

Ecole Doctorale

*Sciences de la Mer et du Littoral*

*Laboratoire des Sciences de l'Environnement Marin*

## **AVIS DE SOUTENANCE DE THESE**

**Le vendredi 22 novembre 2019 à 14h15**

à l'Institut Universitaire Européen de la Mer, amphithéâtre "A", Technopôle Brest-Iroise, Plouzané

**Monsieur HANDAL WILLIAM**

soutiendra une thèse de doctorat sur le sujet suivant :

" Rôle de la connectivité et de l'adaptation locale dans la structure et le fonctionnement des populations de coquilles Saint-Jacques en Manche, Mer d'Iroise et Rade de Brest ".

### **Le jury sera ainsi composé :**

- **M. BONHOMME FRANCOIS, Directeur de Recherche**  
Univeristé de Montpellier II - MONTPELLIER
- **M. BOUDRY PIERRE, Cadre de Recherche**  
IFREMER - Centre Bretagne - PLOUZANE
- **M. CHARRIER GREGORY, Maître de conférences**  
Univ. de Bretagne Occidentale - PLOUZANE
- **MME LAPEGUE SYLVIE, Cadre de Recherche**  
Université Montpellier 2 - MONTPELLIER
- **M. PICHEREAU VIANNEY, Professeur des universités**  
Univ. de Bretagne Occidentale - PLOUZANE
- **MME VIARD FREDERIQUE, Directrice de Recherche**  
Station Biologique de Roscoff - ROSCOFF

A BREST, le 05 novembre 2019

Le Président de l'Université de  
Bretagne Occidentale,



A handwritten signature in black ink, appearing to read "J. Gallo".

**M. GALLOU**

### **Présidence**

3, rue des Archives  
CS 93837  
29238 Brest cedex 3

L'objectif principal de cette thèse était d'améliorer notre compréhension de la connectivité et de l'adaptation locale entre les principaux gisements de coquille Saint-Jacques à l'échelle de la Bretagne et de la Manche. Ce travail s'est structuré autour de trois axes. (i) Une étude basée sur l'association entre données microsatellites et modèle démo-génétique a été réalisée afin d'explorer la structure génétique neutre des principaux gisements de coquilles Saint-Jacques sur l'ensemble de la Manche. Il ressort de cette étude une différenciation génétique entre les gisements localisés à l'Ouest de Start Point de ceux du reste de la Manche, suggérant l'existence d'une entité indépendante reproductivement. (ii) La structure génétique neutre entre la Manche Ouest, la Mer d'Iroise et la Rade de Brest a été analysée, à l'aide d'approches de 'Genotyping by Sequencing' (GBS) et d'un modèle hydrodynamique, afin d'étudier le degré de connectivité de la population de Rade de Brest vis-à-vis des populations environnantes, dans un contexte d'ensemencement massif du gisement de Brest par du naissain issu d'écloserie. Les résultats suggèrent (1) le rôle prépondérant du Front de Ouessant comme barrière à la dispersion larvaire entre la Manche Ouest et la Mer d'Iroise et la Rade de Brest et (2) des flux larvaires de la Baie de la Baie de Douarnenez alimentant la Rade de Brest associés à une absence de structure génétique entre ces régions. (iii) Enfin, la structure adaptative des gisements distribués entre la Rade de Brest, la Baie de Morlaix et le Golfe Normano-Breton a été explorée à l'aide des GBS. Pour la première fois sont observés à fines échelles des processus adaptatifs entre les gisements de Rade de Brest et du Golfe Normano-Breton.

Ce corpus de résultats révèle l'existence d'isolement démographique et génétique entre les gisements de *P. maximus* de Manche, Mer d'Iroise et Rade de Brest et suggère pour la première fois des signaux de sélections à fines échelles entre gisements fortement ensemencés. Cette thèse ambitionne de contribuer à la prise de décision en matière de gestion des stocks de coquille Saint-Jacques en Manche et Bretagne.

The main objective of this study was to improve knowledge about connectivity and local adaptation among great scallop fishing grounds located in the English Channel, the Ushant Sea and the Bay of Brest, in order to provide concrete information to fisheries managers regarding great scallop population biology. This work was divided in three part. (i) Firstly, population genetic structure of *P. maximus* among the main fishing grounds of the English Channel was analysed through a multidisciplinary seascape genetics approach coupling microsatellite data and demo-genetic modelling. The main results underlined genetic differentiation between western Start Point population and the rest of the fishing grounds of the English Channel, suggesting reproductive independency. (ii) Secondly, the genetic structure between the Western English Channel, the Ushant Sea, the Bay of Douarnenez and the Bay of Brest was investigated using 'Genotype by Sequencing' (GBS) coupled to a hydrodynamic modelling approach, in order to understand connectivity between Bay of Brest and neighbouring populations in a context intensive enhancement of this Bay. Results emphasize (1)the importance of the Ushant Front as barrier to larval dispersal between the Western English Channel and the Ushant Sea/The Bay of Brest and (2) larval flux from the Bay of Douarnenez to the Bay of Brest. (iii) Finally, adaptative genetic structure was explored using GBS, between the Bay of Brest, the Bay of Morlaix and the Normano-Breton Gulf. For the first time, fine scale adaptative processes were observed among main Brittany fishing grounds, for which reproductive differentiation were previously noticed.

This body of research showed demographic and genetic isolation between fishing grounds of *P. maximus* of the Western English Channel, the Ushant Sea and the Bay of Brest and suggested for the first time fine scale signals of selection between enhanced fishing grounds. This thesis aims to contribute to decision processes regarding management strategies of *P. maximus* stocks in the English Channel and in Brittany.