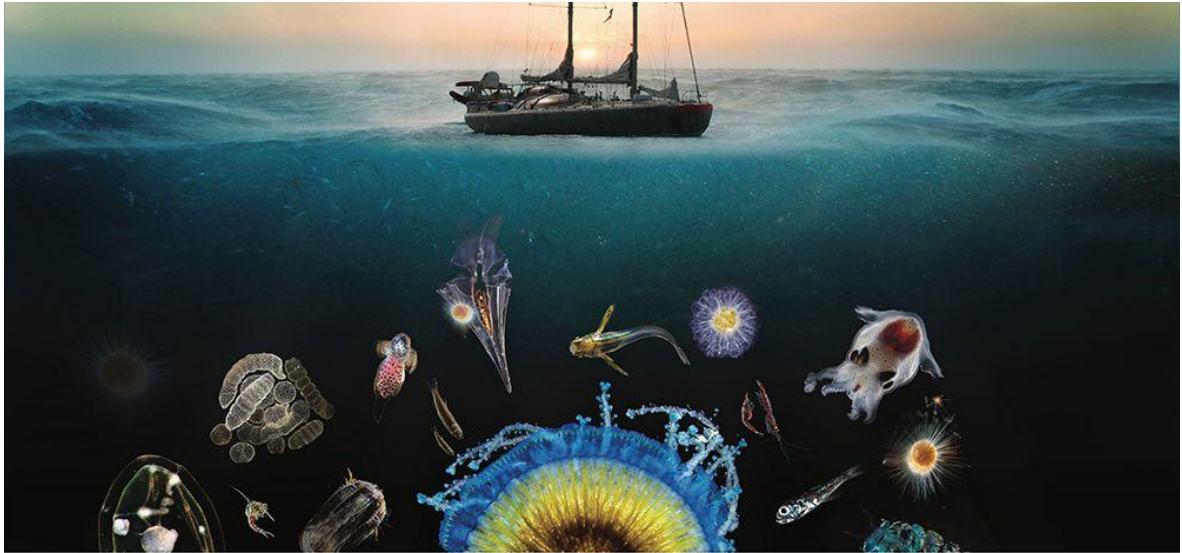


# Plancton marin : plus de la moitié des gènes découverts ont des fonctions inconnues

25 janvier 2018, <https://www.notre-planete.info/actualites/324-plancton-genes-Tara-Oceans#AXUSA7gLXOgCjSZT.99>



© G. Bounaud - C. Sardet / SoixanteSeize / Tara Expeditions Foundation©

<https://www.notre-planete.info/actualites/images/biodiversite/plancton-ocean-Tara-ocean.jpg>

G. Bounaud / C.Sardet / SoixanteSeize / Tara Expeditions Fondation - Licence : Tous droits réservés

*L'expédition Tara Oceans (2009-2013) a permis de collecter des échantillons de plancton dans tous les océans du globe à bord de la goélette Tara, et d'établir des catalogues d'espèces et de gènes à une échelle jusqu'alors jamais entreprise. Poursuivant l'analyse et l'exploitation de la plus grande base de données établie sur l'écosystème planctonique, les équipes du CEA, CNRS, EMBL et ENS, entre autres, viennent de franchir une nouvelle étape en analysant l'expression de plus de 100 millions de gènes appartenant à des organismes complexes allant des algues microscopiques aux petits animaux planctoniques.*

Le plancton est composé d'organismes très différents dont les plus simples (bactéries, virus...) commencent à être connus génétiquement, grâce entre autres aux travaux précédents de [Tara Oceans](#). En revanche, les organismes plus complexes, tels les algues, les parasites ou les animaux microscopiques sont beaucoup moins connus, alors qu'ils représentent la grande majorité des espèces dans l'océan. **Base de la chaîne alimentaire dans les océans, le plancton constitue le plus vaste écosystème de la planète,** et assure le bon fonctionnement des cycles biogéochimiques essentiels pour la survie des organismes, y compris nous-mêmes. Composé de millions d'espèces différentes, la complexité du plancton représente un défi considérable pour la compréhension de ces flux de matière et d'énergie, dont dépend toute vie sur terre.

## Le plus grand catalogue de gènes liés à un écosystème

Pour combler cette lacune, et définir les conditions d'expression de ces gènes, des chercheurs du Genoscope au CEA, du CNRS, de l'EMBL et de l'ENS, viennent d'établir le plus grand catalogue de gènes jamais assemblé pour un écosystème planétaire. Composé d'environ 117 millions de séquences différentes, ce catalogue a été établi grâce à l'isolement des gènes exprimés dans plus de 400 échantillons collectés au cours de l'expédition. Cette approche de séquençage massif d'ADN sans isolement d'organismes est dite de métatranscriptomique. Elle a permis d'observer des gènes s'exprimant dans des conditions écologiques particulières. Elle permet par exemple, de montrer que de nombreux organismes

utilisent des réponses génétiques différentes selon la concentration en fer dans l'environnement. Les chercheurs ont pu déterminer les gènes impliqués selon les groupes d'espèces.

## Des millions de gènes au rôle encore inconnu

Cette étude met également en évidence une proportion particulièrement élevée de gènes aux fonctions biologiques encore inconnues, et qui représente plus de la moitié du catalogue obtenu. Il apparaît que ces gènes sans fonction définie s'expriment surtout dans un petit nombre de conditions environnementales. Ils pourraient apporter une explication fonctionnelle à l'immense diversité des organismes observés dans le plancton océanique.

## Quels gènes pour quelles fonctions de la vie ?

Si la fonction des gènes du plancton peut désormais être étudiée globalement grâce à ce catalogue, il reste à identifier les organismes auxquels ils appartiennent. Dans un second article, les chercheurs de Tara Oceans caractérisent les génomes de plusieurs organismes majeurs dans l'environnement, mais qu'il est impossible pour l'instant de cultiver. Des cellules individuelles ont été prélevées et conservées pendant l'expédition, et leur ADN a pu être séquencé grâce aux méthodes en plein développement de la génomique « cellule-unique ». Ainsi, de nombreux gènes observés dans le catalogue ont pu être attribués à de très petits organismes (moins de 20 micromètres) se nourrissant d'algues et de bactéries, et constituant un échelon intermédiaire fondamental de la chaîne alimentaire. Cette analyse a révélé une diversité de fonctions insoupçonnées, révélatrice de la spécialisation dans ce compartiment du plancton.

## Comment l'océan a-t-il évolué, comment fonctionne-t-il ?

Grâce à ces travaux, le voile commence à se lever sur les petits organismes plus complexes que les bactéries qui constitueraient la majeure partie du plancton océanique. Ils ouvrent de nombreuses perspectives pour comprendre l'écologie océanique à l'aide de gènes marqueurs. Il devient entre autres possible d'étudier les processus biogéochimiques majeurs de l'océan sur la base de l'expression de ces marqueurs. Enfin, une compréhension des mécanismes évolutifs et écologiques de l'écosystème océan semble désormais à portée de la recherche, en utilisant l'ensemble des ressources en espèces, en gènes, et en gènes exprimés apportées par Tara Oceans.

## Des gènes aux grands équilibres physiques

Mise en œuvre par les 22 laboratoires impliqués principalement rattachés au CEA, CNRS, l'EMBL, l'ENS et la Fondation Tara Expéditions, Tara Oceans continue d'apporter des éléments majeurs pour décrire le rôle de l'océan dans la « machine » planétaire. Pour relier les gènes océaniques aux phénomènes physiques globaux comme le [climat](#), les chercheurs doivent encore comprendre dans quelles conditions les gènes s'expriment ou non, et à quels organismes ils appartiennent. L'horizon ouvert par cette expédition n'en finit pas de s'élargir.

---

### Références

- [A global ocean atlas of eukaryotic genes](#) ; Quentin Carradec, Eric Pelletier, Corinne Da Silva, Adriana Alberti, Yoann Seeleuthner, Romain Blanc-Mathieu, Gipsi Lima-Mendez, Fabio Rocha, Leila Tirichine, Karine Labadie, Amos Kirilovsky, Alexis Bertrand, Stefan Engelen, Mohammed-Amin Madoui, Raphaël Méheust, Julie Poulain, Sarah Romac, Daniel J. Richter, Genki Yoshikawa, Céline Dimier, Stefanie Kandels-Lewis, Marc Picheral, Sarah Searson, Tara Oceans Coordinators, Olivier Jaillon, Jean-Marc Aury, Eric Karsenti, Matthew B. Sullivan, Shinichi Sunagawa, Peer Bork, Fabrice Not, Pascal Hingamp, Jeroen Raes, Lionel Guidi, Hiroyuki Ogata, Colomban de Vargas, Daniele Iudicone, Chris Bowler, Patrick Wincker - Nature Communications, 25 janvier 2018.

- [Single-cell genomics of multiple uncultured stramenopiles reveals underestimated functional diversity across oceans](#) ; Yoann Seeleuthner, Samuel Mondy, Vincent Lombard, Quentin Carradec, Eric Pelletier, Marc Wessner, Jade Leconte, Jean-François Mangot, Julie Poulain, Karine Labadie, Ramiro Logares, Shinichi Sunagawa, Véronique de Berardinis, Marcel Salanoubat, Céline Dimier, Stefanie Kandels-Lewis, Marc Picheral, Sarah Searson, Tara Oceans Coordinators, Stéphane Pesant, Nicole Poulton, Ramunas Stepanauskas, Peer Bork, Chris Bowler, Pascal Hingam, Matthew B. Sullivan, Daniele Iudicone, Ramon Massana, Jean-Marc Aury, Bernard Henrissat, Eric Karsenti, Olivier Jaillon, Mike Sieracki, Colomán de Vargas, Patrick Wincker, doi:10.1038/s41467-017-02235-3 - Nature Communications, 22 janvier 2018

Auteur [Tara Océans](#) Tous droits réservés