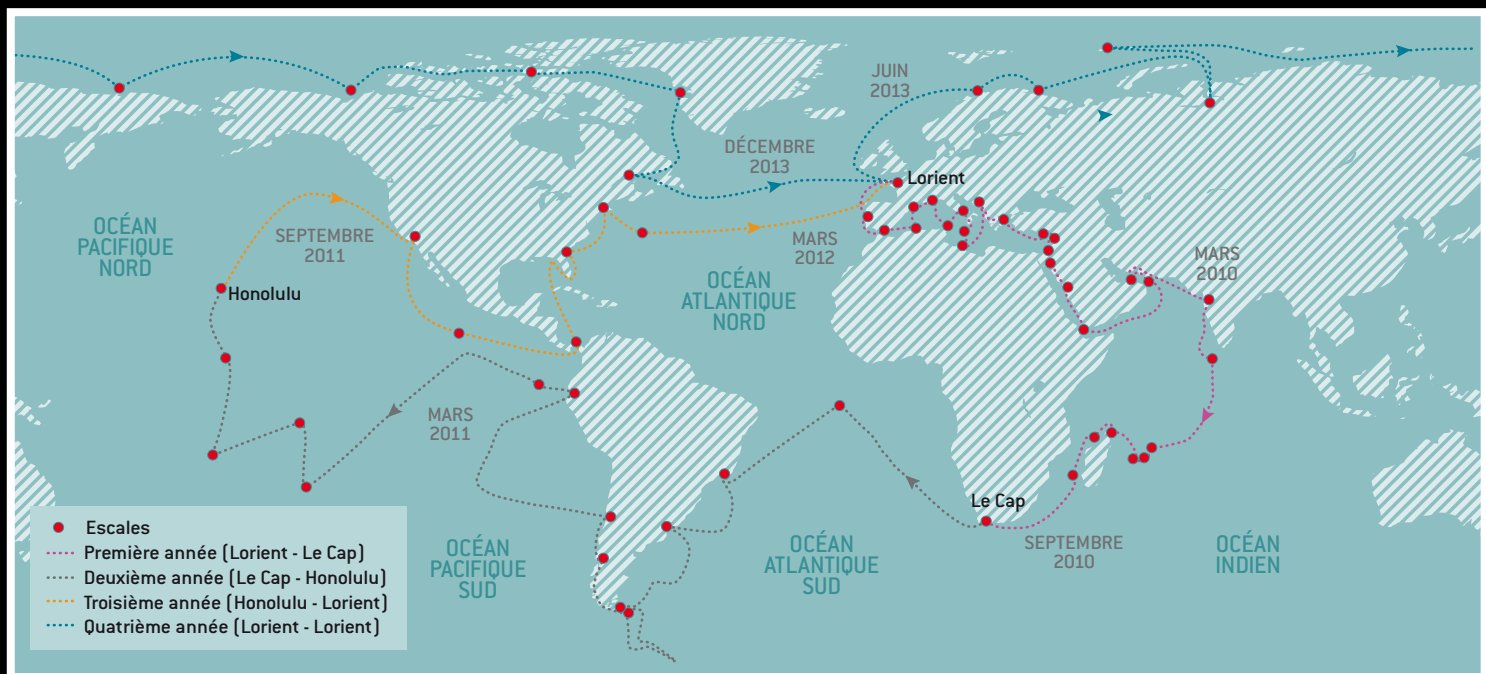
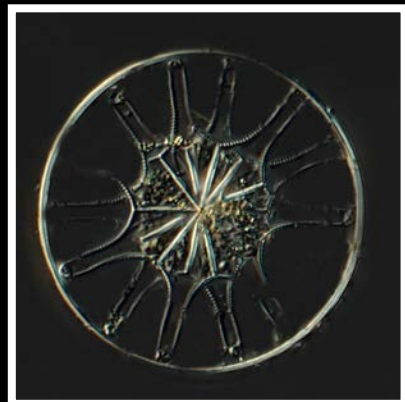
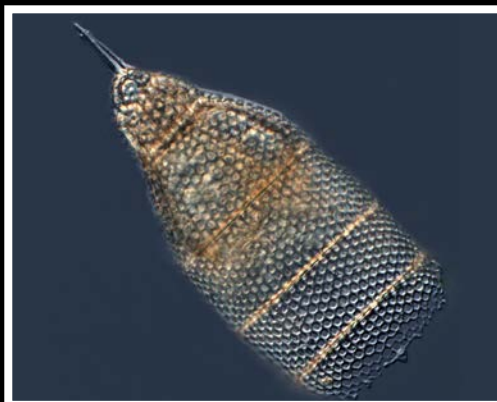




D'après carte de Berpous/Tara Expeditions

QUELQUES MICROORGANISMES DU PLANCTON

photographiés dans le cadre de la mission *Tara Oceans*. De gauche à droite : le radiolaire *Eucyrtidium acuminatum* (océan Indien), une diatomée (océan Indien), le dinoflagellé *Ceratium pentagonum* (Atlantique Sud), la diatomée *Planktoniella sol* (océan Indien), le dinoflagellé *Ornithoceras magnificus* (océan Indien).



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 d'organismes 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*.

PLS

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

É. K. : 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

Évry, 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 !

PLS

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

É. K. : 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, etc.), 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*

© Photos de plancton : John Dolan, Laboratoire d'océanographie de Villefranche-sur-Mer (OVR-SUPMCO)



L'EXPÉDITION TARA OCEANS, qui a démarré en septembre 2009 et s'est achevée en décembre 2013, a couvert presque tous les océans (à gauche). La goélette Tara (ci-contre) a effectué un parcours de quelque 140 000 kilomètres. Son équipage comprenait six scientifiques, qui s'assuraient notamment du bon déroulement des prélèvements (ci-dessus, des filets à plancton de type « Bongo ») et de la préservation des échantillons.

© V. Hilaire - Tara Expeditions
© L. Hilaire - Tara Expeditions



Oceans: une telle approche écosystémique n'avait jamais été adoptée auparavant.

PLS

Comment les échantillons sont-ils analysés ?

É. K.: 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, etc., 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 1 000 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.

PLS

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

É. K.: Pour les protistes, les données des séquençages effectués jusqu'ici indiquent qu'ils regroupent de l'ordre de 150 000 genres, alors qu'on en connaissait une dizaine de milliers 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 proviennent 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.

PLS

Une publication récente livre des résultats surprenants concernant des protistes nommés rhizaires. De quoi s'agit-il ?

É. K.: Les rhizaires constituent un grand groupe de protistes auquel appartiennent