

Discipline : Structuration d'une population marine migratrice par une approche multicritère (dont transcriptomique/protéomique).

Sujet : Migrations et philopatrie chez la seiche en Manche

Acronyme : PHILOSEPIA

Mots clés : Homing (philopatrie), polymorphisme protéomique, structure génétique, approche multicritère, gestion des stocks/

Direction de thèse : ROBIN Jean-Paul

Unité de recherche : UR7482 MERSEA "Marine Ecosystems and oRganisms reSEArch lab"

Etablissement : Université de Caen Normandie

Type de financement : Contrat doctoral établissement

Contact : jean-paul.robin@unicaen.fr

L'évaluation scientifique des conditions d'exploitation durables des ressources vivantes et de la biodiversité marine passe par l'étude d'unités de gestion ("stocks" ou "phase exploitable d'une population"). Pour leur modélisation, ces unités doivent être homogènes du point de vue génétique mais aussi au niveau leur cycle biologique et migratoire.

La seiche *Sepia officinalis* en Manche a jusqu'à présent été évaluée comme un stock unique capturé majoritairement en hiver dans la zone centrale de l'Ouest de la Manche. La dernière recherche de différences génétiques entre les géniteurs des zones côtières où la ponte a lieu au printemps date du projet Interreg CRESH (Shaw, 2012). Elle n'avait pas permis de détecter des différences significatives entre zones alors qu'une structuration génétique a été observée entre sites autour de la péninsule Ibérique (Perez-Losada et al., 2007).

L'hypothèse du "homing" (ou philopatrie) pour les seiches de Manche (retour des géniteurs vers leur site d'éclosion) peut maintenant être testée avec des outils génétiques ou génomiques plus performants et discriminants ainsi qu'une approche multi-critères comme cela a été appliqué au calmar *Loligo forbesii* (Sheerin et al., 2022). En fonction du degré d'indépendance des frayères côtières et des trajets empruntés lors des migrations, les diagnostics concernant la conservation de cette importante ressource pour la pêche devront être adaptés.

Dans un premier temps, les zones côtières où seront récoltées les seiches comparées concerneront les eaux normandes (Ouest Cotentin, Baie de Seine, Côte d'Albâtre) avant une couverture géographique plus large.

Les critères recherchés concerneront l'hologénome, le polymorphisme transcriptomique, et les marqueurs moléculaires utilisés pour l'ADN environnemental mais aussi des analyses microchimiques (par ex. composition en éléments traces au long de profils de pièces dures).

The scientific assessment of sustainable exploitation conditions for living resources and marine biodiversity requires the study of management units ('stocks' or 'exploitable phase of a population'). In order to be identified, these units must be homogeneous from a genetic point of view, but also in terms of their biological and migratory cycle.

In the English Channel, the common cuttlefish *Sepia officinalis* has so far been assessed as a single stock caught mainly in winter in the central western Channel. The latest research into genetic differences between adults in coastal areas where spawning takes place in spring dates back to the Interreg CRESH project (Shaw, 2012). It did not detect significant differences between areas, whereas genetic structuring was observed between sites around the Iberian Peninsula (Perez-Losada et al., 2007).

The hypothesis of 'homing' (or philopatry) for English Channel cuttlefish (return of spawners to their hatching site) can now be tested with more powerful and discriminating genetic or genomic tools and a multi-criteria approach, as has been applied to the squid *Loligo forbesii* (Sheerin et al., 2022). Depending

on the degree of autonomy of coastal spawning grounds and the routes taken during migration, assessments concerning the conservation of this important fishery resource will have to be adapted. In a first step, the coastal areas where the cuttlefish will be sampled will be in Normandy (West Cotentin, Seine Bay, Alabaster Coast), before expanding to a wider geographical area. The criteria sought will concern the hologenome, transcriptomic polymorphism, and molecular markers used for environmental DNA, as well as microchemical analyses (e.g. trace element composition along hard part profiles).