

### Conference abstract

#### Phylogenetic diversity as an index for conservation planning in CCAMLR statistical subareas

Marc Eléaume<sup>1</sup>✉, [marc.eleaume@mnhn.fr](mailto:marc.eleaume@mnhn.fr), Lenaïg Hemery<sup>1</sup>,  
[lenaig.hemery@gmail.com](mailto:lenaig.hemery@gmail.com), Nadia Améziane<sup>1</sup>, [nadia.ameziane@mnhn.fr](mailto:nadia.ameziane@mnhn.fr)

<sup>1</sup> Muséum national d'Histoire naturelle, Paris, CP51 57 rue Cuvier 75231 Paris, France

✉ Corresponding author: [marc.eleaume@mnhn.fr](mailto:marc.eleaume@mnhn.fr)

A huge barcoding effort has been ongoing since the last IPY (2007–2008) and resulted in a wealth of taxonomic findings. New species as well as yet unrecognised variants have been discovered and described. In parallel, conservation planning in Antarctica has strengthened with the enforcement of the Heard Island and McDonald Islands (HIMI) Marine Reserve, extension of the National Marine Reserve in the French exclusive economic zone (EEZ) at Kerguelen and Crozet, the implementation of the South Orkney Islands southern shelf and the Ross Sea region marine protected areas (MPAs), and Weddell Sea, Domain I and sub-Antarctic MPA projects. Conservation planning has also acquired refined methods that can now include evolutionary indices such as phylogenetic diversity (PD) to take into account the history of taxa. This index is highly dependent on the number of species included in the analysis and also highly dependent on our knowledge of their inter-relationships.

Here we use 38 species in 20 genera and 6 families of crinoids to estimate PD for each CCAMLR statistical subarea. We used a high-resolution sampling barcoding approach that proved to be central in deciphering the level of diversity within each taxon, especially at the species level. In some cases, we suspect the existence of cryptic, still undescribed species (e.g. *Promachocrinus kerguelensis*, *Notocrinus virilis*, *Isometra graminea*) and have used lineages instead of species. In parallel, a new phylogeny is available that can be used to reflect relationships among taxa and infer their history.

#### Diversité phylogénétique comme indice pour la planification de la conservation des sous-zones statistiques de la CCAMLR

##### Résumé de conférence

Un énorme effort de *barcoding*, en cours depuis la dernière API (2007–2008), nous a fourni une manne d'observations taxinomiques. De nouvelles espèces ont été découvertes et décrites, ainsi que des variantes n'ayant pas été reconnues jusqu'à présent. En parallèle, la planification de la conservation en Antarctique a été renforcée grâce à la mise en place de la réserve marine des îles Heard et McDonald (HIMI), l'extension de la Réserve Nationale Naturelle dans les zones économiques exclusives (ZEE) françaises des îles Kerguelen et de Crozet, la mise en place des aires marines protégées (AMP) du plateau sud des îles Orcades du Sud et de la région de la mer de Ross, et les propositions d'AMP dans la mer de Weddell, le domaine 1 et les régions subantarctiques. La planification de la conservation a acquis des méthodes raffinées qui, grâce à des indices liés à l'évolution tels que la diversité phylogénétique (DP), nous permettent maintenant de tenir compte de l'histoire des taxons. Cet indice est fortement dépendant du nombre d'espèces incluses dans l'analyse et est également largement tributaire de nos connaissances des relations entre ces espèces.

Nous utilisons ici 38 espèces de 20 genres et 6 familles de crinoïdes pour estimer la DP pour chaque sous-zone statistique de la CCAMLR, grâce au *barcoding* systématique des échantillons qui s'est avéré un outil fondamental pour déchiffrer le degré de diversité de chaque taxon, particulièrement au niveau de l'espèce. Dans certains cas, soupçonnant l'existence d'espèces cryptiques qui n'ont pas encore été décrites (p. ex. *Promachocrinus kerguelensis*, *Notocrinus virilis*, *Isometra graminea*), nous avons utilisé des lignées génétiques COI au lieu d'espèces. En parallèle, une nouvelle phylogénie est disponible qui peut être utilisée pour représenter les relations entre taxons et pour déduire leur historique.