



GAIA : Biodiversité, Agriculture, Alimentation, Environnement, Terre, Eau

Sujet de thèse ED GAIA 2021

* Directeur de thèse	Jérémie Vidal-Dupiol, http://ihpe.univ-perp.fr/ihpe-vidal-dupiol-jeremie/
Coencadrement	Olivier Rey, http://ihpe.univ-perp.fr/ihpe-rey-olivier/
Descriptif de l'encadrement de la thèse :	
* Titre en français :	Diversité intraspécifique des coraux dans un monde plus chaud : de la structure spatio-temporelle aux biomarqueurs fonctionnels d'adaptation au stress thermique
* Titre en anglais :	Coral intraspecific diversity in a warming world: from spatio-temporal structure to functional biomarker of adaptation to thermal stress
* Mots clés :	Réchauffement climatique, diversité interspécifique, récifs coralliens, blanchissement corallien, thermotolérance, biomarqueurs, génétique/épigénétique, conservation, restauration
* Mots clés en anglais :	Global warming, intraspecific diversity, coral reefs, coral bleaching, thermotolerance, biomarkers, genetic/epigenetic, conservation, restauration
* Type de financement :	Contrats doctoral Ifremer pour une durée de 3 ans, à une rémunération forfaitaire mensuelle brute égale à 2300 euros, non cumulable avec d'autres bourses d'étude
Etat du financement :	Acquis
Précisions sur le financement :	
Profil candidat :	Vous serez titulaire d'un Master en Ecologie/Evolution, Génomique ou Océanologie avec une expérience de laboratoire, éventuellement de terrain. Vous aurez des connaissances en biologie moléculaire et bio-informatique; une expérience pratique impliquant l'utilisation de R et/ou de Python sera appréciée. Impliqué(e) dans un consortium multidisciplinaire, vous devrez être curieux(se) des autres disciplines et avoir de bonnes capacités de communications orale (anglais) et écrites (anglais). L'obtention du permis B serait grandement appréciée.

Profil candidat en anglais	You will hold a Master's degree in Ecology/Evolution, Genomics or Oceanology with laboratory experience, possibly in the field. You will have knowledge in molecular biology and bioinformatics; practical experience involving the use of R and/or Python will be appreciated. Involved in a multidisciplinary consortium, you must be curious about other disciplines and have good oral (English) and written (English) communication skills. Obtaining the B license would be greatly appreciated. The driving licence (B) will be much appreciate.
Thématique	Ecologie évolutive, conservation écologique
Présentation détaillée en français : <u>Contexte</u> <u>Objectif de la thèse:</u>	<p><u>Contexte :</u></p> <p>La Terre connaît actuellement des changements environnementaux majeurs qui accélèrent le déclin de la biodiversité. Dans ce contexte alarmant, nous devons préserver toutes les facettes de la biodiversité ; en particulier la diversité intraspécifique puisqu'elle est le support de la sélection naturelle (1). La diversité intraspécifique influence également la dynamique écologique des populations et le fonctionnement des écosystèmes en garantissant une complémentarité fonctionnelle entre des individus écologiquement non équivalents (2). La diversité intraspécifique englobe la diversité génétique, phénotypique et fonctionnelle au sein d'une espèce. Des éléments non codés génétiquement tels que l'information épigénétique (3, 4) et la composition de l'hobionte (5) peuvent également varier entre les individus et contribuer à l'expression phénotypique sous l'influence de l'environnement dominant. Au niveau génétique, il peut soutenir des mécanismes adaptatifs rapides tels que les processus de «sauvetage génétique» (c'est-à-dire l'inclusion d'allèles adaptatifs d'une population adaptée au sein d'une population non adaptée). D'autre part, des mécanismes non génétiques (tels que des variations épigénétiques ou des changements dans les symbiotes microbiens) peuvent influencer l'expression du génome pour déclencher des ajustements phénotypiques rapides des individus et le maintien des populations jusqu'à ce que l'adaptation génétique se produise (3).</p> <p>Les récifs coralliens tropicaux constituent des points chauds cruciaux de la biodiversité marine et dépendent principalement des coraux constructeurs de récifs. Ces organismes sessiles, longévives, sténothermes, coloniaux et symbiotiques sont menacés par des canicules marines de plus en plus fréquentes. Les récifs coralliens fournissant des services écosystémiques essentiels, des actions de gestion ont été entreprises pour améliorer directement (restauration des récifs) ou indirectement (aires marines protégées) la tolérance thermique des coraux. Cependant, il est important de répondre à plusieurs questions pour mettre en place des stratégies de conservation efficaces : i) quelle est la répartition spatiale des coraux tolérants à la chaleur ? ; ii) dans quelle mesure sont-ils thermotolérants ? ; iii) quels sont les mécanismes sous-jacents à la tolérance thermique ? Concernant cette dernière question, plusieurs mécanismes non exclusifs ont été suggérés : 1. Des génotypes thermotolérants pourraient émerger par des changements génomiques</p>

	<p>rapides au sein des colonies (e.g. activation d'éléments transposables, CNV) (3) ; 2. Des modifications des proportions de génotypes coexistant au sein d'une même colonie pourraient favoriser l'émergence de réponses adaptatives (6). 3. Des changements dans les schémas de méthylation de l'ADN peuvent provoquer des ajustements phénotypiques adaptatifs temporaires chez les coraux exposés à un stress récurrent (7, 8). 4. Des changements réversibles dans la composition du microbiome de l'holobionte peuvent conférer une tolérance thermique plus élevée (9). Même si ces mécanismes ont été attentivement examinés, leur importance relative dans la tolérance thermique reste à quantifier.</p> <p><u>Objectifs :</u> Dans ce projet, nous utiliserons les nouvelles technologies de séquençage combinées à des approches innovantes pour : i) accroître notre compréhension de la dynamique spatiale et temporelle de la diversité intraspécifique chez les coraux ; ii) comprendre les mécanismes génétiques, épigénétiques et microbiens de l'adaptation/acclimatation des coraux au stress thermique et iii) identifier les biomarqueurs fonctionnels de la tolérance thermique des coraux qui seront ensuite développés en un outil de gestion facile à utiliser.</p>
Présentation détaillée en anglais	
Objectif	<p>In this project, we will make use of the advent of sequencing technologies combined with innovative approaches to: i) increase our understanding of the spatial and temporal dynamics of intraspecific diversity in corals; ii) understand the genetic, epigenetic and microbial mechanisms of coral adaptation/acclimatization to thermal stress and iii) identify functional biomarkers of coral thermal tolerance that will be further developed into an easy to use management tool.</p>
Contexte	<p>Earth is currently experiencing major environmental changes that accelerate the decline of biodiversity. In this alarming context, we need to preserve all facets of biodiversity; in particular, intraspecific diversity since it is the support for natural selection (1). Intraspecific diversity also influences ecological dynamics of populations and ecosystems functioning by guaranteeing a functional complementarity between ecologically non-equivalent individuals (2). Intraspecific diversity encompasses genetic, phenotypic and functional diversity within a species. Non-genetically encoded elements such as the epigenetic information (3, 4) and the holobiont composition (5) can also vary between individuals and contribute to phenotypic expression under the influence of the prevailing environment. At the genetic level it may support rapid adaptive mechanisms such as the “genetic rescue” processes (i.e., income of adaptive alleles from an adapted population within non adapted one). On the other side, non-genetic mechanisms (such as epigenetic variations or changes in microbial symbionts), can influence genome</p>

	<p>expression to trigger rapid phenotypic adjustments of individuals and the maintenance of populations until genetic adaptation occurs (3). Tropical coral reefs constitute crucial hotspots of marine biodiversity and mainly rely on reef-building corals. These, sessile, long-living, stenotherm, colonial and symbiotic organisms are threatened by increasingly frequent marine heatwaves. Since coral reefs provide essential ecosystem services, management actions were undertaken to directly (reef restoration) or indirectly (marine protected areas) enhance coral thermaltolerance. Importantly however several questions still remain to be answered to mount effective conservation strategies: i) what is the spatial distribution of thermaltolerant corals?; ii) to what extend are they thermaltolerant?; iii) what are the mechanisms underlying thermaltolerance? Regarding the latter question, several non-exclusive mechanisms were suggested: 1. Thermaltolerant genotypes could emerge through rapid genomic changes within colonies (e.g. activation of transposable elements, CNVs) (3); 2. Modifications in the proportions of genotypes coexisting within the same colony could promote the emergence of adaptive responses (6). 3. Changes in DNA methylation patterns may cause temporary adaptive phenotypic adjustments in coral exposed to recurrent stress (7, 8). 4. Reversible changes in the microbiome composition of the holobiont may confer higher thermal tolerance (9). Even if these mechanisms were attentively examined, their relative importance in thermaltolerance still needs to be quantified.</p>
Méthode	<p><u>Task 1 Sampling:</u> <i>A. hyacinthus</i> and <i>P. lobata</i> are ubiquitous species found in fringing reefs and lagoons. For each geographic area five sites differently exposed to abiotic environmental drivers (wind, swell, runoff, anthropization etc.) were selected. At each site, 10 genetically distinct colonies per species were tagged and sampled at the end of the summer and the winter season. This sampling design will enable to disentangle seasonal intraspecific variability from a potential adaptive diversity. Sampling have been started in 2022 in collaboration with local partners accordingly to local regulation.</p> <p><u>Task 2 Bleaching sensitivity and molecular phenotype:</u> To associate the thermaltolerance (Fig 1A) of each sample to its phenotypic determinants (i.e. genotype, epigenotype, microbiome composition), phenotype of thermaltolerance and molecular response to an experimentally induced bleaching was characterized in aquaria as previously described (14). The control temperature (CT) corresponds to the average temperature of the three warmer months and the stress temperature (ST) to CT+3°C. ST was reach by a regular increase of 1°C/3 days. Four fragments (~3 cm) of each sampled colonies were used; one for transcriptomic control (CT), one for thermotolerance phenotyping control (CT), one for transcriptomic stress (ST) and one for thermotolerance phenotyping stress (ST). For transcriptomic, all samples were sampled 3 days after the ST was reached. For thermaltolerance phenotyping, a monitoring was done daily to record the occurrence of stress symptoms, polyp closure, partial bleaching,</p>

	<p>total bleaching, partial mortality (e.g. necrosis) and total mortality (Fig1 B). To ensure comparable results between islands identical transportable experimental modules were used (Fig 1C) and daily monitoring of salinity, O2 concentration and pH was conducted as well as a bi-weekly monitoring of nutrient concentration and alkalinity. No significant differences were found between Islands. Thermaltolerance experiment were done in 2022</p> <p><u>Task 3 Integrative Omics:</u> Gene expression in response to thermal stress of each colony (CT vs. ST; n=600 libraries) will be characterized using QuantSeq (15), (Epi)genome (n=300 libraries) will be characterized by Enzyme Methyl sequencing (16) and holobiont diversity for bacterial, Symbiodiniaceae (26) and protist (17) communities by metabarcoding (n= 900 librarie).</p> <p><u>Task 4 Bioinformatics and biostatistics:</u> The reference genome of all the coral species studied were already assembled and annotated. Bioinformatic pipelines for NGS data analysis are available at the laboratory (reads quality check, filtering, mapping, counting, differential expression analysis, biological function enrichment, methylation and SNP calling, differential methylation and SNP analysis, metabarcoding clustering and assignation etc.). The sampling design, phenotyping experiment and integrative omics analysis will make possible i) to quantify the effect of intrinsic ecological features of coral species and environmental factors on the structure of the different component of intraspecific diversity (i.e. genetic, DNA methylation patterns, microbial communities); ii) to identify possible co-structures between these facets of intraspecific diversity; iii) to identify possible genomic and/or epigenomic determinants of local adaptation/adjustment to some specific thermal regimes through genome and epigenome wide association studies.</p>
Résultat attendu	<p>This PhD project will determine how the intraspecific diversity is structured across space and time among contrasted ecological situations. It will also contribute to the understanding of the molecular basis of coral adaptation and acclimatization to global warming. Ultimately, these results will allow the identification of functional unit and biomarkers of thermal tolerance that will be further developed in a next project The results will be given strong visibility by at least 2 high impact publications and presentations at international congresses. The first will be dedicated to structure of intraspecific diversity and the second to the molecular mechanism of coral adaptation and acclimatization to global warming. In combination with the other works conducted as part of the SAVE project, it will contribute to a more exhaustive elucidation of corals adaptation and acclimatization processes, a necessary step to build a biomarkers' toolkit to assist reef management strategies and restauration actions.</p>
Références bibliographiques	<p>1. Franks SJ & Hoffmann AA (2012) Genetics of climate change adaptation. Annual review of genetics 46:185-208.</p>

2. Raffard A, Santoul F, Cucherousset J, & Blanchet S (2019) The community and ecosystem consequences of intraspecific diversity: A meta-analysis. *Biological Reviews* 94(2):648-661.
3. Rey O, et al. (2016) Adaptation to Global Change: A Transposable Element–Epigenetics Perspective. *Trends in ecology & evolution* 31(7):514-526.
4. Rey O, et al. (2019) Linking epigenetics and biological conservation: Towards a conservation epigenetics perspective. *Functional Ecology* 34(2):414-427.
5. Rosenberg E, et al. (2007) The hologenome theory disregards the coral holobiont: reply from Rosenberg et al. *Nature Reviews Microbiology* 5(10).
6. Vidal-Dupiol, J, et al. (2022). Frontloading of stress response genes enhances robustness to environmental change in chimeric corals. *BMC Biology* 20:167.
7. Liew YJ, et al. (2018) Epigenome-associated phenotypic acclimatization to ocean acidification in a reef-building coral. *Science Advances* 4(6):eaar8028.
8. Torda G, et al. (2017) Rapid adaptive responses to climate change in corals. *Nature Climate Change* 7:627.
9. Ziegler M, et al. (2019) Coral bacterial community structure responds to environmental change in a host-specific manner. *Nature Communications* 10(1):3092.
10. Adjero M, et al. (2014) Genetic diversity, clonality and connectivity in the scleractinian coral *Pocillopora damicornis*: a multi-scale analysis in an insular, fragmented reef system. *Mar Biol* 161(3):531-541.
11. Adjero M, et al. (2009) Recurrent disturbances, recovery trajectories, and resilience of coral assemblages on a South Central Pacific reef. *Coral Reefs* 28(3):775-780.
12. Adjero M, et al. (2019) Spatial Patterns and Short-term Changes of Coral Assemblages Along a Cross-shelf Gradient in the Southwestern Lagoon of New Caledonia. *Diversity* 11(2):21.
13. Ellison J & Fiu M (2010) Vulnerability of Fiji's mangroves and associated coral reefs to climate change. World Wildlife Fund.
14. Brener-Raffalli, K, et al. (2022). Gene expression plasticity and frontloading promote thermotolerance in *Pocillopora* corals. *Peer Community Journal* 2.
15. Kenkel CD & Matz MV (2016) Gene expression plasticity as a mechanism of coral adaptation to a variable environment. *Nature Ecology & Evolution* 1:0014.
16. Vaisvila, R, et al. (2020). EM-seq: Detection of DNA Methylation at Single Base Resolution from Picograms of DNA. *bioRxiv*:2019.2012.2020.884692.
17. Brener-Raffalli K, et al. (2018) Thermal regime and host clade, rather than geography, drive Symbiodinium and bacterial assemblages in the scleractinian coral *Pocillopora damicornis* sensu lato. *Microbiome* 6(1):39.

	18. Clerissi C, et al. (2018) Protists Within Corals: The Hidden Diversity. (Translated from English) <i>Frontiers in microbiology</i> 9(2043)).
Date limite de candidature	La date limite pour la remise des candidatures est le 23 avril 2023 sur le site https://www.ifremer.fr/fr/travailler-l-ifremer . <i>Si vous rencontrez un problème pour joindre vos documents, merci de déposer votre CV sur le site de l'Ifremer (Pour que nous puissions assurer le suivi, cette démarche est obligatoire pour la prise en compte de votre candidature) et d'envoyer votre dossier par email au directeur de thèse : jeremie.vidal.dupiol@ifremer.fr</i>
Date de début de contrat	Octobre 2023