

RÉSUMÉ

Contexte

Le degré élevé d'endémisme et les adaptations spécifiques au froid rendent les organismes marins antarctiques particulièrement vulnérables aux changements globaux. Face au réchauffement rapide et à la perte des calottes glaciaires, la protection de la biodiversité unique de l'Océan Austral devient urgente. La délimitation des Aires Marines Protégées (AMP) est l'un des outils les plus importants pour préserver les habitats marins. Neuf zones potentielles d'AMP ont été proposées par la Convention pour la conservation de la faune et la flore marines de l'Antarctique (CCAMLR) dans l'Océan Austral (SO), mais seules deux ont été mises en place à ce jour et quatre autres sont en cours de planification. Le projet COPE fournit des données sur la connectivité génétique des amphipodes endémiques du genre *Charcotia* et des espèces de poissons du genre *Trematomus* afin d'optimiser la délimitation des AMP dans l'océan Austral et d'identifier les régions particulièrement préoccupantes.

Objectifs

Le projet COPE a cinq objectifs majeurs :

1. Délimiter les espèces génétiques au sein des taxa modèles d'amphipodes et de poissons, et identifier une éventuelle diversité cryptique, en vue des analyses de génétique des populations.
2. Obtenir des données génomiques sur la variabilité génétique neutre, afin d'explorer la connectivité et la structure des populations de deux taxons clés de l'océan Austral : les amphipodes nécrophages du genre *Charcotia* et les poissons *Trematomus*, à une échelle circum-antarctique.
3. Utiliser des analyses d'outliers sur les données génomiques pour tester l'adaptation locale aux facteurs abiotiques qui caractérisent le paysage marin.
4. Comparer les schémas de connectivité génétique des deux groupes taxonomiques en fonction de leurs traits d'histoire de vie, notamment leur capacité de dispersion, et les relier aux conditions océaniques, en particulier aux courants marins.
5. Modéliser la répartition des espèces de *Charcotia* et de *Trematomus* dans l'océan Austral à partir des données existantes de présence/absence des espèces, et des données environnementales disponibles.

Conclusions

Le projet COPE a atteint avec succès ses objectifs, malgré certaines difficultés liées aux restrictions imposées par Covid-19. La plupart des analyses ont été menées à partir de collections existantes dans les deux institutions partenaires, en raison des difficultés à obtenir des échantillons supplémentaires. Nous recommandons d'étendre les jeux et bases de données avec des informations abiotiques et sur la diversité et distribution des espèces, afin d'approfondir les connaissances biologiques encore limitées et, par exemple, d'alimenter les modèles de distribution des espèces et les modèles de dispersion couplés aux modèles hydrodynamiques.

Nous avons apporté plusieurs contributions importantes au domaine : nous avons mis en évidence une diversité cryptique supplémentaire dans les deux taxons étudiés, contribuant ainsi à une estimation plus réaliste de la diversité endémique des écosystèmes marins antarctiques. La

reconstruction de la niche écologique réalisée chez des espèces-sœurs d'amphipodes a révélé des différences marquées inter- et intraspécifiques, illustrant la plasticité trophique de ces amphipodes nécrophages antarctiques. Le projet a également fourni les premières estimations des tailles de génome pour 16 espèces d'amphipodes antarctiques, confirmant qu'il existe de grandes disparités de taille de génomes entre espèces, et démontrant l'existence de génomes géants chez ces crustacés. Cette base de données constitue une ressource précieuse pour la recherche génomique.

Les résultats les plus novateurs concernent l'estimation de la structure génétique des populations de deux espèces d'amphipodes *Charcotia* et six espèces de poissons *Trematomus* à différentes échelles géographiques dans l'océan Austral. Cette approche basée sur des données génomiques a révélé une grande diversité dans les patterns de connectivité, y compris entre des espèces étroitement apparentées. Nous avons mis en évidence une absence de structure génétique entre populations de l'est de la mer de Weddell chez trois espèces de poissons *Trematomus*. En revanche, nous avons observé des patterns de différenciation génétique liée à la distance géographique chez trois autres espèces de *Trematomus* ainsi que chez l'amphipode *Charcotia obesa*. De manière surprenante, de la différenciation génétique à un niveau local a également été détectée, par exemple le long de la péninsule Antarctique occidentale ou au sein même de l'est de la mer de Weddell. Les patterns de variation génétique potentiellement adaptative observés suggèrent que des réarrangements chromosomiques pourraient jouer un rôle clé dans l'adaptation des poissons *Trematomus*. Certains patterns de connectivité génétique sont nouveaux et inattendus, comme la connexion entre le Filchner Trough et l'ouest de la mer de Weddell, possiblement liée aux courants océaniques.

Les résultats sur la connectivité sont particulièrement pertinents pour la délimitation des Aires Marines Protégées (AMP) dans l'océan Austral. Ils identifient le Filchner Trough comme une région potentiellement clé pour la dispersion des espèces, nécessitant une protection particulière. Nos résultats soulignent également l'importance d'un réseau d'AMP interconnectées, afin de prendre en compte les différences de connectivité à grande échelle, ainsi que l'intégration des biorégions adjacentes dans ces AMP afin de préserver la différenciation génétique locale.

Nous prévoyons de rédiger un article de communication scientifique en vue de la prochaine réunion de l'EMM, en préparation à la réunion 2025 de la CCAMLR, afin de garantir que nos résultats soient valorisés dans le cadre des politiques scientifiques et la conservation de l'océan Austral.