

Notes Académiques de l'Académie d'agriculture de France

Academic Notes of the French Academy of agriculture

Authors

Chris BOWLER, Flora VINCENT

Title of the work

Plancton, la nouvelle frontière révélée par l'expédition Tara Océans

Year 2019, Volume 8, Number 2, pp. 1-16

Published online:

5 December 2019,

<https://www.academie-agriculture.fr/publications/notes-academiques/n3af-synthese-plancton-la-nouvelle-frontiere-revelee-par-lexpedition>

[Plancton, la nouvelle frontière révélée par l'expédition Tara Océans](#) © 2019 by Chris BOWLER,

Flora VINCENT is licensed under [Attribution 4.0 International](#) 

Plancton, la nouvelle frontière révélée par l'expédition *Tara Océans*

Plankton, the new frontier revealed by the Tara Oceans expedition

Flora Vincent^{1, 2}, Chris Bowler^{1, 3}

¹ Institut de Biologie de l'ENS (IBENS), Département de biologie, École normale supérieure, CNRS, INSERM, Université PSL, 75005 Paris, France.

² Department of Plant and Environmental Sciences, Weizmann Institute of Science, 76100 Rehovot, Israel. Email : flora.vincent@weizmann.ac.il

³ Fédération de Recherche Global Ocean Systems Ecology and Evolution, FR2022/Tara Oceans GOSEE, 3 rue Michel-Ange, 75016 Paris, France.

Correspondance :
cbowler@biologie.ens.fr

Résumé

L'objectif de cette Note est de présenter la diversité du plancton, telle que révélée par le projet *Tara Océans*, et de détailler l'approche et les méthodologies adoptées par ce projet ambitieux. Sur la base d'une partie des 40 000 échantillons prélevés dans tous les océans du monde au cours de l'expédition, l'équipe a cartographié la biodiversité d'un large éventail d'organismes planctoniques et exploré leurs interactions. Ce projet est le plus important effort de séquençage de l'ADN pour les sciences de la mer réalisé à ce jour. Les analyses moléculaires ont révélé environ 40 millions de gènes, dont la grande majorité étaient nouveaux, suggérant ainsi une biodiversité du plancton beaucoup plus large que celle connue jusqu'à présent. Ces données ont fourni à la communauté scientifique des ressources sans précédent, notamment un cata-

logue de plusieurs millions de nouveaux gènes qui ont transformé la manière dont nous étudions les océans et évaluons le changement climatique.

Abstract

The purpose of this Note is to present the diversity and importance of the plankton, while detailing the genetic approach and methodologies adopted by the ambitious *Tara Oceans* project. On the basis of a portion of the 40,000 samples collected from all the world's oceans during the expedition, the team mapped the biodiversity of a wide range of planktonic organisms, explored their interactions, and how plankton impact and are affected by their environment. This is the largest DNA sequencing effort ever done for

Note de synthèse

ocean science. Molecular analyses revealed around 40 million genes, the vast majority of which were new, thus hinting toward a much broader biodiversity of plankton than previously known. These data provided the scientific community with unprecedented resources, including a catalogue of several million new genes that had transform how we study the oceans and assess climate change.

Mots clés

plancton, océans, biodiversité, structure des communautés, biogéographie, métagénomique, *Tara Océans*.

Keywords

plankton, oceans, biodiversity, community structure, biogeography, metagenomics, *Tara Oceans*

Introduction

L'océan représente le plus grand écosystème continu sur Terre, et 98 % de sa biomasse est composée d'organismes qui sont invisibles à l'œil nu : les microorganismes marins, dont nombre d'entre eux constituent le « plancton ». Le terme « plancton » vient du grec *planktos*, ou « errant » ; il désigne les organismes qui vivent dans la colonne d'eau et sont incapables de nager contre le courant. Le plancton marin est ainsi composé de bactéries, de protistes (des eucaryotes unicellulaires), de virus, d'archées, mais aussi des stades larvaires d'organismes plus gros, comme les larves de poissons ou de crustacés.

Alors que les membres du plancton de l'ordre du millimètre ont été étudiés depuis plus d'un siècle, ce n'est que depuis les années 1970 que l'abondance et la diversité des microbes et virus ont été mises au jour. Il a été montré depuis qu'un litre d'eau de mer peut contenir jusqu'à 10^9 bactéries. Dans les années 1990, les premières techniques d'évaluation de la diversité bactérienne marine indépendantes de mise en culture – notamment génétique – ont montré que les bactéries sont diverses, et que la majorité des groupes marins étaient inconnus. Simultanément, la découverte des virus dans l'océan, atteignant presque 10^{10} particules/L, a ajouté une nouvelle

couche de complexité dans notre compréhension de ce qui génère, et maintient la diversité microbienne. La diversité des protistes – eucaryotes unicellulaires – fut révélée dans les années 2000, à travers l'usage de la génétique (Figure 1).

L'exploration de la distribution globale des communautés et diversités de microbes marins devint quantitative grâce au séquençage à haut débit disponible au milieu des années 2000, ce qui ouvrit la voie pour des campagnes d'échantillonnage à grande échelle spatiale. En effet, la répartition du plancton dépend fortement de facteurs abiotiques, comme la lumière, les nutriments, la turbulence, la température, la salinité ou le *pH*, et de facteurs biotiques, comme la présence d'autres organismes tels des prédateurs ou des symbiontes. Même si l'abondance locale du plancton varie de façon horizontale, verticale et saisonnière, les organismes planctoniques sont présents partout dans les océans.

L'importance du plancton à l'échelle planétaire est multiple. Il est à la base des chaînes alimentaires et représente 50 % de la production annuelle de dioxygène sur Terre (Field, 1998). Le métabolisme du plancton joue un rôle majeur dans les grands cycles biogéochimiques du carbone, de l'oxygène, de l'azote, du phosphore et du soufre. Par ailleurs, l'océan constitue aussi une formidable pompe qui absorbe près de 30 % des émissions de dioxyde de carbone (un gaz à effet de serre) dues aux activités humaines, notamment grâce au phytoplancton qui capte le dioxyde de carbone pour le transformer en oxygène durant la photosynthèse.

C'est ainsi que l'expédition *Tara Océans*, réalisée de 2009 à 2013 par des scientifiques embarqués sur le voilier *Tara*, a permis de conduire une étude d'ampleur inédite sur le plancton, au cours d'un périple de 140 000 kilomètres sur tous les océans de la planète. L'objet de cette Note est de présenter plusieurs aspects marquants de cette expédition : la caractérisation métagénomique du plancton ; le programme éducatif de l'expédition ; l'exploration de la diversité génétique, à la fois qualitative et quantitative, du plancton ; les

Note de synthèse

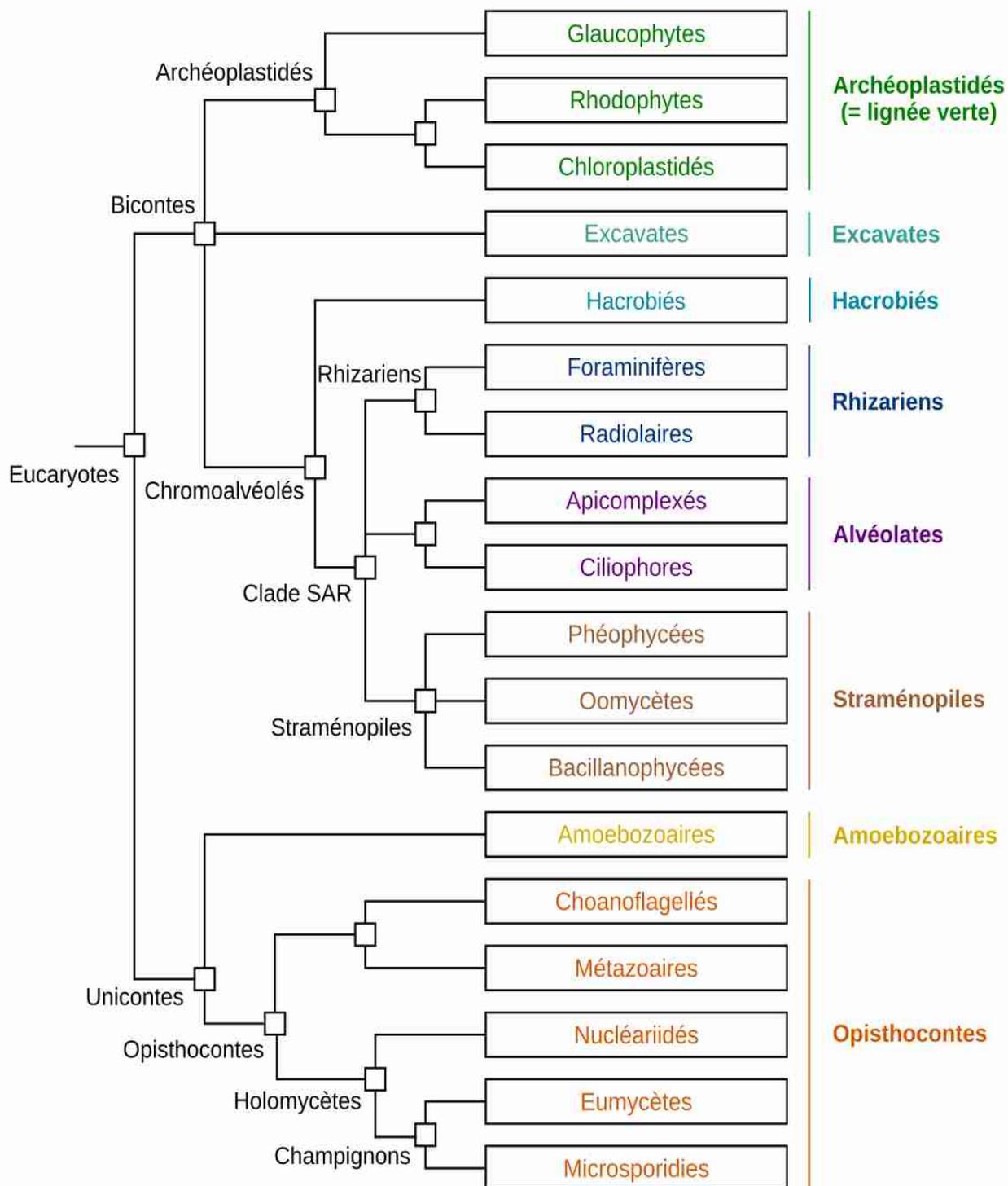


Figure 1. Les protistes forment un groupe polyphylétique correspondant aux eucaryotes unicellulaires (d'après Lecointre et Le Guyader, 2016).

Note de synthèse

grands principes d'échantillonnage utilisés lors de l'expédition ; les grandes découvertes de l'expédition.

1. L'expédition *Tara Océans* et la caractérisation métagénomique du plancton

L'expédition *Tara Océans* (2009-2013), menée à bord de la goélette *Tara* (Figure 2), a eu pour objectif de découvrir la grande variété d'organismes planctoniques (des virus aux larves de poissons) de l'océan de surface (entre 0 et 200 m) et mésopélagique (200 à 1000 m) à l'échelle planétaire.

Au total, 40 000 échantillons d'eau de mer et de plancton ont été prélevés dans 210 stations réparties dans 20 provinces biogéographiques. De nombreuses questions ont animé cette expédition : quelle est la vraie nature de la diversité planctonique dans nos océans ? Quels sont les organismes qui portent les fonctions les plus importantes ? Quel est l'effet des paramètres environnementaux et des interactions biotiques sur l'écosystème océanique ? Afin de répondre à ces questions, l'expédition *Tara Océans* a regroupé plus de 100 scientifiques à travers le monde et procédé à un échantillonnage strictement identique pendant plus de trois ans sur la goélette de 36 mètres.

Le programme d'échantillonnage standard a été conçu pour étudier une grande variété d'écosystèmes marins : remontées d'eau (*upwellings*), points chauds de biodiversité, zones de bas *pH* ou pauvres en oxygène... Un total de 210 stations a été défini (Figure 3) sur lesquelles une caractérisation environnementale plus précise a été conduite, afin de contextualiser les prélèvements morphologiques et génétiques du plancton.

Pour chaque station, les prélèvements d'eau ont été filtrés puis soumis à différentes analyses génétiques :

- séquençage de l'ADNr 18S (*metabarcoding*) ;
- métatranscriptomique : détermination de l'ensemble des transcriptomes de l'échantillon environnemental, c'est-à-dire de l'ensemble des ARN produits par les différents organismes lors

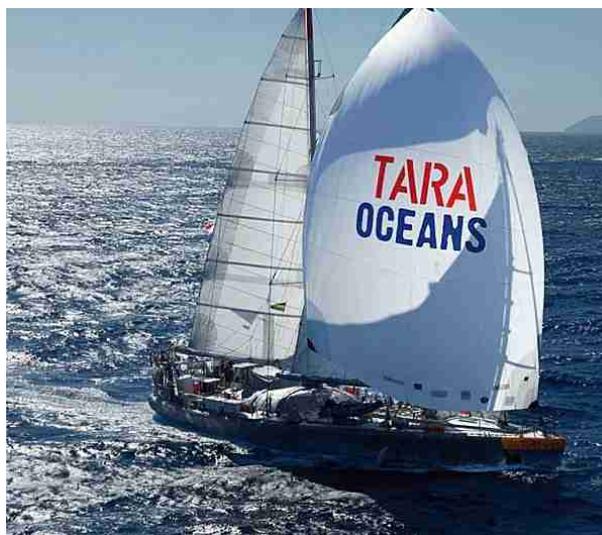


Figure 1. La goélette *Tara* pendant l'expédition *Tara Océans* (<https://oceans.taraexpeditions.org>).

de la collecte ;

- métagénomique : caractérisation de l'ensemble des génomes présents dans l'échantillon environnemental.

Des échantillons d'eau préservés grâce à du paraformaldéhyde ont été utilisés pour la microscopie à haute résolution, tandis que d'autres ont été fixés dans de l'éthanol ou du lugol, pour permettre d'examiner les populations ultérieurement, pour des projets auxquels nous n'avons pas encore pensé.

2. Le programme éducatif de l'expédition *Tara Océans*

En parallèle de ces activités de recherche, le projet *Tara Océans* a visé aussi à sensibiliser le grand public aux problématiques liées au changement climatique, à travers de nombreux ateliers, visites à bord, outils pédagogiques disponibles sur leur site et validés par des scientifiques. Enfin, la science a été aussi mise au service de la gouvernance climatique : en tant qu'observateur spécial à l'ONU, l'expédition *Tara Océans* a mobilisé les décideurs politiques au plus haut niveau.

Notes académiques de l'Académie d'agriculture de France
 Academic Notes from the French Academy of Agriculture
 (N3AF)
 Note de synthèse



Figure 3. Trajet de la goélette Tara. Au total, 40 000 échantillons d'eau de mer et de plancton ont été prélevés dans 210 stations réparties dans 20 provinces biogéographiques sur plus de 140 000 km (<https://oceans.taraexpeditions.org>).

3. L'expédition Tara Océans et la génétique

Le séquençage ADN à haut débit a ouvert la porte à l'exploration, à la fois qualitative et quantitative, de la diversité génétique d'échantillons environnementaux. Elle a permis de comprendre qui est là, qui fait quoi, et quel est le répertoire de gènes présent dans l'océan.

3.1 Qui est là ?

L'exploration de la diversité génétique des échantillons s'est fondée sur l'utilisation de différentes technologies moléculaires.

Barcoding moléculaire (DNA barcoding) : La phylogénie des micro-organismes a longtemps été fondée sur des caractères morphologiques et biochimiques. Récemment les marqueurs moléculaires (codes-barres, ou *barcodes*) ont été utilisés pour reconstruire l'histoire évolutive des organismes vivants, en se fondant sur l'idée – simplifiée – que plus deux organismes sont distants évolutivement, plus la différence entre leur séquence génomique sera grande. *Stricto sensu*, un code-barre ADN est une courte séquence (typiquement 100 à 400 paires de bases) correspondant à une portion

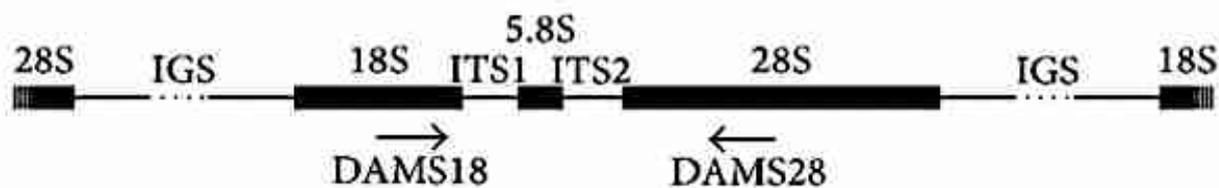


Figure 4. Structure d'un ADNr eucaryote. Organisation typique d'une batterie (cluster) d'ADNr chez les eucaryotes. Les gènes 18S, 5,8S et 28S codent les ARN ribosomiaux ; ITS1 et ITS2 sont les espaceurs internes transcrits (internal transcribed spacers). Les espaceurs intergéniques (IGS : intergenic spacers) séparent les nombreuses copies de ces gènes (Zagoskin et al., 2014).

Note de synthèse

standard du génome (par exemple, l'ADN ribosomal 18S), qui peut être utilisée pour identifier les espèces, comme un code-barre utilisé au supermarché, faisant la relation entre le produit (la séquence) et son prix (l'identification de l'espèce). Cette séquence est choisie sur la base de critères précis (Valentini *et al.*, 2009) : la variabilité intra-espèce doit être faible (cette séquence doit être quasi identique chez tous les organismes de la même espèce) et la variabilité inter-espèces doit être grande (afin qu'on puisse différencier deux espèces différentes sur la base de leur séquence).

Les marqueurs moléculaires ADN les plus utilisés pour la reconstruction phylogénétique sont les gènes qui codent les ARNr des sous-unités ribosomales, ou ADNr. Chez la majorité des eucaryotes, l'ARNr 18S est présent dans la petite sous-unité ribosomale, tandis que la grande sous-unité contient trois molécules d'ARNr (5S, 5,8S, 28S chez les mammifères et 25S chez les plantes). Les gènes codant les ARNr sont souvent regroupés en batterie (*cluster*), et séparés par des espaceurs internes transcrits (*internal transcribed spacers*, ITS1 et ITS2) et un espaceur intergénique (IGS) (Figure 4).

Metabarcoding. L'impact des codes-barres comme outils moléculaires va bien au-delà d'une phylogénie à plus grande résolution des espèces connues : conservation, découverte d'espèces, et écologie des communautés en bénéficient (Kress *et al.*, 2015 ; Bucklin *et al.*, 2016). Grâce à l'avènement du séquençage à haut débit, le *barcoding* moléculaire (DNA *barcoding*) est devenu un outil répandu pour l'écologie des communautés eucaryotes (et procaryotes !) à travers une méthode connue sous le nom de *metabarcoding*, « meta » exprimant l'idée que le *barcoding* moléculaire est réalisé non pas sur une seule espèce mais sur un ensemble d'espèces provenant d'échantillons environnementaux.

Plus formellement, le *metabarcoding* ADN fait référence à l'identification automatisée de plusieurs espèces provenant d'un même échantillon contenant les organismes entiers, ou d'un échantillon environnemental qui contient de

l'ADN dégradé (du sol, de l'eau, fèces, etc.) (Taberlet *et al.*, 2012). Un bon code-barre pour une étude de *metabarcoding* moléculaire (comme l'ADNr 18S) doit (i) correspondre à une portion de gènes quasi identiques au sein des individus de la même espèce, mais qui diffèrent entre espèces, (ii) être utilisables pour toutes les espèces considérées dans l'étude, (iii) permettre l'assignation taxonomique et (iv) ce, à différents niveaux taxonomiques (Valentini *et al.*, 2009). Après extraction de l'ADN de l'échantillon, son amplification par PCR (*polymerase chain reaction* ; amplification en chaîne par polymérase) est réalisée en utilisant des amorces nucléotidiques dites « universelles », ce qui permet d'amplifier spécifiquement la portion d'ADN choisie (par exemple, l'ADNr 18S) de tous les organismes présents.

Comment construire ces amorces universelles ? L'idée est de partir des séquences d'ADNr 18S déjà connues et de comparer ces séquences (on parle d'alignements) entre divers organismes. Cette démarche a permis d'identifier une région de l'ARNr 18S appelée V9, longue de 130 paires de bases, dont les extrémités sont très conservées chez tous les organismes connus (Amaral-Zettler *et al.*, 2009).

Les extrémités de cette séquence peuvent donc servir de point d'ancrage pour les amorces durant la PCR. Il est toutefois possible que ces amorces ne détectent pas certains micro-organismes absents des bases de données de référence, et qui auraient une séquence V9 relativement différente de celle des autres eucaryotes. C'est ainsi que des recherches ont montré que des amorces, que l'on pensait universelles, ne l'étaient pas en réalité.

Le produit PCR final est donc un mélange de toutes les séquences V9 des organismes dans l'échantillon analysé. Chacune des copies est ensuite séquencée : on obtient ainsi l'ensemble de la diversité des séquences V9 de notre échantillon. Les séquences présentant un degré de similarité de 97 % ou plus sont regroupées en unités taxonomiques opérationnelles (UTO, ou OTU en anglais pour *operational taxonomic unit*) (Blaxter *et al.*, 2005).

Il faut ensuite faire correspondre une espèce à

Note de synthèse

chaque UTO. Cette assignation taxonomique se fait en comparant les UTO de l'échantillon avec des bases de données d'organismes de référence. L'idée est de voir de quelle séquence connue l'UTO se rapproche le plus, et dans quelle proportion. Le degré de similarité permettra de donner avec un certain degré de certitude un nom d'espèce, ou de genre, ou de famille. Si une UTO a une séquence 100 % identique à une espèce de nom connu, on lui attribue l'identité de cette espèce. Parfois, cependant, les séquences ne sont pas assez similaires : on s'arrête donc au niveau du genre et non de l'espèce. Seul *hic*, plus de 40 % des UTO déterminées dans le cadre de l'expédition *Tara Océans* sont totalement nouvelles et ne correspondent à aucune espèce connue. On sait simplement qu'il s'agit d'eucaryotes, mais il est quasiment impossible de les placer dans un arbre phylogénétique.

Il faut noter que ces technologies de *metabarcoding* moléculaire évoluent aussi vite que baisse le prix du séquençage de l'ADN. De fait, d'autres marqueurs plus longs, tels le marqueur V4 présent dans l'ARNr 18S (Sun *et al.*, 2014), de 380 paires de bases, auparavant trop chers, sont maintenant accessibles. Leur plus grande taille augmente la résolution de la phylogénie.

Aujourd'hui, et principalement pour le domaine procaryote, d'autres approches s'appuient sur les séquençages de génomes entiers, ou métagénomique. Au lieu d'utiliser des amorces spécifiques, l'ensemble des génomes dans l'échantillon environnemental est alors séquencé. La première étape, après extraction de l'ADN, consiste à fragmenter tous les ADNs présents dans l'échantillon en morceaux très courts puis à les séquencer ; on parle de *shotgun sequencing*, ou séquençage aléatoire. Par la suite, les fragments séquencés sont assemblés bio-informatiquement à partir des régions chevauchantes, afin de reconstruire les génomes d'origine.

Il est possible d'identifier des portions clefs (les codes-barres) *a posteriori*, nommés « mitags » (Logares *et al.*, 2014), sur la base de leur ressemblance avec d'autres codes-barres de la même famille. On identifie ainsi une portion du

génomé séquencé qui ressemble à l'ADNr 16S (pour les procaryotes) ou 18S (pour les eucaryotes). La démarche est donc différente de celle du *metabarcoding* où ces régions étaient ciblées *a priori* par la PCR. L'approche mitags permet ainsi d'identifier les codes-barres au sein des génomes, mais aussi les gènes présents.

3.2. Qui fait quoi et qui peut faire quoi ?

Au-delà de faire un inventaire des espèces présentes, l'échantillonnage réalisé par l'expédition *Tara Océans* a aussi eu recours aux techniques de métatranscriptomique. Celles-ci permettent de rendre compte des gènes exprimés dans l'échantillon en séquençant les ARN messagers (ARNm). Pour étudier spécifiquement les transcrits eucaryotes, il est possible de sélectionner uniquement les ARNm polyadénylés (dotés en 3' d'une queue faite d'une succession d'adénosines, absente chez les procaryotes).

Ces ARNm sont ensuite rétrotranscrits en présence d'une transcriptase inverse, et les ADN complémentaires obtenus sont séquencés, et leurs séquences comparées à celles présentes dans les bases de données de référence, ce qui peut permettre à la fois de préciser une annotation fonctionnelle (de quels gènes ces transcrits proviennent-ils, à quoi peuvent-ils servir ?) et taxonomique (de quels organismes ces transcrits proviennent-ils ?). C'est le « qui fait quoi », décrit en détail par Carradec *et al.* (2018).

En parallèle, le séquençage métagénomique rend compte de l'ensemble des gènes non pas exprimés, mais présents dans l'échantillon. Ce type de séquençage informe sur le potentiel génétique de la communauté d'organismes de l'échantillon, c'est le « qui peut faire quoi », mais ne le fait pas forcément. Cette approche au potentiel considérable a de nombreuses limitations techniques.

À l'époque de l'expédition *Tara Océans*, la taille des fragments d'ADN pouvant être séquencés à haut débit dépassait à peine les 500 paires de

Note de synthèse

base. Si l'on considère par exemple le génome d'une diatomée (phytoplancton abondant), qui fait environ 30 millions de paires de bases, cela signifie qu'il faut séquencer au minimum 60 000 fragments d'ADN pour reconstituer ce génome complet. En pratique, les analyses ne sont jamais réalisées sur un seul individu, notamment parce qu'il faut disposer de fragments d'ADN qui se chevauchent pour pouvoir reconstituer l'ordre des séquences. En réalité, le séquençage est donc réalisé à partir d'un mélange de fragments d'ADN provenant d'individus différents. Il n'est donc pas possible de se limiter au séquençage de 60 000 fragments au hasard, sans quoi certaines parties du génome de notre diatomée auront été séquencées plusieurs fois. En revanche, dans d'autres cas, le génome reconstitué comporte des « trous ». Pour pallier cette difficulté, on séquence l'équivalent non pas d'un seul génome (60 000 fragments), mais, par exemple, de 20 génomes (soit 1 200 000 fragments !).

À l'époque de l'expédition *Tara Océans*, le séquençage des génomes de plusieurs centaines ou milliers d'espèces présentes dans un échantillon d'eau semblait une tâche démesurée. Et pour cause, la majorité des gènes identifiés (plus de 50 %) n'ont aucune homologie avec les gènes répertoriés dans les banques de données actuelles, soulevant ainsi de nombreuses questions. Les défis en termes d'assemblage et d'annotation sont redoutables, mais des progrès sont réalisés chaque année.

4. Grands principes d'échantillonnage lors de l'expédition *Tara Océans*

Pour chacune des 210 stations de l'expédition *Tara Océans* (Figure 3), l'échantillonnage s'est fait à deux profondeurs. La première est la couche d'eau de surface (SUR), définie comme la couche de trois à sept mètres sous la surface. La seconde est la couche dite *deep chlorophyll maximum* (DCM) qui correspond à la zone d'abondance maximale du plancton photosynthétique, déterminée grâce à la mesure de la concentration en chlorophylle par fluorimétrie.

Pour chaque station, l'échantillonnage s'est fait

sur plusieurs fractions de taille d'organismes. Le plancton prélevé pendant l'expédition *Tara Océans* a couvert six ordres de grandeur en termes de tailles, qui correspondent aux virus, virus géants (giant virus ou girus), procaryotes (bactéries et archées), eucaryotes unicellulaires (protistes), et eucaryotes pluricellulaires (comme les copépodes). Les cellules des protistes mesurent entre 0,8 et 2000 micromètres. Des filets, de tailles de mailles appropriées, ont été utilisés afin de créer plusieurs fractions de tailles : 0,8-5 micromètres, 5-20 micromètres, 20-180 micromètres, 180-2000 micromètres.

Pour chaque station, une analyse morphologique a été réalisée pour différentes classes d'organismes. D'une part, des systèmes de reconnaissance automatisés tels le FlowCam (<https://www.embrc-france.fr/fr/prestation/flowcam>) et le ZooScan (<https://www.embrc-france.fr/fr/prestation/zooscan>) ont permis des mesures quantitatives de la biodiversité d'organismes allant de 20 micromètres à quelques centimètres. D'autre part, la microscopie confocale 3D et la microscopie électronique à transmission ont permis des analyses ultra-structurales détaillées des petits protistes.

Le projet *Tara Océans* a utilisé de nombreuses nouvelles technologies et outils d'analyse pour effectuer la première collecte de données à l'échelle planétaire, qui couple biogéographie, écologie, génétique et morphologie, regroupant une communauté internationale de scientifiques issus de disciplines bien différentes : écologistes marins, microbiologistes, océanographes, statisticiens, biogéochimistes, informaticiens, ingénieurs (Figure 5).

5. Quelques découvertes de l'expédition *Tara Océans*

5.1 La découverte de plus de 100 000 types de protistes dans le plancton mondial enrichit notre compréhension des écosystèmes marins (de Vargas *et al.*, 2015)

Après trois ans de navigation et d'étude des zones baignées de lumière des océans

Notes académiques de l'Académie d'agriculture de France
 Academic Notes from the French Academy of Agriculture
 (N3AF)
 Note de synthèse

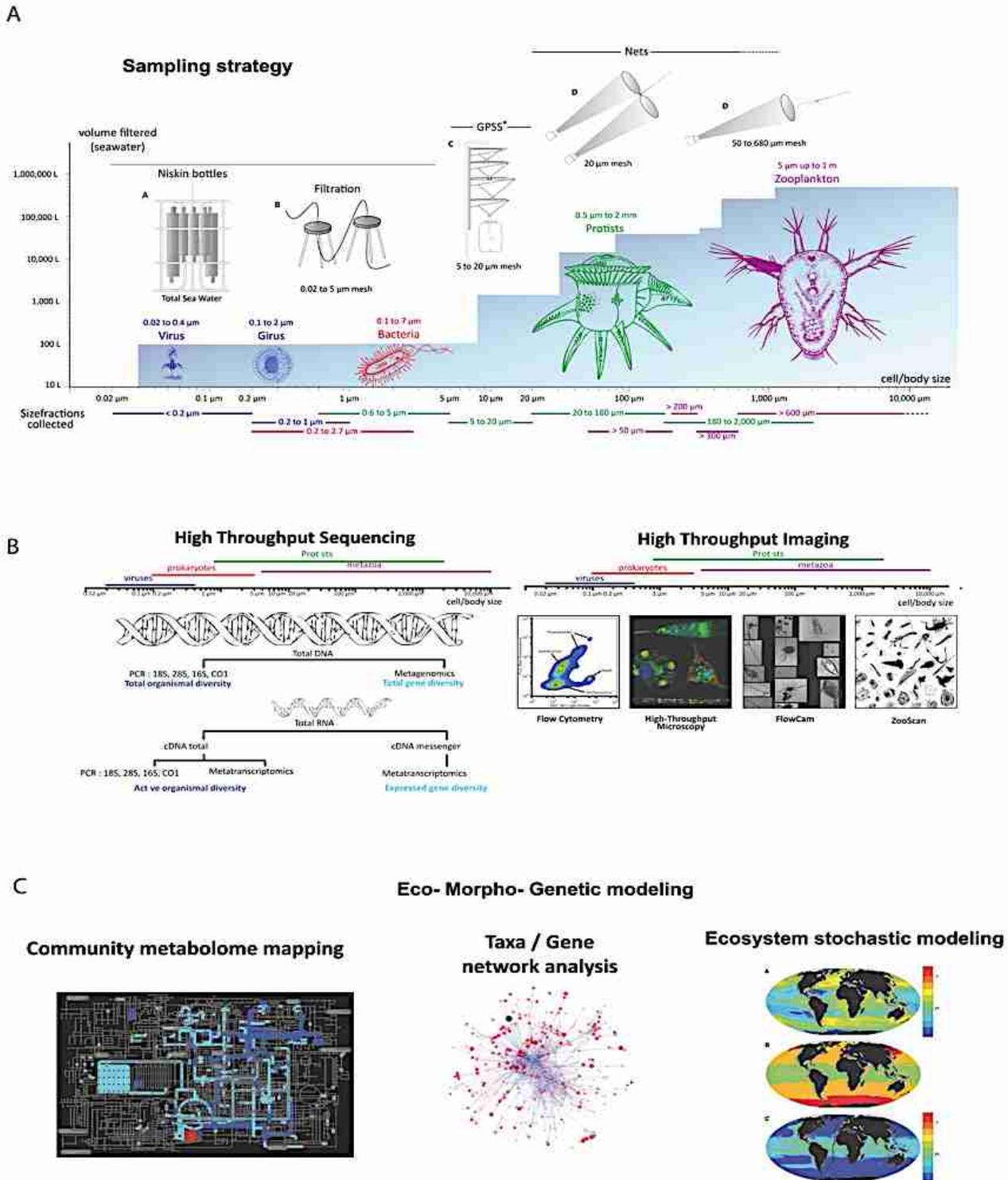


Figure 5. Méthodes d'échantillonnage et d'analyse mises en œuvre lors de l'expédition Tara Océans. (A) Méthode pour échantillonner des organismes par fractions de tailles. Le fond bleu représente le volume d'eau filtré afin d'obtenir suffisamment de biomasse pour l'analyse. (B) Méthode de traitement des échantillons : les images à droite proviennent de Tara Océans. (C) Séquençage à haut débit et imagerie quantitative apportent des données sur l'évolution, le métabolisme et les interactions entre les organismes, et permettent de reconstruire les métabolomes de la communauté, des réseaux de gènes et d'organismes, ainsi que des modèles de distribution spatiale d'espèces (Karsenti et al., 2011).

Note de synthèse

planétaires, les chercheurs de l'expédition *Tara Océans* ont dévoilé une diversité insoupçonnée chez les organismes unicellulaires eucaryotes aussi nommés protistes. Le séquençage de près d'un milliard de codes-barres génétiques a montré que les protistes sont largement plus diversifiés que les bactéries ou les animaux, et que la plupart d'entre eux appartiennent à des groupes peu connus de parasites, de symbiotes, et de prédateurs en tous genres. Ces résultats changent radicalement notre vision de la diversité biologique et fonctionnelle du plancton mondial, écosystème-clef pour le fonctionnement de notre biosphère.

Dans cette étude, les chercheurs ont déchiffré et analysé près d'un milliard de séquences d'ADN ribosomique, issues de 221 sites d'échantillonnage, qui correspondent à des marqueurs de la biodiversité des eucaryotes, des plus petits organismes unicellulaires (< 1 micromètre) aux animaux planctoniques de quelques millimètres (de Vargas *et al.*, 2015).

La grande quantité de codes-barres génétiques produite a tout d'abord permis de caractériser la quasi-totalité des espèces eucaryotes du plancton de la zone photique analysée. 150 000 types génétiques de plancton eucaryote ont été mis en évidence, ce qui représente une diversité insoupçonnée par rapport aux 11 000 espèces décrites jusqu'à présent.

Il est apparu que la grande majorité des types génétiques répertoriés n'a pas de référent proche dans les bases de données génétiques actuelles, démontrant que ces organismes sont pour la plupart non-répertoriés et non cultivables. Un tiers de la diversité génétique n'a pu être associé à aucune des grandes lignées eucaryotes reconnues aujourd'hui.

Parmi les types génétiques pouvant être classés dans l'arbre de la vie eucaryote, la plupart se sont révélés correspondre à des organismes unicellulaires ou protistes, avec une diversité phénoménale de parasites, d'espèces symbiotiques, et de prédateurs en tout genre. Les organismes photosynthétiques étaient, quant à eux, bien moins diversifiés, plus petits, et représenteraient une biomasse largement plus faible.

5.2. Mise en évidence de la structure et de la fonction du microbiome océanique (Sunagawa *et al.*, 2015)

Les virus et les microorganismes (< 3 micromètres) dominant numériquement les écosystèmes planctoniques marins avec 10 à 100 milliards de cellules dans chaque millilitre d'eau de mer. Leur rôle majeur dans les grands processus biogéochimiques est bien connu, et il est donc important de cataloguer leur diversité biologique et fonctionnelle et de comprendre comment ils sont affectés par leur environnement. Ces questions ont été abordées pour la première fois à l'échelle planétaire grâce à la métagénomique, c'est-à-dire au séquençage massif du matériel génétique issu de communautés entières de micro-organismes. Les communautés de micro-organismes de tailles variées et vivant à différentes profondeurs ont été prélevées dans l'ensemble des océans planétaires et des relevés de plusieurs paramètres physicochimiques de leur environnement ont été effectués en parallèle.

La quantité d'ADN séquençé a été équivalente à environ deux millions de génomes bactériens, ou à peu près deux mille génomes humains. Le catalogue de gènes issu de ces travaux comprend 40 millions de gènes de virus, de procaryotes et de pico-eucaryotes marins, nouveaux pour la plupart (> 80 %). Ce catalogue a permis de cartographier la diversité fonctionnelle des micro-organismes océaniques et il constitue une ressource fondamentale pour de nombreuses études scientifiques à venir.

Une première analyse a, par exemple, permis de dégager quels sont les paramètres environnementaux qui influencent la formation des communautés de micro-organismes dans la zone baignée de lumière des océans. Elle a, en particulier, permis d'identifier la température comme un des facteurs les plus importants. Ces résultats impliquent que le réchauffement climatique pourrait avoir un fort impact sur ces communautés, invisibles à l'œil nu, et dont l'activité photosynthétique est à la base des chaînes alimentaires marines.

Note de synthèse

Par ailleurs, une comparaison entre les familles de gènes présentes dans les communautés océaniques de micro-organismes et celles présentes dans le système digestif humain a montré que plus de la moitié sont partagées, indiquant des principes communs de la vie microbienne dans ces deux écosystèmes aussi distincts (Sunagawa *et al.*, 2015).

En conclusion, ce nouveau catalogue planétaire de gènes de micro-organismes marins représente un outil indispensable pour mieux comprendre la biodiversité et la fonction du plancton, et ce plus particulièrement dans le contexte du changement climatique.

5.3 La cartographie des interactions planctoniques met en évidence le rôle majeur des parasites (Lima-Mendez *et al.*, 2015)

Si la biodiversité des communautés microscopiques qui sont à la base de la vie marine commence à être bien répertoriée, la structure et la dynamique de ces communautés restent mal connues. Les micro-organismes planctoniques interagissent de différentes façons (compétition, collaboration, prédation, symbiose, parasitisme), formant de gigantesques chaînes alimentaires qui affectent des processus majeurs tels que la séquestration du carbone et la photosynthèse. Cependant la plupart de ces interactions étaient jusqu'à présent largement inconnues.

Dans cette étude, les chercheurs de l'expédition *Tara Océans* se sont intéressés à la cartographie des réseaux d'interaction entre espèces de plancton dans la zone photique, et à la façon dont la structure et la composition des communautés planctoniques sont façonnées par des facteurs biotiques (interactions entre espèces) et abiotiques (conditions environnementales et disponibilité en nutriments). Ils ont mis au point de nouveaux modèles, afin de prédire les interactions au sein des communautés planctoniques. Grâce à l'analyse des échantillons prélevés lors de l'expédition avec des techniques de microscopie de pointe, les chercheurs ont ensuite confirmé que les interactions prédites par

les modèles étaient bien réelles dans les communautés observées (Lima-Mendez *et al.*, 2015).

Les analyses dites de « réseaux de co-abondance », ou « réseaux de co-expression de gènes », ont montré que les associations au sein du plancton ne sont pas réparties de façon aléatoire et que les facteurs abiotiques ont des effets plus limités que prévu sur la structure des communautés. Les résultats ont souligné le rôle des interactions biotiques (relation de type *top-down*, où les ressources sont régulées par les consommateurs) dans la zone supérieure de l'océan et, notamment, celui du parasitisme : les interactions parasitiques étaient les plus abondantes dans le réseau généré par informatique, et elles ont également été observées de façon répétée dans les échantillons. La fréquence élevée du parasitisme chez les micro-organismes océaniques constitue l'observation la plus importante de cette étude ; elle semble indiquer que les parasites jouent un rôle majeur et largement sous-estimé dans l'écologie du plancton marin.

Cette première cartographie globale des interactions planctoniques constitue la matière première qui permettra de savoir comment les symbiotes, pathogènes, prédateurs et parasites interagissent avec leurs organismes cibles, d'élucider le fonctionnement des chaînes alimentaires et la circulation des flux de nutriments et d'énergie, pour, à terme, mieux comprendre et prédire la dynamique des écosystèmes océaniques.

5.4. L'expédition *Tara Océans* révèle que l'océan Arctique est le berceau de la biodiversité virale (Grégory *et al.*, 2019)

Les micro-organismes déterminent la plupart des écosystèmes et sont modulés par les virus, qui affectent leur durée de vie, flux génétique et production métabolique. Cependant les impacts de la diversité virale au niveau écosystémique restent difficiles à évaluer, en raison de problèmes de classification. L'expédition *Tara Océans* a établi ici un jeu de données, plus que

Note de synthèse

décuplé, de l'ADN du virome de l'océan mondial, comprenant désormais 195 728 populations virales, dont celles de l'océan Arctique. Ces données ont permis de démontrer que ces populations forment des groupes génotypiques discrets. Les analyses métacommunautaires ont révélé cinq zones écologiques à travers l'océan mondial, y compris deux régions arctiques distinctes. Entre ces zones, des caractéristiques et moteurs locaux et mondiaux de la communauté virale ont été établis, tant au niveau de la macrodiversité (diversité interpopulations) que de la microdiversité (variations génétiques intrapopulations). Ces caractéristiques sont parfois, mais pas toujours, similaires à celles des macro-organismes. Elles ont, de plus, révélé que les eaux de surface des régions tempérées, tropicales et arctiques, constituent des points chauds de la diversité biologique et elles ont permis de formuler des hypothèses mécanistiques susceptibles d'expliquer ces phénomènes. Cette nouvelle compréhension des virus océaniques est essentielle pour une intégration plus large dans les modèles écosystémiques (Gregory et al., 2019).

Conclusion

Le succès de l'expédition *Tara Océans* a largement reposé sur une étroite collaboration entre scientifiques et membres de l'équipe logistique de *Tara Expeditions* (<https://oceans.taraexpeditions.org>). Le voyage impliquait non seulement des activités scientifiques, mais également la sensibilisation et l'éducation du public, la négociation à travers les nombreux règlements juridiques et politiques, l'appréhension des incertitudes en matière de financement, les menaces des pirates et les conditions météorologiques imprévisibles. À divers moments, des journalistes, des artistes et des enseignants étaient également à bord. Parmi les visiteurs figuraient de nombreux jeunes, y compris des écoliers des favelas de Rio de Janeiro.

À ce jour, plus de 130 publications émanent directement de l'analyse des données générées par l'expédition *Tara Océans*, dont cinq articles



Figure 6. Couverture du numéro spécial de la revue *Science* consacré en 2015 à l'expédition *Tara Océans*. Voir les publications marquées d'un astérisque dans les références bibliographiques.

fondateurs ayant fait l'objet d'un numéro spécial, intitulé *Tara Océans*, de la revue *Science* en 2015 (interrogation de la base de données *ISI Web of Science* sur la période 2009-2019 en utilisant les seuls termes « *Tara oceans* » ; 25 novembre 2019) (Figure 6).

Qu'elle s'intéresse à la diversité des virus, des bactéries, du phytoplancton, au lien entre cet écosystème planctonique et l'export de carbone ou encore à l'évolution de ces microorganismes dans nos océans, l'avalanche de résultats permet d'affirmer que ces données constituent une mine d'or.

Les études représentent aussi bien une démarche scientifique traditionnelle, avec formulation d'hypothèses et validation expérimentale, que de nouvelles approches dites *data driven*. L'idée de celles-ci est de laisser les données parler par elles-mêmes pour

Note de synthèse

nous indiquer des pistes de recherches auxquelles nous n'aurions pas forcément pensé, tant la nature est plus créative que le cerveau humain.

S'engager dans une telle aventure, avec une manne de données si colossale et complexe, suppose de repenser les façons de faire de la recherche scientifique au 21^e siècle. D'une part, au sein du consortium, cela impose d'être collaboratif et interdisciplinaire. La force de ce jeu de données réside dans sa capacité à coupler génétique, morphologie, biogéochimie et physique de l'océan à grande échelle spatiale.

La taille d'un tel jeu de données impose aux scientifiques d'oublier un instant leur jargon respectif et d'établir un langage commun pour exprimer simplement leurs idées et aboutir à des questionnements qui gommant les frontières disciplinaires. D'autre part, il serait illusoire de penser un instant qu'un groupe de 100 scientifiques, tel celui ayant engendré les données durant l'expédition *Tara Océans*, suffirait à exploiter ces données dans leur intégralité. Ainsi ces ressources sont rendues accessibles, facilement utilisables et compréhensibles, afin que chaque scientifique, où qu'il soit, puisse les analyser librement.

Dans une époque où les données sont plus que jamais monétisées et la science de plus en plus appliquée, *Tara Océans* nage à contre-courant en donnant librement accès, au nom de l'amélioration de nos connaissances, à la diversité du plus grand écosystème de la planète : l'océan.

Remerciements

Cet article a fait l'objet d'un dossier récent dans *Planet-Vie* (Ressources en sciences de la vie pour les enseignants ; <https://planet-vie.ens.fr>) qui a autorisé la publication du présent article modifié et étendu : F Vincent (2019), Plancton, la nouvelle frontière, *Planet-Vie*.

Références

Amaral-Zettler LA, McCliment EA, Ducklow HW,

Huss SM. 2009. A method for studying protistan diversity using massively parallel sequencing of V9 hypervariable regions of small-subunit ribosomal RNA genes, *PLoS One*, 4, e6372.

Blaxter M, Mann J, Chapman T, Thomas F, Whitton C., Floyd R, Eyualem A. 2005. Defining operational taxonomic units using DNA barcode data, *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360, 1935–1943.

Brum JR, Cesar Ignacio-Espinoza J, Roux S, Doulier G, Acinas SG, Alberti A., Chaffron S, Cruaud C, de Vargas C, Gasol JM, Gorsky G, Gregory AC, Guidi L, Hingamp P, Ludicone D, Not F, Ogata H, Pesant S, Poulos BT, Schwenck SM, Speich S, Dimier C, Kandels-Lewis S, Picheral M, Searson S, Bork P, Bowler C, Sunagawa S, Wincker P, Karsenti E, Sullivan MB. 2015. Patterns and ecological drivers of ocean viral communities, *Science*, 348, 1261498.

Bucklin A, Lindeque PK, Rodriguez-Ezpeleta N, Albaina A, Lehtiniemi M. 2016. Metabarcoding of marine zooplankton: prospects, progress and pitfalls, *Journal of Plankton Research*, 38, 393–400.

Carradec Q, Pelletier E., Da Silva C., Alberti A., Seeleuthner Y., Blanc-Mathieu R., Lima-Mendez G, Rocha F, Tirichine L, Labadie K, Kirilovsky A, Bertrand A, Engelen S, Madoui MA, Meheust R, Poulain J, Romac S, Richter DJ, Yoshikawa G, Dimier C, Kandels-Lewis S, Picheral M, Searson S, Jaillon O, Aury JM, Karsenti E, Sullivan MB, Sunagawa S, Bork P, Not F, Hingamp P, Raes J, Guidi L, Ogata H, de Vargas, C, Ludicone D, Bowler C, Wincker P. 2018. A global ocean atlas of eukaryotic genes, *Nature Communications*, 9, 1038.

Field CB. 1998. Primary production of the biosphere: integrating terrestrial and oceanic components, *Science*, 281, 237–240.

Gregory AC, Zayed AA, Conceição-Neto N, Temperton B, Bolduc B, Alberti A, Ardyna M,

Note de synthèse

- Arkipova K, Carmichael M, Cruaud C, Dimier C, Domínguez-Huerta G, Ferland J, Kandels S, Liu Y, Marec C, Pesant S, Picheral M, Pisarev S, Poulain J, Tremblay JÉ, Vik D; Tara Oceans Coordinators, Babin M, Bowler C, Culley AI, de Vargas C, Dutilh B, Iudicone D, Karp-Boss L, Roux S, Sunagawa S, Wincker P, Sullivan MB. 2019. Marine DNA viral macro- and microdiversity from pole to pole, *Cell*, 177, 1109-1123.e1.
- Karsenti E, Acinas SG, Bork P, Bowler C, De Vargas C, Raes J, Sullivan M, Arendt D, Benzoni F, Claverie JM, Follows M, Gorsky G, Hingamp P, Iudicone D, Jaillon O, Kandels-Lewis S, Krzic U, Not F, Ogata H, Pesant S, Reynaud EG, Sardet C, Sieracki ME, Speich S, Velayoudon D, Weissenbach J, Wincker P, Tara Oceans Consortium. 2011. A holistic approach to marine eco-systems biology, *PLoS Biology*, 9, e1001177.
- Kress WJ, Erickson DL, Uriarte M, Garci C. 2015. DNA barcodes for ecology, evolution, and conservation, *Trends in Ecology & Evolution*, 30, 25-35.
- Lecointre G, Le Guyader H. 2016. *Classification phylogénétique du vivant* - Tome 1, Editions Belin, Collection Nature, 584 pp.
- Lima-Mendez G, Faust K, Henry N, Decelle J, Colin S, Carcillo F, Chaffron S, Ignacio-Espinosa JC, Roux S, Vincent F, Bittner L, Darzi Y, Wang J, Audic S, Berline L, Bontempi G, Cabello AM, Coppola L, Cornejo-Castillo FM, d'Ovidio F, De Meester L, Ferrera I, Garet-Delmas M, Guidi L, Lara E, Pesant S, Royo-Llonch M, Salazar G, Sánchez P, Sebastian M, Souffreau C, Dimier C, Picheral M, Searson S, Kandels-Lewis S; Tara Oceans coordinators, Gorsky G, Not F, Ogata H, Speich S, Stemmann L, Weissenbach J, Wincker P, Acinas SG, Sunagawa S, Bork P, Sullivan MB, Karsenti E, Bowler C, de Vargas C, Raes J. 2015. Ocean plankton. Determinants of community structure in the global plankton interactome, *Science*, 348, 1262073.
- Logares R, Sunagawa S, Salazar G, Cornejo-Castillo FM, Ferrera I, Sarmiento H, Hingamp P, Ogata H, de Vargas C, Lima-Mendez G, Raes J, Poulain J, Jaillon O, Wincker P, Kandels-Lewis S, Karsenti E, Bork P, Acinas SG. 2014. Metagenomic 16S rDNA Illumina tags are a powerful alternative to amplicon sequencing to explore diversity and structure of microbial communities, *Environmental Microbiology*, 16, 2659-2671.
- Sun C, Zhao Y, Li H, Dong Y, Maclsaac HJ, Zhan A. 2015. Unreliable quantitation of species abundance based on high-throughput sequencing data of zooplankton communities, *Aquatic Biology*, 24, 9-15.
- Sunagawa S, Coelho LP, Chaffron S, Kultima JR, Labadie K, Salazar G, Djahanschiri B, Zeller G, Mende DR, Alberti A, Cornejo-Castillo FM, Costea PI, Cruaud C, d'Ovidio F, Engelen S, Ferrera I, Gasol JM, Guidi L, Hildebrand F, Kokoszka, F, Lepoivre C, Lima-Mendez G, Poulain J, Poulos BT, Royo-Llonch M, Sarmiento H, Vieira-Silva S, Dimier C, Picheral M, Searson S, Kandels-Lewis S, Bowler C, de Vargas C, Gorsky G, Grimsley N, Hingamp P, Iudicone D, Jaillon O, Not F, Ogata H, Pesant S, Speich S, Stemmann L, Sullivan MB, Weissenbach J, Wincker P, Karsenti E, Raes J, Acinas SG, Bork P. 2015. Structure and function of the global ocean microbiome, *Science*, 348, 1261359.
- Taberlet P, Coissac E, Pompanon F, Brochmann C, Willerslev E. 2012. Towards next generation biodiversity assessment using DNA metabarcoding, *Molecular Ecology*, 21, 2045-2050.
- Valentini A, Pompanon F, Taberlet P. 2009. DNA barcoding for ecologists, *Trends in Ecology & Evolution*, 24, 110-117.
- de Vargas C, Audic S, Henry N, Decelle J, Mahe F, Logares R, Lara E, Berney C, Le Bescot N, Probert I, Carmichael M, Poulain J, Romac S, Colin S, Aury JM, Bittner L, Chaffron S, Dunthorn M, Engelen S, Flegontova O, Guidi L, Horak A, Jaillon O, Lima-Mendez G, Lukes J, Malviya S, Morard R, Mulot M, Scalco E, Siano R, Vincent

Note de synthèse

F, Zingone A, Dimier C, Picheral M, Searson S, Kandels-Lewis S, Acinas SG, Bork P, Bowler C, Gorsky G, Grimsley N, Hingamp P, Iudicone D, Not F, Ogata H, Pesant S, Raes J, Sieracki ME, Speich S, Stemmann L, Sunagawa S, Weissenbach J, Wincker P, Karsenti E. 2015. Eukaryotic plankton diversity in the sunlit ocean, *Science*, 348, 1261605.

Villar E, Farrant GK, Follows M, Garczarek L, Speich S, Audic S, Bittner L, Blanke B, Brum JR, Brunet C, Casotti R, Chase A, Dolan JR, d'Ortenzio F, Gattuso JP, Grima N, Guidi L, Hill CN, Jahn O, Jamet JL, Le Goff H, Lepoivre C, Malviya S, Pelletier E, Romagnan JB, Roux S, Santini S, Scalco E, Schwenck SM, Tanaka A, Testor P, Vannier T, Vincent F, Zingone A, Dimier C, Picheral M, Searson S, Kandels-Lewis S; Tara Oceans Coordinators, Acinas SG, Bork P, Boss E, de Vargas C, Gorsky G, Ogata H, Pesant S, Sullivan MB, Sunagawa S, Wincker P, Karsenti E, Bowler C, Not F, Hingamp P, Iudicone D. 2015. Ocean plankton. Environmental characteristics of Agulhas rings affect interocean plankton transport, *Science*, 348, 1261447.

Vincent F. 2019. *Plancton, la nouvelle frontière*, Planet-Vie (ed. Combemorel P), thématique Ecologie, planet-vie.ens.fr/thematiques/ecologie/biodiversite/plancton-la-nouvelle-frontiere.

Zagoskin M, Lazareva V, Grishanin A, Mukha D. 2014. Phylogenetic information content of Copepoda ribosomal DNA repeat units: ITS1 and ITS2 impact, *BioMed Research International*, 2014, 926342.

*Special Issue Tara Oceans. 2015. *Science*.

Edité par

Dominique Job, directeur de recherche émérite au CNRS, membre de l'Académie d'agriculture de France.

Rapporteurs

Brigitte Meunier, directrice de recherche CNRS au Laboratoire de Bioénergétique et Ingénierie des Protéines BIP2.

Christian Ferault, membre de l'Académie d'agriculture de France.

Rubrique

Cet article a été publié dans la rubrique « Notes de synthèse » des *Notes académiques de l'Académie d'agriculture de France*.

Reçu

2 septembre 2019

Accepté

4 décembre 2019

Publié

6 décembre 2019

Citation

Vincent F, Bowler C. 2019. Plancton : la nouvelle frontière révélée par l'expédition Tara Océan, *Notes Académiques de l'Académie d'agriculture de France / Academic Notes from the French Academy of Agriculture (N3AF)*, 8(2), 1-16. <https://doi.org/10.58630/pubac.not.a574644>.

Notes académiques de l'Académie d'agriculture de France
Academic Notes from the French Academy of Agriculture
(N3AF)

Note de synthèse



Cliché Olivier Ezratty

Flora Vincent est spécialisée en microbiologie et écologie marine. Ingénieure agronome diplômée d'AgroParisTech, elle a effectué son doctorat à l'Institut de biologie de l'École normale supérieure dans le laboratoire de Chris Bowler. Ses travaux de thèse ont utilisé les données récoltées lors de l'expédition *Tara Océans*, qui l'ont conduite à embarquer sur la goélette. Elle est aujourd'hui en post-doctorat au Weizmann Institute of Science où elle étudie les interactions hôte-virus. Elle est par ailleurs co-fondatrice de l'association WAX Science, qui promeut les sciences et la mixité en science à travers le développement d'outils innovants, au ton ludique et décalé.



Chris Bowler est directeur de recherche de classe exceptionnelle au CNRS. Il dirige le Département Ecologie et Biologie Evolutive de l'Institut de Biologie de l'École normale supérieure (ENS-CNRS UMR8197 / Inserm U1024). Il y poursuit des recherches sur les plantes terrestres et les organismes photosynthétiques marins, les diatomées. Depuis 2009, il est l'un des coordinateurs scientifiques de l'expédition *Tara Océans* et, depuis 2013, l'un des directeurs scientifiques de *Tara Océans Polar Circle*. Chris Bowler est correspondant associé de l'Académie d'agriculture de France.