

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

« Nous avons choisi des sites représentatifs en nous appuyant sur des cartes dressées par des océanographes »

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

> *Tara Oceans* n'étaient pas connues de la science. Ce chiffre serait de l'ordre de 90% pour les virus.

Vous avez obtenu des résultats surprenants concernant des protistes nommés rhizaires. De quoi s'agit-il ?

Éric Karsenti : Les rhizaires constituent un grand groupe de protistes auquel appartiennent notamment les radiolaires. Ils ont un squelette minéral dont émergent des pseudopodes. Certains rhizaires sont des géants dans le microplancton et peuvent atteindre plusieurs centimètres, mais ils sont extrêmement fragiles et passent donc le plus souvent inaperçus dans les prélèvements. Avec plusieurs autres chercheurs, Tristan Biard, de la station biologique de Roscoff, a étudié les rhizaires de taille supérieure à 0,6 millimètre en examinant 1,8 million d'images prises par une caméra spéciale immergée, dans le cadre de 11 campagnes océaniques qui se sont déroulées entre 2008 et 2013, en particulier celle de *Tara Oceans*.

Et quels ont été les résultats ?

Éric Karsenti : Cette étude a notamment permis d'estimer la biomasse constituée par les rhizaires vivant dans les 200 premiers mètres de profondeur. Elle se révèle énorme, très supérieure à ce que l'on soupçonnait : en carbone, elle équivaut à plus de 5% de celle de tous les organismes marins. De plus, les rhizaires sont relativement abondants dans les vastes régions océaniques pauvres en nutriments, où ils seraient avantagés par leur capacité à vivre en symbiose avec des microalgues. Leur biomasse y est équivalente à celle de tous les autres organismes planctoniques de taille comprise entre 0,2 et 20 millimètres. Ces découvertes modifient notre compréhension des écosystèmes planctoniques, et suggèrent que les rhizaires pourraient avoir un poids important dans le bilan des flux de carbone des océans.

Y a-t-il d'autres études de *Tara Oceans* qui portent sur les flux de carbone ?

Éric Karsenti : Lionel Guidi, du laboratoire de Villefranche-sur-Mer, et d'autres chercheurs en ont publié une en même temps que celle de l'équipe associée à Tristan Biard. En s'appuyant sur des analyses informatiques et génétiques, ils ont caractérisé certains réseaux d'organismes planctoniques qui sont associés à l'export de carbone dans les régions océaniques

pauvres en nutriments, l'export de carbone désignant le processus par lequel le carbone contenu dans les organismes marins finit par couler et par se retrouver séquestré dans les fonds. Mais il reste encore beaucoup à comprendre...

Comment étudie-t-on les interactions de tous ces organismes ?

Éric Karsenti : Des méthodes bio-informatiques permettent, à partir des données des séquençages de l'ADN et de l'ARN des échantillons, qui renseignent sur la nature et l'abondance des différents organismes présents, de « cartographier » les interactions. Leur principe consiste à déterminer les cooccurrences et à les analyser. L'idée est par exemple que si un taxon (un type d'organismes apparentés) donné A se retrouve systématiquement dans les échantillons où est présent le taxon B, on « prédit » que les taxons A et B sont en interaction. On vérifie ensuite

l'environnement explique seulement 18% des variations de composition.

Les microorganismes planctoniques sont-ils répartis de façon particulière dans les océans ?

Éric Karsenti : *Tara Oceans* a confirmé des choses que l'on savait déjà, comme le fait que la biodiversité du plancton est plus riche dans les régions tropicales mais qu'il est plus abondant dans les mers froides. Elle a aussi montré que la circulation océanique joue un rôle particulièrement important dans la façon dont se distribuent les communautés d'organismes planctoniques.

Par exemple, une étude a porté sur l'influence des anneaux d'Agulhas (ou anneaux des Aiguilles), de vastes tourbillons qui se forment à l'est de l'Afrique du Sud, entre l'océan Indien et l'océan Atlantique sud. Les données de *Tara Oceans* ont montré que ces anneaux forment une sorte de barrière qui isole l'une

« Les rhizaires auraient un poids important dans le bilan des flux de carbone des océans »

les prédictions bio-informatiques en observant au microscope certains des échantillons, pour confirmer par exemple que les organismes A et B sont bien physiquement associés.

On observe ainsi que la plupart des organismes sont en interaction, qu'il s'agisse de symbiose, de parasitisme ou de commensalisme. Ainsi, il n'y a quasiment pas de protistes isolés. On peut trouver aussi des relations d'exclusion (la présence d'une espèce excluant celle d'une autre), et les chercheurs ont constaté que de telles relations concernent globalement 20% des organismes planctoniques.

Ces cartographies des réseaux d'interactions prennent également en compte les paramètres environnementaux (pH, température, concentration en phosphates...). Or le rôle des facteurs environnementaux dans la composition des communautés planctoniques s'est révélé bien moins important qu'on ne le pensait :

de l'autre les communautés planctoniques des deux océans. Plus généralement, l'analyse des données de l'expédition devrait fournir une vision globale de la concentration des organismes planctoniques et de leur diversité selon les régions. Et la comparaison avec ce que l'on sait sur les poissons sera sans doute utile pour la gestion des pêcheries.

Le réchauffement climatique perturbe-t-il les populations de plancton ?

Éric Karsenti : *Tara Oceans* a mis en évidence une stricte corrélation entre la température et la composition en archées et bactéries du plancton. Dans les profondeurs où la lumière pénètre, la température est, de fait, le principal facteur environnemental qui influe sur la composition du plancton. On devrait donc pouvoir se faire une idée de la façon dont la distribution des organismes planctoniques