

du fluide hydrothermal, même en petite quantité, augmente notablement la proportion de sulfure toxique H_2S aux alentours des sources. Certaines espèces, tel *Riftia pachyptila*, semblent éviter par des adaptations biochimiques la diffusion d' H_2S à l'intérieur de leur branchie, alors que la forme moins toxique HS^- est assimilée. D'autres organismes, tels les bivalves du genre *Bathymodiolus*, sont protégés par des bactéries symbiotiques qui consomment le sulfure directement dans leur branchie.

En plus d'être extrêmes, les environnements hydrothermaux sont soumis à de violentes perturbations naturelles. Les plus spectaculaires sont les éruptions volcaniques majeures, qui couvrent de lave un grand nombre de sites et suppriment toute trace de vie. Après ces épisodes, la vie se réinstalle vite autour des sources, selon une séquence de recolonisation qui dure quelques années.

POMPÉI SOUS LES MERS

Les tapis microbiens réapparaissent en premier. En moins d'un an, ils sont rejoints par des espèces pionnières telle *Tevnia jerichonana*, un ver apparenté à *Riftia pachyptila*. La suite est plus variable: ces espèces prospèrent ou laissent la place à d'autres qui deviennent à leur tour dominantes, mais les populations déclinent parfois et s'éteignent. La recolonisation s'accompagne de changements rapides dans la composition des fluides, et donc dans les formes d'énergie disponibles, ainsi que dans les contraintes de température et de toxicité. Le rôle de ces changements sur les successions observées reste l'une des grandes questions actuelles; en particulier, les conditions qui favorisent une espèce symbiotique plutôt qu'une autre sont débattues, faute de bien connaître les besoins physiologiques des différentes espèces et de leurs bactéries symbiotiques.

Des événements moins violents que les éruptions volcaniques conduisent aussi à l'extinction locale des populations. Ainsi, un phénomène de séparation de phase se produit parfois à plusieurs centaines de mètres sous le plancher océanique: une fraction du fluide, concentrée en éléments lourds (sels, métaux...), se condense sous forme de saumure, tandis qu'une fraction plus légère, enrichie en composés volatils (sulfure d'hydrogène, hydrogène, méthane...), remonte à la surface. La composition des fluides hydrothermaux change alors au cours du temps, les éléments les plus volatils étant émis en premier et les plus lourds ensuite. Lorsque la fraction légère riche en sulfure s'épuise, les espèces symbiotiques, dont c'est la ressource principale, disparaissent.

Nous l'avons vu, la composition des fluides dépend des roches à travers lesquelles ils passent. Or dans certains cas, ces roches sont

celles du manteau terrestre: situées sous la croûte, elles sont le plus souvent loin de la surface et inaccessibles aux fluides, mais parfois, déplacées par des forces tectoniques, elles s'en rapprochent, allant jusqu'à affleurer sur les fonds marins. Très réactives, les roches du manteau s'altèrent au contact de l'eau. Ce phénomène, nommé serpentinitisation, produit de l'hydrogène en grande quantité, qui réagit lui-même spontanément à haute température et haute pression

avec le CO_2 pour former du méthane. Ces deux composés constituent des sources d'énergie alternatives au sulfure pour les communautés chimiosynthétiques peuplant les sources hydrothermales.

MÉTHANE ET SULFURE AU MENU

Sur le site *Rainbow*, au sud des Açores, où les fluides sont très concentrés en fer et les sulfures libres quasi absents de l'environnement, le méthane constitue par

exemple la source d'énergie principale de la moule *Bathymodiolus azoricus*. Celle-ci est aussi associée à des bactéries sulfo-oxydantes, et cette double symbiose lui permet de proliférer sur de nombreux sites de la dorsale Atlantique, aux teneurs variables en méthane et en sulfure.

Outre *Rainbow*, plusieurs sites hydrothermaux sont situés sur des roches serpentinitisées: *Logatchev*, *Ashadze*... Ce dernier, découvert en 2007 par une équipe franco-russe, est le plus profond, à 4000 mètres sous la surface. Sur les dorsales océaniques au volcanisme peu actif, qualifiées de lentes, ces environnements offrent une large gamme d'habitats aux populations chimiosynthétiques, dont la croissance et l'extinction sont rythmées par la durée de vie des sources, souvent éphémères. Sur certains sites, les fluides sont non pas acides, mais basiques. Les fumeurs noirs sont alors remplacés par de spectaculaires «cités blanches» (voir la figure page ci-contre). Celles connues aujourd'hui sont principalement peuplées de microorganismes, mais elles pourraient avoir abrité des faunes macroscopiques abondantes.

Les sites hydrothermaux offrent donc de multiples preuves des spectaculaires facultés d'adaptation des organismes, mais ce n'est pas leur seul intérêt. Ils représentent aussi des réserves potentielles d'hydrogène pour nos sociétés humaines à la recherche d'énergies non polluantes. ■

Les sites hydrothermaux recèlent des réserves potentielles d'hydrogène

BIBLIOGRAPHIE

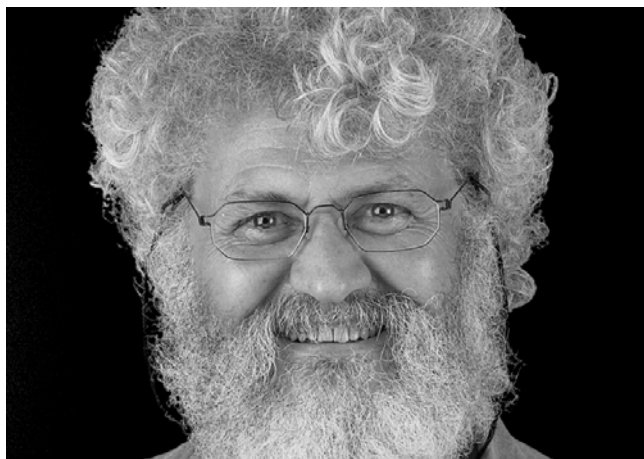
S. TOXVAERD, A Prerequisite for Life, *J. Theor. Biol.*, vol. 474, pp. 48-51, 2019.

E. BAKER ET AL., How many vent fields? New estimates of vent field populations on ocean ridges from precise mapping of hydrothermal discharge locations, *Earth and Planetary Science Letters*, vol. 449, pp. 186-196, 2016.

J. RESING ET AL., Basin-scale transport of hydrothermal dissolved metals across the South Pacific Ocean Nature, vol. 523, pp. 200-203, 2015.

N. LE BRIS ET F. GAILL, How does the annelid *Alvinella pompejana* deal with an extreme hydrothermal environment ?, in *Rev. in Env. Sc. Biotech.*, vol. 6, pp. 197-221, 2007.

ÉRIC KARSENTI



« Plusieurs milliers d'espèces de plancton repérées par *Tara Oceans* sont inconnues »



L'étude du plancton océanique et de son rôle écologique était le principal objectif de l'expédition *Tara Oceans*. Pouvez-vous nous rappeler ce que recouvre le terme de plancton ?

Éric Karsenti : Le plancton (marin) est constitué de tous les organismes vivants qui se laissent dériver à grande distance dans l'océan, même si beaucoup d'entre eux, comme les méduses, peuvent se déplacer activement sur de courtes distances. Cela inclut donc les virus, les bactéries et archées, les protistes (c'est-à-dire les eucaryotes unicellulaires tels que les protozoaires et les microalgues), le zooplancton, constitué d'animaux pluricellulaires dont la taille va d'environ 0,1 millimètre à plusieurs centimètres, et le phytoplancton (le plancton végétal).

BIO EXPRESS

10 SEPTEMBRE 1948
Naissance à Paris

1979
Thèse à l'institut Pasteur

1996
Création du département de biologie cellulaire et de biophysique au Laboratoire européen de biologie moléculaire (EMBL).

2009
Directeur scientifique de l'expédition *Tara Oceans*.

2015
Médaille d'or du CNRS.

Pour quelles raisons l'expédition *Tara Oceans* a-t-elle été mise en place ?

Éric Karsenti : L'idée initiale était de monter une expédition médiatique, dans un objectif de vulgarisation scientifique, pour parler au grand public d'évolution, de biologie marine... Mais le coût d'une telle opération s'est révélé prohibitif.

Par ailleurs, en discutant avec Christian Sardet et Gaby Gorsky, de l'observatoire océanologique de Villefranche-sur-Mer, ainsi qu'avec d'autres chercheurs, je me suis aperçu qu'on ne savait presque rien sur le plancton à l'échelle globale, alors même que les microorganismes marins ont joué un rôle de premier plan dans l'évolution de la vie sur Terre, par exemple en enrichissant l'atmosphère terrestre en oxygène. Ainsi a émergé, notamment au travers de discussions avec Gaby Gorsky,

Colomban de Vargas et d'autres, l'idée de caractériser de façon exhaustive l'écosystème planctonique, des virus jusqu'aux larves de poissons.

C'est cette vision que nous avons réussi à faire financer en partie par des organismes publics (CNRS, CEA, EMBL...). Nous avons recruté des spécialistes de diverses disciplines, sollicité la fondation Tara Océan et sa goélette du même nom et, ce qui était une partie essentielle de l'entreprise, nous avons défini les procédures d'échantillonnage, en fonction des classes d'organismes et des objectifs scientifiques que nous nous sommes fixés.

Y avait-il déjà eu d'autres missions analogues d'exploration du plancton ?

Éric Karsenti : Depuis Darwin et son grand voyage autour du monde à bord du *Beagle*, et surtout l'expédition du *Challenger* (1872-1876) qui est à l'origine de l'océanographie moderne, il y a eu peu d'expéditions à long terme en circumnavigation avec un programme intégré. Mais il y a une dizaine d'années, le biologiste et homme d'affaires américain Craig Venter a monté une expédition d'échantillonnage de la diversité génétique des bactéries océaniques. Cette *Global Oceanic Sampling Expedition*, qui s'est déroulée de 2004 à 2006, a consisté à pomper l'eau en surface pour recueillir les bactéries et séquencer globalement leurs génomes. En cela, Craig Venter a été un précurseur de la métagénomique, démarche qui consiste à analyser le matériel génétique de toute une population de microorganismes différents. Mais d'une part les techniques de séquençage de l'époque étaient encore rudimentaires, d'autre part cette exploration se limitait à la génétique et ne cherchait pas du tout à caractériser l'écologie des communautés microbiennes. Son envergure n'est donc pas comparable à celle de *Tara Oceans*.

De quelle façon la mission *Tara Oceans* se déroulait-elle ?

Éric Karsenti : L'équipage était constitué de six marins, six scientifiques, un journaliste et un artiste. Nous naviguions pendant trois ou quatre jours, puis restions en station 60 heures en général pour collecter des échantillons à différentes profondeurs – de la surface jusqu'à 600 mètres.

Pour les protistes et autres microorganismes, il suffisait de pomper et filtrer une centaine de litres d'eau. Pour les organismes plus gros, qui sont plus

parsemés, il fallait des volumes d'eau beaucoup plus importants qu'il n'était pas question de pomper : cela aurait nécessité des moyens trop lourds. Leur récolte s'effectuait donc en laissant traîner des filets, équipés de débitmètres et dont la maille avait une taille adaptée aux organismes visés.

Les échantillons étaient généralement conservés à -20°C , parfois à la température de l'azote liquide (-195°C) ; certains organismes collectés étaient placés dans du formol. Tous les mois ou deux, on les expédiait à l'EMBL, à Heidelberg, qui les répartissait ensuite entre le Genoscope, à Evry, et les laboratoires de Villefranche-sur-Mer, de Roscoff, de Barcelone et de l'université de l'Arizona. Cela représentait à chaque fois environ une tonne de matériel !

Les sites d'échantillonnage étaient-ils choisis au hasard ?

Éric Karsenti : Pas du tout. Nous nous sommes efforcés de faire un choix de stations représentatives (il y en a eu 210 au total) en nous appuyant sur des cartes satellitaires dressées par des océanographes, en tenant compte des paramètres environnementaux (vent, température, courant...), de la richesse ou de la pauvreté du milieu, des particularités de certains endroits... Nous voulions un échantillonnage non seulement représentatif et assez complet, mais aussi qui soit corrélé avec les données environnementales et l'histoire océanographique de la masse d'eau sondée. C'est ce qui fait la force de *Tara Oceans* : une telle approche écosystémique n'avait jamais été adoptée auparavant.

Comment les échantillons sont-ils analysés ?

Éric Karsenti : Les analyses sont de deux types. Il s'agit d'une part d'imagerie, d'autre part de séquençage. L'imagerie, par microscopie, par cytométrie en flux..., est essentiellement faite dans les laboratoires que j'ai mentionnés, mais il y avait

aussi de l'imagerie réalisée *in situ*, grâce à une caméra que l'on immergeait à des profondeurs variables (entre la surface et 1000 mètres de profondeur) et qui permettait d'enregistrer des images d'organismes de taille supérieure à 0,5 millimètre environ.

Quant au séquençage, il est question aussi bien de métagénomique, c'est-à-dire du séquençage de l'ADN global de l'échantillon, que de métatranscriptomique, c'est-à-dire du séquençage de son ARN. Ces analyses apportent des informations sur la diversité génétique et taxonomique de chaque échantillon, ainsi que sur les gènes exprimés. À ces « métaséquençages » s'est ajouté le séquençage de quelques génomes entiers de petits organismes eucaryotes, afin de fournir des références de comparaison. De ce point de vue, le Genoscope, sous l'impulsion de Jean Weissenbach puis de Patrick Wincker, a réalisé un travail colossal et d'une très grande qualité.

Qu'a-t-on ainsi appris sur la diversité du microplancton marin ?

Éric Karsenti : Pour les protistes, les données des séquençages effectués indiquent qu'ils regroupent de l'ordre de 150 000 genres rien que dans les eaux de surface, alors qu'on ne connaissait une dizaine de milliers d'espèces seulement. En termes d'espèces, cela fait bien sûr beaucoup plus, peut-être entre 1 et 10 millions. Et le tiers environ de ces unités taxonomiques n'ont pu être rattachées à aucun des groupes connus d'eucaryotes...

Pour ce qui est des virus et bactéries, les analyses montrent qu'ils englobent près de 40 millions de gènes différents, dont la plupart (59%) semblent bactériens. Une partie des gènes répertoriés provient d'études et missions antérieures, mais plus de 80% d'entre eux proviennent du recensement de *Tara Oceans*. On estime aussi qu'environ 30% des dizaines de milliers d'espèces de bactéries contenues dans les échantillons de

>