

TITRE DU PROJET (limité chacun à 255 caractères) :

Traits d'histoire de vie, résilience démographique et persistance des hôtes face aux maladies infectieuses émergentes

1) Renseignements administratifs sur la direction de thèse¹ (1 page maximum) :

Directeur de thèse HDR :

Nom : Raoul

Prénom : Francis

Section CNU : 67

Grade : *Professeur des Universités*

HDR : *Date de soutenance* 25/06/2013.

Discipline : *...Ecologie....*

L'HDR devra être soutenue, ou sa soutenance autorisée, au moment du dépôt du présent projet.

Coordonnées (adresse, courriel, téléphone) : 16 route de Gray, F-25000 Besançon, bâtiment Propédeutique, bureau -114L (La Bouloie)

francis.raoul@umlp.fr

+33 3 81 66 57 36

Unité d'appartenance (intitulé, label, n°, directeur) :

Université Marie et Louis Pasteur, Chrono-environnement UMR CNRS 6249, Dirigée par Emilie Gauthier

Co-directeur de thèse éventuel :

Nom : Sentenac

Prénom : Hugo

Section CNU : 68 (qualifié aussi en 67)

Grade : *Maitre de Conférences*

HDR : *non* ☒ ; *oui* ☐ *Date de soutenance..... Discipline :*

Coordonnées (adresse, courriel, téléphone) : 16 route de Gray, F-25000 Besançon, bâtiment Propédeutique, bureau -105M (La Bouloie)

Unité d'appartenance (intitulé, label, n°, directeur) : Université Marie et Louis Pasteur, Chrono-environnement UMR CNRS 6249, Dirigée par Emilie Gauthier

2) Descriptif du projet de thèse (devra inclure les rubriques suivantes) :

¹ ATTENTION : selon l'article 16 de l'arrêté du 25 mai 2016, le total d'encadrants ne peut pas dépasser 2, sauf si l'un des encadrants appartient au monde socio-économique, qui peut venir en sus, ou en cas de co-tutelle; Le décompte des co-encadrements se fera au prorata du nombre d'encadrants : 1 pour 1 encadrant, ½ pour deux encadrants.

- nom et label de l'unité de recherche :

Laboratoire Chrono-environnement UMR 6249, thème DYNABIO

- localisation :

Besançon

- nom du directeur de thèse :

Francis Raoul

-nom du co-directeur : Hugo Sentenac

-adresse courriel du contact scientifique : hugo.sentenac@umlp.fr

-titre du projet : **Traits d'histoire de vie, résilience démographique et persistance des hôtes face aux maladies infectieuses émergentes**

Remarque importante :

Ce projet se fera aussi en étroite collaboration avec Andrés Valenzuela-Sanchez, Chercheur permanent à l'Institute of Zoology (IoZ) de la Zoological Society of London (ZSL) ; directeur de l'organisation non gouvernementale Ranita de Darwin (Grenouille de Darwin)

Il n'est pas prévu de cotutelle pour l'instant, car la ZSL n'est pas une institution académique apte à délivrer des diplômes. Nous souhaitons signaler néanmoins que cette structure accueille de nombreux doctorants (affilié à une université londonienne) et qu'AVS a une certaine expérience d'encadrement (AVS a été dans l'encadrement de MSc d'HS ; nous collaborons depuis sans aucun souci).

Descriptions du projet (2p max) :

Les maladies infectieuses émergentes représentent un risque majeur croissant non seulement pour les sociétés humaines mais aussi pour la biodiversité^{1,2}. Les exemples de déclin voire d'extinctions d'espèces imputés à des maladies infectieuses ne manquent pas^{3,4} et peuvent impacter les écosystèmes de façon telle que les sociétés humaines finissent par en pâtir aussi^{5,6}. **Toutefois, certaines espèces hôtes réussissent à persister malgré ces fortes pressions infectieuses⁷. Il est important de comprendre comment pour correctement prédire les risques liés aux maladies et prioriser les efforts de conservation.** Parmi les mécanismes invoqués figure **l'histoire de vie des hôtes**, mais bien que de nombreux processus aient été mis en évidence, beaucoup manquent de validation empirique, ce qui affaiblit notre compréhension des dynamiques hôtes-parasite et nos analyses de risques⁸. **Ce projet de thèse a pour objectifs de remédier à cela en explorant la contribution des traits d'histoire de vie dans la variation interspécifique (Axe 1) et la variation intraspécifique (Axe 2) de la résilience démographique des hôtes amphibiens infectés par *Batrachochytrium dendrobatidis* (Bd).** Ce système multi-hôtes (amphibiens) – parasite (Bd) fournit une occasion unique de remplir nos objectifs, car (i) Bd a un spectre d'hôtes immenses (>1375 espèces⁹) répartis sur presque tous les continents et (ii) la maladie causée par Bd, la chytridiomycose, est la pire connue à ce jour: 501 déclin et 90 extinctions répertoriées en 2019⁴ avec des effets cascades dramatiques^{5,10}. Ce système a donc été intensément étudié et les recherches révèlent des différences intra- et interspécifiques d'impacts y compris à l'échelle populationnelle, ce qui répond à nos besoins^{11,12}

Axe 1 : Quels traits d'histoire de vie permettent de prédire la résilience démographique et la persistance des hôtes après l'émergence ?

La capacité d'une population à résister et à se remettre d'une perturbation telle qu'une épidémie mortelle s'appelle la résilience démographique¹³. Celle-ci dépend de traits d'histoire de vie tels que la survie selon l'âge, l'âge à la reproduction, et/ou la fécondité. Une épidémie n'affecte en général pas une population de manière homogène : elle change sa structure d'âge. Le temps que la population met à retrouver une structure d'âge normale s'appelle la dynamique transitoire. Nous prévoyons ici de construire, **à l'aide de données**

empiriques publiées de capture-recapture et de fécondité et de techniques bayésiennes^{14,15}, des modèles matriciels de populations densité-indépendants et invariables dans le temps pour 60-70 espèces d'amphibiens (ces modèles décrivent, année après année, combien d'individus passent ou non d'une catégorie d'âge à la suivante, combien de jeunes sont nés, etc) pour lesquels nous allons simuler plusieurs scénarios de chytridiomycoses (baisse de survie à certains âges). Ceci produira des populations « post-épidémies » en dynamique transitoire, pour lesquelles on estimera deux métriques grâce au package R popdemo¹⁶ : (i) le damping ratio (la vitesse à laquelle la population revient vers une structure d'âge et taux de croissance stables après perturbation) et (ii) le temps de recouvrement (temps pour retrouver la taille initiale). Dans des modèles linéaires, **ces deux métriques serviront de variables réponses, tandis que les variables explicatives seront les données d'histoire de vie de chaque espèce** (survie adulte annuelle, espérance de vie, âge à la première reproduction, fécondité annuelle). extraites de bases de données telles que AmphiBIO¹⁷, longevity records¹⁸, amphibiaWeb (<https://amphibiaweb.org>), et la base de données des traits d'amphibiens européens¹⁹. **Ainsi grâce à l'analyse des dynamiques transitoires, on pourra quantifier la façon dont les traits d'histoire de vie modulent la variation interspécifique de la résilience démographique après émergence de chytridiomycose.** Nous faisons l'hypothèse que, toutes choses étant égales par ailleurs, une population d'espèces à cycle de vie lent aurait besoin de plus de temps pour se rétablir après une épidémie qu'une population d'espèces à cycle de vie rapide⁸.

Axe 2 : Comment des facteurs écologiques, évolutifs, et épidémiologiques façonnent la variation interpopulationnelle des traits d'histoire de vie, et par suite, la persistance dans le système Bd-Grenouille de Darwin ?

Une des principales limites de l'état actuel des connaissances tient à une hypothèse simplificatrice (nécessaire pour l'axe 1) : les traits d'histoire de vie seraient fixes au sein d'une espèce. Ils ne le sont pas car ils relèvent du phénotype et sont sous contraintes écologiques (biotiques ou abiotiques) et évolutives. Ils varient donc dans le temps et l'espace entre populations. Chez les amphibiens, le climat constitue un moteur majeur de variation intraspécifique des traits d'histoire de vie²⁰ et la mortalité induite par un parasite a conduit à des ajustements adaptatifs de traits tels que la fécondité²¹. D'autre part, les traits étant partiellement déterminée génétiquement, la diversité génétique peut conditionner des traits clés (survie, âge à maturité, effort reproducteur), tout en étant elle-même façonnée par le climat²² et la démographie et donc, indirectement, par l'histoire de vie⁸. Au final, climat, infection, histoire de vie, et diversité génétique interagissent au sein d'un réseau de rétroactions complexes qui reste largement inexploré empiriquement.

Nous tirerons parti de l'existence, chez la grenouille de Darwin du sud (*Rhinoderma darwinii*, espèce menacée d'extinction par la chytridiomycose), d'une fécondité compensatoire chez certaines populations infectées par Bd et d'une faible vagilité (peu de migration)^{21,23}, pour élucider l'importance relative de chaque facteur. Nous collecterons des données auprès de 40 populations de *R. darwinii* réparties sur un axe Nord-Sud de 800 km au Chili, afin de : (1) développer une horloge épigénétique pour *R. darwinii* (par l'étude de la méthylation de l'ADN), indicatrice du rythme de vie (sénescence) à l'aide de prélèvements buccaux peu invasifs ; (2) quantifier la diversité génétique populationnelle et la taille effective de la population à l'aide de la technologie RADseq à partir de l'ADN prélevé ; (3) estimer dans chaque population, l'abondance des hôtes, le recrutement compensatoire (proportion de juvéniles) et la prévalence de l'infection par Bd par capture-recapture et prélèvements cutanés²⁴ ; et ce pour (4) intégrer toutes ces données démographiques, génétiques, et épidémiologiques avec des variables bioclimatiques (données remote-sensed WorldClim) dans un cadre hiérarchique bayésien capturant l'organisation spatiale et régionale. **En quantifiant les effets directs et indirects, ce cadre structuré nous permettra**

de tester l'hypothèse selon laquelle le climat, le cycle de vie, la diversité génétique et l'infection forment un système réciproquement imbriqué dans lequel le climat influence le rythme de vie et la diversité génétique, l'infection par Bd accélère le rythme de vie, les populations à rythme rapide présentent un recrutement compensatoire plus important, et ces réponses démographiques influencent à leur tour la diversité génétique et, potentiellement, la vulnérabilité aux maladies.

Au-delà de leur importance fondamentale pour la compréhension des réponses de l'hôte aux maladies infectieuses, les connaissances générées dans ce projet, qu'elles soient démographiques, génétiques, épidémiologiques, contribueront directement à la conservation des amphibiens et notamment à *R. darwinii*, la seule espèce existante encore de « vocal-sac brooding frog » justifiant son statut d'espèce EDGE.

Références citées :

1. Daszak, P., Cunningham, A. A. & Hyatt, D. A. Emerging infectious diseases of wildlife-- threats to biodiversity and human health. *Science* **287**, 443–449 (2000).
2. Mahon, M. B. *et al.* A meta-analysis on global change drivers and the risk of infectious disease. *Nature* **629**, 830–836 (2024).
3. Frick, W. F. *et al.* Disease alters macroecological patterns of North American bats. *Global Ecology and Biogeography* **24**, 741–749 (2015).
4. Scheele, B. C. *et al.* Amphibian fungal panzootic causes catastrophic and ongoing loss of biodiversity. *Science* **363**, 1459–1463 (2019).
5. Springborn, M. R., Weill, J. A., Lips, K. R., Ibáñez, R. & Ghosh, A. Amphibian collapses increased malaria incidence in Central America. *Environ. Res. Lett.* **17**, 104012 (2022).
6. Frank, E. G. The economic impacts of ecosystem disruptions: Costs from substituting biological pest control. *Science* **385**, eadg0344 (2024).
7. Briggs, C. J., Knapp, R. A. & Vredenburg, V. T. Enzoootic and epizootic dynamics of the chytrid fungal pathogen of amphibians. *Proc Natl Acad Sci* **107**, 9695–9700 (2010).
8. Valenzuela-Sánchez, A. *et al.* Why disease ecology needs life-history theory: a host perspective. *Ecology Letters* **24**, 876–890 (2021).
9. Olson, D. H., Ronnenberg, K. L., Glidden, C. K., Christiansen, K. R. & Blaustein, A. R. Global Patterns of the Fungal Pathogen *Batrachochytrium dendrobatidis* Support Conservation Urgency. *Front Vet Sci* **8**, 685877 (2021).
10. Zipkin, E. F., DiRenzo, G. V., Ray, J. M., Rossman, S. & Lips, K. R. Tropical snake diversity collapses after widespread amphibian loss. *Science* **367**, 814–816 (2020).
11. Fisher, M. C. & Garner, T. W. J. Chytrid fungi and global amphibian declines. *Nat Rev Microbiol* **18**, 332–343 (2020).
12. Brannnelly, L. A. *et al.* Mechanisms underlying host persistence following amphibian disease emergence determine appropriate management strategies. *Ecology Letters* **24**, 130–148 (2021).
13. Capdevila, P., Stott, I., Beger, M. & Salguero-Gómez, R. Towards a Comparative Framework of Demographic Resilience. *Trends in Ecology & Evolution* **35**, 776–786 (2020).
14. Colchero, F., Jones, O. R. & Rebke, M. BaSTA: an R package for Bayesian estimation of age-specific survival from incomplete mark-recapture/recovery data with covariates. *Methods Ecol Evol* **3**, 466–470 (2012).
15. Lemaître, J.-F. *et al.* Sex differences in adult lifespan and aging rates of mortality across wild mammals. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **117**, 8546–8553 (2020).
16. Stott, I., Hodgson, D. J. & Townley, S. popdemo: an R package for population demography using projection matrix analysis. *Methods in Ecology & Evolution* **3**, 797 (2012).
17. Oliveira, B. F., São-Pedro, V. A., Santos-Barrera, G., Penone, C. & Costa, G. C. AmphiBIO, a global database for amphibian ecological traits. *Sci Data* **4**, 170123 (2017).
18. Carey, J. & Judge, D. *Longevity Records: Life Spans of Mammals, Birds, Reptiles, Amphibians and Fish*. (University Odense Press, 2000).
19. Trochet, A. *et al.* A database of life-history traits of European amphibians. *Biodivers Data J* e4123 (2014) doi:10.3897/BDJ.2.e4123.
20. Cayuela, H. *et al.* Thermal conditions predict intraspecific variation in senescence rate in frogs and toads. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **118**, e2112235118 (2021).
21. Valenzuela-Sánchez, A. *et al.* Interpopulation differences in male reproductive effort drive the population dynamics of a host exposed to an emerging fungal pathogen. *Journal of Animal Ecology* **91**, 308–319 (2022).
22. De Kort, H. *et al.* Life history, climate and biogeography interactively affect worldwide genetic diversity of plant and animal populations. *Nat Commun* **12**, 516 (2021).
23. Valenzuela-Sánchez, A. *et al.* Localized transmission of an aquatic pathogen drives hidden epidemics and population collapse in a terrestrial host. *Nat Ecol Evol* 1–10 (2026) doi:10.1038/s41559-025-02930-1.
24. Sentenac, H. *et al.* Accounting for bias in prevalence estimation: The case of a globally emerging pathogen. *Journal of Applied Ecology* **60**, 2007–2017 (2023).

- Financement du projet – partie Recherche (montants acquis, type de contrat) :

L'axe 1 du projet est entièrement « desk-based », basé sur des simulations avec des modèles ajustés avec des données empiriques issues de la littérature. **Ainsi, l'axe 1 ne nécessite pas de frais de fonctionnement.**

L'axe 2 comprendra une partie terrain (2 ans, qui complèteront les 15 années existantes de suivi) ainsi que des analyses de biologie moléculaire qui toutes deux nécessiteront des frais. Ce travail s'inscrit dans le cadre de la stratégie binationale de conservation des grenouilles de Darwin, une initiative actuellement dirigée par l'un des collaborateurs

(A.Valenzuela Sanchez) et soutenue localement par l'ONG Ranita de Darwin. Ainsi, un réseau bien établi de collaborateurs institutionnels et locaux garantit la faisabilité financière, logistique et technique (2 techniciens seront mis à disposition) de la partie « terrain » du projet proposé.

La partie terrain implique des coûts estimés à 50k€ que l'ONG Ranita de Darwin et son président A. Valenzuela-Sanchez couvriront puisque ce travail est largement intégré aux activités de monitoring déjà en place. Ceci inclut les billets d'avion et logement.

Il reste à financer les analyses de biologie moléculaire, que l'on estime aux alentours de 70k€. Ce financement n'est pas encore acquis. Il est projeté de répondre à des appels à projets lancés par le Leverhulme Trust ou le Fondation Sommers. Aussi, des parcs zoologiques hébergeant des grenouilles de Darwin (Leibniz zoo, London zoo, etc) pourront éventuellement contribuer.

- connaissances et compétences requises :

- écologie des populations
- biologie moléculaire
- Batrachologie
- écologie des maladies
- Bioinformatique – langage R
- Expérience de terrain

Résumé en français et anglais (limité chacun à 1800 caractères)

Les maladies infectieuses peuvent provoquer des déclin et extinctions d'espèces qui nuisent gravement à la biodiversité. Pourtant, certaines espèces persistent ; comprendre pourquoi est crucial pour améliorer l'évaluation des risques et prioriser la conservation. L'histoire de vie des hôtes est souvent invoquée, mais beaucoup de mécanismes manquent de validations empiriques. Cette thèse contribue à combler ce manque via le système amphibiens–*Batrachochytrium dendrobatidis* (Bd), parasite responsable d'une pandémie associée à des extinctions. Elle teste comment les traits d'histoire de vie modulent la résilience démographique après émergence, à deux échelles. Dans un premier axe à l'échelle interspécifique, en compilant des données à partir de bases déjà existantes sur 60-70 espèces d'amphibiens, on déterminera grâce à des modèles matriciels de population et des simulations d'épidémies, quels traits d'histoire de vie sont les plus importants pour garantir une bonne résilience démographique. Nous faisons l'hypothèse que les espèces à cycle de vie lent récupèrent plus lentement que celles à cycle rapide. Dans un deuxième axe à l'échelle intraspécifique, nous analyserons chez la grenouille de Darwin, espèce menacée, comment climat, diversité génétique, infection et histoire de vie interagissent pour façonner la persistance, notamment via la fécondité compensatoire. On collectera diverses données sur 40 populations au Chili sur un gradient climatique grâce à des protocoles de capture/recapture et des analyses biomoléculaires pour estimer les effets directs/indirects de chaque facteur dans un modèle hiérarchique bayésien. Les résultats contribueront à améliorer les connaissances fondamentales en écologie des maladies et aussi à améliorer la priorisation de la conservation.

Infectious diseases can cause species declines and extinctions that severely damage biodiversity. Yet some species persist; understanding why is crucial for improving risk assessment and prioritising conservation. Host life history is often invoked, but many mechanisms lack empirical validation. This thesis helps to fill this gap using the amphibian–*Batrachochytrium dendrobatidis* (Bd) system; Bd is a parasite responsible for a pandemic associated with extinctions. It tests how life history traits modulate demographic resilience after emergence, at two scales. In a first axis at the interspecific scale, by compiling data

from existing databases on 60-70 amphibian species, we will use population matrix models and simulations of epidemics to determine which life history traits are most important for ensuring good demographic resilience. We hypothesise that species with slow life pace recover more slowly than those with fast pace of life. In a second axis at the intraspecific level, we will analyse how climate, genetic diversity, infection and life history interact to shape persistence, particularly through compensatory fecundity. Various data will be collected on 40 populations in Chile across a climatic gradient using capture/recapture protocols and biomolecular analyses to estimate the direct/indirect effects of each factor in a hierarchical Bayesian model. The results will contribute to improving fundamental knowledge in disease ecology and also to improving conservation practices.

Préciser le domaine de compétence dans la liste ci-dessous :

2 choix possibles maximum –les intitulés sont ceux d’ABG),

Ex : vous ne pouvez pas sélectionner uniquement informatique lorsqu’il est indiqué informatique, électronique :

- Ecologie, Environnement
- Santé, médecine humaine, vétérinaire

Indiquez quelques mots clés concernant votre sujet) :

Résilience démographique, population, maladies à enjeu de conservation, chytridiomycose, amphibiens, Batrachochytrium dendrobatidis, Rhinoderma darwinii