

École Doctorale Vie et Santé

CNRS-IPHC-DEPE

THÈSE

présentée par :

Robin CRISTOFARI

soutenue le : 23 février 2016

pour obtenir le grade de : **Docteur de l'Université de Strasbourg**

Discipline / Spécialité : Biologie / Écologie, Génétique des populations

Structure and dynamics of the penguin synnomes

Understanding seabird life history and response to climate change
through population genomics

THÈSE dirigée par :

Dr LE MAHO Yvon

Dr ANCEL André

Professeur émérite, CNRS-Université de Strasbourg

Directeur de recherches, CNRS-Université de Strasbourg

Co-encadrée par :

Dr LE BOHEC Céline

Dr TRUCCHI Emiliano

Chargée de recherches, CNRS-Université de Strasbourg

Associate researcher, Universität Wien

RAPPORTEURS :

Dr BEAUGRAND Grégory

Dr DAVEY John

Directeur de recherches, CNRS-Université de Lille

Principal investigator, University of Cambridge

PRESIDENT DU JURY :

Dr POTIER Serge

Directeur de recherches, Université de Strasbourg

Structure and dynamics of the penguin synnomes

Résumé

L'Océan austral est l'un des pivot des écosystèmes et du climat de notre planète, qui concentre plus de 20% de la productivité primaire marine mondiale. La complexité de ses réseaux trophiques et son inaccessibilité rendent plus encore qu'ailleurs nécessaire l'utilisation d'espèces bio-indicatrices. Plusieurs espèces de manchots (comme le Manchot Royal et le Manchot Empereur) sont ainsi l'objet de programmes de suivi à long terme.

Dans cette étude, nous utilisons les données offertes par la génomique des populations (« RAD-sequencing » couvrant le génome de centaines d'individus issus couvrant la distribution de ces deux espèces) et les représentations numériques du climat de l'IPCC-CMIP5 pour calibrer dans le temps long les analyses démographique plus précises réalisées à l'échelle de quelques générations dans le cadre de suivis démographiques, et mieux comprendre la réponse des manchots au changement climatique.

Au-delà de ses conséquences immédiates pour l'étude des Manchots en tant que sentinelles de l'Océan Austral, cette étude montre l'intérêt d'une plus forte intégration de la génomique des populations dans les études démographiques et comportementales.

Mots-clefs : *génétique des populations, RAD-sequencing, océan austral, sphéniscidés, changement climatique.*

Résumé en anglais

The Southern Ocean plays a central role in the regulation of the Earth's climate and ecosystems, and accounts for more than 20% of the world's marine productivity. The complexity of its trophic networks and its sheer inaccessibility make the use of bioindicator species more necessary there than anywhere else. Several penguin species (such as the King and the Emperor penguin) are therefore the focus of long-term monitoring programs.

In this study, we use the information from population genomics (« RAD-sequencing » data covering the genome of hundreds of individuals from the two species' full distribution) and from IPCC-CMIP5 numerical climate models to calibrate in the long time the more precise demographic analyses realised in the framework of field surveys, and understand penguin responses to climate change.

Beyond its implications for the study of penguins as sentinels of the Southern Ocean, our work demonstrates the interest of a stronger integration of population genomics in demographic and behavioural investigation.

Keywords: *population genetics, RAD-sequencing, Southern Ocean, spheniscids, climate change.*