

LANCEMENT DU PROGRAMME ATLASEA

Mercredi 11 janvier 2023

**Campus Gérard Mégie CNRS
3 rue Michel-Ange
75016 Paris**



Le programme et équipement prioritaire de recherche (PEPR) exploratoire ATLASea vise à analyser le génome de milliers d'espèces marines le long du littoral français afin de poser les bases d'une biologie des océans fondée sur l'information génétique, dans le but, en particulier, d'étudier les espèces invasives ou d'identifier des fonctions biologiques d'intérêt pour la médecine, l'agriculture ou l'industrie.

Pour en savoir plus sur ATLASea



SOIRÉE

17h00-18h00

ACCUEIL

18h00-18h10

ANTOINE PETIT

Président-directeur général du Centre national de la recherche scientifique (CNRS)

INTRODUCTION

ELSA CORTIJO

Directrice de la recherche fondamentale du Commissariat à l'énergie atomique et aux énergies alternatives (CEA)

18h10-18h20

BRUNO BONNELL

Secrétaire général pour l'investissement, en charge de France 2030

18h20-18h50

HUGUES ROEST CROLLIUS

Directeur de recherche CNRS, co-directeur du PEPR ATLASea

PRÉSENTATION DU PROGRAMME ATLASea

PATRICK WINCKER

Directeur de recherche CEA, co-directeur du PEPR ATLASea

18h50-19h30

LINE LE GALL

Professeure au Muséum national d'histoire naturelle (MNHN), directrice des expéditions scientifiques du MNHN

JEAN-MARC AURY

Ingénieur-chercheur CEA, responsable du laboratoire de Bioinformatique pour la génomique de la biodiversité au Genoscope

TABLE RONDE AVEC LES COORDINATRICES ET COORDINATEURS DU PROGRAMME

ERWAN CORRE

Ingénieur CNRS, responsable de la Plateforme ABiMS de l'Institut français de bioinformatique, Station biologique de Roscoff

19h30-20h00

SERGE PLANES

Directeur de recherche CNRS, au Centre de recherches insulaires et observatoire de l'environnement (CRIOBE)

TABLE RONDE SUR LES RETOMBÉES DU PROGRAMME

ANNE SIEGEL

Directrice de recherche CNRS, à l'Institut de recherche en informatique et systèmes aléatoires (IRISA)

20h00-20h15

SYLVIE RETAILLEAU

Ministre de l'Enseignement supérieur et de la recherche

CONCLUSION

20h15-21h00

COCKTAIL

INTERVENANTES ET INTERVENANTS



Hugues Roest Crollius

Hugues Roest Crollius est directeur de recherche au CNRS. Avec son équipe à l'Institut de biologie de l'École normale supérieure, il analyse et compare les génomes d'animaux vertébrés, afin de mieux comprendre leur évolution, leur organisation et leurs fonctions.

Hugues Roest Crollius est co-directeur du PEPR ATLASea.
Avec Patrick Wincker, ils assument l'ensemble des missions de coordination.



Patrick Wincker

Patrick Wincker est directeur de recherche en génomique au CEA, où il étudie les technologies de séquençage, la génomique comparative et la métagénomique. Il dirige le Genoscope et est co-directeur de l'infrastructure France Génomique. Il est un des coordinateurs de plusieurs des projets issus des expéditions Tara.

Patrick Wincker est co-directeur du PEPR ATLASea.
Avec Hugues Roest Crollius, ils assument l'ensemble des missions de coordination.





© Agnès Latorre, MNHN

Line le Gall

Line Le Gall est professeure au Muséum national d'histoire naturelle. Spécialiste des algues, elle étudie leur diversité à travers les mers du monde afin de mieux comprendre leur histoire évolutive mais aussi la dynamique de leur biodiversité à différentes échelles de temps et d'espace. Responsable de la délégation aux explorations scientifiques, elle anime et coordonne des programmes de grandes expéditions en lien avec les collections d'Histoire naturelle.

Échantillonner la biodiversité marine

Premier maillon du projet ATLASea, l'échantillonnage permettra de fournir au Genoscope une banque de spécimens afin de réaliser le séquençage d'un choix de 4 500 espèces marines du littoral français parmi les 12 000 recensées. Les spécimens proviendront des élevages et de cultures ainsi que d'expéditions optimisées en s'appuyant sur l'expertise du Muséum ainsi que sur les stations marines et les laboratoires côtiers (Centre national de ressources biologiques marines EMBRC-France, Institut français de recherche pour l'exploitation de la mer, Aix Marseille Université, Sorbonne Université, Tara). Une attention particulière sera portée aux groupes qui souffrent d'un handicap taxonomique reconnu.



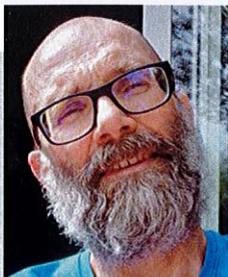
© Université de Paris-Saclay

Jean-Marc Aury

Jean-Marc Aury est ingénieur au CEA. Il dirige un groupe de bioinformatique au laboratoire de Bioinformatique pour la génomique et la biodiversité du Genoscope. Son laboratoire est à l'origine de la publication de nombreux génomes de référence (paramécie, vigne, bananier, ou encore le chêne) et d'outils de bioinformatiques dédiés à l'analyse des données génomiques.

Décrypter la biodiversité marine au Genoscope

Les technologies actuelles offrent la possibilité de reconstituer avec une haute qualité la séquence génomique de nombreux organismes. Ces avancées permettent d'envisager un criblage plus complet de l'arbre du vivant et notamment d'un milieu encore mal connu, comme le milieu marin. Ici, nous proposons de travailler à une échelle ambitieuse, à savoir plusieurs génomes par jour, en s'appuyant sur l'expertise du Genoscope et de ses partenaires.



© E. Corre

Erwan Corre

Erwan Corre est ingénieur au CNRS, il est responsable de la plateforme de bioinformatique ABiMS de la Station biologique de Roscoff, intégrée dans l'infrastructure nationale Institut français de bioinformatique. En tant que bio-analyste, il a développé une riche expertise dans le traitement de données génomiques et de biodiversité marine.

Gérer le flux de données au sein de l'infrastructure nationale Institut français de bioinformatique

Le projet ATLASea va poser de nombreux défis en termes de collecte et de stockage des données, de traitement et d'analyse de ces données, de visualisation et de partage des résultats avec les scientifiques et le grand public. Il nous faudra par ailleurs assurer de l'interopérabilité des données produites avec d'autres bases de données nationales et internationales. Ce troisième projet ciblé vise donc à développer des outils et des bases de données pour faciliter l'exploration et l'interprétation des données génomiques. Il a également pour objectif de fournir une interface utile pour les chercheuses et chercheurs ainsi que les entreprises intéressées par la valorisation des données de génomique marine.



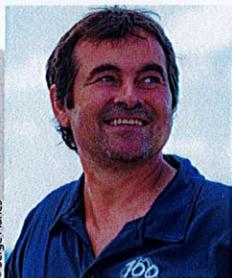
© Xavier Pierre / CNRS

Anne Siegel

Anne Siegel est directrice de recherche au CNRS en informatique au Laboratoire d'informatique de Rennes (IRISA). Dans le domaine de la bioinformatique, elle développe des méthodes combinant des analyses de systèmes dynamiques et de raisonnement sur des données et connaissances pour modéliser *in silico* la capacité d'espèces à produire des molécules d'intérêt dans le cadre de différents programmes interdisciplinaires, dont le programme investissements d'avenir IDEALG relatif à l'exploration du potentiel des macro-algues. Elle a été responsable d'une équipe de recherche de son laboratoire, puis d'un département du laboratoire, avant d'occuper en tant que directrice adjointe scientifique auprès de l'Institut des sciences de l'information et de leurs interactions (INS2I) du CNRS.

Des génomes marins à la synthèse *in silico* et *in vivo* de molécules

La biologie marine a déjà confirmé son potentiel en termes de découvertes scientifiques comme d'innovations biotechnologiques. Un génome annoté fournit des informations primordiales sur la capacité d'une espèce à activer des transformations de métabolites : ces transformations s'assemblent sous la forme de voies de synthèse, qui peuvent être analysées avec des technologies numériques pour comprendre les spécificités d'une espèce à synthétiser des molécules d'intérêt. Cela a été montré sur des familles d'algues brunes et rouges dans le cadre de travaux pluridisciplinaires. La diversité des milliers d'espèces eucaryotes qui seront séquencées dans le cadre du PEPR ATLASa constitue une opportunité unique pour généraliser ces méthodes *in silico* et prédire des catalogues de molécules spécifiques au milieu marin qui pourront être validées *in vivo* à l'aide d'outils de génomique fonctionnelle.



© Serge Planes

Serge Planes

Serge Planes est directeur de recherche CNRS, directeur d'étude à l'École pratique des hautes études (EPHE) et professeur associé à l'*Australian institute of marine science* (AIMS). Il focalise ses recherches sur l'étude de la génétique des populations des organismes marins et concentre sa carrière sur l'étude de l'écosystème corallien. Il a publié près de 350 articles dans des revues internationales qui cumulent plus de 20 000 citations. Il apporte aujourd'hui son expertise pour développer des programmes sur la restauration des récifs coralliens dans le contexte du réchauffement climatique et intègre les questions de biosécurité marine dans l'équilibre des écosystèmes.

Espèces exotiques envahissantes et biosécurité marine, un challenge à séquencer

Les espèces exotiques envahissantes introduites volontairement ou accidentellement par l'Homme menacent les écosystèmes, les habitats ou les espèces indigènes, avec des conséquences écologiques, économiques ou sanitaires. En milieu marin, plusieurs milliers d'espèces sont ainsi transportées par voie maritime chaque jour par les eaux de ballast et les coques des navires. Si la plupart d'entre elles ne survivent pas au voyage, ne s'acclimatent pas aux conditions nouvelles ou s'établissent sans exploser, certaines prolifèrent et menacent la biodiversité indigène. Comprendre la capacité d'acclimatation et de prolifération dans un nouvel environnement demande le séquençage des génomes pour mieux rechercher les mécanismes de prolifération, et anticiper ce qui constitue aujourd'hui un enjeu majeur en termes de biosécurité marine.

Un programme ambitieux ...

~41M €

sur 8 ans

4 500

espèces marines vivant sur le littoral métropolitain et en outre-mer dont les génomes seront séquencés

11

expéditions d'échantillonnage dans la zone économique exclusive française

... dans un espace riche

2^e

plus grand espace maritime au monde, pour la France, après les Etats-Unis

45%

du littoral français métropolitain sont des aires protégées

3 800

scientifiques travaillent dans les domaines de la biologie et de l'écologie marines en France



Photo de couverture : Coralligène de Méditerranée, au large de Cassis, dans les Bouches-du-Rhône.
© Thierry PEREZ/CNRS Photothèque

CNRS Institut des sciences biologiques
3, rue Michel Ange,
75016, Paris

<https://www.insb.cnrs.fr>



 @INSB_CNRS

CNRS

3, rue Michel-Ange 75016 Paris
www.cnrs.fr

Direction de la publication : Antoine Petit
Direction de la rédaction : Nicolas Plantey
Impression : CNRS DR1 IFSEM secteur de l'imprimé
Janvier 2023

