



DELphinus MOuvements GEStion

Mars 2025

Rapport de synthèse sur les traceurs
pour la définition d'unités de gestion





Durée du projet : 3 ans

Date de lancement : 01/03/2022

Date de fin : 30/06/2025

Coordinateurs de projet : Clara Ulrich, Pierre Petitgas, Jérôme Spitz, Marion Pillet.

Site web : <https://delmoges.recherche.univ-lr.fr>

Livrable

WP concerné : WP1

Responsables du WP : Chouvelon Tiphaine (PELAGIS, La Rochelle Université), Viricel-Pante Amélia (LEMAR, Université de Bretagne Occidentale)

Livrable L.1.1.5

Date de production : 21 mars 2025

Titre : Rapport de synthèse sur les traceurs pour la définition d'unités de gestion

Auteurs : Amelia Viricel¹, Tamas Malkocs^{1,2,3}, Tiphaine Mille⁴, Paula Méndez-Fernandez⁴, Florence Caurant^{4,5}, Jérôme Spitz^{4,5}, Sophie Arnaud-Haond³, Sylvie Lapègue³, Céline Reisser³, Paul Tixier³, Willy Dabin⁴, Fabien Demaret⁴, Charlotte Dumortier⁴, Marion Pillet⁴, Cyril Noël⁶, Yann Aminot⁷, Catherine Munsch⁷, Maud Brault-Favrou², Carine Churlaud², Gaël Guillou², Tiphaine Chouvelon^{4,7}

¹ LEMAR, UMR 6539 UBO/CNRS/IRD/Ifremer, Institut Universitaire Européen de la Mer, 29280 Plouzané, France

² LIENSs, UMR7266 La Rochelle Université/CNRS, 17000 La Rochelle, France

³ MARBEC, Univ Montpellier, CNRS, Ifremer, IRD, 34095 Montpellier, France

⁴ Observatoire Pelagis, UAR 3462 La Rochelle Université/CNRS, 17000 La Rochelle, France

⁵ CEBC (Centre d'Etudes Biologiques de Chizé), UMR 7372 La Rochelle Université/CNRS, 79360 Villiers-en-Bois, France

⁶ Ifremer, IRSI, SeBiMER Service de Bioinformatique de l'Ifremer, 29280 Plouzané, France

⁷ Ifremer, CCEM Contamination Chimique des Écosystèmes Marins, F-44000 Nantes, France

Résumé

Depuis les années 1990, la France connaît régulièrement des épisodes de mortalités importantes de dauphins, qui entraînent des pics d'échouages sur le littoral Atlantique en hiver. Depuis 2016, les échouages de petits cétacés dans le golfe de Gascogne présentant des traces de capture, atteignent des niveaux inédits. Si les données scientifiques actuelles permettent d'évaluer globalement le risque induit par ces captures accidentelles pour la conservation de la population de dauphins communs, elles sont toutefois trop lacunaires pour comprendre les déterminants écosystémiques et halieutiques à l'origine de ces captures. En concertation avec l'Office français de la biodiversité, les professionnels de la pêche et l'Etat, l'Université la Rochelle-CNRS et l'Institut français de recherche pour l'exploitation de la mer (Ifremer) ont construit le projet Delmoges (Delphinus MOuvements GEstion). Il vise, dans un premier temps, à combler ces lacunes en allant chercher des nouvelles données sur les habitats des dauphins, sur leurs interactions trophiques dans l'écosystème et leurs interactions techniques avec les engins de pêche. Ensuite, le projet propose d'intégrer les connaissances sur l'ensemble du socio-écosystème pour envisager une diversité de scénarios de diminution des captures accidentelles incluant des solutions technologiques et, enfin, d'en évaluer les conséquences biologiques et socio-économiques.

Ce livrable constitue une synthèse de l'ensemble des résultats acquis en termes de traceurs génétiques et écologiques avec pour objectif de réévaluer la structure des populations de dauphins communs du

golfe de Gascogne (et zones adjacentes le cas échéant) et d'émettre des recommandations concernant la délimitation d'unités de gestion dans le cadre de la tâche T1.1 du WP1 de Delmoges. Il inclut trois manuscrits décrivant les résultats des différentes approches mises en œuvre (marqueurs moléculaires, traceurs écologiques, ADN environnemental), ainsi que des perspectives d'analyses complémentaires qu'il serait intéressant de poursuivre à la suite du projet Delmoges. Dans l'ensemble, les résultats montrent une panmixie de la population au niveau génétique, mais une ségrégation écologique certaine suggérée par les traceurs écologiques de court et plus long termes entre zones néritiques et océaniques du golfe de Gascogne. D'après les définitions les plus récentes de ce que doit être une unité de gestion, la délimitation d'au minimum deux unités de gestion distinctes est ainsi recommandée, une néritique et une océanique, par principe de précaution et dans l'attente d'analyses complémentaires sur la base des éléments suivants : i) les résultats des analyses de différents traceurs écologiques indiquent qu'une partie non-négligeable de la population présente des préférences d'habitat/de zone d'alimentation entre zones néritiques (plateaux continentaux) et océaniques ; ii) la mortalité additive de dauphins communs due aux pêcheries touche essentiellement les dauphins du plateau continental du golfe de Gascogne ; iii) une étude récente (Rouby et al. soumis) indique une diminution de la survie moyenne des dauphins communs échoués sur les côtes françaises entre 2009 et 2019. Aussi, les perspectives qui se dégagent de ce travail sont les suivantes : i) en termes d'analyses génomiques : recherche de zones du génome potentiellement sous sélection naturelle (sur la base des marqueurs SNPs obtenus) qui pourraient refléter une adaptation locale aux différents habitats ; ii) analyses complémentaires de traceurs écologiques à moyen terme (e.g. isotopes CNS dans le muscle) pour identifier des ségrégations potentielles entre zones néritiques ; iii) isotopie de certains métaux pour différencier les sources industrielles des processus géochimiques et/ou des habitats d'alimentation ; iv) exploration de la possibilité d'étendre l'approche ADNe à l'analyse de marqueurs de type SNPs qui offriraient une information plus représentative de la diversité génétique.

Dissémination

Type de livrable : rapport

Public : Oui, mais embargo jusqu'à la publication définitive des données et manuscrits associés à ce livrable

Lieux de stockage : site web de Pelagis, site web Delmoges une fois l'embargo levé

Consortium scientifique



La Rochelle Université
23 avenue Albert Einstein
BP 33060
17031 La Rochelle

<https://www.univ-larochelle.fr/>



Centre national de la recherche scientifique (CNRS)
3, rue Michel-Ange
75794 Paris cedex 16

<https://www.cnrs.fr/fr>



Institut Français pour l'Exploitation de la Mer (Ifremer)
1625 route de Sainte-Anne - CS 10070
29280 Plouzané

wwwz.ifremer.fr/



Université de Bretagne Occidentale (UBO)
3 rue des Archives
CS93837
29238 Brest cedex 3

<https://nouveau.univ-brest.fr/>



Comité National des Pêches Maritimes et des Elevages
Marins (CNP MEM)
134 avenue de Malakoff
75116 Paris

<https://www.comite-peches.fr/>

Table des matières

Table des matières

1	Contexte	6
1.1	Contexte environnemental et scientifique	6
1.2	Rôle du livrable	7
1.3	Structure du document	8
2	Manuscrit sur l'évaluation de la structure des populations par des marqueurs moléculaires	9
2.1	Draft manuscrit information	9
2.2	Résumé du manuscrit en français	10
3	Manuscrit sur l'évaluation de l'utilisation d'ADNe pour étudier les populations grâce à des prélèvements non invasifs	11
3.1	Draft manuscrit information	11
3.2	Résumé du manuscrit en français	11
4	Manuscrit sur l'évaluation de la structure des populations par des traceurs écologiques	12
4.1	Draft manuscrit information	12
4.2	Résumé du manuscrit en français	12
5	Synthèse et perspectives	14
6	Bibliographie	16

1 Contexte

1.1 CONTEXTE ENVIRONNEMENTAL ET SCIENTIFIQUE

La connaissance de la structure des populations et l'identification d'unités de gestion représentent un enjeu majeur pour évaluer l'effet de pressions sur les populations de mammifères marins. Les unités de gestion sont généralement définies comme des populations démographiquement indépendantes dont la dynamique dépend davantage des taux de natalité et de mortalité locaux que de l'immigration (Palsbøll et al. 2007). Elles peuvent également être définies comme des "zones géographiques avec des échanges limités d'individus d'intérêt avec les zones adjacentes" (Taylor et Dizon 1999). Plus récemment, le « Joint Nature Conservation Committee » – organisme public conseillant le gouvernement du Royaume-Uni et les administrations décentralisées sur la conservation de la nature à l'échelle britannique et internationale – ajoutait explicitement la notion de gestion dans cette définition et définissait ainsi le terme « unité de gestion » de la façon suivante (traduit de l'anglais) : « *L'unité de gestion (UG) désigne généralement une zone géographique dans laquelle se trouvent les animaux d'une espèce particulière et à laquelle s'applique la gestion des activités humaines. Une UG peut être plus petite que ce que l'on considère comme une « population » afin de refléter les différences spatiales dans les activités humaines et leur gestion* » (IAMMWG, 2023).

Dans le golfe de Gascogne, un des enjeux liés aux captures de dauphins communs est de savoir si ces captures affectent une seule ou plusieurs unités de gestion. Pour délimiter des unités de gestion chez les petits cétacés, différentes méthodes existent et ont été détaillées dans un rapport du groupe de travail ASCOBANS/HELCOM (Evans et Tielmann 2009). Les données génétiques antérieures (Mirimin et al. 2009, Moura et al. 2012), basées sur l'analyse de marqueurs classiques (ADN mitochondrial et microsatellites) et qui apportent une information à l'échelle de temps des générations, suggèrent l'existence d'une seule population de dauphins communs en Atlantique Nord-Est (dont fait partie le golfe de Gascogne) et ainsi une seule unité de gestion est actuellement définie (Murphy et al. 2021). L'analyse de traceurs dits « écologiques » (e.g. isotopie stable du carbone, de l'azote et du soufre, contaminants, etc.) apporte quant à elle des informations à des échelles de temps plus courtes (i.e. semaines, mois, années ; Caurant et al. 2009), probablement plus en adéquation avec les problématiques de gestion. Ainsi l'existence de trois unités de gestion (populations démographiquement indépendantes) a été suggérée par ces derniers traceurs : eaux océaniques, eaux néritiques du golfe de Gascogne et de la péninsule Ibérique, eaux néritiques du nord européen (mers celtiques, Manche et mer du Nord) (Caurant et al. 2009). L'impact des captures, qui ont lieu principalement dans les eaux néritiques du golfe de Gascogne, serait ainsi plus grave dans le cas où les individus touchés appartiendraient à une seule unité démographique et/ou unité de gestion. Non mises à jour depuis une dizaine d'années, ces différentes analyses et approches méritaient d'être actualisées pour attester l'existence d'une ou plusieurs unités de gestion, en se basant notamment sur des techniques génomiques plus

puissantes (permettant de détecter une structure génétique fine et contemporaine : e.g. Lah et al. 2016) et sur un nouvel échantillonnage ciblé (objet de la tâche T11). De plus, les progrès réalisés ces dernières années sur l'exploitation de l'ADN environnemental (ADNe) par séquençage à haut débit (i.e. extrait à partir d'échantillons d'air, d'eau, de sol ou de sédiment) permettent la détection des espèces et la caractérisation des communautés de façon non intrusive (Taberlet et al. 2012, Valentini et al. 2016). Au-delà du recensement de la biodiversité à l'échelle interspécifique par métabarcodage (analyse d'un fragment de gènes permettant l'identification des espèces présentes), des études couplant la génétique des populations et l'analyse de la diversité intra-spécifique ouvrent des perspectives prometteuses de caractérisation de la diversité et de la structure génétiques des populations d'une espèce cible (Adams et al. 2019) sans avoir à interagir directement avec les individus, évitant ainsi un stress additionnel pour les animaux. Sur le requin baleine (Sisgaard et al., 2016) par exemple, une excellente corrélation a été établie entre les fréquences des haplotypes, estimées selon les méthodes traditionnelles basées sur les échantillons individuels, et les fréquences estimées par analyse de métabarcodage de l'eau filtrée à proximité des groupes d'individus.

Ainsi, les études menées dans le cadre du WP1 de Delmoges (Tâche 1.1) et présentées dans ce livrable étaient centrées sur l'acquisition de nouvelles données issues de différents traceurs permettant de ré-évaluer la structure des populations de dauphins communs en Europe, en particulier dans le golfe de Gascogne entre les zones néritique et océanique. Une analyse combinée de marqueurs génétiques (SNPs obtenus par la méthode RADseq) et de différents traceurs écologiques a donc été réalisée sur des individus (*a priori* néritiques) issus du Réseau National Échouages (RNE) coordonné par l'observatoire Pelagis, des individus du large (*a priori* océaniques) issus des campagnes Delgost de 2022 (livrable L1.1.1) et 2023, et aussi des individus issus d'autres zones géographiques de l'Atlantique Nord-Est fournis par des partenaires européens (Madère, Irlande, et ouest de la péninsule ibérique). En effet, lors des analyses préliminaires de définition d'unités de gestion il y a une dizaine d'années, les individus océaniques à disposition étaient issus du programme GERDAU (GERmon DAUphin) de l'Ifremer, datant de 1992-1993 (soit près de 30 ans). Ces échantillons méritaient donc d'être renouvelés. Enfin, l'analyse par métabarcodage d'échantillons d'eau filtrés à proximité des groupes d'individus lors des deux campagnes de biopsie a été comparée aux fréquences d'haplotypes caractérisées sur les carcasses échouées et échantillonnées pour les analyses RADSeq, afin d'évaluer la qualité des estimations qui peuvent être obtenues avec ce type d'échantillonnage non invasif. L'objectif était de tester la puissance et les limites de ce type d'approche basée sur l'ADNe.

1.2 RÔLE DU LIVRABLE

Ce livrable constitue une synthèse de l'ensemble des résultats acquis en termes de traceurs génétiques et écologiques sur les dauphins communs du golfe de Gascogne (et zones

adjacentes le cas échéant) dans le cadre de la tâche T1.1 du WP1 de Delmoges. Cette tâche avait notamment pour objectifs de répondre aux questions suivantes :

- Peut-on identifier une (nouvelle) structuration des populations à partir des nouveaux outils génétiques à disposition ?
- Peut-on utiliser de nouvelles méthodes (ADNe) pour caractériser la diversité intraspécifique chez le dauphin commun ?
- Existe-t-il une ou plusieurs unités de gestion pour les dauphins communs fréquentant le golfe de Gascogne ?

1.3 STRUCTURE DU DOCUMENT

Ce document comprend trois « drafts » de manuscrits (sections 2, 3 et 4) préparés pour soumission à des journaux scientifiques internationaux à comité de lecture. Chaque manuscrit est donc rédigé en anglais et est suivi d'un résumé en français. La section 5 du livrable correspond à la synthèse des résultats issus des trois études incluant des recommandations pour la délimitation d'unités de gestion de dauphins communs en Atlantique Nord-Est, ainsi que des perspectives d'analyses complémentaires qu'il serait intéressant de poursuivre à la suite du projet Delmoges.

2 Manuscrit sur l'évaluation de la structure des populations par des marqueurs moléculaires

2.1 DRAFT MANUSCRIT INFORMATION

Provisional title: Genetic structure of common dolphins in the North Atlantic assessed using SNPs and mitochondrial markers

to be submitted to *Ecology and Evolution* or *Conservation genetics*

Authors : Malkocs Tamas^{1,2,3}, Méndez-Fernandez Paula⁴, Dabin Willy⁴, Kiszka Jeremy⁵, Tixier Paul³, Covelo Pablo⁶, Pin Xabier⁶, López Alfredo^{6,7}, Torres-Pereira Andreia⁷, Eira Catarina⁷, Alves Filipe^{8,9}, Ferreira Rita^{8,9}, Longequeue Emily¹⁰, Gaudino Morena¹¹, McHugh Brendan¹¹, Murphy Sinéad¹², Lapègue Sylvie³, Viricel Amelia¹

Author affiliations

¹ LEMAR, UMR 6539 UBO/CNRS/IRD/Ifremer, Institut Universitaire Européen de la Mer, 29280 Plouzané, France

² LIENSs, UMR7266 La Rochelle Université/CNRS, 17000 La Rochelle, France

³ MARBEC, Univ Montpellier, CNRS, Ifremer, IRD, 34095 Montpellier, France

⁴ Observatoire Pelagis, UAR 3462 La Rochelle Université/CNRS, 17000 La Rochelle, France

⁵ Florida International University North Miami, USA

⁶ CEMMA (Coordinadora para o Estudo dos Mamíferos Mariños), PO Box 15, 36380 Gondomar (Pontevedra), Spain

⁷ Department of Biology & CESAM & ECOMARE/CPRAM, Universidade de Aveiro, 3810-193 Aveiro, Portugal

⁸ MARE – Marine and Environmental Sciences Centre, Regional Agency for the Development of Research (ARDITI), Funchal, Portugal

⁹ Faculty of Life Sciences, University of Madeira, Portugal

¹⁰ MGX-Montpellier GenomiX, Université de Montpellier, CNRS, INSERM, Montpellier, France

¹¹ Marine Institute, Rinville, Oranmore, Co. Galway, Ireland

¹² Marine and Freshwater Research Centre; Department of Natural Resources & the Environment, School of Science and Computing, Atlantic Technical University, ATU Galway city, Ireland

2.2 RESUME DU MANUSCRIT EN FRANÇAIS

La compréhension de la structure des populations représente l'un des éléments clés nécessaires à la délimitation d'unités de gestion pour les espèces protégées ou exploitées. Les unités de gestion sont généralement définies comme des populations démographiquement indépendantes avec des échanges limités entre zones adjacentes et sur lesquelles s'appliquent des menaces différentes. En effet, lorsqu'une espèce subit une mortalité additive en raison des activités humaines, il est important de connaître l'étendue géographique de la population touchée afin d'établir les mesures de gestion appropriées. Dans le golfe de Gascogne, le dauphin commun subit d'importants épisodes de mortalité liés aux activités de pêche en hiver. Les dauphins échoués le long de l'arc Atlantique français à cette période montrent majoritairement des traces de lésions indiquant une capture accidentelle. En Atlantique nord-est, les études précédentes évaluant la structure des populations de dauphins communs (Mirimin et al. 2009, Moura et al. 2012) indiquent qu'une seule population est présente sur la base de marqueurs génétiques traditionnels (ADN mitochondrial et microsatellites), mais qu'il existe une ségrégation spatiale entre les dauphins occupant le plateau continental du golfe de Gascogne et les eaux océaniques d'après les données de traceurs écologiques (Caurant et al. 2009). Ainsi, l'objectif de la présente étude était de ré-évaluer la structure des populations de dauphins communs en Atlantique nord-est à l'aide d'un échantillonnage plus conséquent (notamment grâce à des biopsies issues de la zone océanique) et de marqueurs génomiques plus puissants (SNPs issus de la méthode RAD-sequencing).

Les résultats des analyses génomiques (43610 marqueurs SNPs) basées sur 56 dauphins échoués dans différentes zones en Atlantique nord-est et sur 36 biopsies effectuées sur des dauphins communs en eaux océaniques de la ZEE française indiquent qu'une seule population de dauphin commun occupe cette zone géographique, ce qui constitue une information biologique essentielle pour délimiter les unités de gestion. Cependant, il est important de rappeler que l'absence de structure génétique ne se traduit pas nécessairement par une forte dispersion d'un point de vue démographique. Par conséquent, d'autres informations biologiques sur les niveaux d'échanges individuels entre les eaux néritiques et océaniques du golfe de Gascogne (telles que les données issues de traceurs naturels d'habitat) seront nécessaires et complémentaires pour formuler des recommandations de gestion.

Enfin, l'analyse des SNPs à l'échelle du génome permet d'étudier les loci potentiellement sous sélection naturelle, ce qui a conduit à la proposition d'utiliser la variation génétique adaptative pour délimiter les unités de gestion (Hoelzel 2023). En effet, des loci outliers reflétant une adaptation locale peuvent être observés malgré un flux génétique élevé et cette variation génétique adaptative peut jouer un rôle important dans la persistance des populations. Ainsi, la présente étude sera complétée par la recherche de loci outliers potentiellement sous sélection naturelle et par l'étude de corrélations entre les fréquences alléliques estimées à l'aide de notre panel de SNPs et des variables écologiques. Des travaux récents sur différents modèles (e.g. le poisson labre en Méditerranée, l'oiseau *Cardellina canadensis*, la sole) se sont basés sur cette approche pour proposer la délimitation d'unités de gestion.

3 Manuscrit sur l'évaluation de l'utilisation d'ADNe pour étudier les populations grâce à des prélèvements non invasifs

3.1 DRAFT MANUSCRIT INFORMATION

Provisional title: eDNA as a non invasive sampling to analyze the genetic diversity of the common dolphin Bay of Biscay population

to be submitted to Plos One or Scientific reports or another Journal

Author : Tamas Malkocs^{1,4}, Cyril Noël², Jérôme Spitz³, Sophie Arnaud-Haond⁴, C. Reisser⁴, Amelia Viricel-Pante¹, Sylvie Lapègue⁴

Author affiliations

¹ LEMAR, UMR 6539 UBO/CNRS/IRD/Ifremer, Institut Universitaire Européen de la Mer, 29280 Plouzané, France

² Ifremer, IRSI, SeBiMER Service de Bioinformatique de l'Ifremer, 29280 Plouzané, France

³ Observatoire Pelagis, UAR 3462 La Rochelle Université/CNRS, 17000 La Rochelle, France

⁴ MARBEC, Univ Montpellier, CNRS, Ifremer, IRD, 34095 Montpellier, France.

3.2 RESUME DU MANUSCRIT EN FRANÇAIS

L'ADN environnemental a été testé dans le but de caractériser la diversité génétique de la population de dauphins communs du golfe de Gascogne. En parallèle de deux campagnes d'échantillonnages de tissus de dauphins en 2022 et 2023, des échantillons d'eau ont ainsi été collectés, de l'ADN extrait, amplifié et séquencé pour une large partie de la région de contrôle de l'ADN mitochondrial (D-Loop). Les résultats montrent une grande variabilité du barcode choisi. La comparaison des échantillons de tissus et d'eau de la campagne 2023 montrent que peu d'haplotypes sont communs entre les deux types d'échantillons. Sous réserve d'analyses plus poussées en termes de filtration des données ADNe et de la comparaison des campagnes 2022 et 2023, les raisons de ces différences sont certainement dues aux difficultés rencontrées dans la stratégie d'échantillonnage d'animaux aussi mobiles, sans remettre en cause l'intérêt potentiel d'un barcode D-Loop pour le suivi de la diversité des dauphins du golfe de Gascogne.

4 Manuscrit sur l'évaluation de la structure des populations par des traceurs écologiques

4.1 DRAFT MANUSCRIT INFORMATION

Provisional title: A biogeochemical tracer approach to assess common dolphin (*Delphinus delphis*) ecological segregation in European Atlantic waters

Authors : Tiphaine Mille¹, Paula Méndez-Fernandez¹, Florence Caurant^{1,2}, Willy Dabin¹, Fabien Demaret¹, Charlotte Dumortier¹, Marion Pillet¹, Jérôme Spitz^{1,2}, Amélia Viricel³, Catherine Munsch⁴, Yann Aminot⁴, Paul Tixier⁵, Jeremy J. Kiszka⁶, Philippe Marchand⁷, Anaïs Venisseau⁷, Maud Brault-Favrou⁸, Carine Churlaud⁸, Gaël Guillou⁸, Filipe Alves^{9,10}, Rita Ferreira^{9,10}, Pablo Covelo¹¹, Xabier Pin¹¹, Alfredo López^{11,12}, Andreia Torres-Pereira¹², Catarina Eira¹², Morena Gaudino¹³, Brendan McHugh¹³, Sinéad Murphy¹⁴, Tiphaine Chouvelon^{1,4*}

Authors affiliation :

¹ Observatoire Pelagis, UAR 3462 La Rochelle Université/CNRS, 17000 La Rochelle, France

² CEBC (Centre d'Etudes Biologiques de Chizé), UMR 7372 La Rochelle Université/CNRS, 79360 Villiers-en-Bois, France

³ LEMAR, UMR 6539 UBO/CNRS/IRD/Ifremer, Institut Universitaire Européen de la Mer, 29280 Plouzané, France

⁴ Ifremer, CCEM Contamination Chimique des Écosystèmes Marins, F-44000 Nantes, France

⁵ MARBEC (Marine Biodiversity, Exploitation, and Conservation), UMR IRD/Ifremer/Université de Montpellier/CNRS, 34203 Sète cedex, France.

⁶ Institute of Environment, Department of Biological Sciences, Florida International University, North Miami, FL, USA.

⁷ LABERCA (Laboratoire d'Etudes des Résidus et Contaminants dans les Aliments), UMR 1329 Oniris VetAgroBio/INRAE, 44307 Nantes, France

⁸ LIENSs (Littoral ENvironnement et Sociétés) - UMR 7266 La Rochelle Université/CNRS, 17000 La Rochelle, France

⁹ MARE – Marine and Environmental Sciences Centre / ARNET – Aquatic Research Network, Regional Agency for the Development of Research, Technology and Innovation (ARDITI), Funchal, Portugal

¹⁰ Faculty of Life Sciences, University of Madeira, Portugal

¹¹ CEMMA (Coordinadora para o Estudo dos Mamíferos Mariños), PO Box 15, 36380 Gondomar (Pontevedra), Spain

¹² Department of Biology & CESAM & ECOMARE/CPRAM, Universidade de Aveiro, 3810-193 Aveiro, Portugal

¹³ Marine Institute, Rinville, Oranmore, Co. Galway, Ireland

¹⁴ Marine and Freshwater Research Centre; Department of Natural Resources & the Environment, School of Science and Computing, Atlantic Technical University, ATU Galway city, Ireland

1.1 RÉSUMÉ DU MANUSCRIT EN FRANÇAIS

La caractérisation de la structure des populations est essentielle pour la conservation des espèces et est traditionnellement dérivée des traceurs génétiques. Cependant, ces traceurs génétiques fournissent une image à l'échelle générationnelle, qui peut ne pas fournir une résolution suffisante à des échelles plus courtes, notamment pour répondre à des questions de gestion et conservation à moyen terme et en particulier dans le cas d'espèces de mammifères marins à longue durée de vie. Cette étude visait à évaluer la variation géographique de traceurs écologiques afin d'étudier la structure écologique de la population de dauphins communs dans l'Atlantique Nord-Est. Ceci est particulièrement pertinent car cette espèce est sujette à des taux élevés de captures accidentelles dans les pêcheries chaque année, en particulier sur le plateau continental du golfe de Gascogne (BoB), ce qui peut affecter fortement une proportion locale de la population de dauphins. Entre 2017 et 2023, 117 échouages ont été collectés par les réseaux d'échouage de quatre pays européens (France, Espagne, Portugal et Irlande). De plus, 107 biopsies ont été prélevées sur des individus dans les eaux du large dans le BoB (au-delà du talus continental) et dans l'archipel de Madère. Les rapports isotopiques du carbone (C), de l'azote (N) et du soufre (S) ont été analysés dans la peau en tant que traceurs à court terme, et jusqu'à 24 rapports de différentes familles de contaminants organiques dans le lard ainsi que les concentrations de cadmium dans les reins (pour les individus échoués ou capturés uniquement) ont été considérés en tant que traceurs à long terme. Des différences significatives ont été trouvées entre les dauphins échoués/capturés sur le plateau et les individus océaniques biopsiés pour les isotopes CNS dans la peau et, dans une certaine mesure, pour les contaminants organiques mesurés dans le lard (c'est-à-dire, particulièrement pour les mâles, un fort effet sexe limitant en effet l'utilisation des contaminants organiques dans le lard, et les biopsies en général, comme traceurs). Ces résultats suggèrent des zones d'alimentation préférentielles pour une partie non-négligeable de la population de dauphins communs de l'Atlantique Nord-Est, à la fois sur le court et le long terme, bien que des échanges d'individus soient susceptibles d'avoir lieu et ne peuvent être exclus sur les deux échelles de temps. Lors de l'utilisation de traceurs écologiques intégratifs (i.e. une signature mesurée issue d'un mélange de sources), seules des différences de valeurs peuvent en effet attester de sources différentes, ayant mené aux différentes signatures mesurées. A l'inverse, des valeurs similaires entre individus n'induisent pas nécessairement que leurs sources étaient tout à fait similaires, mais elles ont mené *in fine* à une même signature mesurée. Une récente définition de ce que doit être une unité de gestion intègre les différences spatiales des activités humaines et désigne ainsi « *une zone géographique dans laquelle se trouvent les animaux d'une espèce particulière et à laquelle s'applique la gestion des activités humaines* » (IAMMWG, 2023). Par mesure de précaution, selon cette définition plus récente et compte tenu des différences de pression de pêche (et de capture accidentelle) documentées entre les zones néritiques et océaniques, la ségrégation écologique majeure observée entre dauphins de ces deux grandes zones devrait être prise en compte lors de la délimitation d'unités de gestion pour le dauphin commun dans l'Atlantique Nord-Est.

2 Synthèse et perspectives

Les données issues de différents traceurs collectées dans le cadre du projet Delmoges ont permis de répondre aux questions soulevées à l'origine du projet. Ainsi, cette synthèse présente les réponses aux questions suivantes :

- Peut-on identifier une (nouvelle) structuration des populations à partir des nouveaux outils génétiques à disposition ?

Les nouvelles analyses génomiques (43610 marqueurs SNPs) portant sur 56 dauphins échoués dans différentes zones en Atlantique Nord-Est et sur 36 biopsies effectuées sur des dauphins communs en eaux océaniques n'ont pas identifié de nouvelle structuration génétique et confirment ainsi les conclusions basées sur des marqueurs génétiques traditionnels (ADN mitochondrial, microsatellites), à savoir la présence d'une seule population panmictique à l'échelle de l'Atlantique Nord-Est (en excluant la mer Méditerranée) (section 2 du livrable).

- Existe-t-il une ou plusieurs unités de gestion pour les dauphins communs fréquentant le golfe de Gascogne ?

Les nouvelles données génomiques indiquent qu'une seule population de dauphin commun occupe l'Atlantique Nord-Est, néanmoins, il est important de rappeler que l'absence de structure génétique ne se traduit pas nécessairement par une forte dispersion d'un point de vue démographique. Par conséquent, d'autres informations biologiques sur les niveaux d'échanges individuels entre les eaux néritiques et océaniques du golfe de Gascogne sont nécessaires et complémentaires pour formuler des recommandations de gestion. Ainsi, les résultats des analyses de différents traceurs écologiques indiquent qu'une partie non-négligeable de la population présente des préférences d'habitat/de zone d'alimentation à court terme mais aussi à long terme, notamment entre zones néritiques (plateaux continentaux) et océaniques. Des échanges ont probablement lieu et ne peuvent pas être exclus. Cependant, il est important de rappeler que lors de l'utilisation de traceurs écologiques intégratifs (i.e. une signature mesurée issue d'un mélange de sources), seules des différences de valeurs peuvent en effet attester de sources différentes, ayant mené aux différentes signatures mesurées. A l'inverse, des valeurs similaires entre individus n'induisent pas nécessairement que leurs sources étaient tout à fait similaires, mais elles ont mené *in fine* à une même signature mesurée. Enfin, une étude récente (Rouby et al. soumis) portant sur la viabilité de la population de dauphins communs en Atlantique Nord-Est a mis en avant des changements de paramètres démographiques entre 2009 et 2019, notamment une diminution de la survie moyenne des dauphins communs échoués sur les côtes françaises.

En l'absence d'information sur le niveau d'échange démographique entre zones néritiques (plateaux continentaux) et océaniques, et sur la base de la ségrégation écologique mise en évidence par les nouveaux résultats du projet Delmoges et l'étude de Rouby et al. (soumis)

sur le taux de survie, nous recommandons de délimiter au minimum deux unités de gestion distinctes (une néritique et une océanique) par principe de précaution et dans l'attente d'analyses complémentaires (voir perspectives ci-dessous). Cette recommandation suit l'une des définitions plus récentes des unités de gestion (IAMMWG, 2023) en intégrant le fait que la mortalité additive de dauphins communs due aux pêcheries n'est pas répartie spatialement de façon homogène (i.e. les captures accidentelles sont essentiellement concentrées sur le plateau du Golfe de Gascogne).

En perspectives pour la délimitation d'unités de gestion, nous proposons de compléter les analyses des données génomiques produites au cours de Delmoges par une recherche de loci potentiellement sous sélection naturelle. Il a été récemment proposé suite aux avancées techniques en génomique des populations de prendre en compte la variation génétique adaptative pour délimiter les unités de gestion (Hoelzel 2023). En effet, des loci outliers reflétant une adaptation locale peuvent être observés malgré un flux génétique élevé et cette variation génétique adaptative peut jouer un rôle important dans la persistance des populations. L'étude présentée en section 2 sera complétée (les analyses seront menées en été 2025) par la détection de loci outliers potentiellement sous sélection naturelle et par l'étude de corrélations entre les fréquences alléliques estimées à l'aide de notre panel de SNPs et des variables écologiques, ce qui permettrait d'évaluer s'il existe des signatures d'adaptation (génétique) écologique sous-jacente à la ségrégation observée avec les traceurs écologiques.

Également, une analyse de traceurs écologiques à moyen terme (e.g. isotopes CNS dans le muscle des individus issus de toutes zones et qui n'ont pu être analysés complètement ici dans le temps imparti) pourrait également être utile pour identifier des ségrégations potentielles entre zones néritiques.

Enfin, des analyses d'isotopie des métaux et en particulier, du Cd, du Zn et du Hg qui peuvent différencier les sources industrielles des processus géochimiques (pour Cd et Zn) et/ou des habitats d'alimentation pourraient constituer d'autres outils précieux et pertinents afin de tracer les habitats et/ou les régimes alimentaires des individus et améliorer encore la définition de la structure de la population.

- Peut-on utiliser de nouvelles méthodes (ADNe) pour caractériser la diversité intraspécifique chez le dauphin commun ?

Les résultats présentés en section 3 indiquent que l'analyse d'ADNe dans l'eau de mer est prometteuse pour étudier la diversité génétique par une méthode non invasive, et mettent en avant la grande variabilité du barcode choisi. En revanche, des questions sur la représentativité des données obtenues par rapport à la population en présence persistent car la comparaison des échantillons de tissus et d'eau de la campagne 2023 montrent que peu d'haplotypes sont communs entre les deux types d'échantillons. Les raisons de ces différences sont certainement dues aux difficultés rencontrées dans la stratégie d'échantillonnage d'animaux aussi mobiles, sans remettre en cause l'intérêt potentiel d'un barcode D-Loop pour le suivi de la diversité des dauphins du Golfe de Gascogne.

Afin d'aller plus loin dans l'utilisation de l'approche ADNe, l'extension de ce type de données à des analyses génomiques incluant davantage de marqueurs (pour améliorer la représentativité du génome) est en cours d'exploration. Les données de RADSeq obtenues dans l'étude de la structure génétique (section 2) ont été utilisées pour identifier un sous échantillon de marqueurs permettant une analyse plus complète et l'estimation des fréquences alléliques d'un panel de gènes nucléaires représentatifs du génome. Le génotypage de ce panel de gènes nucléaires (méthode MassArray) à partir des échantillons d'ADNe est en cours sur la plateforme Génome Transcriptome de Bordeaux.

3 Bibliographie

Cette liste reprend uniquement les références citées en sections 1 et 5, les autres sections (drafts de manuscrits) ayant chacune leur propre liste de références.

- Adams CIM, Knapp M, Gemmell NJ, Jeunen GJ, Bunce M, Lamare MD, Taylor HR (2019). Beyond Biodiversity: Can Environmental DNA (eDNA) Cut It as a Population Genetics Tool? *Genes* 10: 192.
- Caurant F, Chouvelon T, Lahaye V, Méndez-Fernandez P, Rogan E, Spitz J, Ridoux V (2009). The use of ecological tracers for discriminating populations: the case of the short-beaked common dolphin *Delphinus delphis* in the European Atlantic waters. *International Whaling Commission*, SC61/SM/34.
- Evans PGH, Teilmann J, Eds (2009). Report on ASCOBANS/HELCOM small cetacean population structure workshop. 136p.
- IAMMWG. (2023). Review of Management Unit boundaries for cetaceans in UK waters. JNCC Report 734, JNCC, Peterborough, ISSN 0963-8091. <https://hub.jncc.gov.uk/assets/b48b8332-349f-4358-b080-b4506384f4f7>
- Lah L, Trense D, Benke H, Berggren P, Gunnlaugsson P, Lockyer C, Öztürk A, Öztürk B, Pawliczka I, Roos A, Siebert U, Skóra K, Víkingsson G, Tiedemann R (2016). Spatially explicit analysis of genome-wide SNPs detects subtle population structure in a mobile marine mammal, the harbor porpoise. *PLoS ONE* 11(10): e0162792.
- Mirimin L, Viricel A, Amaral AR, Murphy S, Northridge S, Ridoux V and Rogan E (2009) Population genetic structure of common dolphins in the North-east Atlantic using microsatellite loci and mtDNA control region markers. Report to the International Whaling Commission SC/61/SM/27.
- Moura AE, Natoli A, Rogan E, Hoelzel AR (2012). Atypical panmixia in a European dolphin species (*Delphinus delphis*): implications for the evolution of diversity across oceanic boundaries. *Journal of Evolutionary Biology* 26: 63-75
- Murphy, S., Evans, P. G. H., Pinn, E., & Pierce, G. J. (2021). Conservation management of common dolphins: Lessons learned from the North-East Atlantic. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 31(S1), 137–166. <https://doi.org/10.1002/aqc.3212>

- Palsbøll PJ, Bérubé M, Allendorf FW (2007). Identification of management units using population genetic data. *Trends in Ecology and Evolution* 22: 11-16.
- Rouby E, Plard F, Ridoux V, Mauchamps A, Dabin W, Spitz J Authier M, (soumis à *Conservation Letters*). Demographic sink in European waters : Seven years of lost dolphin lifespan signals conservation emergency.
- Sigsgaard EE, Nielsen IB, Bach SS, Lorenzen ED, Robinson DP, Knudsen SW, et al. Population characteristics of a large whale shark aggregation inferred from seawater environmental DNA. *Nat Ecol Evol.* 2016;1: 1–5. doi:10.1038/s41559-016-0004
- Taberlet P, Coissac E, Pompanon F, Brochmann C, Willerslev E (2012). Towards next-generation biodiversity assessment using DNA metabarcoding. *Molecular Ecology*, 21(8): 2045–2050.
- Taylor BL, Dizon AE (1999). First policy then science: why a management unit based solely on genetic criteria cannot work. *Molecular Ecology* 8: S11-S16.
- Valentini A, Taberlet P, Claude Miaud C, et al. (2016). Next-generation monitoring of aquatic biodiversity using environmental DNA metabarcoding. *Mol Ecol*, 25: 929-942. <https://doi-org.gutenberg.univ-lr.fr/10.1111/mec.13428>