr

Les nouvelles techniques de séquençage à haut débit ouvrent la voie à une meilleure identification des relations de parenté entre espèces et fournissent un outil révolutionnaire pour mieux comprendre l'évolution des génomes mitochondriaux (= mitogénome). Nous étudions deux modèles de mitogénomes parmi les pancrustacés : les sacculines (cirripèdes), *Sacculina carcini* et *S. gerbei* parasites de crabes, et les branchiopodes, modèles non parasites comme *Limnadia lenticularis* ou *Tanymastix stagnalis*. Chez ces deux groupes, très peu de données moléculaires sont disponibles, nous obligeant à faire un assemblage *de novo* (c.à.d sans référence). L'utilisation du Ion Torrent (NGS) ainsi que la mise en place d'assemblage *de novo* via le logiciel Geneious a montré son efficacité mais aussi certaines difficultés nécessitant la mise en place d'autres stratégies. Les premiers mitogénomes sont en cours d'assemblage/d'annotation et ont déjà permis de mettre en évidence certaines caractéristiques. Nous avons détecté des réarrangements de l'ordre des gènes mitochondriaux. Chez les sacculines, les remaniements sont intenses et plus ponctuels chez les branchiopodes. Pour ces deux modèles, l'obtention de mitogénomes va aussi permettre l'identification de nouveaux marqueurs moléculaires pour résoudre la phylogénie et reconstituer l'histoire évolutive de ces différentes familles.

Réponse au couplage pH/salinité chez deux diatomées écologiquement éloignées du genre *Thalassiosira*

BUSSARD Adrien

Doctorant

Equipe n°: 1

E-mail : adrien.bussard@edu.mnhn.fr

Les diatomées sont des microalgues brunes retrouvées dans l'ensemble des écosystèmes aquatiques (eaux douces, saumâtres et marines). Leur répartition peut varier au sein même d'un genre traduisant une évolution spécifique. Par exemple, la diatomée côtière *Thalassiosira weissflogii* (espèce dite généraliste) et la diatomée océanique *T. oceanica* (spécialiste) sont retrouvées dans des écosystèmes contrastés dus à certaines caractéristiques physiologiques et génétiques acquises au cours de l'évolution. Pour tenter d'apporter des éléments de réponse sur l'évolution des génomes chez les diatomées, nous avons choisi d'étudier la réponse physiologique et transcriptomique de *T. weissflogii* et *T. oceanica* à deux facteurs environnementaux importants : le pH et la salinité. Après 10 semaines d'acclimatation, nous avons analysé leurs réponses à un couplage pH (7.7, 8.1 et 8.5) et salinité (21, 28 et 35 psu). Nous avons pu montrer que ces deux facteurs ne semblaient pas affecter de façon importante la fitness (croissance, biosynthèse et morphologie du thèque ...) des cellules. Cependant, nos données présentent pour la première fois chez les microalgues, qu'à la fois le pH et la salinité affectent l'homéostasie du pH intracellulaire. En revanche, le profil transcriptomique global suggère une réponse opposée entre ces deux diatomées. L'expression des gènes tend à suivre le gradient pH pour *T. weissflogii* alors qu'elle d'avantage le gradient salin pour *T. oceanica*. L'analyse des gènes orthologues entre ces deux espèces démontre elle aussi une réponse spécifique entre l'espèce généraliste et celle spécialiste. Ainsi la régulation de l'homéostasie de pH ferait intervenir des réseaux de gènes différents chez ces deux espèces en rapport avec leurs environnements naturels. Avec l'acidification progressive des océans, ces résultats pourraient suggérer à terme une variation de la distribution des diatomées vers des environnements plus ou moins salés pour maintenir une homéostasie du pH optimale.

Distribution des poissons diadromes à l'échelle mondiale

CHALANT Anais

Doctorante

Equipes n°: 7 et 4

E-mail : achalant@edu.mnhn.fr

La théorie espèces-énergie (Wright 1983) suggère que la quantité d'énergie disponible, souvent mesurée à travers la productivité primaire, détermine la richesse spécifique des communautés. Cette hypothèse appliquée aux poissons diadromes, migrant entre les océans et l'eau douce, pourrait permettre d'expliquer en partie leur répartition à l'échelle globale. En effet, il a été suggéré par Gross (1988) que le ratio productivité marine sur productivité terrestre explique la richesse relative en espèces anadromes aux différentes latitudes. Ces espèces dont la croissance se fait en mer sont plus abondantes aux latitudes où la productivité marine est supérieure à la productivité terrestre.

De plus, une seconde hypothèse stipule que le nombre d'espèces diadromes est plus élevé dans les zones qui étaient recouvertes de glace lors du dernier maximum glaciaire (Griffiths 2006). De par leur aspect migrateur et donc de leur forte capacité de dispersion, ces espèces sont plus enclines à coloniser de nouveaux milieux, suite à la fonte des glaces. Cette hypothèse a été testée en Europe et en Amérique du Nord par Griffiths (2006, 2010).

Nous proposons d'intégrer pour la première fois ces deux hypothèses dans une étude globale à une résolution géographique plus fine (bassins versants) que celle utilisée dans les travaux antérieurs. Pour expliquer la richesse spécifique en espèces diadromes et non-diadromes, trois variables correspondant aux deux hypothèses seront testées dans un premier temps ; à savoir les productivités primaires marine et terrestre (en mgC/m²/jour) ainsi que la proportion de chaque bassin sous glacier lors du dernier maximum glaciaire (LGM). Dans un second temps, d'autres variables connues pour avoir un impact sur la richesse spécifique des poissons d'eau douce ont été ajoutées à l'analyse afin de la rendre plus complète.

Un modèle multinomial a été utilisé pour expliquer simultanément la répartition de trois catégories de diadromes (anadromes, catadromes, amphidromes) et des non-migrateurs sur 1005 bassins versants.

Pour chaque bassin versant, la productivité primaire terrestre est calculée ainsi que la productivité océanique et côtière (plateau continental) le long de la latitude correspondante à son embouchure.

Les résultats de l'étude confirment les deux hypothèses. Les bassins ayant été sous glaciers pendant le dernier LGM sont plus susceptibles d'abriter un nombre élevé d'espèces diadromes. De plus, les bassins associés à une productivité primaire océanique plus importante que la productivité terrestre ont plus de chance d'abriter des espèces anadromes que d'autres catégories de diadromes (figure). Ces résultats sont robustes car l'ajout de variables environnementales (température, superficie, précipitation, runoff) au modèle ne change pas qualitativement ces résultats.

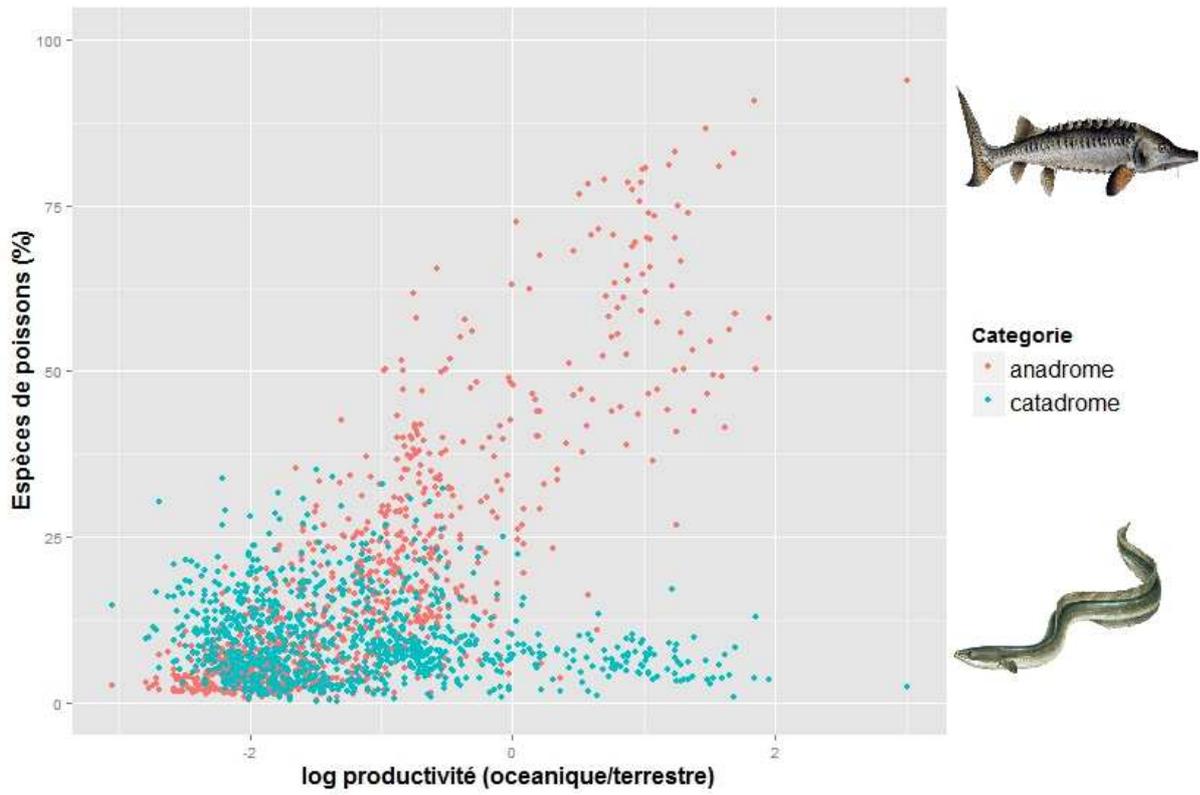


Figure 1: Relation à l'échelle mondiale entre le ratio de productivité océanique sur productivité terrestre et la proportion d'espèces anadromes et catadromes. Les points représentent les données pour chaque bassin. En rouge, les espèces anadromes et en bleu les espèces catadromes.

Les SepECPs : Une nouvelle classe de protéines capsulaires impliquées dans la protection de l'œuf chez *Sepia officinalis*

CORNET Valérie

Doctorante

Equipe n°: 2

E-mail : valerie.cornet@unicaen

Chez *Sepia officinalis*, la protection de l'œuf est assurée par une enveloppe capsulaire complexe sécrétée par les glandes génitales femelles et la poche du noir. Les principaux constituants de cette capsule sont d'origine protéique et ont fait l'objet de cette étude. Les transcriptomes de novo réalisés en Illumina à partir des glandes génitales femelles ont permis d'obtenir les transcrits nécessaires à l'identification des protéines de cette capsule. Une approche protéomique classique en SDS-PAGE couplée à des analyses en spectrométrie de masse a permis d'identifier une nouvelle famille de protéines capsulaires : les SepECPs (*Sepia officinalis* Egg Case Proteins). La glycosylation de ces protéines a été démontrée à partir d'une coloration à l'acide périodique de Schiff sur SDS-PAGE. Ces glycoprotéines ont pour origine les glandes nidamentaires principales, où leurs transcrits sont très largement exprimés. Les SepECPs possèdent de fortes homologies de séquences (54 % d'identité) particulièrement au niveau du peptide signal et au niveau de trois régions riches en cystéines. L'analyse de l'assemblage des séquences obtenues en Illumina a démontré une homologie de séquence de 100% au niveau de la partie 5' correspondant au peptide signal, suggérant l'existence d'un épissage alternatif à partir d'un gène unique. Les SepECPs présentent un nombre élevé de Cystéines avec des motifs conservés impliqués dans des liaisons intramoléculaires mais également intermoléculaires. La dimérisation de ces SepECPs observée en SDS-PAGE a été confirmée par des observations en microscopie électronique révélant la formation d'un réseau protéique. Ce réseau est semblable à celui observé au niveau des coupes histologiques de capsule, où ces protéines de structure associées à des polysaccharides, de la mélanine et des bactéries forment un maillage étroit. Ce maillage assure la protection physique de l'embryon par sa résistance et son élasticité. Outre leur rôle dans la protection physique, les SepECPs possèdent également une activité antimicrobienne de type bactériostatique sur des bactéries à GRAM-. Les complexes SepECP/*Vibrio aestuarianus* observés en MEB démontrent la capacité de ces protéines à agglomérer les bactéries inhibant ainsi leur croissance. Ces protéines originales identifiées à partir de l'enveloppe externe de l'œuf assurent la pérennité de l'espèce en prodiguant une protection physique et chimique aux embryons laissés dans l'environnement sans protection maternelle.

Conséquences des activités anthropiques sur les flux de carbone dans la mangrove de Can Gio (Vietnam)

DAVID Frank

Doctorant

Equipe n°: 6

E-mail : frank.david@edu.mnhn.fr



Les mangroves sont connues pour les services écosystémiques qu'elles rendent aux populations humaines. Parmi ceux-ci, le fait d'être des puits de carbone et des refuges pour les recrues de nombreuses espèces marines et dulçaquicoles.

L'objectif de l'étude est de caractériser les flux de carbone, sous forme minérale et organique, à l'entrée, au cœur et à la sortie de la mangrove de Can Gio (sud Vietnam). Celle-ci est préservée de l'installation d'activités humaines en son cœur depuis 2000 par une déclaration « réserve de la biosphère » de l'UNESCO. Cependant, elle est soumise aux effluents urbains provenant de la ville d'Ho Chi Minh (8 millions d'habitants) et aux rejets des fermes crevetticoles aux alentours, activité dominante aux abords de la zone protégée.

L'étude se basera sur 2 campagnes d'échantillonnage, l'une en saison sèche en janvier 2015, et l'autre en saison humide en septembre 2015. La récolte de matière en suspension dans la colonne d'eau du chenal principal, de sources végétales et de consommateurs de base nous permettra de mieux comprendre l'utilisation des ressources par le vivant grâce à l'analyse des compositions en acides gras et du ratio isotopique du carbone et de l'azote.

Une autre approche visera à mesurer l'activité de minéralisation de la mangrove en quantifiant, d'une part, les flux de CO₂ à l'interface air-eau (dispositif d'Eddy Covariance et chambre d'incubation) et, d'autre part, l'activité potentielle de dégradation des protéines par les procaryotes (enzyme α -aminopeptidase).

La présentation résumera la méthodologie envisagée, le bilan de la première campagne d'échantillonnage, les premiers résultats obtenus et les interrogations soulevées.

Régime trophique d'*Astarte borealis* (Bivalvia) : étude comparative d'un fjord arctique et sub-arctique

DE CESARE Silvia

Doctorante

Equipe n°: 6

E-mail : silvia.de-cesare@edu.mnhn.fr

Les écosystèmes côtiers en Arctique sont affectés par les changements climatiques, en particulier par les modifications des dynamiques des glaces (diminution du couvert de glace, augmentation des apports d'eau douce et de la turbidité). Ces phénomènes vont affecter la dynamique de production primaire (microalgale et macroalgale) et par conséquent la disponibilité en matière organique pour les consommateurs. Dans la perspective de prévoir l'évolution de cette biocénose et de son fonctionnement trophique, la caractérisation du régime alimentaire de la macrofaune benthique permet d'évaluer la dynamique de la production primaire en fonction des conditions environnementales.

Dans ce contexte, nous évaluons la validité d'un modèle d'étude pour la macrofaune benthique : les bivalves filtreurs *Astarte borealis*. Ce modèle biologique est particulièrement intéressant en raison de la faible mobilité des bivalves et de leur large répartition en Arctique. Les bivalves ont été étudiés dans deux sites côtiers présentant des caractéristiques environnementales contrastées : un fjord sub-arctique dans l'archipel du Svalbard influencé par les courants chauds de l'Atlantique (Kongsfjorden, 79°N, 12°E) et un fjord arctique au nord-est du Groenland avec un couvert de glace plus important (Yound Sund 74°N, 20°W). Dans chaque site, les bivalves ont été prélevés après la fonte des glaces et avant le début de l'hiver.

Pour caractériser le régime trophique des bivalves, la composition en acides gras a été étudiée pour deux tissus différents : les glandes digestives (intégrateurs à court terme) et les muscles adducteurs (intégrateurs à moyen terme). Les sources potentielles de nourriture ont également été analysées. La composition en acides gras d'*Astarte borealis* suggère des régimes trophiques distincts entre les deux fjords. Cette différence résulterait d'une contribution majoritaire des microalgues pour le fjord du Young Sund et d'un régime trophique plus hétérogène à Kongsfjorden, avec une plus forte contribution des macroalgues. En outre, les acides gras permettent également de mettre en évidence une dynamique saisonnière dans chacun des sites.

La « West Pike's Story » des brochets de France *Esox* spp. (Actinopterygii, Esocidae) apportée par la mitogénomique

DENYS Gaël

Doctorant

Equipe n°: 4

E-mail : gael@mnhn.fr

La systématique et la phylogéographie des Esocidés ont été considérées comme connue depuis des décennies, avec une seule espèce de brochet en Europe *Esox lucius* Linnaeus, 1758. Or une récente révision taxonomique des brochets de France a permis la découverte d'une espèce cryptique *Esox aquitanicus*, ce qui constitue la troisième espèce de brochet en Europe après le brochet italien *Esox cisalpinus* Bianco & Delmastro, 2011 (Denys et al., 2014). De plus, trois différentes lignées évolutives au sein de l'espèce *E. lucius* ont été mises à jour à l'aide de gènes mitochondriaux : Europe du Nord, Europe du Sud (Danube), et une lignée circumpolaire (Skog et al., 2014). Les brochets communs de France natifs appartiennent à la lignée nord-européenne. Cependant, beaucoup d'opérations de repeuplements ont été effectuées en France depuis la seconde moitié du XXème siècle, créant de l'introggression avec les populations natives (Launey et al., 2006).

La plupart des études précédentes sur les brochets ont été réalisées avec des marqueurs mitochondriaux (COI, cytochrome b, D loop), sans pouvoir faire de relations entre les résultats. Notre étude consiste à retracer la phylogéographie des brochets de France à partir de génomes mitochondriaux complets de 13 *E. lucius*, 6 *E. aquitanicus* et 2 *E. cisalpinus*.

Nos premiers résultats distinguent les 3 espèces de brochets, mais également les 3 lignées d'*E. lucius* décrites par Skog et al. (2014). La présence de spécimens appartenant aux lignées sud-européenne et circumpolaire serait dues aux opérations de repeuplements. Enfin notre datation moléculaire par calibration avec des fossiles estime des diversifications des brochets européens durant le Miocène supérieur, le Pliocène supérieur, et les épisodes glaciaires du Pléistocène. Ainsi il est nécessaire de gérer les repeuplements de brochets en prêtant attention à l'origine des souches de repeuplement, afin de préserver ces espèces à hautes valeurs économiques et patrimoniales.

Pharm@ecotox : Impact écotoxicologique des résidus pharmaceutiques aux niveaux des milieux dulcicole et marin

DI POI BROUSSARD Carole

Post-doc

Equipe n°: 1

E-mail : carole.broussard@unicaen.fr

Les substances pharmaceutiques représentent une collection variée de plus de 1000 molécules actives biologiquement et utilisées en médecine humaine et vétérinaire. L'augmentation de la consommation de médicaments et le développement de techniques analytiques plus performantes au niveau environnemental ont entraîné l'identification de ces polluants émergents dans tous les compartiments aquatiques, allant des effluents de stations d'épuration, des eaux superficielles et souterraines, et au milieu marin. A la différence de polluants conventionnels (pesticides, détergents, hydrocarbures...), les résidus pharmaceutiques sont relâchés de manière continue et à faible dose dans l'environnement, ce qui peut aboutir à des intoxications chroniques.

Le projet Pharm@Ecotox (financé par l'ANR) vise à évaluer l'impact écotoxicologique de ces substances vis-à-vis des organismes aquatiques dulcicoles mais aussi aux niveaux des organismes marins, et plus particulièrement chez les espèces marines d'intérêt économique pour la région Basse-Normandie telles que les ormeaux, les huîtres ou les seiches. Une approche intégrée a permis de relier les effets observés en laboratoire sur les organismes à une mesure de la contamination environnementale. Un risque a particulièrement été mis en évidence pour 3 classes thérapeutiques : les antibiotiques, les antifongiques et les antidépresseurs. Néanmoins, une grande variabilité de sensibilité semble exister entre les différents modèles marins et dulcicoles mettant en exergue l'importance d'utiliser des batteries de tests dans les méthodes d'évaluation des risques. La toxicité chronique et l'impact sur certains systèmes biologiques de différents représentants des classes thérapeutiques préoccupantes pris individuellement ou en mélange ont été évalués sur les différents modèles d'études (daphnies, algues, huîtres, seiches, hydres). Des effets neurotoxiques, immunotoxiques, reprotoxiques, tératogènes et comportementaux ont été observés. Des phénomènes additifs ont également été mis en évidence soulignant l'importance d'une prise en compte des cocktails de molécules en écotoxicité. Cette problématique « mélange » fait l'objet d'un projet de recherche récemment financé par la DARM (Direction de l'Agriculture et des Ressources Marines) visant à étudier l'impact de contaminants émergents (médicament, produits de soin corporel, pesticide) en mélange sur des espèces d'intérêt commercial en Normandie : l'huître creuse, *Crassostrea gigas* et la coque, *Cerastoderma edule*.

Nouvelles perspectives sur l'abondance et la distribution des baleines à bosse, *Megaptera novaeangliae*, en Guadeloupe, Petites Antilles françaises

GANDILHON Nadège

Post-doc

Equipe n°: 1

E-mail : nadege.gandilhon@univ-ag.fr

La taille des populations de baleines à bosse, *Megaptera novaeangliae* de l'Atlantique Nord a été évaluée avec précision sur les aires d'alimentation. Aujourd'hui, il est établi que l'essentiel de ce stock migre chaque année vers des aires de reproduction situées dans la Grande Région des Caraïbes. Paradoxalement, la question de leur abondance et leur répartition, dans les Caraïbes orientales, et notamment dans les Petites Antilles françaises, reste en suspens. Ce travail documente l'abondance et la distribution des baleines à bosse observées durant 6 saisons d'hivernage (2008-2013) dans les eaux côtières de l'Archipel de Guadeloupe (16 ° 14 Nord / 61 ° 31 Ouest). Basées sur 90 observations obtenues en transect de ligne principalement en Mars et Avril, des densités géographiques, temporelles et spatiales, sont présentées sur 5278,68 km². Les premières tendances indiquent pour l'ensemble de l'archipel une densité de 0,026 baleines.km² (% CV 20,67) avec une taille de groupe interannuelle de 1, 619 individus (% CV 7,22). L'estimation du nombre de rorquals à bosse pour la Guadeloupe avoisine 500 baleines (% CV 19,29) IC95% [302-685], avec des densités spatiales plus élevées dans le Sud et à l'Est de l'Archipel. Le caractère saisonnier de la distribution des baleines en Guadeloupe indique que ces mammifères marins sont présents chaque année durant au moins cinq mois dans les aires de reproduction de l'île, avec une occurrence clairsemée dès le mois de Janvier, un pic d'abondance en Mars et Avril, puis un déclin rapide en mai, et quelques observations s'étendant jusqu'à Juin. Ces résultats actuels, restent cohérents avec le modèle d'observations décrit à partir des dossiers de chasse historique dans les Caraïbes de l'Est. La composition sociale des groupes recensés confirme également une partie des activités fonctionnelles connues alors, dans ces zones de reproduction hivernale. Ces résultats s'inscrivent comme une contribution sectorielle pour la connaissance des grands cétacés migrants en zone de reproduction, et ouvre de nouvelles perspectives vers d'autres recherches dans les Petites Antilles.

Analyse des réseaux trophiques des herbiers à *Thalassia testudinum* en Guadeloupe (Petites Antilles) : Apports des isotopes stables et des acides gras

GAUTIER Françoise

Doctorante

Equipes n°: 1 et 6

E-mail : fgautier@univ-ag.fr

Les Invertébrés de l'épifaune vagile présents dans les herbiers de Magnoliophytes marins ont un rôle essentiel dans le transfert d'énergie des producteurs primaires vers les niveaux trophiques supérieurs. L'objectif de ce travail a été d'analyser la relation entre la complexité de l'herbier et la structure des communautés de l'épifaune vagile, et d'étudier le rôle de ce compartiment dans le fonctionnement des réseaux trophiques des herbiers à *Thalassia testudinum*. Deux sites d'herbiers ont été comparés, l'un proche de la mangrove côtière et l'autre près de la barrière récifale, au cours de deux saisons. L'utilisation de différentes sources trophiques par les Invertébrés a été montrée en utilisant les méthodes des isotopes stables du carbone et de l'azote et de la composition en acides gras. L'herbier côtier, qui présente une structure complexe du fait de ses longues feuilles, de sa litière abondante et de sa forte charge en épiphytes, abrite une faune abondante et diversifiée de Crustacés. La préférence alimentaire de ces Invertébrés pour les micro-algues et les fines particules détritiques favorise la contribution du biofilm au réseau trophique de l'herbier côtier. L'herbier du large, moins complexe, abrite une communauté d'Invertébrés dominée par les Gastéropodes Cerithiidae. La limitation de la disponibilité en nourriture existant dans cet herbier explique la contribution plus élevée de la litière et des feuilles vivantes de *Thalassia* au réseau trophique par rapport à l'herbier côtier. Le couplage de l'analyse des isotopes stables à celle des contenus stomacaux réalisé sur les poissons a montré le rôle essentiel des Crevettes en tant que proies. L'herbier côtier, qui présente des ressources en nourriture plus abondantes et diversifiées, assure mieux son rôle de « nurserie » pour les juvéniles de poissons que l'herbier du large.

Etablissement et maintien de la niche germinale chez la petite roussette *Scyliorhinus canicula* L. et analyses fonctionnelles de facteurs à potentiel thérapeutique

GRIBOUVAL Laura

Doctorante

Equipe n°: 2

E-mail : laura.gribouval@unicaen.fr

De par leur grande diversité, les organismes marins présentent un vif intérêt en biologie évolutive et comparée. L'étude de leur physiologie et de leur métabolisme au niveau cellulaire a aussi conduit à la mise en exergue de peptides bioactifs à application thérapeutique. Parmi les vertébrés marins, les Elasmobranches (requins, raies) semblent particulièrement intéressants. A titre d'exemple, la squalamine, aminostérol isolé à partir de tissus d'aiguillat, a présenté des effets anti-angiogéniques sur des tumeurs et est arrivée jusqu'en essai clinique de phase III. En utilisant la petite roussette *Scyliorhinus canicula* comme modèle d'étude, mon objectif est de caractériser l'action de facteurs de régulation cellulaire à la fois au niveau physiologique mais aussi au niveau thérapeutique.

Lors du projet Peptisan, issu d'une collaboration entre KELIA (entreprise pharmaceutique) et l'UMR BOREA (Biologie des Organismes et Ecosystèmes Aquatiques), des extractions de fractions protéiques à partir de testicules de *Scyliorhinus canicula* ont permis l'identification de deux peptides à potentiel anticancéreux : Pep12 et Pep15.

Dans un premier temps, mon travail sera de tester l'efficacité anticancéreuse de ces peptides *in vivo*, les premières phases de développement préclinique étant actuellement en cours. Dans un deuxième temps, je m'appliquerai à caractériser et à déterminer le mode d'action de ces peptides bioactifs sur les cellules cancéreuses.

La seconde partie de ma thèse consistera à évaluer le rôle physiologique de ces mêmes peptides dans la niche germinale testiculaire de roussette. Notamment, mon objectif sera de déterminer la fonction de ces peptides sur la régulation de la prolifération et de la différenciation des spermatogonies souches chez *Scyliorhinus canicula*. Les travaux antérieurs sur ce sélacien ont permis la caractérisation partielle de spermatogonies souches potentielles par des approches *in situ* et *in vitro*, des expériences seront menées afin de démontrer leur caractère souche par transplantation *in vivo*. Pour finir, l'analyse fonctionnelle *in vitro* d'autres facteurs régulateurs des cellules de la niche sera poursuivie.

Le but de ma thèse est donc de valoriser une ressource biologique marine. Les études menées nous permettront de mieux définir l'environnement complexe de la niche testiculaire et de nourrir la réflexion sur la régulation du devenir des cellules souches, germinales ou cancéreuses.

How parasitism can affect food web properties – A case study on algal-parasitism and virus infections during a Cyanobacteria bloom in Lake Aysdat (France)

HARALDSSON Matilda

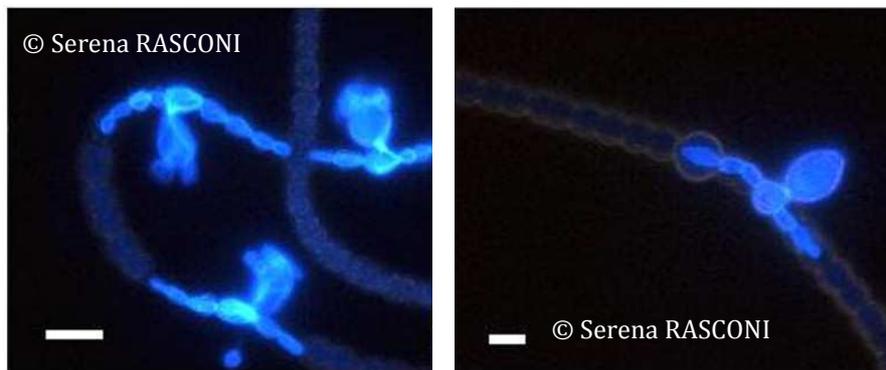
Post-Doc

Equipe n°: 5

E-mail : matilda.haraldsson@unicaen.fr

Parasitism is known to alter food web dynamics. By offering alternative paths for energy to pass through the system, parasitism can increase *e.g.*, connectance, recycling and diversity. These traits has been linked to a more stable and resilient ecosystem. In this study we are investigating the ecological impact of two types of parasitism in an aquatic freshwater system: fungal chytrid parasitism on large microphytoplankton on one hand, and viral infections of bacteria, pico- and nano-phytoplankton on the other. The chytrids infect mainly larger phytoplankton which are uneatable for most zooplankters. During their infection, however, the chytrids offer an alternative food source to the zooplankton through their reproductive zoospores, loosening the bottleneck and enabling energy to pass further to higher trophic levels. Meanwhile, viruses are mainly infecting the small players in the system (bacteria, pico and nanophytoplankton). These infection results in release of dissolved organic carbon during the final lysis of the host cells, which contrary to the chytrid infection, feeds carbon into the microbial food web. In order to study the relative importance of these two processes and their impact on the ecosystem as a whole, we have access to high temporal resolution data (*i.e.*, every 3rd day) of a microbial pelagic system during a cyanobacteria bloom infected by chytrids. By using a food web modeling approach (Linear Inverse Modeling with Markov Chain Monte Carlo sampling, LIM-MCMC), we are exploring how the two types of parasites interplay during the course of the bloom, and their effect on the food web properties and stability. During this talk I will present our preliminary results and discuss how these two processes can affect the food web during the cyanobacteria bloom.

Illustration



Parasitic infection of phytoplankton prokaryotes (cyanobacteria), by chytrids. The microscopic picture is taken after calcofluor white staining of the chytrids.

Les coraux du genre *Acropora* sur les récifs des Antilles

JAPAUD Aurélien

Doctorant

Équipe n°: 1

E-mail : aurelien.japaud@univ-ag.fr – aurelien.japaud@hotmail.fr

Les espèces coralliennes *Acropora palmata* (Lamarck 1816) et *Acropora cervicornis* (Lamarck 1816) ont un rôle majeur en termes de bio-construction et structuration des récifs dans la Caraïbe. Cependant, les populations de ces deux espèces sont en déclin et elles sont maintenant classées en danger critique d'extinction sur la liste rouge de l'Union Internationale pour la Conservation de la Nature.

Alors que les principales études qui s'intéressent à la structure et à la dynamique des populations de ces espèces ont principalement été menées sur les récifs de la Floride et des Grandes Antilles, l'utilisation de marqueurs génétiques microsatellites spécifiques a permis de mettre en évidence qu'en Guadeloupe les populations de l'espèce corallienne *Acropora palmata* sont génétiquement distinctes et que le recrutement de larves issues de reproduction sexuée est limité, ce qui imposerait la mise en place de mesures locales de conservation (Japaud *et al.* 2014a). En plus d'être rare, l'espèce *Acropora cervicornis* présente des populations qui ne sont pas génétiquement diversifiées. Par conséquent, cette espèce est menacée, ce qui porte préjudice à l'écosystème qu'elle contribue à structurer et aux espèces associées à celui-ci (Japaud *et al.* 2014a). Plus spécifiquement, nous avons trouvé sur certains sites comme celui de la Caye-à-Dupont dans le Petit Cul-de-Sac Marin, une très faible richesse génotypique pour ces deux espèces. Puisque la diversité génétique contribue à la capacité des organismes à évoluer et à s'adapter à de nouvelles conditions environnementales, nos résultats sont alarmants dans le contexte actuel de réchauffement climatique. Ainsi, de longues périodes de croissance des clones, sans recrutement de nouvelles larves issues de reproduction sexuée, peuvent conduire à l'extinction de ces populations (Japaud *et al.* 2015). Les espèces *A. palmata* et *A. cervicornis* peuvent former une descendance F1 viable décrite comme étant le taxon *Acropora prolifera* (Vollmer et Palumbi 2002). Des colonies de cet hybride ont été identifiées dans la baie du Grand Cul-de-Sac Marin en Guadeloupe. En conséquence d'une raréfaction des colonies parentales, les œufs non fertilisés intraspécifiquement augmentent la probabilité d'une fécondation hétérospécifique et ainsi la formation d'hybrides (Fogarty *et al.* 2012, Japaud *et al.* 2014b).

Par ailleurs, ces coraux constructeurs des récifs vivent en symbiose avec des micro-algues unicellulaires photosynthétiques du genre *Symbiodinium*. Cette association obligatoire peut être mise à mal face à divers stress environnementaux naturels et (ou) anthropiques. Cela peut conduire dans les cas les plus extrêmes à la perte des algues, ce phénomène étant couramment appelé « blanchissement corallien ». Les *Symbiodinium* sont actuellement classés en 9 taxons, appelés « clades » (A à I). Chez un même hôte corallien, un ou plusieurs de ces clades peuvent être retrouvés. La diversité en *Symbiodinium* semble dépendre du contexte environnemental, ce qui suggère que ces clades possèdent des propriétés physiologiques différentes. Nous avons étudié dans plusieurs situations la diversité et la densité des algues unicellulaires qui vivent en symbiose avec ces coraux à l'aide de la technique de PCR en temps réel. Les résultats préliminaires montrent que, pour ce qui concerne les colonies coralliennes échantillonnées, la diversité de leurs algues symbiotiques est très faible (le clade A de *Symbiodinium* est retrouvé sur la totalité des 133 colonies échantillonnées et le clade B apparaît sur seulement 2 colonies) et que leur densité semble varier en fonction des conditions spatiales et temporelles relatives au prélèvement des échantillons, mais également en fonction des taxons échantillonnés.

Functional diversity of *Sabellaria alveolata* reef habitats

JONES Auriane

Doctorante

Equipe n°: 1

E-mail : auriane.jones@ifremer.fr

Bioconstructors are species able to elaborate discrete habitats with their bodies (e.g. mussels beds) or by modifying resources from their environment (e.g. river beds modified by beavers) (Jones, 1994). My PhD focuses on one particular marine bioconstructor: the honeycomb-worm *Sabellaria alveolata*. This polychaete lives inside tubes made up of bioclasts glued together by an organic secretion around the mid to high tide level (Gruet, 1986). The association of several generations of worms leads to the creation of a structure called a reef (Holt et al., 1998). Such reefs can be found on many European shores between Scotland and Morocco. We are focusing on a particular location: the Mont-Saint-Michel Bay in France.

These discrete habitats are home to an important diversity of associated fauna creating a specific richness hotspot in comparison with the surrounding bare sediments (Dubois et al., 2002). Preliminary studies have shown that the associated fauna present inside the reefs changes in accordance with the different stages of the reef's dynamic (isolated balls, coalescent balls to platforms and degraded reef) and that the specific richness is higher in degraded reefs than elsewhere (Dubois et al., 2002). These evolutions can be triggered directly or indirectly by natural and/or human disturbances such as storms, mussel farming or trampling by fishermen (Dubois et al., 2006). In order to reflect these differences, two reef types can be opposed: a "healthy" reef and a "degraded" reef. The main goal of my PhD is to study the differences in terms of functions between these two reef types and to test at our level, the idea that a diversified assemblage of species has a larger diversity of functions and as a consequence, a stronger resilience capacity than that of a less diversified assemblage (Micheli & Halpern, 2005). Some of the functions we are studying are the primary and secondary productions associated with the two reef states, along with the trophic network supported by the *Sabellaria alveolata* reefs.

Concerning the primary production, a general observation was made: the reef structures generate mudflats where the microphytobenthos growth seems higher than elsewhere on the foreshore and this production seems more important on the mudflats associated with degraded reefs than on the bioclastic sands associated with healthy reefs. We can then wonder what is the contribution of this primary production to the secondary production of the honeycomb-worm or how self-sufficient are the reefs in terms of food supply (i.e. the "gardening" hypothesis). One of the tools used in this context are multispectral images in order to visually quantify the importance of the microphytobenthos patches (Meleder et al., 2003) and to delimit the reef's influence.

Furthermore, the reef is home to an important number of species classically found on a rocky substratum or in the subtidal zone. The presence of such species could very well be due to the reef's potential ability to act as a thermal barrier. This question will be addressed through the calculation of the reef's thermal diffusivity and the use of biological traits relative to specie's behavior regarding temperature variations.

Shell architecture changes during the development of *Sepia officinalis*

LE PABIC Charles

Situation : post-doc

Equipes n°: 1 et 2

E-mail : charles.lepabic@gmx.fr

The sepiid shell (also called cuttlebone) presents many specificities among mollusc and its evolution is still poorly understood. The aragonitic cuttlebone is composed of a superimposition of flat chambers delimited by septa and supported by pillars linked together in a continuous wall, but the origin and the formation processes of both the pillars and the different layers of the septa remained to be determined. At that time, no spatio-temporal analysis of the construction of the shell was performed in the first step of the development. To approach this question, we studied the 3D structure of the shell during embryonic and first stages of life of the European cuttlefish, *Sepia officinalis*. Preliminary results show that the building of the pillars occurs before the formation of the next septum suggesting that mineralization process occurs in several steps. Also, the complexity of the pillar-wall network seems to increase during first months of life of *Sepia officinalis*. This description highlights for the first time some important changes of the inner architecture of the cuttlefish shell occurring during its life cycle, strongly linked with cuttlefish buoyancy regulation.

Illustration



Les nouvelles techniques de séquençage (NGS) au service du travail d'équipe

MENNESSON Marion

Doctorante

Equipe n°: 4

E-mail : mmeness@edu.mnhn.fr -

Les progrès techniques des dix dernières années permettent maintenant de séquencer de larges parties de génomes, voire des génomes entiers avec une relative facilité. Les approches de séquençage dites « de nouvelle génération » et les outils bioinformatiques disponibles permettent d'obtenir un génome de vertébré entier assemblé et annoté pour quelques milliers d'euros alors qu'il y a une quinzaine d'années le premier génome humain avait coûté près de 3 milliards de dollars et pris des années.

Ces prouesses technologiques ouvrent de nouvelles perspectives dans tous les champs de la biologie. En effet, l'introduction des techniques de séquençage nouvelle génération (NGS) a révolutionné l'obtention des génomes mitochondriaux complets.

De nombreux marqueurs mitochondriaux (COI, Cytb, 12S et 16S) ont été employés pour reconstruire l'évolution des espèces depuis les années 90 ; ce qui permis de reconstruire les relations parentales de très nombreux groupes.

Le génome mitochondrial complet a plusieurs atouts : une vitesse d'évolution plus élevée que le génome nucléaire, une taille relativement plus réduite et conservée et il en va de même concernant la composition en gènes. Même s'il est insuffisant seul pour étudier les populations et l'histoire des espèces, l'obtention du génome complet permet de pallier avec succès à une résolution insuffisante des marqueurs mitochondriaux pris indépendamment (Jacobsen *et al.*, 2012 ; Teacher *et al.*, 2012) mais aussi de résoudre des phylogénies complexes.

Des tests préliminaires ont eu lieu dans certains laboratoires (Timmermans *et al.*, 2010; Rubinstein *et al.*, 2013) et au Service de Systématique Moléculaire (SSM) du Muséum national d'Histoire naturelle de Paris (MNHN).

Au MNHN, l'approche utilisée est celle de la PCR longue qui permet de séquencer facilement le génome mitochondrial complet et pour un coût proche de celui pour séquencer un seul gène avec les méthodes classiques. Il est également possible d'obtenir des séquences longues de marqueurs nucléaires pour compléter l'information mitochondriale qui ne reflète que la lignée maternelle. Les jeux de données incluant le mitochondrial complet sont compatibles avec la plupart des marqueurs publiés dans les études au fil des années, les gènes mitochondriaux étant très populaires. Cela est donc extrêmement prometteur pour gagner en précision à petite échelle.

Production primaire dans l'estuaire de la Seine

MORELLE Jérôme

Doctorant

Equipe n°: 5

E-Mail : jerome.morelle@unicaen.fr

Les apports anthropiques provenant de l'ensemble du bassin versant font de l'estuaire de Seine un système fortement eutrophisé où la richesse biologique est importante et qui génère une forte productivité. Or, les producteurs primaires jouent un rôle qui est mal évalué dans l'estuaire de la Seine.

L'objectif du projet PROUESSE dans lequel ce travail de thèse est réalisé, est de se focaliser sur le compartiment des producteurs primaires en évaluant sa dynamique et celle de la biodiversité algale à l'échelle de l'estuaire en considérant le phytoplancton, le microphytobenthos et le macrophytobenthos.

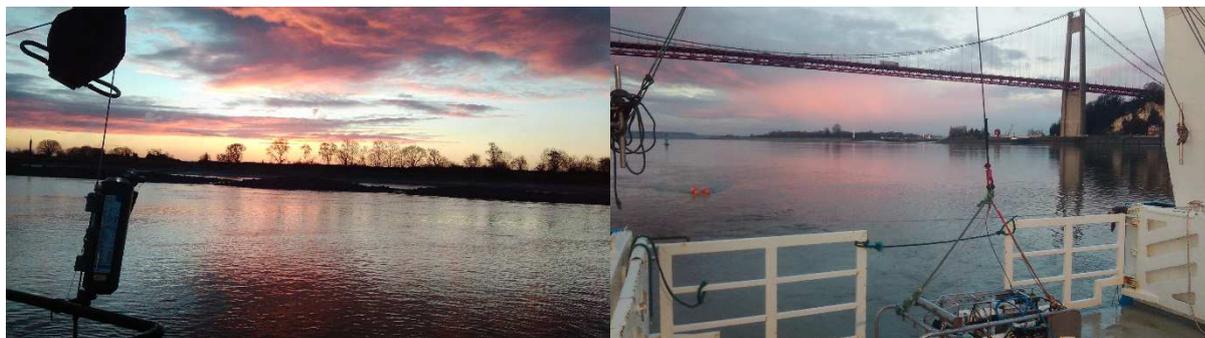
L'un des objectifs est notamment de pouvoir accéder à une estimation fiable de production primaire. Les méthodes de mesures mises en œuvre permettent de suivre la productivité à haute fréquence et ainsi d'obtenir une estimation à haute résolution temporelle et spatiale de la production primaire, ce qui est une avancée considérable pour caractériser le fonctionnement de ces systèmes dynamiques et d'appréhender l'impact des pressions.

A terme, ces travaux permettront d'alimenter les modèles de réseaux trophiques et écosystémiques en intégrant la dynamique spatiale et temporelle de la production primaire, ils permettront également de caractériser des indicateurs biologiques potentiels de la modification de l'estuaire (contamination, eutrophisation, température).

Différentes approches méthodologiques sont couplées dans ce projet. La production primaire est mesurée *in situ* aux différentes saisons en associant des mesures de fluorescence modulée et de ^{13}C ; la diversité microalgale est évaluée, par des méthodes optiques traditionnelles, par cytométrie en flux et par biologie moléculaire.

La présentation, principalement consacrée au compartiment phytoplanctonique, dévoilera la dynamique spatiotemporelle de la productivité des six premiers mois de l'année 2015 parallèlement à l'évolution des paramètres biologiques et environnementaux gouvernant la dynamique de l'écosystème de l'estuaire de la Seine.

Illustration :



Opportunisme trophique de poissons des plaines d'inondation amazoniennes

MORTILLARO Jean-Michel

Attaché temporaire à l'enseignement et la recherche

Equipe n°: 6

E-mail : mortillaro@mnhn.fr

Le réseau trophique du bassin amazonien a pour particularité l'un des plus grands écarts entre utilisation et disponibilité des sources de nourriture pour les consommateurs. En effet, bien que la biomasse de macrophytes de type C₄ prédomine dans les plaines d'inondation, le réseau trophique est caractérisé par l'utilisation des sources de carbone de type C₃. Les poissons amazoniens ont un régime alimentaire très large et montrent une flexibilité alimentaire en réponse aux variations spatiales et temporelles des ressources disponibles. Les acides gras et la composition en isotopes stables du carbone et de l'azote ont donc été étudiés afin 1) d'évaluer le comportement trophique neuf espèces de poissons et, 2) de fournir une meilleure estimation de l'utilisation de la matière organique pour ces poissons issus de deux plaines d'inondation amazoniennes.

Bien que les isotopes stables de l'azote aient permis de positionner les détritivores à la base de la chaîne alimentaire étudiée, la forte proportion d'acides gras polyinsaturés suggère une sélection d'une ressource alimentaire de grande qualité, telle que des microalgues. Les omnivores et insectivores ont montré une très grande diversité dans l'utilisation des sources de nourriture, suggérant un comportement opportuniste. Enfin les piscivores ont été caractérisés par la signature la plus enrichie en ¹⁵N (jusqu'à 10,6‰), concordant avec leur position de prédateur dans le réseau trophique étudié.

Pour la majorité des espèces considérées dans cette étude, les sources caractérisées par une signature isotopique de type C₃ étaient prédominantes, un résultat cohérent avec les connaissances actuelles. Cependant, la consommation de macrophytes de type C₄ a été mise en évidence pour l'herbivore *Schizodon fasciatus*, en ligne avec la variabilité spatiale de cette source de nourriture. Les fortes concentrations en acides gras polyinsaturés et essentiels retrouvés dans ces macrophytes indiquent une forte valeur nutritionnelle. Nos résultats suggèrent que cette source de nourriture est vraisemblablement négligée par les poissons du fait de sa faible digestibilité. Toutefois certaines espèces de poissons herbivores disposent d'adaptations de leur système digestif permettant l'utilisation de ces macrophytes.

Mortillaro, J. M., Pouilly, M., Wach, M., Freitas, C. E. C., Abril, G. and Meziane, T. (2015), Trophic opportunism of central Amazon floodplain fish. *Freshwater Biology*. <http://onlinelibrary.wiley.com/enhanced/doi/10.1111/fwb.12598/>

Syntenic analyses challenge the monophyly of the vertebrate RF-amide family

PASQUIER Jérémy

Post-doc ATER

Equipe n°: 2

E-mail : jpasquier@mnhn.fr

Syntenic analyses challenge the monophyly of the vertebrate RF-amide family
Pasquier J.¹, Dupré D.², Dufour S.¹, Tostivint H.²

1 UMR BOREA, MNHN, CNRS 7208, UPMC, IRD 207, UCBN, Paris France

2UMR Evolution des Régulations Endocriniennes, MNHN, CNRS 7221, Paris France

The RFamide peptide family is a large family encompassing peptides that share an arginin (R) and phenylalanine (F) motif coupled to an amide function at the C-terminal end of their mature form. Members of this family have been found in a variety of protostomian and deuterostomian species. In vertebrates, the RFamide family encompasses 6 members. Five of them are considered as brain neuropeptides, i.e. gonadotropin inhibitory hormone (GnIH), neuropeptide FF (NPFF), prolactin releasing hormone (PRLH), 26RFa (or QRFP) and kisspeptins (Kiss). The sixth member is the Carassius-RF-amide peptide (C-RFa) considered as a gut-peptide. Previous studies already demonstrated the paralogy relationships between some members such as GnIH and NPFF. However the existence of the RF-amide family still relies on peptide sequence similarities instead of homology relationships.

To address this issue, we performed large-scale comparisons to identify genomic regions with conserved synteny and we matched these regions on reconstructed early chordate ancestral chromosomes. This revealed that vertebrate RF-amide genes are located on 3 different tetraparalogons. Each of these 3 tetraparalogons originated from the two rounds of whole genome duplications (1R & 2R) that occurred in early vertebrates. GnIH, NPFF, PRLH and C-RFa are located in the HOX tetraparalogue while KISS belong to the TEAD tetraparalogue and 26RFa to the NOTCH tetraparalogue. This suggests that RF-amide genes do not share a recent common origin.

However, we observed the presence of genes, belonging to the same families, spread over the HOX, TEAD and NOTCH tetraparalogons. This suggests that RF-amide genes could have shared a common origin long before vertebrate emergence. In addition, we found, in a sponge genome, a non-coding sequence similar to the vertebrate KISS. This non-coding sequence is located in the close vicinity of vertebrate homologous genes that are found in the syntenic regions of vertebrate RF-amide genes. The vertebrate RF-amide genes could have, thus, emerged from a single ancestral gene through tandem local gene duplications prior to vertebrate radiation. This ancestral RF-amide seedbed has been then duplicated through 1R & 2R. Duplications of such region should have promoted the increase of endocrine signalization complexity in vertebrates compared to early chordates, especially at the central nervous system level.

Modélisation des interactions trophiques entre producteurs primaires et bivalves filtreurs au sein des écosystèmes côtiers bas normands

RAKOTOMALALA Christiane

Doctorante

Equipe n°: 5

E-mail : christiane.rakotomalala@unicaen.fr

La coque (*Cerastoderma edule*) est une espèce d'intérêt économique au niveau de la Basse Normandie avec une pêche annuelle pouvant atteindre les 5000 tonnes. En baie des Veys, la coque représente la principale espèce bioturbatrice en termes de biomasse naturelle (Ubertini et al., 2012). C'est une espèce ingénieuse qui modifie de manière significative son habitat par le processus de bioturbation. La rugosité de la surface du sédiment est modifiée par la présence des coques. Par ailleurs, par ses mouvements dans sédiment, la coque est susceptible de modifier la résistance du sédiment face à l'érosion. Les activités bioturbatrices des coques telles que l'adduction des valves accentuent à chaque marée haute le flux de matière au niveau de l'interface eau-sédiment (Ubertini, 2012). Les études menées par Orvain et al. (2014) ont montré que l'érosion de la couche de surface bioturbée s'accompagne également d'un export du microphytobenthos associé. Des expériences d'érosion en laboratoire et *in-situ* ont permis de calibrer et de valider un modèle simulant la remise en suspension du microphytobenthos sous l'effet de la bioturbation des coques (Rakotomalala et al., en révision).

Les coques bénéficient directement de cette disponibilité alimentaire d'origine benthique comme d'autres consommateurs primaires benthiques. Des analyses isotopiques et les études menées par Lefebvre et al. (2009) au niveau du site d'étude ainsi que les analyses de Kang et al. (2006) ont montré une plasticité trophique de la coque en termes de ressources alimentaires. Le régime alimentaire de ce bivalve est constitué à la fois de phytoplancton, de microphytobenthos et de matière organique particulaire d'origine terrigène. Un modèle énergétique dynamique (DEB - Kooijman, 2000) qui simule la croissance des coques (Wijsman et al., 2009) a été utilisé. Le modèle traduit la manière dont un organisme utilise l'énergie obtenue à partir de la nourriture pour sa croissance et sa reproduction. La variation temporelle de la nourriture et de la température ont été utilisées comme forçage du modèle. Cependant, un réajustement de paramètres a été nécessaire pour reproduire de manière satisfaisant la dynamique temporelle de la croissance des coques. La diversité des sources alimentaires des coques mentionnée précédemment a été également prise en compte afin d'améliorer les simulations de croissance.

Ecosystem Approach of Marine Renewable Energy: Study of the impact on the food web of the construction and operation of the Courseulles-sur-Mer's Offshore Wind Farm and cumulative impacts

RAOUX Aurore

Doctorante

Équipe n°: 5

E-mail : aurore.raoux@unicaen.fr

A changing climate due to fossil fuel emissions and increasing energy demands leads to a new focus on renewable energy sources. In accordance with political ambitions, the development of offshore wind farms along the west coast of France is rapidly increasing. In fact, the French government is planning the construction of six offshore wind farms. Among them, three will be built in the eastern part of the English Channel: the Courseulles-sur-mer (50 km², 75 wind turbines), the Fécamp (65 km², 83 wind turbines) and the Tréport (67 km², 62 wind turbines) offshore wind farms. The implementation of this type of infrastructure is a challenge for developers from technical, legal, social, and environmental points of view. Indeed, these offshore wind farms will integrate into an ecosystem already subject to a growing number of anthropogenic disturbances such as transportation, fishing, and sediment dredging. The construction of offshore wind farms raises then the problem of conflicts of interest. The possible effects of this cocktail of stressors on ecosystem functioning are still unknown, but they could impact their resilience, making them susceptible to changes from one stable state to another. Understanding the behaviour of these complex systems is essential in order to anticipate potential state changes, and to implement conservation actions in a sustainable manner. Behind this reasoning, my PhD thesis focuses on an ecosystem approach on the impacts of the Courseulles-sur-Mer offshore wind farms through the food web. My PhD thesis will develop along five steps: 1) the description of biological compartments and of the flows between them (from phytoplankton to marine mammals) through the data of the Environmental Impact Assessment and the use of stable isotopes as organic matter tracers; 2) the construction of an ECOPATH model, and a Linear Inverse Model based on a Markov Chain Monte Carlo method, the latter being a statistical model which quantifies the uncertainty associated with flows between preys and predators; 3) the characterisation of system emergent properties through the use of Ecological Network Analysis, which will be used as indicators of ecosystem stress and/or health, and to link system architecture to system functioning; 4) a sensitivity analysis of the food web to simulate the impact of reef and reserve effects; 5) an analysis of cumulative impacts (i.e., interaction of offshore wind farms with other human activities). This thesis will contribute to a better knowledge of the ecosystem functioning of the English Channel within an ecosystem-based management approach.

Les effets écologiques liés à la perte de biodiversité: le rôle de l'évolution rapide des traits d'histoire de vie

RENNEVILLE Clémentine

Doctorante

Equipe n°: 2

E-mail : clementine.renneville@upmc.fr

La surexploitation des populations naturelles et la dégradation des habitats par les activités humaines causent des pertes de biodiversité non aléatoires qui touchent plus particulièrement les animaux en sommet de réseaux trophiques, en milieux terrestres et aquatiques. Dans les populations surexploitées, avant même l'extinction, la sélection contre les grands individus amène rapidement à une évolution vers une taille corporelle réduite. De plus, même lorsque la surexploitation est stoppée, les populations semblent incapables de récupérer, il y aurait perte de résilience pour ces populations. Cette perte de résilience peut résulter de deux mécanismes non mutuellement exclusifs. D'une part, la surexploitation dirigée peut potentiellement engendrer une érosion génétique diminuant les capacités adaptatives de la population et l'empêchant de retourner vers l'optimum adaptatif naturellement sélectionné. D'autre part, les réductions de densité et de taille corporelle dans ces populations auraient des effets en cascade dans les écosystèmes. Ces cascades trophiques pourraient changer la position de l'optimum adaptatif naturel (rétrocontrôle éco-évolutif). Ainsi, même si les capacités adaptatives de la population sont intactes, les forces de sélection naturelle agissant sur la population peuvent avoir changé et maintenant favoriser de petits individus à croissance lente. Par conséquent, une meilleure compréhension des mécanismes impliqués dans la perte potentielle de résilience des populations exploitées permettrait de mieux gérer et conserver la biodiversité.

L'objectif de ma thèse est d'étudier les mécanismes éco-évolutifs associés aux cascades trophiques. Pour ce faire je réalise une expérience de sélection sur la taille de petits poissons (medaka, *Oryzias latipes*) en laboratoire afin d'obtenir 3 lignées : une « géante », une « naine » et une « contrôle ».

Lors de ces journées je vais vous présenter la réponse à la sélection après 4 générations (1) du trait sélectionné (i.e. la taille standard à 75 jours) et (2) de l'expression de l'hormone de croissance (expression du gène *GHI*) à un âge précoce (i.e. 40 jours).

Study of the phytoplankton production and the mean trophic level of fisheries: two indicators of good environmental status under the OSPAR Convention

SAFI Georges

Chargé de mission DCSMM

Équipe n°: 5

E-mail : georges.safi@unicaen.fr

The OSPAR Convention is the current legal instrument guiding international cooperation on the protection of the marine environment of the North-East Atlantic. The work of the OSPAR Commission also includes support to European Union member states allowing the implementation of the Marine Strategy Framework Directive (MSFD), which covers some of the same regional seas. This includes the development and testing of indicators of good environmental status, including “Production of Phytoplankton” (PP) and “Mean Trophic Level” (MTL) indicators. MTL gives information on the structural changes in the ecosystem as a result of fishing. This indicator can consider all species sampled in a food web or be limited to marine predators when a trophic level (TL) threshold is applied. To use this indicator, methodological tests are needed such as choosing the most suitable TL threshold (i.e. 2, 3, 3.25 and 3.5) considering inter alia (1) different data sources (i.e. scientific surveys and commercial landings), (2) a holistic view of food webs and (3) a simple indicator for a clear message for management use. Regarding PP, it is fundamental to structure and function of the ecosystem. Phytoplankton use sunlight and nutrients to produce organic matter, which forms the basis of the food webs in the marine environment, and determine the productivity of the ecosystem. The use of this indicator remains a big challenge, as its application still needs testing of appropriate assessment scales, defining the best computation design and understanding limitations and confidence of the message. This presentation aims to give an insight of the indicators development context, their concept and the latest update about their progress for application in the OSPAR regions.

Assistance et Appui Technique au Programme du Développement Des Ressources Halieutiques et de la Pisciculture au Mali

SBAIHI Miskal

Associé recherche

Equipe n° : 2

E-mail : sbaihim@hotmail.com

Le Mali situé au cœur de l'Afrique de l'Ouest, est un pays continental dont l'économie est basée en grande partie sur le secteur rural, incluant le sous-secteur de la pêche et de la pisciculture. Deux grands fleuves traversent le pays : le Niger et le Sénégal. En période d'hydrologie normale la production halieutique est estimée à 100.000 tonnes par an (1970 – 1990). Une diminution importante de production est constatée lors des dernières décennies, liée à plusieurs facteurs environnementaux et humains. La solution alternative proposée pour renverser cette situation est la promotion de la pisciculture et l'application d'une bonne gestion des ressources halieutiques. Dans cet objectif, le gouvernement Malien en coopération avec certains bailleurs de fond a mis en place depuis 2006 un programme de développement de la pisciculture, programme auquel j'ai eu l'opportunité de participer et d'assurer l'assistance technique en qualité d'Expert en Pisciculture.

Deux projets piscicoles de grande taille et des dizaines à petites échelles ont été réalisés au Mali depuis 2007 jusqu'à présent, et la production annuelle de ces installations est estimée à dix millions d'alevins et à trois milles tonnes de poisson marchand par an pour deux espèces : le Tilapia (*Oreochromis niloticus*) et le poisson chat africain (*Clarias gariepinus*). Des centaines des cadres nationaux, des pêcheurs et des pisciculteurs privés ont été formés, non seulement pour maîtriser les différentes techniques de production (reproduction artificielle d'alevins, élevage intensif en étangs, élevage en cages flottantes, etc.) mais aussi pour la bonne gestion des ressources naturelles et le respect de l'environnement. Un programme national d'empoissonnement des mares et des plans d'eau ainsi qu'un calendrier annuel pour la pêche ont été aussi mis en place.

Des résultats satisfaisants et d'impacts importants sont constatés à tous les niveaux d'intervention de ces projets ; les grands objectifs de ce programme, notamment l'augmentation de la production annuelle de poisson, la vulgarisation des nouvelles techniques piscicoles, sont déjà bien visibles au niveau national, sans parler de la contribution importante de ce programme à la création d'emplois, à la lutte contre la pauvreté et à la sécurité alimentaire.



Effets des contaminants sur deux espèces de moules le long d'un gradient de salinité

SÉGUIN Alexis

Doctorant

Equipe n°: 1

E-mail : alexis.seguin@unicaen.fr

Alors que la Directive Cadre Stratégie pour le Milieu Marin (DCSMM) vise à une bonne qualité écologique des écosystèmes côtiers d'ici 2020, les sédiments, l'eau et les organismes y demeurent largement contaminés. La majorité (~ 80%) des contaminants étant d'origine terrigène, il importe de considérer leur impact sur des espèces vivant naturellement ou disposées le long d'un gradient de salinité. Parmi les différentes espèces d'invertébrés marins, les bivalves présentent de nombreuses qualités pour être choisis comme espèces bio-indicatrices des conditions stationnelles. Ainsi, les moules sont fréquemment choisies comme espèces sentinelles dans le cadre de réseaux de surveillance.

L'étude, débutée en décembre 2014 pour une durée de 13 mois, porte sur deux espèces de moules : *Mytilopsis leucophaeata*, espèce euryhaline d'eau saumâtre et *Mytilus edulis*, espèce euryhaline d'eau marine classiquement cultivée en zone littorale. Cette étude est menée en Baie des Veys et dans la partie aval de son bassin versant : secteurs marin de Grandcamp et estuarien de Gêfosse (*M. edulis*), eaux saumâtres du port de Carentan (*M. edulis* et *M. leucophaeata*) et eaux douces de La Jourdan (*M. leucophaeata*). Le gradient terre-mer correspond à un gradient croissant de salinité et décroissant d'apports terrigènes incluant les contaminants. La salinité et la température font l'objet d'enregistrements à haute fréquence alors que la contamination métallique est mesurée mensuellement dans l'eau et les moules et, trimestriellement, dans les sédiments. Par ailleurs, un screening complet des contaminants organiques a été réalisé en début d'étude et sera à nouveau effectué à la fin du suivi.

Les effets de la salinité et de la qualité environnementale (présence de mélanges de contaminants) sont étudiés par la mise en œuvre d'une batterie de biomarqueurs situés à différents niveaux du vivant allant de l'échelle individuelle (survie, croissance et indice de condition, reproduction) à l'échelle infra-individuelle (qualité des tissus et réserves énergétiques, paramètres immunitaires et activités d'enzymes clefs de la régulation du stress oxydatif). Les premiers résultats suggèrent des différences inter-sites et/ou inter-espèces significatives quant à la survie, la bioaccumulation des métaux ou encore les paramètres hématocytaires.

Ecological Network Analysis of the Seine estuary: contribution of habitats and their evolution

TECCHIO Samuele

Post-doc

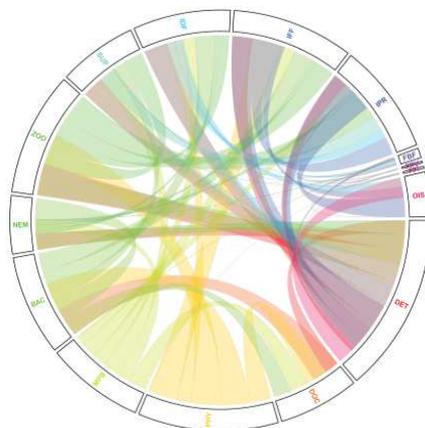
Équipe n°: 5

E-mail : samuele.tecchio@unicaen.fr

The methods for numerical analyses of trophic webs allow integrating the accumulated knowledge of the different populations constituting an ecosystem in a synthetic form. First, a food web linear inverse model is built using field data for biomasses, dietary habits, and metabolic constraints. The model is solved to obtain an estimation of all carbon flows occurring in an ecosystem between its living and detritus compartments. Then, Ecological Network Analysis (ENA) consists in collapsing the food web flows into comprehensible numbers that describe the structure and functioning of the ecosystem.

In the framework of the ANTROPOSEINE project (G.I.P. Seine-Aval), ecosystem modelling and ecological network analysis were performed in the Seine estuary. Our objectives were (1) to characterise the contribution of the different sectors/habitats of the estuary to the overall ecosystem structure and functioning, and (2) to study the ecosystem evolution after a major construction event, i.e. the Port2000 extension and its associated mitigation works.

The two habitats with a functioning most related to a stressed state were the northern and central navigation channels, where building works and constant maritime traffic are major anthropogenic stressors. The strong top-down control in the other habitats was not present in the central channel, showing instead (i) a change in keystone roles towards sediment-based, lower trophic levels, and (ii) a higher system omnivory. The southern channel evidenced the lowest indications of stress (low cycling and relative redundancy, highest system activity, low omnivory). The modelling of separate habitats permitted disclosing each one's response to the different pressures. The comparison of the Seine estuary before and after the Port2000 construction, although preliminary, shows differential changes among habitats that could however be linked also to the marinisation process that occurred between the two periods. This will be better disclosed with the addition of hydrodynamic changes and the partial return to the theoretical table for ENA interpretation.



Etude du "bichique" à La Réunion: du recrutement d'une espèce amphidrome à l'éco-socio-système

THOMAS Carole

Doctorante

Equipe n°: 4

E-mail : cthomas@mnhn.fr

Doctorante contractuelle de l'UMR BOREA (Equipe 4) et du CREGUR/OIES, j'effectue mes recherches sur la pêche de « bichiques » à La Réunion.

Ce terme fait référence au stade post-larvaire des gobiidés, *Sicyopterus lagocephalus* et *Cotylopus acutipinnis*, capturés à l'embouchure des rivières. Ces espèces au cycle de vie amphidrome (rivière/océan), sont particulièrement vulnérables aux perturbations anthropiques continentales, auxquelles s'ajoute la pression de pêche. L'une cosmopolite, l'autre endémique, elles contribuent fortement à la diversité faunistique des rivières réunionnaises.

D'un point de vue écologique, c'est la raréfaction de la ressource qui alimente le besoin de recherche. Les considérations écologiques, bien que suffisantes pour faire du bichique un cas d'étude, se voient soutenues par des considérations économiques et sociales, qui s'expriment à travers la popularité du sujet.

La pêche des bichiques est une activité traditionnelle et emblématique sur l'île ; historiquement source de revenus, de nourriture et d'échanges festifs, elle s'apparente aussi aux conflits d'intérêts qu'elle génère. A l'approche des fêtes de Noël, le bichique se vend 60 euros le kilo, ce qui lui vaut son surnom de caviar « péi » (i.e. « local »).

Dans ce contexte où nature et société sont interdépendants, naît ce besoin d'allier les sciences naturelles aux sciences humaines et sociales. Nous croisons différentes approches, écologique, ethnologique et géographique, pour étudier plus largement l'éco-socio-système. Dans un objectif final qui dépasse le cadre de cette thèse, ce travail veut aider les politiques locales qui souhaitent réglementer l'activité, à intégrer la dimension singulière de cette pêche, laquelle attend une gestion adaptée.

A l'échelle de la thèse, nos objectifs sont de: 1. Comprendre la variabilité spatiale et temporelle du recrutement au regard des conditions environnementales et de l'impact anthropique 2. Etudier l'importance sociétale de l'activité de pêche.

Les intrusions estuariennes des poissons euryhalins seront-elles perturbées par le changement global ?
Réponse comportementale des capacités osmorégulatrices de différents poissons euryhalins en fonction de la température

TRANCART Thomas

ATER

Equipe n°: 5

E-mail : thomas.trancart@mnhn.fr

Les estuaires sont des zones d'alimentation de grande importance pour les poissons amphihalins et euryhalins. De nombreuses espèces vont réaliser quotidiennement des déplacements alimentaires, de la mer vers les estuaires. Ces déplacements se font en utilisant les courants de marée et n'excèdent donc pas une demi-journée.

Il a déjà été mis en évidence une hausse des événements pluvieux extrêmes apparus ces dernières années. Ces événements extrêmes entraînent une profonde modification des panaches estuariens, les rendant plus étendus, plus longs et plus chauds.

Il semble donc particulièrement intéressant de regarder si les capacités d'osmorégulation de ces espèces côtières sont impactées par le changement de régime de température.

Une série de mesures de respirométrie en tunnel de nage a donc été effectuée. Les différences de métabolisme respiratoire de plusieurs espèces côtières en fonction de la température de l'eau ont été testées.

Les premiers résultats tendent à montrer que même à court terme, de légères modifications dans les distributions locales sont à envisager.

Etude du développement nauplien de *Sacculina carcini* (Thompson, 1836)

TREDEZ Fabien

Doctorant

Equipe de rattachement n°: 4

E-mail : ftredez@mnhn.fr

Chez les pancrustacés, les cirripèdes sont un groupe particulier tant au niveau de leurs morpho-anatomies adultes que de leurs modes de vie (toujours fixés sur un support inerte ou organique). L'association durable entre les cirripèdes et leur hôte a favorisé de nombreuses transitions vers le parasitisme, liées à des simplifications morpho-anatomiques plus ou moins poussées. Le groupe des rhizocéphales, tous parasites de pancrustacés aquatiques, est un cas extrême. L'exemple le plus connu est *Sacculina carcini* (Thompson, 1836), la sacculine du crabe vert *Carcinus maenas* (Linné, 1758). La sacculine présente un réseau racinaire qui se développe dans l'hôte et un sac reproducteurs faisant saillie sous l'abdomen de l'hôte.

Bien que les cirripèdes adultes soient morphologiquement différents, les larves, elles, sont très similaires. Le développement passe par plusieurs stades naupliens puis par un stade cypris qui donnera l'adulte après fixation et métamorphose. Nous avons étudié le développement nauplien de *S. carcini* afin de rechercher des spécificités liées au groupe des rhizocéphales. Une table de développement précise a été obtenue, grâce à des fixations de larves toutes les 4h, tout au long du développement larvaire.

Ce travail nous a permis de mettre en évidence un stade larvaire cryptique et un développement synchrone entre les larves d'une même cohorte mais aussi entre les cohortes. À partir de la table de développement synchrone, nous avons remarqué que la cuticule (dite externe) des nauplies était décollée dès le début du stade. Une étude plus précise nous a permis de repérer une deuxième cuticule (dite interne) en formation sous la première (Fig. 1).

Puis, grâce à une technique de microdissection de cette cuticule, nous avons pu étudier le développement en continu de *S. carcini* : la segmentation et la formation des appendices sont synchrones entre les six segments thoraciques.

Au vu des données bibliographiques et de résultats préliminaires, le développement synchrone des cohortes de *S. carcini* semble lié au groupe des rhizocéphales, donc au mode de vie parasite. Par contre, le développement synchrone des six segments thoraciques est typique des cirripèdes. Enfin, il semble que la cuticule « détachée » soit présente chez les cirripèdes mais également chez les groupes-frères (Thécostracés).

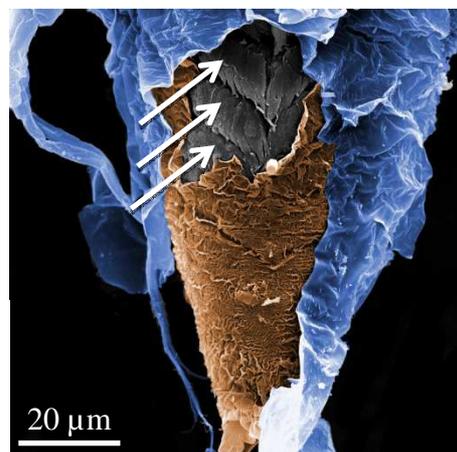


Fig. 1: thorax d'une nauplius 4 (44 h après éclosion) de *S. carcini* disséquée, en vue ventrale, laissant apparaître une cuticule « interne » et sous cette dernière des pattes thoraciques en formation (flèches).

Le projet SMILE, une bouée instrumentée pour l'observation et la recherche en Baie de seine

UBERTINI Martin

Post-Doctorant

Equipe n°: 5

E-mail : martin.ubertini@unicaen.fr

L'Université de Caen, par l'intermédiaire de sa station marine, est porteuse d'un projet d'envergure en collaboration avec l'Ifremer et NKE instrumentation. Ce projet, « SMILE » (Système de Mesure Instrumenté Littoral pour l'Environnement), a une vocation d'observation et de recherche pérenne dédiée à la Baie de Seine. Pour cela, il prévoit l'acquisition automatisée haute fréquence de mesures environnementales concernant les principaux paramètres physico-chimiques océanographiques ainsi que la production primaire phytoplanctonique. Ces mesures seront effectuées par l'intermédiaire d'une bouée instrumentée située au large de la station marine de Luc-sur-Mer. Les paramètres tels que la température, la salinité, l'oxygène dissous ou la turbidité font l'objet de suivis ponctuels et/ou haute-fréquence sur le littoral français, notamment au travers du réseau SOMLIT dont la station marine fait partie. Cette bouée devrait donc permettre à la station marine d'intégrer le réseau SOMLIT HF, en cours de labellisation. En revanche, mesurer la production primaire à haute-fréquence relève de l'innovation technologique et technique, et la bouée SMILE sera la première à présenter cette caractéristique grâce à un capteur innovant, le FRRF.