

Vague D : campagne d'évaluation 2012 - 2013 Unité de recherche

2.1. Projet scientifique de l'unité Adaptation et Diversité en Milieu Marin

1. Présentation de l'unité

a. Historique

L'UMR 7144, Adaptation et Diversité en Milieu Marin, regroupe actuellement toutes les équipes de recherche de la Station Biologique de Roscoff relevant principalement de l'Institut Ecologie et Environnement (INEE) du CNRS et du Pole 3 Terre Vivante et Environnement de l'UPMC. Créée en 2005 et renouvelée en 2009 avec des restructurations d'équipes substantielles, nous demandons aujourd'hui son renouvellement pour un troisième contrat.

Globalement, si les projets spécifiques des équipes évoluent (voir les projets par équipe ci-dessous) pour s'adapter aux changements de leurs domaines respectifs qu'ils soient conceptuels, conjoncturels ou méthodologiques, la thématique générale de l'unité demeure l'étude des processus fonctionnels et évolutifs qui régissent la biodiversité marine. Notre ambition est bien sûr d'aboutir à des résultats d'une portée suffisamment générale pour faire progresser l'écologie et la biologie évolutive au sens large. Les contraintes tout à fait particulières qu'impose le milieu marin, et le fait qu'il abrite sans nul doute la plus grande diversité d'organismes et de modes de vie, rendent l'étude de leur biologie et celle des écosystèmes marins fascinantes. Des notions comme l'adaptation, l'acclimatation, le maintien de la diversité, y trouveront encore amplement matière à applications et réflexions, et nos travaux « marins » pourront venir étayer ou infirmer les grands paradigmes écologiques et évolutifs. C'est pourquoi il nous est apparu inutile de modifier l'intitulé de notre unité, Adaptation et Diversité en Milieu Marin, tant il reflète bien les différentes facettes de nos recherches.

En termes de structure, le changement majeur réside dans l'émancipation d'une équipe (BEDIM, M. Valero) qui souhaite renforcer ses liens internationaux en demandant la création d'une Unité Mixte Internationale, EBEA, Evolutionary Biology and Ecology of Algae. Cette évolution ne nuit aucunement à la cohérence de notre Unité, d'autant plus que, l'équipe française de l'UMI demeurant géographiquement à Roscoff, les collaborations existantes avec celle-ci se poursuivront. Par ailleurs, deux équipes fusionnent (GAME + EIMME = ABICE) ce qui aboutit à un ensemble plus ramassé de sept équipes de recherche, trois d'entre elles sous la responsabilité de nouveaux chefs de file à même de conforter notre dynamisme.

b. Caractérisation de la recherche

Nos activités de recherche relèvent essentiellement de la recherche fondamentale dans le domaine de l'écologie fonctionnelle et de l'écologie évolutive. Même si actuellement nous n'entrevoions pas d'applications immédiates de nos recherches dans le domaine industriel, nous avons montré par le passé (cf Résultats équipe EIMME) que nous pouvions réagir efficacement lorsqu'une opportunité se présente. En revanche, la portée sociétale ou culturelle de nos travaux ne nous échappe certainement pas. Que ce soit avec des organismes publics (e.g. Aires Marines Protégées, ...) ou des groupements professionnels (e.g. Chambre Syndicale des Algues, ...), nous continuerons à développer des partenariats efficaces, sans concessions sur la rigueur scientifique que nous apportons à nos contributions. De même, l'implication enthousiaste de l'ensemble des membres de l'unité dans les actions développées à l'attention du grand public est à souligner. Deux exemples récents parmi beaucoup d'autres en témoignent : les actions menées autour de l'expédition TaraOceans et l'animation du Village des sciences à Brest 2012. Et on ne peut manquer de mentionner la très forte participation de notre unité au programme InterReg

Marinexus porté par la SBR et qui, entre Roscoff et Plymouth, allie précisément une recherche fondamentale à des actions sociétales et culturelles bien intégrées.

- Dans quelle proportion vos projets de recherche se rattachent-ils en particulier aux objectifs ci-dessous : (mais peut on véritablement chiffrer ces contributions...)

Déplacer les frontières de la connaissance ; 78%
 Participer à l'acquisition de connaissances ouvrant la voie à des applications identifiées ; 7%
 Préparer les réponses directes à des enjeux sociaux, économiques ou culturels. 15%

- Quels sont les principaux destinataires des activités de votre unité : tous sauf le dernier ! tous nos résultats ont vocation à être diffusés, sous différentes formes, vers tous ces publics.

Le monde de la recherche ; voir la liste de nos productions scientifiques en annexe
 Les acteurs socio-économiques et culturels ; projets avec les professionnels du secteur marin
 Les pouvoirs publics ; retombées réglementaires des projets avec les professionnels du secteur marin
 Les étudiants ; forte implication des membres de l'unité, chercheurs compris, dans la formation
 Les citoyens ; très nombreuses actions de communication vers le grand public

~~L'unité de recherche elle-même.~~

c. Organigramme fonctionnel et règlement intérieur

	Equipe	Responsable
E1	CHIM CHIMIE MARINE <ul style="list-style-type: none"> Flux de gaz climatiquement actifs à l'interface air/mer : CO₂ et VHOC Traceurs chimiques de la circulation océanique Dynamique de l'azote dans les systèmes côtiers et océaniques 	MORIN PASCAL 5 ETP titulaires ED 129
E2	EFEF ECOGEOCHIMIE ET FONCTIONNEMENT DES ECOSYSTEMES BENTHIQUES <ul style="list-style-type: none"> Relations diversité-fonctionnement des communautés de substrat rocheux Approche expérimentale de l'impact du changement climatique et de l'acidification des océans 	DAVOULT DOMINIQUE 5 ETP titulaires ED 227
E3	DIVCO DIVERSITE ET CONNECTIVITE DANS LE PAYSAGE MARIN COTIER <ul style="list-style-type: none"> Ecologie de la dispersion Dispersion, flux de gènes et processus micro-évolutifs Dispersion et dynamique des communautés 	VIARD FREDERIQUE 5 ETP titulaires ED 227
E4	ABICE ADAPTATION ET BIOLOGIE DES INVERTEBRES EN CONDITIONS EXTREMES <ul style="list-style-type: none"> Evolution des génomes d'espèces sous fortes contraintes environnementales Réponse des organismes aux conditions environnementales en termes de réseaux de régulation physiologique 	HOURDEZ STEPHANE 6 ETP titulaires ED 227
E5	DIPO DIVERSITE ET INTERACTIONS AU SEIN DU PLANCTON OCEANIQUE <ul style="list-style-type: none"> Caractérisation des protagonistes et mécanismes d'interaction Interactions au sein d'assemblages microbiens pélagiques complexes 	GUILLOU LAURE 6 ETP titulaires ED 227
E6	MAPP MARINE PHOTOTROPHIC PROCARYOTES <ul style="list-style-type: none"> Distribution et diversité génétique et pigmentaire des procaryotes phototrophes marins en culture et in situ Etude du rôle des facteurs environnementaux sur la physiologie des procaryotes phototrophes marins Mécanismes adaptatifs et évolution génomique des cyanobactéries marines 	GARCZAREK LAURENCE 5 ETP titulaires ED 227
E7	EPEP EVOLUTION DU PLANCTON ET ECOSYSTEMES PELAGIQUES <ul style="list-style-type: none"> Structure et dynamique des communautés de protistes océaniques Exploration du transcriptome des protistes clefs du plancton océanique 	DE VARGAS COLOMBAN 2 ETP titulaires ED 227

Le laboratoire sera constitué de 7 équipes de recherche, ayant chacune sa ou son responsable d'équipe, et sera piloté par une cellule de direction qui s'appuiera sur deux Conseils. Le Conseil Scientifique regroupe tous les

responsables d'équipe. Il se réunit 5 à 6 fois par an, généralement en fonction d'échéances particulières (répartition budgétaire, demandes diverses auprès des tutelles et partenaires, ...), pour aborder les orientations scientifiques du laboratoire. Il élabore les choix stratégiques du laboratoire. Le Conseil de Laboratoire est composé de membres élus et de membres nommés représentant les différentes catégories de personnel en conformité avec la réglementation. Il se réunit au moins deux fois par an, examine les orientations élaborées par le Conseil Scientifique et la cellule de Direction et donne son avis. Il examine également les questions relatives à l'avancement et à la formation permanente des personnels, aux problèmes d'hygiène et de sécurité. Afin d'améliorer la circulation de l'information, les membres du Conseil de Laboratoire sont invités à assister aux séances du Conseil Scientifique. L'annonce des Conseils et de leur ordre du jour est diffusée à l'ensemble des personnels ainsi que les comptes rendus, également disponibles sur l'intranet de l'unité.

Cellule de Direction : le Directeur actuel (François Lallier), bien qu'ayant offert de transmettre cette responsabilité, a été reconduit à l'unanimité du Conseil Scientifique et du Conseil de Laboratoire en l'absence d'autres candidatures. Néanmoins, suivant en cela les avis des deux tutelles, UPMC et CNRS, la cellule de Direction comprendra également une Directrice Adjointe (Frédérique Viard) dont les fonctions principales seront de veiller à la cohésion scientifique des projets de l'unité et de promouvoir les thématiques émergentes, notamment à l'interface des thématiques propres aux équipes. Ses responsabilités pourront s'accroître progressivement au cours du prochain contrat. La cellule de Direction se compose également d'une Assistante en Gestion Administrative (Céline Manceau), véritable pivot de la vie du laboratoire. Compte tenu de l'organisation générale de la Station Biologique de Roscoff, sa tâche est multiple et complexe : liaisons locales avec les services de la FR2424 et avec les tutelles (DR17, INEE et UPMC) pour les questions de ressources financières ou de ressources humaines, et ce au service de tous les personnels du laboratoire, des chercheurs aux stagiaires. La cellule de direction est complétée par un ACO (Dominique Marie) pour les questions d'Hygiène et de Sécurité, et par une Correspondante Formation Permanente (Claire Daguin-Thiébaud). Ces deux aspects sont traités au niveau du laboratoire mais également intégrés au niveau de la Station Biologique dans son ensemble : par exemple, il n'y a qu'un Comité H&S pour l'ensemble de la SBR et nous élaborons annuellement un Plan de Formation des Unités conjoint à l'attention du CNRS et de l'UPMC.

Le règlement intérieur en vigueur pour l'unité est celui de la Station Biologique de Roscoff, élaboré conjointement par l'ensemble des structures de recherche du site. On peut le consulter ici : http://www.sb-roscoff.fr/images/stories/intranet/Administration/Textes_fondamentaux_de_la_SBR.pdf.

L'action en matière de sécurité de l'UMR 7144 s'inscrit dans le cadre de l'action transversale "Hygiène et Sécurité" de la Station Biologique définie par son Directeur. Celle-ci est menée par Dominique MARIE qui est également l'Agent de Prévention de l'UMR 7144. Il est aidé dans son action par les 4 assistants de prévention des différentes unités ayant chacun une spécificité : Ludovic DELAGE (chimie), Anne CUEFF (risques biologiques), Nathalie DESBAN et Daniel POHER (infrastructures) et par la personne compétente en radioprotection, Blandine BARATTE, pour les radioéléments. L'identification et l'analyse des risques spécifiques au sein de l'unité se fait par son Agent de Prévention au travers de l'élaboration du Document Unique d'évaluation des risques professionnels, validé par le Directeur de l'Unité. Ceci a mené à un certain nombre de travaux et d'actions correctives, pilotés par l'Agent de Prévention et par le service infrastructure de la SBR. Parmi les problèmes qui subsistent, figurent notamment au sein de l'UMR 7144 l'encombrement des couloirs et laboratoires et un effort doit être fait pour améliorer l'environnement du travail. Néanmoins le problème majeur concerne le manque d'espace de certaines équipes et il devient urgent d'investir de nouveaux locaux. L'effort de formation et d'information des personnels, et notamment des nouveaux entrants (dont un vingtaine de stagiaires pré-doctoraux par an), sera maintenu dans les années à venir. Des dispositions seront prises pour limiter l'accès des laboratoires aux personnes extérieures et la mise sous clé des produits chimiques dangereux.

2. Analyse SWOT¹ et objectifs scientifiques de l'unité

Nos projets s'inscrivent dans le domaine de l'écologie, descriptive, fonctionnelle et évolutive ; il s'agit d'examiner le potentiel adaptatif du monde vivant marin face aux variations locales ou globales des contraintes de l'environnement, et en particulier de déchiffrer les mécanismes et la dynamique de ces changements au niveau des espèces ou des communautés. Notre ambition est d'aborder ces phénomènes en appréhendant mieux leur véritable complexité que ce soit par l'étude de l'activation de réseaux de gènes ou de régulations physiologiques (approches génomiques), la prise en compte des réseaux d'interactions entre organismes y compris les associations durables (symbiose au sens large), ou encore l'élaboration de modèles couplés physique-biologie mieux intégrés.

¹ Le terme SWOT (acronyme pour *Strengths, Weaknesses, Opportunities and Threats*), en français MOFF ou AFOM, désigne un outil d'analyse d'une situation ou d'un environnement, et de construction de stratégie.

En effet, ces différents niveaux d'organisation ne peuvent plus être étudiés isolément tant ils interagissent de multiples façons. Ainsi, des études en mésocosmes ont montré que des variations du génotype ou du phénotype des individus peuvent influencer la trajectoire de communautés entières, voire modifier les propriétés de l'environnement (Latta et al. 2011²). Le challenge c'est de comprendre comment ces systèmes complexes fonctionnent et évoluent en parvenant à intégrer les différents niveaux d'organisation en interaction (systems ecology).

Notre laboratoire est-il apte à réaliser ces objectifs ?

- **Points forts (éléments internes qui vont aider au choix et à la réalisation du projet) ;**

- Des équipes dynamiques qui ont bâti un solide corpus de connaissances dans leurs domaines respectifs et qui s'appuient sur des méthodologies en pointe : expertise reconnue dans plusieurs domaines comme la cytométrie en flux, les isotopes stables, les scans génomiques, les méthodes de séquençage nouvelle génération (NGS).
- Un positionnement reconnu nationalement et internationalement dans des thématiques fortes : flux de CO₂ et acidification ; fonctionnement de l'écosystème côtier ; dispersion et espèces invasives ; biodiversité microbienne de l'océan ; adaptation aux milieux extrêmes
- De nombreuses collaborations régionales (issues du réseau Europole Mer avec UBO-IUEM et Ifremer-Brest), nationales (projets ANR, IA EMBRC-Fr, Idealg et Oceanomics, actifs dans plusieurs GDR Ecchis, Biochimar, Marco,..) et internationales (projets UE MicroB3, Macumba, InterReg Marinex et ValMer avec UK, projet GDRI Chili et Brésil, coll. fortes avec Allemagne, Japon, USA, ...)
- Un bon équilibre chercheurs / enseignants-chercheurs (16/12) et une forte implication dans la formation avec la Licence Biologie-Mathématiques, le Master SDJEE (spéc. OEM, EBE et EPET) et le Master BI (spéc. BBMa) et l'accueil de nombreux stagiaires de recherche et doctorants.

- **Points faibles (éléments internes qui vont pénaliser le projet) ;**

- Appréhender la complexité des systèmes biologiques implique de manipuler des quantités de plus en plus importantes d'informations depuis l'acquisition de données environnementales haut débit jusqu'à la comparaison de génomes entiers. Le problème réside moins dans l'acquisition des données (sauf en ce qui concerne les données terrain, indispensable et chronophage) que dans leur analyse afin d'élaborer et de tester des modèles conceptuels. Ainsi il nous manque encore des compétences (ingénieurs) en expérimentation terrain et en analyse bioinformatique, ce dernier point crucial avec l'afflux de données en génomique environnementale et en génomique comparative, et des chercheurs en modélisation de systèmes complexes, que ce soit des réseaux de gènes, des réseaux de régulations physiologiques, des réseaux d'espèces ou le couplage physique-biologie dans l'analyse des communautés.
- Il nous faut aussi entretenir notre potentiel en taxonomie (intégrative bien sûr, alliant caractères morphologiques et moléculaires) sur les groupes majeurs, planctoniques ou benthiques, qui nous intéressent, en préservant ces compétences en interne et en développant des collaborations ad hoc.
- Si ces compétences sont nécessaires à la réalisation de nos projets de recherche, elles permettront également de renforcer à l'avenir notre contribution aux services écosystémiques : déjà développé dans le côtier (conservation, exploitation des ressources, prédiction) mais à développer dans les domaines océaniques (e.g. Oceanomics, équipe EPEP) ou les milieux extrêmes, particulièrement dans sa dimension éco-physiologique (outils de diagnostic).

- **Possibilités liées au contexte (éléments externes de nature à faciliter l'émergence du projet).**

- Les services d'appui à la recherche de la SBR représentent une composante indispensable à la réalisation de nos projets : service Mer, centre de ressources en biologie marine (dont la souchothèque RCC), services d'observation, plateformes bioinformatique (ABIMS), séquençage et génotypage, transcriptomique et protéomique, optique (MERIMAGE), ...
- Nous partageons une même vision de la complexité écologique avec les équipes d'écologues continentaux réunis dans le projet piloté par Luc Abbadie sur le campus Jussieu de l'UPMC, et avec lesquels nous avons élaboré le projet de Labex Odyssée (cf annexe). Un développement de nos échanges scientifiques, entre terre et mer, devrait être mutuellement fécond.

- **Risques liés au contexte (*threat* : éléments externes de nature à contrarier la réalisation du projet) ;**

- Espace, locaux : nous sommes en attente de 100m² de laboratoires / bureaux depuis 4 ans et il n'y a toujours pas de décision sur l'allocation des espaces libérés par la construction du bâtiment IGM dans la perspective du projet des unités de recherche. Des équipes à l'étroit voire éclatées ne sont pas propices à une interaction bénéfique au quotidien, ferment nécessaire pour progresser de manière efficace.
- Inquiétude sur l'ouverture de la SBR vers l'extérieur (via EMBRC par exemple) : il faut veiller à ce que cela ne se fasse pas aux dépens des services fournis aux équipes internes, ce qui implique le déploiement de moyens supplémentaires, et pas le détournement vers l'extérieur des moyens actuels, réunis par la volonté des Unités de mutualiser ces moyens.

² Latta LC et al. Species and genotype diversity drive community and ecosystem properties in experimental microcosms. *Evol Ecol* (2011) 25:1107–1125

Objectifs de l'unité.

On trouvera à la suite de ce chapitre le détail des projets, équipe par équipe. On s'attachera donc ici à exposer le cadre général de ces recherches et les points de convergence que l'unité s'attachera à développer à moyen terme en favorisant l'émergence de projets communs.

Rapprocher écologie fonctionnelle et écologie évolutive

La gamme et la portée des processus adaptatifs mis en jeu par les organismes, populations et communautés face aux limitations de ressources et contraintes environnementales est largement reconnue comme un point crucial pour prédire l'organisation et la dynamique des écosystèmes dans un contexte de changement global. Mais pour appréhender la complexité génétique, les généticiens des populations ont par le passé largement simplifié les aspects écologiques de leurs théories, alors qu'en écologie on suppose généralement que la lenteur des processus évolutifs permet de considérer les caractéristiques d'une espèce comme une constante. Cependant le rapprochement entre ces deux disciplines s'opère depuis une vingtaine d'années, comme par exemple dans le cadre de la théorie de la dynamique adaptative (Kisdi & Geritz 2010³) qui propose des outils mathématiques pour intégrer les processus écologiques et évolutifs.

Avec la palette de compétences réunies au sein de notre unité, nous pouvons tenter de tester expérimentalement de telles théories, par exemple en étudiant comment les flux de nutriments et d'énergie au sein d'un écosystème marin donné peuvent affecter l'évolution de la biodiversité. Les équipes CHIM, EFEB et DIVCO, ou CHIM, DIPO et EPEP pourront mettre en œuvre cette convergence sur quelques systèmes modèles dans le domaine côtier benthique ou pélagique. Ces rapprochements ont déjà été initiés dans des programmes tels que Marinexus, Idealg ou Paralex et devront être amplifiés à l'avenir, par exemple en étudiant l'influence de changements de flux de CO₂ et d'acidification des océans sur les organismes benthiques (CHIM-EFEB) ou pélagiques (CHIM-EPEP).

De la plasticité phénotypique à la microévolution

Décrypter les réponses des organismes aux changements environnementaux requiert des analyses spécifiquement adaptées aux différents niveaux d'organisation biologique, le désormais célèbre « [from genes to ecosystems](#) ». En effet alors que ces approches intégrées ont longtemps été réservées à l'étude d'espèces modèles en laboratoire, et pas aux organismes qui forment les composantes majeures des écosystèmes naturels, les développements rapides des techniques génomiques à haut débit, bien maîtrisées par plusieurs équipes du laboratoire, nous offrent aujourd'hui cette opportunité. Les mécanismes d'acclimatation ou d'adaptation peuvent ainsi être disséqués par des approches de transcriptomique ou de métatranscriptomique dans le premier cas, voire de génomique et métagénomique (ou plus raisonnablement de génomique comparée) dans le second cas.

Les équipes ABICE, MaPP et EPEP se proposent de développer des projets dans ce sens sur différents types d'organismes et d'écosystèmes. Ces projets auront à affronter le même obstacle, à savoir distinguer dans la réponse des organismes la part attribuable à la plasticité phénotypique de celle imputable à une véritable microévolution génétique (Gienapp et al. 2008⁴). L'approche comparée sur des espèces étroitement apparentées mais différant dans leur niche écologique (Somero 2010⁵) a déjà porté quelques fruits dans notre laboratoire, que ce soit sur des invertébrés en milieu extrême (ACL 392 Jollivet 2012 ; ACL 301 Clark 2011) ou des cyanobactéries pélagiques (ACL 89 Dufresne et al., 2008; ACL 191 Scanlan et al 2009). Ces travaux à petite échelle bénéficieront d'une confrontation régulière de leurs résultats pour progresser dans la compréhension des vitesses d'adaptation. Au-delà, avec la variété des organismes et écosystèmes que nous étudions, ce type d'approche pourra être décliné sur des problématiques en lien avec les changements globaux tels que l'acidification des océans (ACL 284 Beaufort et al 2011) ou l'hypoxie des milieux littoraux (Vaquer-Sunyer and Duarte, 2008⁶) et évaluer leurs conséquences sur les processus évolutifs sous-jacents.

³ Kisdi E. & Geritz SAH 2010. Adaptive dynamics: a framework to model evolution in the ecological theatre. *J. Math. Biol.*, 61: 165-169

⁴ Gienapp P., et al. 2008 Climate change and evolution: disentangling environmental and genetic responses. *Mol. Ecol.* 17, 167-178.

⁵ Somero, GN. 2010 Comparative physiology: a "crystal ball" for predicting consequences of global change, *Am J Physiol Regul Integr Comp Physiol*, 301, R1-14

⁶ Vaquer-Sunyer R. & Duarte CM. 2008. Thresholds of hypoxia for marine biodiversity. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.*, 105: 15452-57

Le rôle prépondérant des interactions durables

Les interactions durables entre espèces (pathogènes et symbioses au sens large, parasitisme ou mutualisme) sont aujourd'hui reconnues comme acteurs importants dans l'évolution des espèces (voir par exemple Moya et al. 2008⁷) et la dynamique de systèmes écologiques complexes (e.g. Rosenberg et al. 2007⁸). Nous avons déjà abordé dans ce contexte des systèmes « simples » à deux partenaires : hôte-parasite dans un système où la dynamique de populations de dinoflagellés toxiques est contrôlée par d'autres dinoflagellés parasites (ACL 81 Chambouvet et al. 2008), hôte-symbiotes dans les systèmes animal-bactérie chimiotrophe qui dominent les écosystèmes chimiosynthétiques profonds (ACL 291 Boutet et al. 2011). Mais la réalité est plus complexe et nous abordons aujourd'hui des systèmes à trois partenaires (hôte-parasite-virus dans l'équipe DIPO ; hôtes à multiples symbiotes dans l'équipe ABICE). Là encore ces projets devraient converger sur le plan conceptuel puisque des travaux récents ébranlent le paradigme selon lequel parasites et mutualistes suivraient des patrons évolutifs distincts (Toft & Andersson 2010⁹) : les mécanismes de reconnaissance, d'infection ou de maintien feraient intervenir des acteurs moléculaires similaires et dans les deux cas il y aurait des possibilités d'acclimatation ou d'évolution rapide de l'holobionte à des conditions changeantes.

Enfin, de façon plus générale, les interactions entre espèces, bien au-delà de simples relations trophiques, pourraient structurer les communautés par le biais de réseaux de communication chimique, intra- ou inter-espèces. On sait que des interactions chimiques structurent les réseaux trophiques benthiques ou pélagiques dans le domaine marin (e.g. Pohnert et al. 2007¹⁰) et des études expérimentales de colonisation de substrats artificiels sont en cours pour tester cela sur la structure des communautés littorales (EFEB & DIVCO). A moyen terme nous devrions pouvoir faire converger nos compétences (CHIM-EFEB-DIVCO ou CHIM-DIPO-MaPP-EPEP) pour prendre en compte les relations inter-spécifiques collaboratives et compétitives dans des cas concrets d'environnements contraignants, comme l'hypoxie des milieux littoraux ou l'acidification des océans.

Formation par la recherche

Notre laboratoire est très impliqué dans la formation des étudiants à nos disciplines : avec 12 EC sur 28 chercheurs (dont certains participent de façon substantielle aux enseignements de Master) nous sommes fortement investis dans les cursus de la Licence de Biologie-Mathématiques installée à Roscoff depuis 2010. Certains de ces étudiants s'orienteront sans doute en Master vers des cursus de bioinformatique ou de mathématiques appliquées, précisément les métiers dont nous aurons besoin pour réaliser nos projets traitant des systèmes complexes. Nous sommes aussi partie prenante dans le Master SDUEE¹¹ pour les spécialités Océanographie et Environnement Marin, Ecologie, Biodiversité et Evolution, et une nouvelle spécialité Ecophysiologie et Ecotoxicologie ; et dans le Master BI¹² pour la nouvelle spécialité Biologie et Bioressources Marines (anciennement BIP/BPO). Nous accueillons très régulièrement des stagiaires de Master ou autres - 144 sur la période 2007-2012 - et pas moins de 60 doctorants ont été formés dans nos équipes sur cette période. A noter que sur les 42 thèses soutenues, à notre connaissance, une seule situation de « sans emploi » persiste (accompagnement conjoint), même si pour la plupart ce sont encore des postes de contractuels.

Notre intention est bien entendu de poursuivre dans la même voie pour le prochain contrat, à condition que les sources de financement de doctorat ne se tarissent pas : il n'y a plus de bourses doctorales CNRS à l'INEE depuis 3 ans, beaucoup d'ANR n'autorisent pas l'embauche de doctorants, le dispositif régional vient juste d'évoluer (incertitudes...) et le ministère ré-équilibre la répartition des autorisations de contrats doctoraux en faveur des petites universités.... Notre vision sur l'avenir des possibilités d'embauche de doctorants est donc très à la baisse. A noter également que dans le cadre du prochain contrat un remaniement des Ecoles Doctorales de l'UPMC nous amène à reconsidérer l'affiliation de nos équipes : une seule (CHIM) restera à l'ED 129 (Sciences de l'Environnement), les autres équipes ayant vocation à rejoindre l'ED 227, actuellement ED MNHN mais qui doit devenir une ED thématique MNHN-UPMC « Sciences de la Nature et de l'Homme : Evolution et Environnement » selon les informations reçues à ce jour de l'UPMC. Le fonctionnement de cette grande ED à spectre large est encore à définir. Le dispositif serait complété par des Programmes Doctoraux sur des thématiques ciblées (Interdisciplinaire ; Mécanismes Moléculaires de

⁷ Moya A., et al. 2008. Learning how to live together: genomic insights into prokaryote-animal symbioses. *Nat Rev Genet*, 9: 218-229

⁸ Rosenberg E., et al. 2007. The role of microorganisms in coral health, disease and evolution. *Nature Rev Microbiol*, 5: 355-362

⁹ Toft C. & Andersson SGE. 2010. Evolutionary microbial genomics: insights into bacterial host adaptation. *Nature Rev Genet*, 11: 465-475

¹⁰ Pohnert, G, et al. (2007). Chemical cues, defence metabolites and the shaping of pelagic interspecific interactions. *Trends Ecol Evol* 22(4).

¹¹ Sciences de l'Univers, Ecologie et Environnement

¹² Biologie Intégrative

l'Evolution ; ...) ce qui augure d'une flexibilité souhaitable, en particulier pour des projets réellement interdisciplinaires, parfois difficile à promouvoir dans les ED de rattachement.

Le détail des projets des équipes se trouve à la suite de ce chapitre et comporte une analyse des compétences et des moyens disponibles et mobilisables par chacune des sept équipes. Sont notamment mentionnés tous les programmes en cours, régionaux, nationaux ou internationaux, sur lesquels nos activités s'appuieront à court terme (1-3 ans), voire à moyen terme pour Oceanomics (IA 7 ans) ou Idealg (IA 8 ans).

3. Mise en œuvre du projet

L'unité Adaptation et Diversité en Milieu Marin, rattachée à l'UPMC et au CNRS-INEE, constitue la plus importante unité de recherche de la Station Biologique de Roscoff. Nous souhaitons bien entendu rester une composante à part entière de la Fédération de Recherche et bénéficier des services mutualisés de longue date dans cette structure. Sur un site relativement isolé comme Roscoff il serait aberrant de ne pas regrouper les aspects administratifs (gestion des ressources humaines et financières) ou de communication. Nous bénéficions et dépendons également des services d'accès au milieu marin et des plateformes techniques en génomique, bioinformatique, spectrométrie ou microscopie pour mener à bien nos projets.

Ces derniers, détaillés par équipe dans les chapitres suivants, vont continuer à s'appuyer sur des ressources propres obtenues par la soumission de projets aux instances régionales, nationales ou européennes. Ces projets font appel aux réseaux de collaborateurs nationaux et internationaux développés par chaque équipe. Ainsi, pour les quelques années à venir, des projets européens comme Netbiome, MicroB3 et Macumba, ou nationaux comme Idealg et Oceanomics, vont constituer un cadre initial, et d'autres projets seront soumis. Le principal problème lié à ce mode de financement sur projet concerne la pérennisation des personnels d'appui, techniciens et ingénieurs. Nous consacrons beaucoup de temps (et de ressources de nos tutelles) pour former ces personnels aux spécificités de nos projets tout en étant contraint de s'en séparer après quelques années alors même que nous disposons de ressources conséquentes. C'est sur cet aspect de pérennisation, sous forme de titularisation (subvention d'état) ou de CDI (ressources propres), que l'aide de nos tutelles est la plus attendue.

Un soutien récurrent (dotation annuelle) conséquent (i.e. 20% du budget hors salaire, soit environ 400 k€/an pour notre unité) est aussi nécessaire car, au-delà des projets d'équipe, nous voulons nous attacher à développer une stratégie globale au niveau de l'Unité pour atteindre les objectifs communs mentionnés ci-dessus : favoriser l'émergence de projets sur les systèmes complexes, encourager l'élaboration de projets communs à plusieurs équipes. Cela se fera notamment par des actions de concertation au cours de journées thématiques bisannuelles, certaines d'entre elles organisées conjointement avec d'autres laboratoires, marins ou non, au sein du PRES SUPER ou du PRES UEB. Ces journées d'échange devraient se concrétiser par des propositions de projet innovants soutenus par des crédits incitatifs du laboratoire ou des tutelles (de type projets PEPS - CNRS, Emergence - UPMC, SAD-RB,...). Cela passera également par des propositions de formations privilégiées lorsque l'objectif est orienté vers ces projets communs et par l'affichage de besoins prioritaires en postes de chercheurs ou d'ingénieurs.

Articulation de nos recherches avec le Centre de Ressources en Biologie Marine de la SBR

Initiée lors du contrat actuel, l'intégration de la souchothèque RCC (Roscoff Culture Collection) au sein du Centre de Ressources en Biologie Marine est maintenant achevée. Cependant le lien avec nos équipes de recherche n'est certainement pas rompu : les 3 équipes du groupe Plancton continueront à alimenter la collection et à exploiter ses ressources dans ses activités de recherche fondamentale. Les programmes de culture d'algues, notamment inclus dans Idealg, serviront quelques uns de nos projets. Pour les animaux, certains modèles appelés à être utilisés de façon plus intensive et intégrée dans nos projets, comme des ascidies, des bivalves ou des annélides par exemple, pourraient rapidement bénéficier des compétences réunies dans le CRBM.

Articulation de nos recherches avec la mission d'Observation de la SBR.

De par son positionnement dans le domaine de l'écologie descriptive, fonctionnelle et évolutive, notre unité intervient directement dans les activités d'observation de la SBR : nos recherches s'appuient souvent sur les séries d'observation à long terme développées dans ce cadre mais justifient également pro parte ces observations en les utilisant dans le cadre de problématique de recherche fondamentale. Le partenariat entre des spécialistes de génomique environnementale, d'écologie évolutive, de biologie des populations et d'écologie des communautés offre un cadre scientifique propice pour traiter plusieurs questions fondamentales dans ce domaine, que ce soit dans le cas d'espèces en limite d'aire de répartition ou dans le cas d'espèces introduites :

- Comment les processus de microévolution sont à même de moduler la réponse des organismes au changement environnemental, par exemple en termes de phénologie, de tolérance thermique ou de traits d'histoire de vie ?
- Comment les mécanismes d'adaptation et de dispersion interagissent sur la dynamique des populations ?
- Quels rôles tiennent les interactions biotiques sur le potentiel de développement d'espèces ?
- Quelle est l'incidence de l'exploitation des ressources sur la capacité de réponse des espèces au changement global ?

- Face aux changements de distribution des espèces risquant de conduire à la mise en place de communautés nouvelles résultant d'associations originales d'espèces, quelles seront les conséquences de ces réorganisations sur le fonctionnement des écosystèmes (interactions biotiques, réseaux trophiques, productivité) ?

Ces différentes questions pourront être traitées à travers la mise en place d'un inventaire dynamique et de suivis sur les structures démographiques et génétiques de quelques espèces emblématiques (ex : laminaires, crépidule, gorgone, ascidies introduites), en parallèle avec le suivi des interactions hôtes/parasites chez le phytoplancton ou les suivis sur le fonctionnement des écosystèmes intertidaux rocheux.

Pour plus de détails, voir les actions SOMLIT et OBLIC dans la partie Observation du dossier de la structure fédérative. Le projet de SOERE OBLIC est également fourni en annexe.

Vague D :
campagne d'évaluation 2012 - 2013
UMR 7144 – AD2M
2.1. Projet scientifique de l'équipe
CHIMIE MARINE (CHIM)

1. Présentation de l'équipe

a. Historique

L'équipe Chimie Marine ne présentera pas de modifications dans sa composition ou dans sa structuration pour le prochain projet. Elle continuera à développer ses activités en étroits partenariats avec les autres équipes de l'unité et avec ses partenaires extérieurs nationaux et internationaux.

b. Composition

Responsable de l'équipe :

Personnel Titulaire	Qualité	Personnel Temporaire	Période prévue
MORIN Pascal	CR1	MARREC Pierre DOC	2011-2014
BOZEC Yann	CR1	Post-doc prévu ?	
MACE Eric	AI		
SEVIN Laure	IE		
VERNET Marc	TCE		

2. Analyse SWOT¹³ et objectifs scientifiques de l'équipe

L'équipe Chimie Marine développera son projet de recherches en continuité avec les études menées ces dernières années selon quatre axes majeurs :

- Thème 1 : Flux de gaz climatiquement actifs à l'interface air-mer
- Thème 2 : Traceurs chimiques de la circulation océanique
- Thème 3 : Dynamique de l'azote et des éléments associés dans les systèmes côtiers et océaniques
- Thème 4 : Développements analytiques et utilisation de capteurs innovants.

Les activités de recherche qui ont été développées par l'équipe Chimie Marine au sein de l'UMR 7144 CNRS AD2M (Adaptation et Diversité en Milieu Marin) ont été consacrées aux cycles biogéochimiques des éléments en milieu marin et à la manière dont l'environnement marin façonne les écosystèmes, les populations, et les organismes. Dans les couches de surface, ces éléments sont nécessaires au développement du phytoplancton et leur disponibilité conditionne la fertilité des écosystèmes marins et la capacité de ces systèmes à pomper le CO₂ d'origine atmosphérique et à exporter la matière organique synthétisée vers les couches profondes et les sédiments. Dans les couches profondes, les éléments nutritifs sont utilisés pour identifier les masses d'eau en complément des traceurs physiques et ils se sont avérés comme d'excellents traceurs de la circulation océanique. Afin d'accéder aux échelles de temps dans les transports des eaux profondes dans l'océan, une nouvelle gamme de traceurs transitoires (fréons) a été développée. Ces développements analytiques nous ont conduit à développer des études sur d'autres composés halogénés d'origine principalement biologique présents dans le milieu marin : les composés organiques halogénés volatils (VHOC) qui sont émis par l'océan et jouent un rôle important dans la chimie de l'atmosphère où ils participent à la destruction de l'ozone stratosphérique et au renforcement de l'effet de serre. Nous avons renforcé cet axe d'étude des flux de gaz climatiquement actifs et entrepris ces quatre dernières années avec le recrutement de Yann

¹³ Le terme SWOT (acronyme pour *Strengths, Weaknesses, Opportunities and Threats*), en français MOFF ou AFOM, désigne un outil d'analyse d'une situation ou d'un environnement, et de construction de stratégie.

Bozec l'étude des flux d'échanges air-mer de CO₂ dans les systèmes côtiers. Les bilans d'émission par l'océan de ces composés climatiquement actifs sont encore mal quantifiés et nos travaux auront pour objectifs de mener des études concernant les flux d'échanges avec l'atmosphère dans des zones côtières productives. De plus, En réponse à l'accroissement de CO₂ atmosphérique, l'absorption de CO₂ par l'océan entraîne une modification des équilibres entre espèces chimiques du système du CO₂ dans les eaux marines. Ces modifications entraînent un processus aujourd'hui bien connu qu'est l'acidification des océans (OA). Dans ce contexte, notre objectif sera de coupler des approches in situ (séries temporelles) et expérimentales (incubation in-situ) pour étudier l'OA et les modifications des équilibres chimiques qu'elle engendre dans les eaux des écosystèmes du plateau continental.

Les points forts de l'équipe Chimie Marine résident dans la maîtrise des techniques d'analyse d'éléments traces en milieu marin. Nos compétences dans les domaines des éléments nutritifs, du cycle du carbone, des composés halocarbonés organiques volatils et des CFCs sont reconnus aux niveaux nationaux et internationaux et nous avons développé ces dernières années de très nombreuses collaborations avec différentes équipes locales, nationales et internationales. Nos points forts sont également une excellente expertise dans l'étude des cycles biogéochimiques des éléments (C, N, P, Si, halogènes) dans les systèmes côtiers et océaniques qui nous permettent de mettre en œuvre des projets de recherche originaux. L'équipe est également reconnue au niveau national et international pour son expertise dans la mise en œuvre des traceurs chimiques et transitoires (CFCs) pour étudier la circulation océanique profonde et nous sommes régulièrement sollicités par les équipes d'océanographie physique pour participer à des projets dans différentes zones de l'océan mondial. Nous sommes actuellement la seule équipe française mettant en œuvre l'ensemble de ces traceurs. L'un des points forts est également de disposer d'un parc de matériel analytique qui a été renouvelé récemment.

Les points faibles de l'équipe résident dans le nombre restreint de chercheurs qui nous obligent à cibler et à sélectionner rigoureusement nos projets de recherche. Un effort devra être fait pour attirer de nouvelles compétences dans l'équipe avec notamment le recrutement d'un enseignant-chercheur avec le soutien de nos tutelles.

Les risques externes de nature à contrarier la réalisation du projet pourraient être la difficulté d'accès à la flotte océanographique française avec la mise en place de ticket modérateur sur les navires côtiers de l'INSU qui alourdissent fortement les frais de mise en œuvre des projets de recherche et les difficultés de financement de la flotte océanographique hauturière qui risquent de diminuer les possibilités d'accès à ces moyens nautiques.

Les éléments externes de nature à faciliter l'émergence du projet sont les partenariats développés ces derniers mois avec la compagnie Brittany Ferries qui nous permet de mettre en œuvre des systèmes de mesures automatisés haute fréquence et en temps réel sur leurs navires.

3. Mise en œuvre du projet

- Thème 1 : Flux de gaz climatiquement actifs à l'interface air-mer :

1.1. Étude des flux de CO₂ à l'interface océan-atmosphère dans les systèmes du Plateau Continental - Acidification des eaux marines et ses implications

Dans la continuité des recherches menées sur cette thématique lors des quatre dernières années, Le projet proposé pour les prochaines années s'articulera autour de deux axes principaux qui auront pour objectifs :

- de quantifier la dynamique des flux air-mer de CO₂ à haute fréquence spatio-temporelle dans les écosystèmes du plateau continental peu explorés,
- de développer une combinaison d'approches in situ et expérimentale afin d'étudier l'acidification des océans (OA) et son impact sur les modifications des équilibres chimiques dans les eaux des écosystèmes du plateau continental.

Les conséquences de l'augmentation du CO₂ atmosphérique sur la biogéochimie du carbone est un enjeu scientifique majeur et une thématique transversale à la station biologique de Roscoff qui permettra, par ailleurs, de consolider des collaborations avec différentes équipes de l'UMR 7144 (« RéTroProd » et « Evolution du Plancton et PaléOcéans») qui étudient les réponses des communautés benthiques et planctoniques à l'OA. La description succinctes des projets déjà financés pour le prochain plan quinquennal (ci-dessous) permet de détailler la mise en œuvre de la thématique dans la première partie du futur plan de l'AD2M.

1.1.1. Déterminer et mieux quantifier à haute fréquence spatio-temporelle les échanges air-mer de CO₂ et les processus qui les contrôlent

Comme mentionné ci-dessus les écosystèmes du plateau continental sont très productifs et très hétérogènes et la chimie du CO₂ et les flux air-mer de CO₂ peuvent présenter de larges variations de l'échelle journalière à décennale. Bien que des systèmes d'observation soient opérationnels pour capturer la variabilité du CO₂ en océan ouvert, ce type d'observatoire hautes-fréquences est largement sous développé pour l'océan côtier. La communauté scientifique dispose maintenant de nouvelles plateformes d'observation telles que les séries temporelles, bouées automatisées et navires d'opportunités (VOS lines) pour lesquels de nouveaux capteurs haute-fréquence de pCO₂ sont disponibles et doivent être validés. Ce type de stratégie doit être testé à l'échelle régionale afin de pouvoir étendre les observations à tous les écosystèmes du plateau continental. C'est dans ce contexte que seront développés les projets CHANNEL en Manche Occidentale et MERMEX-CARBORHONE dans le Golfe du Lion au début du futur contrat.

- **Projet CHANNEL en Manche Occidentale** : le projet CHANNEL aura pour objectif d'étudier les processus contrôlant les échanges air-mer de CO₂ en Manche Occidentale à partir de systèmes d'observations à haute fréquence spatio-temporelle. Un nouveau capteur de pCO₂ sera testé et installé sur le navire d'opportunité Armorique assurant la liaison journalière trans-Manche Roscoff-Plymouth. Ce nouveau capteur sera intégré à la Ferry Box (déjà équipée de capteurs de T, S, Chl a, O₂) récemment installée sur l'Armorique par l'équipe chimie Marine dans le cadre du projet

européen INTERREG-MARINEXUS. La haute-fréquence de mesures en continu permettra une couverture spatio-temporelle unique de la $p\text{CO}_2$ dans un écosystème du plateau continental. Cette base de données sera complétée et calibrée par des mesures de DIC et TA lors de traversées bimensuelles sur le navire. Ces paramètres seront également mesurés à fréquence bimensuelle au point SOMLIT-ASTAN (série temporelle en cours) situé en Manche Occidentale. Notre approche permettra une évaluation très précise des flux air-mer de CO_2 pour la Manche Occidentale et de valider ce type d'approche pour le développement d'un futur observatoire des flux de CO_2 dans les marges continentales à l'échelle globale. Ces travaux sont déjà en partie développés dans le cadre de la thèse de Pierre Marrec.

- **Projet MERMEX-CARBORHONE** : le projet CARBORHONE a pour objectif de déterminer les processus contrôlant les échanges air-mer de CO_2 et leur impact sur l'acidification des eaux méditerranéenne. En effet, les données sur les échanges air-mer de CO_2 dans les écosystèmes côtiers méditerranéens sont pour le moment très limitées, et nous avons choisi de nous intéresser au Golfe du Lion directement influencé par le plus grand fleuve Méditerranéen, le Rhône. Ces recherches se situent dans la continuité de nos travaux sur les panaches estuariens initiés par le projet CALVI et seront réalisés dans le cadre du Chantier Méditerranée MISTRALS en collaboration avec les équipes MERMEX.

Les travaux menés dans le cadre de CHANNEL et CARBORHONE s'intégreront au travail de synthèse de la communauté internationale pour la $p\text{CO}_2$ à l'échelle de l'océan global IOCCP (International Ocean Carbon Coordination Project) et SOCAT (Surface Ocean CO_2 Atlas) avec une mobilisation accrue pour la synthèse du $p\text{CO}_2$ en zones côtières (Pls A. Borges et A. Chen).

1.1.2. Etudier l'acidification des océans dans les écosystèmes du plateau continental

En réponse à l'accroissement de CO_2 atmosphérique, l'absorption de CO_2 par l'océan entraîne une modification des équilibres entre espèces chimiques (Carbone Inorganique Dissous (CID), H^+ , $\text{CO}_2(\text{d})$, HCO_3^- et CO_3^{2-}) du système du CO_2 dans les eaux marines. Ces modifications entraînent un processus aujourd'hui bien connu qu'est l'acidification des océans (OA) (Orr et al., 2005). L'OA pourrait avoir deux types de conséquences majeures: (1) un effet « chimique » par la modification de l'effet tampon de l'océan et donc la diminution de la pompe de CO_2 par l'océan qui engendrerait un réchauffement climatique encore plus rapide comme nous avons pu le souligner pour l'Atlantique Nord (Thomas et al., 2007) et (2) un effet « biologique », qui à terme entraînerait la disparition (Riebesell et al., 2000 ; Orr et al., 2005) et/ou la modification physiologique d'espèces phytoplanctoniques (Iglesias-Rodriguez et al., 2008) ou benthiques (Gazeau et al., 2007) essentielles au fonctionnement des écosystèmes. Ainsi, les programmes de recherche internationaux IMBER (Integrated Marine Biogeochemistry and Ecosystem Research) et SOLAS (Surface Ocean Lower Atmosphere Study) préconisent l'étude des écosystèmes côtiers et de leur réponse à l'augmentation de CO_2 atmosphérique. Dans ce contexte, des approches couplées in situ (séries temporelles) et expérimentales (projet eFoce) nous permettront d'étudier l'OA et les modifications des équilibres chimiques qu'elle engendre dans les eaux des écosystèmes du plateau continental.

- **Etudes in situ : Séries temporelles rade de Brest/Manche Occidentale** : Les séries temporelles à long-terme sont les outils indispensables à la compréhension des perturbations anthropiques et naturelles sur la biogéochimie des écosystèmes côtiers. Ainsi, les contributions les plus importantes des premières longues séries temporelles comme HOT (Hawaiï Ocean Time-series, Pacifique Nord subtropical) et BATS (Bermuda Atlantic Time-series Study, mer des Sargasses) résident dans une meilleure compréhension de la réponse océanique à la variabilité climatique et des impacts sur le cycle global du carbone. En plus de permettre le suivi et la compréhension des changements à long terme des écosystèmes, les séries temporelles des milieux marins font dorénavant face aux demandes sociétales de surveillance et de gestion des zones côtières fortement anthropisées.

Dans le contexte de l'OA et de son impact « chimique » sur les équilibres du système CO_2 , il est impératif de maintenir ou d'initier des séries-temporelles de $p\text{CO}_2$, TA, TC, pH qui permettront de faire un état des lieux de la chimie du CO_2 en milieu marin côtier et de suivre la réponse de ces paramètres à l'acidification des océans. Lors des quatre prochaines années nous poursuivrons par conséquent nos suivis en rade de Brest (bouée MAREL-IROISE/SOMLIT-Brest) et Manche Occidentale (SOMLIT-Brest) avec pour objectif d'évaluer sur le long terme l'impact des perturbations anthropiques (eutrophication vs acidification) et climatiques (NAO) sur le cycle du carbone dans ces écosystèmes tempérés du plateau continental.

- **Etudes expérimentales : Projet eFoce** : European Free-Ocean Carbon dioxide Enrichment experiments Programme. Ce projet financé en 2011 dans le cadre du Mécénat "Changement climatique" par la Fondation BNP Paribas sera mené en collaboration avec nos collègues du LOV à Villefranche sur Mer (F. Gazeau, J.-P. Gattuos), de l'équipe Rétroprod à la SBR (S. Martin) et du Monterey Bay Aquarium Research Institute (MBARI) (P. Brewer et W. Kerkwood).

L'impact « biologique » de l'OA sur les espèces phytoplanctoniques et benthiques calcifiants a suscité de nombreuses recherches depuis quelques années. La plupart de ces recherches sont basées sur des expériences de perturbations ($p\text{CO}_2$ et température) menées au laboratoire. Cependant, seules les études in-situ doivent permettre d'évaluer l'impact de l'OA pendant de longues périodes sur la structure et le fonctionnement de communautés. Dans le cadre de eFOCe, des systèmes d'expérimentations benthiques permettant le contrôle du pH dans les écosystèmes côtiers seront construits et testés suivant le modèle existant au MBARI. Une fois validés, ces systèmes nous permettront d'évaluer l'impact de l'acidification des océans sur des communautés benthiques clé de la Méditerranée et de l'Océan Atlantique. En collaboration avec S. Martin (équipe Rétroprod, SBR) nous nous focaliserons plus particulièrement sur les communautés de Maerl et de crépidules qui jouent un rôle important dans les flux de CO_2 à l'échelle des écosystèmes.

L'ensemble des projets présentés ci-dessus permettra de consolider et de mettre en œuvre la thématique « CO_2 » de l'équipe pour la première partie du futur plan quinquennal de l'AD2M. L'objectif de l'équipe sera ensuite d'élargir ce type d'approche avec la communauté internationale via des projets à plus grande envergure. Les discussions entreprises récemment dans le cadre du workshop international « Developing an Ocean Acidification

Observing Network of Ship surveys, Moorings, floats and Gliders » doivent permettre de mettre en œuvre ce type de projets à grande échelle dans la seconde partie du plan quinquennal de l'UMR 7144.

1.2. Production de composés organiques halogénés volatils dans les zones productives de l'océan côtier

Les zones côtières sont caractérisées par de fortes productions primaires et constituent des sources et puits significatifs pour de nombreux composés qui peuvent influencer la chimie atmosphérique (Butler et al., 2000). Parmi ces composés, les composés organiques halogénés volatils (VHOC) qui présentent à la fois des sources naturelles et anthropogéniques sont émis globalement par l'océan et sont connus pour avoir une action sur la chimie de l'ozone atmosphérique. L'océan constitue une source majeure de composés halogénés pour l'atmosphère (Cicerone et al., 1988) mais l'importance des flux d'émission vers l'atmosphère reste encore mal connue. Dans l'océan, différents VHOC sont produits par les macroalgues et différentes espèces de phytoplancton : des composés polyhalogénés à faible temps de vie (CH_2Br_2 , CHBr_3 , CH_2I_2 , ...) et des composés monohalogénés (CH_3Br , CH_3Cl , CH_3I) qui présentent une meilleure stabilité photochimique et jouent donc un rôle plus important pour la chimie de la stratosphère. Les conditions de formation de ces composés par les organismes biologiques et dans différents environnements côtiers ne sont pas suffisamment connues et l'influence de différentes conditions environnementales (exposition à différents niveaux de lumière, augmentation des concentrations en éléments nutritifs dans la zone côtière, augmentation des températures et influence de la production d'halogènes en relation avec le changement global, ...) qui ont un rôle important dans la production de VHOC doit être développée dans de futures études. En continuité avec les travaux que nous avons menés précédemment dans les zones productives d'upwellings de l'océan hauturier (Raimund et al., 2011), nous aurons comme objectifs d'étudier la production des composés halogénés organiques volatils et les flux d'échange avec l'atmosphère dans les zones productives des plateaux continentaux. La Manche occidentale est une excellente zone atelier facilement accessible pour des études de processus dans différents systèmes représentatifs des plateaux continentaux (systèmes homogènes, frontaux et stratifiés). La production et les échanges de VHOC avec l'atmosphère seront quantifiés dans les différents systèmes homogènes, stratifiés et frontaux afin de réaliser un bilan annuel de production de ces composés et de leurs échanges avec l'atmosphère. Les travaux seront réalisés selon un cycle annuel avec des prélèvements mensuels qui seront réalisés lors des traversées Roscoff - Plymouth sur le ferry Armorique. Ces bilans de production et d'échanges avec l'atmosphère dans ces systèmes caractéristiques de plateaux continentaux pourront être comparés à ceux effectués dans les systèmes plus côtiers de Manche occidentale à proximité de Plymouth (Archer et al., 2008) et de Roscoff (Raimund, 2010).

- Thème 2 : Traceurs chimiques de la circulation océanique

Les études de la variabilité décennale de la circulation méridienne dans l'Atlantique Nord seront poursuivies dans le cadre des projets OVIDE-CATARINA-GEOTRACES. L'Atlantique Nord constitue l'une des zones principales de formation d'eaux profondes de l'océan mondial où la composante principale de la branche froide de la cellule méridienne de circulation en Atlantique, est exportée vers le sud par les courants profonds de bord ouest. La branche supérieure de la cellule méridienne de circulation transporte, via la dérive Nord Atlantique, l'eau chaude et salée subtropicale vers le nord où elle est progressivement refroidie et convertie en partie en eau modale subpolaire (SPMW), une des sources de l'Eau Profonde Nord Atlantique. La branche froide de la circulation thermohaline est liée à la branche chaude par l'existence de processus de mélange diapycnaux qui créent des transferts de chaleur et d'autres propriétés entre les deux branches. La cellule méridienne de circulation crée un transport de chaleur vers le nord de l'Atlantique et répond au forçage atmosphérique : sa variabilité pourrait être le signe, cause ou effet, de changements climatiques majeurs. Afin d'étudier la variabilité de la circulation méridienne, nous avons réalisé 5 sections répétées (95 stations, 28 profondeurs) entre 2002 et 2010 entre le Portugal et le Groenland dans le cadre du programme OVIDE et une nouvelle section a été réalisée en 2012 dans le cadre du programme CARINA. Au cours de ce programme, l'équipe Chimie Marine a assuré la responsabilité de l'acquisition des données en traceurs chimiques naturels (nitrates, phosphate, silicates) et transitoires (CFC-11, CFC-12, CFC-113, CCl_4) lors de l'ensemble des sections d'hydrographie répétée. Une importante base de données a été constituée et notre effort de recherche des prochaines années sera consacré à l'exploitation des données et à la réalisation d'une synthèse des résultats obtenus. Nos principaux objectifs seront :

- de documenter la variabilité décennale de la circulation grande échelle des eaux profondes dans l'Atlantique Nord. Les composantes majeures des eaux profondes (Upper Labrador Sea Water ULSW, Classical Labrador Sea Water CLSW, Eaux issues des seuils du Danemark DSOW et d'Islande-Écosse ISOW, Eaux Méditerranéennes MOW) et l'Eau Modale Sub-Polaire SPMW) seront décrites et caractérisées. Nous continuerons à étudier en particulier les fluctuations de formation de l'Eau du Labrador et particulier celles de la cLSW qui serait formée en plus grande quantité lors des hivers intenses (fin des années 80 - début des années 90) associés à de forts indices de la North Atlantic Oscillation (Smethie et al., 2000) alors que la formation de la composante supérieure uLSW serait plus régulière.
- d'étudier la variabilité interannuelle sur différentes surfaces isopycnales caractéristiques des eaux intermédiaires et profondes,
- d'étudier la variabilité des transports en éléments nutritifs sur l'ensemble de la colonne d'eau et par masse d'eau en collaboration avec H. Mercier (LPO, Brest) et F.F. Pérez (CSIC Vigo)
- d'étudier la circulation et la formation d'eau profonde dans le sud de la Mer d'Irminger par convection hivernale. Les principales masses d'eau profondes sont échantillonnées à proximité de leur zone de formation lors des travaux effectués sur la radiale OVIDE. Nos résultats obtenus au cours des premières campagnes montrent que la zone de formation de la LSW pourrait être plus étendue et qu'il pourrait y avoir certaines années des phénomènes de convection profonde dans des secteurs situés au sud du Groenland.
- d'estimer les échelles de temps de la circulation profonde sur la période 2002-2010. Les vitesses moyennes d'écoulement seront estimées à l'aide des traceurs transitoires et comparées aux estimations récentes de Sy et al., (1997) qui ont décrit une accélération marquée de l'écoulement de l'Eau du Labrador depuis les années 90.
- les transports de CFC pour les eaux intermédiaires et profondes sur la radiale Ovide.

Alors que les campagnes en mer du projet Ovide sont complétées, nous avons décidé avec nos partenaires espagnols du CSIC Vigo de prolonger l'occupation de la section répétée jusqu'en 2014. Une nouvelle campagne a été réalisée en

juin-juillet 2012 selon la même stratégie de mesure sur le navire océanographique « Sarmiento de Gamboa) dans le cadre d'un projet espagnol CATARINA (Carbone AnThRopique In the North Atlantic). Une réflexion est en cours avec nos collègues biogéochimistes pour une nouvelle occupation de la section en 2014 dans le cadre du programme international GEOTRACES. Le programme Geotraces a pour ambition de coordonner les études en biogéochimie marine et d'améliorer les connaissances acquises dans les années 1970 lors du programme GEOSECS. L'objectif de ce programme est d'identifier les processus et de quantifier les flux qui contrôlent la distribution et les cycles des éléments traces et isotopes dans l'océan et d'estimer et prédire la réponse au changement global du cycle de ces éléments chimiques. Les distributions de ces éléments traces seront déterminées au niveau global en occupant une série de sections hydrologiques. La contribution française à ce programme consistera à effectuer des mesures dans l'Atlantique nord et une ré-occupation de la section Ovide est envisagée.

- Thème 3 : Dynamique de l'azote et des éléments associés dans les systèmes côtiers et océaniques

Les travaux seront consacrés à l'étude des conditions de développement d'espèces de phytoplancton toxique dans les zones côtières (projet ANR PARALEX) et des flux de fertilisation en éléments nutritifs dans les zones frontales de Manche occidentale (projet Interreg MARINEXUS)

Dans la continuité de nos travaux effectués depuis plusieurs années sur les conditions de développement d'espèces de phytoplancton toxique (*Gyrodinium aureolum* renommé *Karenia mikimotoi*, *Alexandrium minutum*) dans les eaux côtières bretonnes, des études seront menées dans le cadre du projet ANR PARALEX développé en collaboration avec mes collègues de l'équipe Plancton Océanique de l'UMR7144 Roscoff, de l'Ifremer Brest et de l'Observatoire Océanologique de Banyuls. Plusieurs espèces de phytoplancton toxique se développent dans les eaux côtières françaises parmi lesquelles *Alexandrium minutum*, *Karenia mikimotoi*. Alors qu'*Alexandrium minutum* est présent sous forme de kystes dans la majorité des rivières bretonnes, celui-ci ne donne pas lieu à des proliférations toxiques dans tous les endroits où il est présent. Les causes de l'absence de prolifération sont à ce jour inconnues. Notre projet actuel est de déterminer les conditions de développement et de contrôle d'*Alexandrium minutum* dans différents estuaires bretons en déterminant si la limitation du développement est due aux conditions physico-chimiques du milieu notamment par une limitation en éléments nutritifs, des températures insuffisantes, brassage vertical trop important, ...) ou par un contrôle exercé par des espèces parasites (protistes, bactérie, virus). Les travaux seront menés dans différents estuaires bretons : Penzé, Rivière de Morlaix où nous disposons d'une base de données supérieures à 10 ans, Rance, et rade de Brest. Nos travaux réalisés en 2011 en Rance ont permis de montrer que dans cet estuaire, le développement d'*Alexandrium minutum* pouvait être limité par les concentrations en nitrates alors que la présence de parasites a pu être également mise en évidence. Dans cet estuaire, un double contrôle pourrait alors s'exercer sur la prolifération d'*Alexandrium minutum*. Cette étude sera réalisée dans plusieurs estuaires afin de préciser les conditions de prolifération et de contrôle de cette espèce.

Les zones de fronts sont caractérisées par la présence de fortes biomasses phytoplanctoniques dont l'origine reste encore mal connue. Mes travaux antérieurs (Morin et al., 1993) ont montré que les zones frontales de Manche occidentale étaient fertilisées périodiquement par une augmentation du brassage vertical dans la zone de balancement du front lors de l'alternance morte eau - vive eau (figure 12). Cette fertilisation périodique est à l'origine d'une augmentation des biomasses phytoplanctoniques lorsque les conditions de développement deviennent plus favorables notamment lors de la diminution du mélange vertical en morte eau. Cependant, la quantification des flux verticaux en éléments nutritifs reste difficile en raison de la difficulté d'échantillonner les zones frontales à haute fréquence spatio-temporelle sur des périodes suffisamment longues. Depuis 2010, nous avons mis en place les moyens nécessaires pour pouvoir réaliser des mesures de surface haute fréquence sur l'ensemble de la Manche occidentale pendant l'ensemble de l'année en équipant un ferry de capteurs physico-chimiques et biologiques sur la ligne entre Roscoff et Plymouth. Les paramètres mesurés sont la température, la salinité, l'oxygène dissous, la fluorescence de la chlorophylle, la turbidité et la CDOM (Colored Dissolved Organic Matter). Les mesures sont effectuées automatiquement et en continu lors des traversées quotidiennes. Deux traversées sont réalisées chaque jour et trois traversées pendant la période estivale où les zones frontales sont les plus développées. Les données acquises sont transmises automatiquement à l'arrivée du ferry dans les ports et nous disposons ainsi en quasi temps réel des informations sur les structures thermiques et phytoplanctoniques présentes dans les eaux de surface de Manche occidentale. A ces mesures en continu réalisées par les capteurs, nous avons équipé le ferry d'un préleveur d'échantillons automatisé et réfrigéré qui nous permet de réaliser des prélèvements d'eaux de surface. Ce préleveur automatisé est piloté depuis le laboratoire et nous pouvons fixer les points de prélèvements (24 prélèvements possibles par traversée) selon un positionnement GPS précis. L'utilisation conjointe des mesures en continu de surface et de ce préleveur pilotable à distance nous donne maintenant la possibilité de pouvoir échantillonner de manière très précise et en permanence les structures frontales de Manche occidentale. Notre objectif des prochains mois est de quantifier la fertilisation en éléments nutritifs des zones frontales de Manche occidentale en réalisant des prélèvements journaliers dans les zones stratifiées, frontales et homogènes en échantillonnant plus particulièrement les zones de gradients thermiques horizontaux où les flux verticaux sont les plus importants. La réponse du compartiment phytoplanctonique à ces processus de fertilisation en éléments nutritifs sera également étudiée par les mesures de fluorescence en continu de surface et par des prélèvements d'échantillons pour des mesures de biomasses en chlorophylle a simultanément aux mesures d'éléments nutritifs. Des études seront également réalisées en collaboration avec S. Alvain (LOG, Wimereux) pour étudier les successions phytoplanctoniques à l'aide d'imagerie satellitaire (méthode PHYSAT) et d'échantillonnage des groupes fonctionnels de phytoplancton en Manche occidentale.

- Thème 4 : Développements analytiques et utilisation de capteurs innovants.

Les développements analytiques concerneront de nouveaux traceurs transitoires de la circulation océanique qui seront complémentaires des CFCs déjà utilisés dans l'équipe. Nous avons récemment développé l'analyse du SF₆ qui est un composé dont les concentrations augmentent régulièrement dans l'atmosphère et qui pourrait compléter

notre gamme de traceurs transitoires. Nos étudierons prochainement ses potentialités lors de nouvelles campagnes à la mer.

Nous avons développé récemment de nouvelles plateformes de mesures (bouée instrumentée, ferry box) afin d'accéder à des mesures haute fréquence à l'aide de capteurs in situ. Nous avons l'intention de poursuivre cet effort dans les prochaines années :

- en intégrant de nouveaux capteurs innovants afin d'accéder à de nouveaux paramètres. Nous avons ainsi commencé à tester depuis 2012 un capteur de $p\text{CO}_2$ Contros sur le ferry Armorique et nous avons également l'intention d'installer un capteur CARIOCA sur la bouée Astan afin d'accéder à des mesures haute fréquence temps réel de $p\text{CO}_2$ en Manche occidentale qui nous permettront d'affiner les bilans d'échanges air-mer de CO_2 . Nous suivons également le développement de nouveaux capteurs plus précis de pH et d'alcalinité. Des projets sont également en discussion avec nos collègues du MOI Marseille (G. Gregori, M. Thyssen) afin de tester un cytomètre en flux (Cytosense) et un fluorimètre spectral pour étudier les distributions et successions phytoplanctoniques à haute fréquence temporelle.
- en participant au développement de nouvelles plateformes de mesures en biogéochimie en intégrant des capteurs UV de nitrates sur des flotteurs Argo (Projet PRONUTS développé en collaboration avec le LOV Villefranche et Ifremer DRT/TMSI). Ces flotteurs profileurs nous permettront d'accéder à des profils de nitrates entre 0 et 2000m de profondeur et nous permettront d'avoir accès à des mesures dans des zones et/ou à des périodes difficiles d'accès. Le déploiement de ces flotteurs nous permettra par exemple d'avoir accès aux mesures des concentrations en nitrates en période hivernale dans l'Atlantique nord dans les couches de mélange de surface et d'accéder aux concentrations en nitrates pré-conditionnant le bloom printanier de phytoplancton.

Vague D :
campagne d'évaluation 2012 - 2013
UMR 7144 – AD2M

2.1. Projet scientifique de l'équipe
Ecogéochimie et Fonctionnement
des Ecosystèmes Benthiques (EFEB)

1. Présentation de l'équipe

a. Historique

Il s'agit de l'équipe RéTroProd du dernier contrat, rebaptisée EFEB, sans changement majeur de périmètre.

b. Composition

Responsable de l'équipe : D. Davoult, PR

Personnel Titulaire	Qualité	Personnel Temporaire	Période prévue
D. Davoult	PR	1 IR CDD (IDEALG)	1.01.14-30.01.14
S. Martin	CR	1 AI CDD (IDEALG)	1.04.16-31.03.18
A. Migné	MC	1 T CDD (IDEALG)	1.01.14-31.03.16
P. Riera	MC HDR	+ Doctorants	
R. Michel	T CNRS		
J. Coudret	AI CNRS (50%)		

2. Analyse SWOT¹⁴ et objectifs scientifiques de l'équipe

Au cours de l'actuel contrat, l'équipe a fait converger les approches de mesure du métabolisme communautaire benthique *in situ* et d'étude du réseau trophique par les isotopes stables en travaillant sur les mêmes systèmes aux mêmes échelles spatio-temporelles. Les mesures communautaires *in situ* ont été récemment développées à la fois à l'émergence et à l'immersion, permettant ainsi de connaître le fonctionnement des systèmes benthiques à l'échelle du cycle de marée. 3 nouvelles chambres benthiques ont été construites en 2011 afin d'augmenter les possibilités de réplication sur le terrain. L'équipe a également développé sa compétence de mesure de la diversité spécifique des milieux intertidaux rocheux. Le recrutement de Sophie Martin en cours de contrat a permis de renforcer la compétence en termes d'expérimentation *in vitro* et a apporté une compétence nouvelle sur l'étude des effets du changement climatique et de l'acidification des océans (AO).

Le développement des activités de l'équipe est actuellement fortement limité par le nombre insuffisant de personnels techniques dans l'équipe. Une demande d'IE "terrain" est prioritaire depuis 2011 au sein de l'UMR mais n'a toujours pas abouti. Les expérimentations *in situ* sont très chronophages et demandent souvent la présence simultanée de 4 personnes. De plus, plusieurs expérimentations doivent être réalisées en période de vives eaux et sont de fait concurrentes, d'où la nécessité de mobiliser assez régulièrement 6 ou 8

¹⁴ Le terme SWOT (acronyme pour *Strengths, Weaknesses, Opportunities and Threats*), en français MOFF ou AFOM, désigne un outil d'analyse d'une situation ou d'un environnement, et de construction de stratégie.

personnes simultanément sur le terrain. 3 des 4 chercheurs de l'équipe étant des enseignants-chercheurs, leur degré de liberté pour adapter leur emploi du temps est parfois faible.

Une grosse partie des mesures *in situ* de fonctionnement des communautés benthiques sera financée dans le cadre du projet Idealg (Investissements d'avenir). En revanche, le développement des expérimentations *in vitro* sur l'AO est, d'une part limité par le faible espace dont dispose l'équipe (un laboratoire perdu au cours du contrat et toujours pas récupéré) pour mettre en œuvre ces expérimentations qui demandent une surface de travail assez importante (plusieurs conditions de pCO_2 mises en œuvre simultanément), d'autre part conditionné par le financement de projets aux niveaux régional, national et européen. L'équipe participait jusque-là au projet européen EPOCA.

Certaines approches complémentaires à celles de l'équipe paraissent maintenant indispensables pour mieux comprendre le fonctionnement des écosystèmes et la relation diversité-fonctionnement. De même, dans un contexte de changement climatique, la mise en œuvre d'outils de génomique fonctionnelle devient incontournable. L'équipe doit donc développer ou renforcer des collaborations, notamment sur les approches d'analyse d'acides gras, de mesure de fluorescence *in situ*, de production de substances actives (phénols par les macroalgues, par exemple) et de génomique fonctionnelle.

L'équipe a beaucoup développé au cours de l'actuel contrat les contacts et les partenariats au niveau régional sur l'impact de la récolte des algues (récolte mécanique des laminaires en bateau, récolte manuelle des algues de rive à marée basse) : Chambre syndicale des algues et végétaux marins, goémoniers et transformateurs, Ifremer, Parc Marin d'Iroise, InterBioBretagne (association gérant la mise en place de la certification Bio des algues en Bretagne). Ces contacts, de même qu'une collaboration active avec Valérie Stiger (MC UBO, IUEM), seront des atouts pour développer les travaux sur le fonctionnement des milieux rocheux côtiers et littoraux dominés par des macroalgues.

L'équipe entend donc développer lors du prochain contrat 2014-2018 une **thématique générale d'étude du fonctionnement des écosystèmes benthiques côtiers**, en particulier des communautés très diversifiées en milieu rocheux dominé par des macroalgues.

Le projet sera développé en faisant converger **l'approche *in situ* de mesure du métabolisme et du réseau trophique et l'approche expérimentale *in vivo* de mesure des effets de l'AO sur le métabolisme des espèces benthiques**.

L'objectif général sera de comprendre (comment ?) et de quantifier (combien ?) le fonctionnement des communautés très diversifiées associées aux milieux rocheux côtiers dans un contexte hypervariable lié notamment à la marée. Pour cela, **l'équipe développera simultanément des mesures de biodiversité (diversité des habitats, diversité spécifique des macroalgues et de la macrofaune) et des mesures de fonctionnement (métabolisme, réseau trophique)**.

Les travaux seront réalisés à la fois dans un contexte de faible anthropisation (zone de référence pour les mises au point méthodologiques, l'estimation de bilans de production, la compréhension de l'architecture des réseaux trophiques et de la connectivité trophique entre habitats), et sous conditions de contraintes anthropiques. Deux types de contraintes anthropiques seront principalement étudiés :

- L'impact de la récolte des macroalgues (poursuite du travail en cours sur les laminaires, développement des études sur les algues de rive – projet Idealg)
- L'impact du changement climatique, en particulier le phénomène d'AO

Comment ?

- Comment sont structurés les réseaux trophiques, quelles sont les principales voies de transfert ?
- Replacer le traçage isotopique de la matière dans un cadre écologique théorique (échelles trophiques, redondance trophique, connectivité trophique entre habitats)
- Déterminer le rôle des canopées : espèces fondatrices et/ou rôle majeur dans les transferts de matière au sein de l'écosystème
- Comment est régulé le métabolisme des systèmes soumis aux alternances émergence-immersion ?
- Comment vont évoluer les interactions entre espèces sous la contrainte de l'AO ?

Combien ?

- Peu de bilans réalistes du fonctionnement des systèmes côtiers, d'où une certaine incertitude sur leur niveau d'autotrophie/hétérotrophie (puits ou source de CO_2 ?)

- Des niveaux de production de ces systèmes très importants et souvent sous-évalués
- Qui produit combien ? les canopées, les autres strates de macroalgues ou les microalgues, la macrofaune, la méiofaune ou la microfaune, des effets de synergie ?
- Estimation des taux de production de carbonate de calcium des systèmes benthiques tempérés (très peu de données alors que systèmes potentiellement très productifs)

La convergence des approches se fera notamment en développant, en complément des mesures *in situ* déjà réalisées par l'équipe, des expérimentations *in situ* afin de comprendre **les relations diversité-fonctionnement** au sein de ces communautés :

- Manipulation des communautés rocheuses (récolte expérimentale d'algues, exclusion d'espèces)
- Mise en place de plaques de colonisation
- Mise en place de communautés contrôlées (assemblages de petites plaques de substrat durs pour former des assemblages avec différentes combinaisons d'espèces et de densité)

L'approche *in situ* combinera donc de façon originale la mesure des flux métaboliques (flux de CO₂/O₂, flux d'ammonium), la mesure des principaux paramètres du milieu (irradiance dans l'air et dans l'eau, température, sels nutritifs via les données SOMLIT), l'étude du réseau trophique via les isotopes et la mesure de la diversité des macroalgues et de la macrofaune. Dans ce contexte, l'étude de l'impact de la récolte et le suivi de la restauration du système permettront de comprendre et hiérarchiser les facteurs limitant cette restauration et d'évaluer le **degré de résilience** des communautés étudiées.

Les processus de modification et/ou simplification (i) des voies de transferts trophiques dans des systèmes fortement modifiés (récolte de la canopée d'une communauté, par exemple) et (ii) de la **connectivité trophique entre habitats adjacents**, conséquence de modifications anthropiques (aménagements, par exemple) seront particulièrement étudiés. Sur le plan technique, l'analyse des réseaux trophiques sera réalisée par le couplage des trois méthodes de traçage de la matière organique, les isotopes stables naturels et enrichis et les marqueurs lipidiques (via des collaborations, par exemple T. Méziane, cf. thèse de F. Leroy), maintenant reconnu en écologie trophique aquatique.

L'analyse de la relation **biodiversité-fonctionnement** sera faite à l'échelle des microhabitats à forte diversité spécifique, typiques des milieux rocheux, au niveau des forêts de laminaires (stipes, crampon de *Laminaria hyperborea* et substrat libre entre les individus) et de certaines zones intertidale (cuvettes et platiers). Cette approche a déjà été appréhendée au niveau des crampons (structure ramifiée servant d'ancrage de l'algue au substrat rocheux) des laminaires *Laminaria digitata*. L'intérieur des crampons peut être colonisé par une forte diversité animale (jusqu'à 90 espèces et plus de 9 000 individus par crampon pour un diamètre n'excédant pas 20 cm, Christie et al., 2003). Au sein de ce micro-écosystème s'établit un réseau trophique complexe, incluant 4 niveaux trophiques et plusieurs voies principales de transfert (Schaal et al. in press).

Les connaissances acquises au cours des dernières années par l'équipe sur le fonctionnement des systèmes littoraux et côtiers tempérés sera mise à profit pour réaliser des études comparatives du métabolisme et des réseaux trophiques associés aux **divers habitats littoraux et côtiers**, entre habitats trophiques différents (herbiers, vasières, habitats rocheux intertidaux à canopée, habitats rocheux subtidaux à *Laminaria digitata*, à *Laminaria hyperborea*), mais également entre habitats trophiques similaires (forêts de *L. hyperborea* en différents sites, par exemple). Une analyse approfondie de la **biodiversité horizontale** associée à la structure des réseaux trophiques (diversité des groupes de consommateurs primaires, suspensivores, brouteurs et dépositivores, et diversité spécifique au sein de chaque groupe, par exemple), qui est un élément favorable à la diversité des flux et à la complexité fonctionnelle des réseaux trophiques, sera mise en œuvre.

Cette convergence des approches sera également réalisée pour l'étude expérimentale de l'**impact du changement climatique et de l'AO**. Les connaissances actuelles sont largement basées sur des expériences portant sur des espèces isolées mais ces travaux rendent difficile une extrapolation aux réponses des communautés et des écosystèmes au sein desquels il existe un réseau complexe d'interactions interspécifiques. La diminution de la calcification provoquée par la baisse du pH pourrait notamment compromettre la survie des organismes benthiques calcifiants et réduire leur avantage compétitif face aux espèces non calcifiantes. Aussi des informations nouvelles sur les interactions existant entre espèces sensibles et espèces tolérantes à l'acidification et au réchauffement des océans sont indispensables pour évaluer les impacts réels au niveau des écosystèmes. L'objectif est de fournir des éléments nouveaux de compréhension de l'impact du réchauffement et de l'acidification des océans à l'échelle communautaire en

utilisant comme écosystème test les communautés de macroalgues. La biodiversité et sa fonction seront étudiées dans un contexte de changement global à travers des **manipulations de la diversité de communautés de macroalgues** en laboratoire (assemblages d'algues calcaire corallinacées et algues non calcaires, cf. supra les assemblages de plaques pour contrôler la diversité et la densité) **et des herbivores associés sous différentes conditions de pH et de température**. Les changements fonctionnels communautaires seront étudiés en s'appuyant sur une approche intégrée combinant la physiologie, la biogéochimie et l'écologie :

- Réponse physiologique : mesures des taux de respiration et/ou photosynthèse et/ou calcification des espèces et réponse aux variations de lumière (courbes photosynthèse-éclairage et calcification-éclairage), mesures de fluorescence (PAM), mesures des concentrations en pigments photosynthétiques (collaboration C. Six, UMR 7144) et génomique fonctionnelle (collaboration J. Collen, UMR 7139)
- Réponse biogéochimique : mesure des flux d'oxygène, de carbone inorganique dissous, d'alcalinité et de sels nutritifs à l'échelle communautaire
- Réponse écologique : mesures de croissance et de recrutement, analyse des interactions trophiques (macroalgues/herbivores) et de la dynamique du réseau trophique par des mesures d'isotopes stables

3. Mise en œuvre du projet

Le projet de l'équipe et sa démarche scientifique s'insèrent dans une discipline émergente, **l'écogéochimie**, qui se propose d'analyser la complexité des systèmes écologiques et de construire des approches intégratives prenant en compte cette complexité. **L'écogéochimie s'intéresse à la dynamique conjointe des organismes vivants et des facteurs abiotiques** (dynamique physico-chimique des milieux étudiés) **et à leurs interactions**, l'objectif étant de comprendre les propriétés des écosystèmes et leur fonctionnement.

Une des originalités de notre projet est **la part importante prise par l'approche *in situ***. La mesure du métabolisme à l'émersion, technique que nous avons mise au point il y a un dizaine d'années (Migné et al., 2002), reste un outil original d'étude des systèmes intertidaux. Depuis, nous avons adapté l'outil au milieu rocheux, notamment dominé par des macroalgues (Golléty et al., 2008; Valdivia et al., 2012), et **nous avons développé des suivis du métabolisme sur l'ensemble du cycle de marée en prenant en compte l'alternance émerSION-immersion** (Ouisse et al., 2011). La mesure du métabolisme à l'émersion par la technique des chambres benthiques que nous avons développée est en train de se disséminer et d'être adoptée par plusieurs équipes (IUEM/UBO) et pays (Taïwan, Allemagne, Grande Bretagne – Ecosse et Pays de Galles, Canada) mais très peu ont déjà publié leurs travaux (IUEM/UBO, Taïwan, Allemagne). Nous avons récemment publié sur le métabolisme à l'émersion avec des collègues allemands (Valdivia et al., 2012) et collaborons avec des collègues écossais (SERG, Univ. St Andrews, G. Paterson & C. Golléty). A notre connaissance, seuls 2 articles ont été publiés sur l'évolution du métabolisme benthique au cours de l'alternance émerSION/immersion, les deux sur des herbiers de zostères (Clavier et al., 2011; Ouisse et al., 2011).

Notre implication croissante sur **les aspects socio-économiques/environnementaux de récolte des algues** en Bretagne va encore se développer dans le cadre du projet Idealg (programme Investissements d'avenir). Nos travaux doivent servir à terme à fournir des préconisations en termes de techniques/hauteur de coupe et/ou de fréquence d'exploitation des champs d'algues (mise en place de jachères et de systèmes de rotation).

Sur la thématique d'étude des réseaux trophiques des habitats littoraux et côtiers, les acquis de l'équipe (maîtrise de l'outil isotopes stables naturels et mise en œuvre à la fois sur des systèmes très variés mais aussi sur des systèmes analogues), l'utilisation des isotopes enrichis et, en collaboration, des acides gras, permettent une analyse approfondie de la structure et du fonctionnement de ces réseaux mais également de replacer les résultats isotopiques dans une démarche conceptuelle d'écologie trophique théorique. Les isotopes stables sont, aujourd'hui plus que de simples traceurs de matière (leur vocation première), ils sont également des outils efficaces pour définir les propriétés structurales et fonctionnelles des réseaux trophiques, telles que **les échelles trophiques, la diversité et la hiérarchisation des voies de transferts trophiques, la redondance trophique et la connectivité trophique entre habitats adjacents**. Cette démarche est notamment soutenue par (i) les différentes propriétés des isotopes stables en écologie trophique, mises en exergue depuis 3 décennies, et (ii) le développement d'outils mathématiques, en particulier les modèle de mélange multi-sources IsoSource (Phillips & Gregg, 2003) et SIAR (stable isotope analysis in R) (Parnell et al., 2010), ainsi que les métriques isotopiques (Layman et al., 2007).

En cela, les isotopes stables couplés à d'autres indicateurs trophiques, notamment biochimiques, peuvent être à la base de la mise en œuvre de véritables modèles de réseaux trophiques. Il s'agit maintenant de développer cette démarche dans l'étude des réseaux trophiques côtiers et marins.

Le projet se place au centre d'un des enjeux écologiques majeurs de notre société : le réchauffement climatique et l'augmentation de la concentration atmosphérique en CO₂. Le réchauffement des eaux de surface océaniques et la diminution du pH pourraient avoir des répercussions sévères sur la structure et le fonctionnement des écosystèmes marins. Un intérêt croissant existe aujourd'hui pour comprendre et prévoir comment réagiront les écosystèmes marins face à ces changements environnementaux. Sur la base de l'état de l'art, on constate que (i) il existe encore un déficit de connaissances des effets de l'AO sur les espèces benthiques tempérées comparé à l'état des connaissances sur les espèces tropicales, notamment coralliennes et (ii) la plus grande part des études porte sur une seule espèce considérée isolément, généralement seulement sur une partie de son cycle de vie. Les résultats actuels permettent donc de savoir si une espèce donnée devrait connaître une régression, voire une extinction, ou au contraire une expansion, si les scénarios proposés se réalisent. **Notre projet se situe volontairement à une échelle communautaire** où les interactions entre espèces seront prises en compte et permettront de comprendre, au-delà du déclin de telle ou telle espèce, l'évolution probable des communautés benthiques côtières tempérées, y compris en intégrant la phase si cruciale du recrutement. L'équipe participe à une proposition de projet européen sur la thématique (pour faire suite au projet EPOCA) et collabore déjà avec de nombreuses équipes. L'implantation de systèmes expérimentaux *in situ* est envisagée à moyen terme.

Pour atteindre les objectifs présentés ici, l'équipe s'appuie sur des partenariats multiples, dont certains ont été développés depuis de nombreuses années. Sur le plan local, nous collaborons avec plusieurs équipes au sein de notre UMR, actuellement BEDIM et DIVCO avec qui nous formons le groupe "Populations & Ecosystèmes", mais également avec l'équipe PPM (Coll. C. Six) et l'UMR 7139 (Coll. J. Collen, P. Potin, C. Leblanc). Au plan national, nous avons développé des collaborations de longue date avec l'UMR 8187 LOG (Wimereux, F. Gevaert, N. Spilmont, C. Luczak & G. Beaugrand), l'UMR 7208 Borea (MNHN Paris, C. Hubas & T. Méziane, et CRESCO Dinard, E. Feunteun), l'UMR 5805 EPOC (Arcachon, P. Anschutz, B. Sautour & H. Blanchet), l'UMR 7093 LOV (Villefranche, J.-P. Gattuso), l'UMR 6539 LEMAR (IUEM Brest, notamment V. Stiger & J. Clavier) et l'Ifremer (principalement M. Laurans sur la problématique d'exploitation des algues), plus quelques autres collaborations plus ponctuelles. Au plan international, nous avons collaboré récemment dans le cadre du REX MarBEF avec plusieurs laboratoires européens et gardons des contacts pour valoriser nos résultats communs. Nous collaborons notamment avec l'Univ. St Andrews (SERG, D. Paterson & C. Golléty), le Plymouth Marine Laboratory (Steeve Widdicombe), University of Plymouth (P. Calosi, Jason Hall Spencer), le Marine Research Institute (Reykjavík, ICELAND, H. Egilsdóttir & J. Olafsson) et la Station Marine de Kristineberg (Suède, S. Dupont) et avons des contacts sur des aspects de valorisation ou méthodologiques avec quelques laboratoires, dont le laboratoire aquatique (Univ. Québec à Chicoutimi, Mathieu Cusson) et le CIIMAR (Portugal, I. Sousa-Pinto et al.).

Nos partenariats avec le monde socio-économique sont régionaux et fondés sur la thématique de récolte durable des algues : Chambre syndicale des algues et végétaux marins, goémoniers et transformateurs, InterBioBretagne (association gérant la mise en place de la certification Bio des algues en Bretagne).

Les compétences des membres de l'équipe sont très complémentaires. Nous maintenons un flux d'étudiants, notamment de thésards et de stagiaires de master 2, important et sur les différents aspects développés. L'équipe s'est renforcée fin 2009 grâce au recrutement d'une jeune CR CNRS, S. Martin. En revanche, nous souffrons cruellement d'un fort déficit en personnel technique malgré une demande de création d'IE considérée comme prioritaire dans l'UMR. A terme, un modélisateur permettrait une synthèse et une meilleure valorisation de nos travaux, tant les mesures de terrain que les expérimentations en labo.

Outre les financements récurrents de notre UMR, nous avons bénéficié régulièrement de financements régionaux (divers dispositifs de financements d'équipement, de fonctionnement et de salaires de thésards et de post-doc), nationaux (EC2CO, ANR Ecolalp, par exemple) et européens (REX MarBEF, Interreg MARINEXUS, EPOCA). Au cours des prochaines années, nous bénéficierons de financements nationaux (Idealg) et internationaux (Interreg ValMer) et devrions continuer à trouver des financements au niveau régional sur la thématique d'exploitation des macroalgues. Dans l'attente de recrutements pérennes, nous avons obtenu des financements contractuels (T, AI et IR) au cours des prochaines années (Idealg).

En termes de publications, nos objectifs sont de continuer à publier dans les revues du premier quartile des principales disciplines abordées (Océanographie, Biologie marine et Biogéochimie) et de renforcer notre politique de publication dans des revues d'écologie générale.

Vague D :
campagne d'évaluation 2012 - 2013
UMR 7144 – AD2M

2.1. Projet scientifique de l'équipe
Diversité et Connectivité
dans le paysage marin côtier (DIVCO)

1. Présentation de l'équipe

a. Historique

Pas de changements au cours de ce contrat d'unité (cf. premier paragraphe de la section 2)

b. Composition

Responsable de l'équipe : Frédérique Viard

Personnel Titulaire	Qualité	Personnel Temporaire	Période prévue
Thomas Broquet	CR	Amandine Nicolle CRC	09/12-08/13
Thierry Comtet	CR	Emmanuelle Billard CRC	09/12-11/12
Jerome Coudret (50%)	AI (50%)		
Claire Daguin-Thiébaud	IR (80%)	Sarah Bouchemousse D	10/12-09/2015
Eric Thiébaud	MC	Florentine Riquet D puis CRC	09/12-12/12
Frédérique Viard	DR	Carinne Rigolet D	09/12-12/12
		Laury Dijoux D ^{1/2}	09/12-01/2014
		Charlotte Roby CDD IE	09/12-05/13
		XX CDD IE (ANR HySea)	11/2013-07/2015
		XX CDD IE (Interreg Marinexus)	03/2013-08/2013

Note : Franck Gentil, MC, partira en retraite en Décembre 2012. Une demande de renouvellement du poste de MC, classée prioritaire par la Station Biologique de Roscoff, est faite auprès de l'UPMC.

2. Analyse SWOT et objectifs scientifiques de l'équipe

La création de DIVCO à l'occasion du précédent contrat visait à favoriser une intégration méthodologique de la génétique des populations à l'écologie des communautés sur une thématique phare : l'étude des modalités de la dispersion en milieu marin et des mécanismes éco-évolutifs associés. La connectivité en milieu marin est un vaste champ de recherche qui ouvre la voie à de nombreux questionnements fondamentaux sur la dynamique de la biodiversité mais également sur la gestion des milieux naturels. Nos résultats ont décrit la complexité des mécanismes modulant la dispersion et illustré leurs conséquences à différents niveaux d'organisation biologique. Ils ont trouvé un écho tant dans les médias propres à la recherche qu'auprès des décideurs, des gestionnaires ou du grand public.

Nous souhaitons conforter le développement de l'équipe en poursuivant nos recherches sur la connectivité en milieu marin, en faisant toutefois évoluer notre projet sur deux points principaux :

(1) Nous avons réalisé des avancées significatives sur la compréhension des mécanismes proximaux modulant la durée de vie larvaire. Aussi le thème 1 du projet actuel ne sera pas poursuivi en l'état mais servira de base à l'étude des schémas de transport larvaire par les modèles couplés biologie-physique. Nos travaux en écologie chimique (sur les mécanismes du couplage), nous ont amené à nous éloigner de nos fondamentaux. Poursuivre ces approches avec efficacité et rigueur nécessiterait des personnels spécialistes de la discipline, un pari difficile dans le contexte actuel. Nous avons donc choisi de ne pas poursuivre par nous-même ces études mais continuer à interagir sur cette thématique *via* des collaborations (e.g. projet européen Net-Biome SEAPROLIF).

(2) Nous souhaitons renforcer l'étude de la dynamique des communautés et développer nos recherches à la frontière entre l'étude des populations et des espèces. Le cœur (expertise, intérêt scientifique, originalité) de l'équipe va en

effet vers l'analyse de la dynamique spatio-temporelle des populations et des communautés par des approches intégrées d'écologie et de biologie évolutive. Nous souhaitons amplifier cette démarche. Les données récentes soulignent deux faits majeurs : (i) on ne peut pas négliger le continuum population-espèce (cf. données sur les complexes d'espèces cryptiques et l'hybridation entre espèces en contact secondaire) et (ii) les modifications brutales de l'environnement (invasions biologiques, modifications d'habitats, changement climatique) induisent des bouleversements rapides avec des effets parallèles sur les espèces et les communautés qu'il convient d'analyser de concert.

Le nouveau projet de l'équipe se dessine ainsi selon 3 axes :

Axe 1- Ecologie de la dispersion

Mots-clés : connectivité ; dispersion larvaire ; invertébrés à cycle benthopélagique ; modèles biologie-physique, variation inter-individuelle ; traceurs bio-géochimiques

Au cours des dernières années, les modèles bio-physiques ont fait l'objet d'importantes améliorations auxquelles nous avons contribué (e.g. ACL 216), tant en termes de résolution spatiale et temporelle que de complexité des processus simulés. De nombreux progrès restent à accomplir dans la représentation des processus physiques et biologiques, par exemple une meilleure prise en compte des forçages externes (e.g. coups de vent dont la fréquence et l'intensité augmentent avec le changement climatique) et de la complexité des comportements larvaires. Par ailleurs, il s'agira de **développer la représentation des traits biologiques individuels et leurs variations dans les modèles bio-physiques** (de façon probabiliste), pour un nombre réduit d'espèces pour lesquelles nous disposons d'une information suffisante (coquille Saint-Jacques, crépidule) et dans un contexte pluridisciplinaire (modélisation, traceurs biogéochimiques, marqueurs génétiques). Cette étape est essentielle à une meilleure évaluation de la connectivité dans le contexte du changement climatique susceptible d'affecter ces traits biologiques (e.g. lien température/durée de vie larvaire ; cf Bilan thème 1).

Si la génétique des populations est une approche permettant de déterminer l'origine des larves, elle peut être inadaptée pour des espèces à forte capacité de dispersion et grande taille de populations. L'un de nos objectifs est de **développer de nouveaux outils, les marqueurs biogéochimiques**, encore peu utilisés sur les larves d'invertébrés marins [1]. Cette approche est basée sur le fait que la composition élémentaire des coquilles larvaires dépend des conditions environnementales et des caractéristiques chimiques des sites au moment de leur formation [2]. L'objectif sera de valider la démarche en déterminant la composition de la coquille des larves de crépidule le long des côtes bretonnes. La crépidule est un excellent modèle car ses embryons sont incubés par la femelle jusqu'au stade véligère. En outre, la coquille larvaire est encore visible sur la coquille juvénile, ce qui permet en théorie de déterminer l'origine de la recrue grâce à la composition de la coquille larvaire.

Axe 2- Dispersion, flux de gènes et processus micro-évolutifs

Mots-clés : flux de gènes, modélisation théorique, analyses comparatives, NGS, invertébrés marins, complexes d'espèces, introgression adaptative, capacités d'adaptation et d'invasion

Dans le précédent contrat, l'équipe s'est intéressée aux flux de gènes dans l'espace, pour (i) comprendre leur impact sur la dynamique de la structure génétique des espèces marines et (ii) améliorer l'inférence de la dispersion (ou des routes de colonisation pour des espèces introduites). Cette thématique sera maintenue, notamment en poursuivant l'acquisition de données génétiques d'espèces invasives. En particulier, nous ciblerons les ascidies invasives pour lesquelles il existe différents jeux de données dans l'équipe et la littérature, permettant des analyses comparatives. **Les études menées à ce jour manquent d'unité** (en particulier de lieux et de groupes taxonomiques) **pour mener une approche comparative robuste** du rôle relatif de la pression de propagule, hypothèse principale du succès des espèces invasives marines, et d'autres caractéristiques (reproductives, démographiques etc.).

Les analyses de génétique des populations théorique seront également poursuivies. Ces approches ont produit de nombreux résultats sur le rôle des flux de gènes sur la dynamique spatiale de la variation génétique. Nous avons notamment modélisé l'impact de la dispersion collective sur la structure génétique des populations (cf Bilan thème 2). Les généticiens considèrent généralement que la dispersion est réalisée en une étape au stade juvénile (i.e. avant reproduction). Nous projetons d'**explorer les rôles respectifs de la dispersion natale et de la dispersion de reproduction (adulte) pour des espèces à générations chevauchantes**.

Nous souhaitons initier l'**étude des barrières aux flux géniques entre espèces proches inter-fertiles**. Ce projet repose sur un modèle biologique *a priori* intéressant, le complexe *Jaera albifrons* (isopodes marins), composé de 5 espèces. Ce complexe est caractérisé par un isolement écologique partiel et un fort isolement reproductif pré-zygotique, complétés par un isolement post-zygotique lié à la dépression hybride. Notre but est d'initier l'étude moléculaire des flux de gènes intra-spécifiques (i.e. flux de gènes entre populations) et inter-spécifiques (nature des barrières d'isolement entre espèces). Dans le même esprit, nous nous interrogeons sur le **rôle des contacts secondaires générés par les activités humaines (introductions biologiques) sur le devenir de taxons indigènes et**

non-indigènes interfertiles mis en contact. Les processus d'introgression adaptative ont été récemment proposés pour expliquer le succès des espèces non-indigènes : la mise en contact suivie d'hybridation entre une espèce indigène et une espèce introduite pourrait conférer un avantage à cette dernière. Ces processus, encore très peu documentés en milieu marin (une seule étude : *Mytilus* sp 3), seront abordés chez des ascidies, plus particulièrement le taxon *Ciona intestinalis*, modèle clé en biologie du développement. Sous ce nom existent en fait deux espèces appelées type A et type B, respectivement originaires du Pacifique Nord et de l'Atlantique Nord. En Bretagne, épice d'une zone de contact, des hybridations ont été montrées, ce qui offre l'opportunité d'étudier les mécanismes d'isolement reproducteur, de décrire les effets de ces contacts sur les génomes et de déterminer dans quelle mesure l'hybridation avec une espèce indigène peut conférer un avantage pour l'espèce introduite. Il s'agira d'analyser l'importance de l'isolement post-zygotique entre les deux types par des croisements expérimentaux et des études de génomique des populations ; des SNPs issus de la littérature et de séquençage de nouvelle génération (Rad-Tag) seront utilisés pour qualifier la perméabilité des deux génomes et le degré d'hybridation entre les deux types dans les populations naturelles (ANR HySea, resp. F. Viard).

Axe 3- Dispersion et dynamique des communautés

Mots-clés : code-barre ADN, méroplancton, benthos, nouveaux biomes, théorie des niches, modélisation d'habitats, corrélation diversité génétique-diversité spécifique-diversité fonctionnelle

Au cours du contrat actuel, l'équipe a établi les bases (ex. tests d'outils, collaboration) pour développer un projet de recherche visant à **comprendre la façon dont se structure et évolue la diversité des communautés**. Une des originalités de notre approche est de travailler à la fois sur les phases benthique et larvaire ainsi que sur des milieux naturels et de nouveaux biomes - les milieux artificiels (zones portuaires).

Nous poursuivons nos travaux à l'échelle de l'Atlantique Nord-est : l'accès réservé aux données historiques collectées en Manche au début des années 1970 (plus de 3000 stations ; L. Cabioch et coll.) ainsi qu'à celles en cours d'acquisition (projet EC2CO BENTHOCLIM ; resp. E. Thiébaud) offre une opportunité unique pour 1) évaluer dans quelle mesure les modifications récentes des conditions environnementales (réchauffement d'environ 1°C depuis le milieu des années 1980) ont affecté les patrons de distribution de la macrofaune en Manche occidentale et 2) confronter les modèles d'habitat encore peu utilisés en milieu marin [3] avec des données réelles affectées par le changement climatique. Par ailleurs, encore balbutiante en écologie marine, l'analyse par les traits biologiques permettra de rechercher si des traits d'histoire de vie sont favorisés par le changement global et d'évaluer l'impact des pressions anthropiques sur l'organisation fonctionnelle des peuplements. Sur différents jeux de données (e.g. suivis à long terme en Baie de Morlaix ou en Baie de Seine), il s'agira de faire le lien entre des mesures traditionnelles de diversité structurelle et des mesures de diversité fonctionnelle [4]. Dans le cadre d'une gestion désormais écosystémique des zones littorales et côtières, une telle approche est essentielle pour le gestionnaire qui souhaite évaluer les conséquences des mesures prises à l'aune des liens diversité/fonctionnement des écosystèmes/services écosystémiques.

A ces études des liens entre diversité structurelle et fonctionnelle, nous adosserons des études de diversité génétique afin de tester les hypothèses de corrélation entre diversité génétique et diversité spécifique/fonctionnelle [5, 6]. Cette hypothèse est issue des débats sur l'importance relative des mécanismes expliquant la composition des communautés et la distribution de la biodiversité (théorie déterministe liée au concept de niche écologique vs théorie stochastique liée aux processus d'extinction/colonisation/dérive écologique). Afin d'évaluer l'importance relative des processus déterministes dans la composition des communautés macrobenthiques en Manche, différentes analyses seront mises en œuvre (analyse des patrons de distribution des espèces, analyse de la relation entre les diversités α et β , analyse de la diversité intra-spécifique) sur des données collectées en Manche. La corrélation entre diversité génétique et diversité spécifique sera plus spécifiquement analysée dans les habitats portuaires en ciblant les ascidies, groupe particulièrement abondant dans ce type de milieu et au sein duquel coexistent espèces indigènes et non-indigènes.

Les **communautés de larves** seront étudiées à l'aide de méthodes moléculaires (code-barre ADN) initiées au cours du projet Marinexus. Nous souhaitons **changer d'échelle en utilisant une approche de metabarcoding faisant appel aux nouvelles générations de séquençage (NGS)**. Ces techniques haut débit représentent un bond technologique pour les inventaires de la biodiversité et la compréhension de la structure des communautés [7] et un enjeu majeur dans l'analyse de la diversité marine [8]. Notre objectif est de suivre les variations saisonnières de la diversité du méroplancton, encore mal connues, de part et d'autre de la Manche. Ces outils seront également utilisés pour l'étude de la connectivité assistée (i.e. par l'intermédiaire des activités anthropiques), conduisant au transport de nouvelles espèces non-indigènes, au transfert secondaire d'espèces non-indigènes déjà installées et mettant en contact des populations n'échangeant pas naturellement.

Analyse critique du projet et anticipation des difficultés :

L'autoévaluation (cf. 'Résultats') met en exergue certaines actions qui nous ont permis des avancées dont:

- 1- la mise en commun de nos compétences pour proposer et participer à des projets fédérateurs dans l'équipe, par exemple le projet Interreg Marinexus qui participe aux trois thèmes de recherche de l'équipe.
- 2- la participation à des ateliers et réseaux (1) régionaux (par ex. GIS Europol Mer ;cf conférences invitées), (2) nationaux (e.g. GDR MARCO : l'équipe a été une force de proposition pour ce GDR et participe à son comité directeur) et (3) internationaux (e.g. programmes MARPACE (NoE MARBEF) et LIA DIAMS).
- 3- une forte implication dans la formation, avec le développement de nouveaux projets de formation en écologie évolutive dans des parcours d'écologie marine (UE ECOPOP en Master 2) ou de génomique marine (Summer Course MEEG), ainsi que par la formation par la recherche afin de promouvoir ces approches intégrées.
- 4- Le soutien à la candidature d'un post-doctorant de l'équipe aux concours CNRS : sa réussite au concours d'entrée au CNRS (intégration en novembre 2010) a renforcé le pôle micro-évolution et apporté de nouvelles compétences (modélisation en génétique des populations) dans l'équipe.
- 5- des collaborations pérennes et fructueuses avec des chercheurs de différents instituts.

A l'aune de ces observations, des points forts/faibles et des risques/opportunités peuvent être dégagés.

- **Points forts** (éléments internes qui vont aider au choix et à la réalisation du projet)

Ce projet trouve ses racines dans l'écologie et la biologie évolutive et notre équipe rassemble des écologues et généticiens des populations qui peuvent porter les différents thèmes de recherche proposés. Il est construit sur l'expérience et les résultats déjà acquis : études préliminaires (ex. code-barre ADN) et données (ex. caractérisation de la variabilité individuelle ; opportunité unique de disposer de données de séries d'observation à long terme), expérience solide acquise sur la durée dans plusieurs domaines (ex. modèles bio-physiques, génétique des populations marines). De plus, nous avons au cours du contrat actuel exploré différentes voies et utilisé de nombreux modèles. En fonction des avancées réalisées dans certaines de ces voies, le projet est recentré thématiquement (ex. abandon de l'écologie chimique comme thème phare) et sur le nombre de modèles (ex. plus de projets sur les espèces hydrothermales, études focalisées sur certains milieux et régions dont la Manche). Enfin, il est fondé sur des actions entreprises au cours de ce contrat qui vont donner un socle pour le développement du projet, notamment (1) l'existence ou le démarrage imminent de programmes, par exemple le projet ANR Blanc HySea (resp. F. Viard) pour l'étude des introgressions adaptatives chez les espèces invasives, (2) les collaborations pérennes nouées avec des chercheurs français et étrangers [Sur ce second point, on retiendra par exemple la relation durable et fructueuse avec les océanographes physiciens sur les modèles bio-physiques, avec J. Bishop (MBA Plymouth) sur les études des espèces invasives, J. Yearsley sur la génétique des populations théorique ; Ces chercheurs sont impliqués dans nos projets *via* des programmes ou la codirection de doctorants], (3) l'attractivité de la thématique qui nous aide dans la réussite de recherche de financements et de doctorants, post-doc et contractuels techniques extrêmement motivés.

- **Points faibles** (éléments internes qui vont pénaliser le projet)

Nous avons fait le choix de rééquilibrer nos objectifs vers l'analyse des communautés plutôt qu'à l'échelle de l'individu car il nous apparaissait que se trouvaient là les enjeux de recherche les plus intéressants et les interactions transdisciplinaires les plus fortes. Ce choix est fait alors que l'équipe perd l'un de ses acteurs majeurs dans l'étude des communautés benthiques (départ à la retraite). L'absence du renouvellement anticipé des compétences dans le domaine de l'écologie des communautés, pourtant soutenu par la dernière commission AERES, est un point de faiblesse. De plus, malgré nos efforts, nous n'avons pu réaliser le regroupement de l'ensemble des membres de DIVCO dans les mêmes locaux afin de favoriser les échanges quotidiens à la base du fonctionnement d'une équipe de recherche. Dans la même situation qu'en 2008, l'équipe est toujours scindée en deux groupes dans deux bâtiments.

- **Risques liés au contexte** (éléments externes de nature à contrarier la réalisation du projet)

Une des originalités de notre approche est de concentrer au sein d'un même groupe fonctionnel des méthodologies diversifiées : travail de terrain et observations en laboratoire, analyse de données, expériences d'élevage en aquarium, techniques variées en biologie moléculaire. Compte-tenu de l'effectif extrêmement réduit en ITA permanent, ceci nous conduit à embaucher des contractuels spécialistes de ces différentes techniques, nécessitant de réussir à obtenir des financements sur programme. Une de nos forces a été aussi de disposer de financements de thèse. Les changements de modalités d'obtention de bourses de la région Bretagne, l'impossibilité de financement de doctorats sur de nombreux projets ANR, et les très fortes compétitions pour les allocations doctorales de l'Université expliquent la diminution au cours du temps du nombre de doctorants accueillis au sein de l'équipe, situation qui risque de perdurer.

- **Possibilités liées au contexte** (éléments externes de nature à faciliter l'émergence du projet)

Pour répondre aux faiblesses et risques, nous disposons d'un certain nombre d'atouts : nos résultats antérieurs montrent que nous avons su trouver les financements en soutien à nos activités. Par ailleurs, nos thématiques sont en lien avec une demande sociétale et partenariale forte. Ainsi un certain nombre de partenariats se dessinent avec l'Agence des Aires Marines Protégées, notamment via le démarrage du projet Interreg VALMER (services écosystémiques). Nous avons également été invités à rejoindre deux projets en réponse à l'appel à projets SEAS-ERA sur la thématique des espèces invasives.

Le développement de notre projet permettra en outre d'établir de nouvelles passerelles entre DIVCO et les équipes de l'UMR, par exemple pour les codes-barres ADN avec les équipes du groupe Plancton, et pour les traceurs biogéochimiques les équipes RETROPROD (future EFEB) et chimie marine. Par ailleurs, nous avons à la SBR la chance de bénéficier des compétences des services communs de la FR2424, dont le Service Mer & Observation (suivis sur le terrain, mise en place de protocoles, actions liées à l'Observatoire) et la plateforme ABIMS (accès au cluster, analyses bio-informatiques).

3. Mise en œuvre du projet

Les éléments permettant la mise en œuvre du projet sont déclinés pour les trois axes décrits ci-dessus.

Axe 1- Ecologie de la dispersion

Les collaborations sont déjà largement établies (partenariat étroit et durable avec les océanographes physiiciens) pour le développement des modèles bio-physiques. L'ANR COMANCHE permettra de développer les réflexions concernant l'intégration de la variabilité inter-individuelle dans ces modèles. Deux modèles biologiques ont été sélectionnés pour bénéficier des données acquises dans l'équipe ou disponibles dans la littérature. L'utilisation des marqueurs biogéochimiques naturels est une nouvelle approche. Cet outil est de plus en plus utilisé au niveau international pour répondre à la question de l'origine géographique des larves et à notre connaissance aucune équipe française ne travaille sur ce thème, sur les invertébrés. Ce projet sera développé au travers de collaborations, notamment pour la partie méthodologique (technique de spectrométrie de masse : laser-ablation inductively coupled plasma mass-spectrometry, LA-ICP-MS). Localement, la collaboration est envisagée avec le LEMAR, et l'accès à la plateforme de spectrométrie de masse PSO (Pôle Spectrométrie Océan), localisée à Brest, sera un atout majeur pour l'atteinte de notre objectif. Si notre objectif premier est l'étude de l'espèce invasive *C. fornicata*, d'autres modèles biologiques sont envisagés à plus long terme, tels que les bivalves *Ostrea edulis* (huître plate) et *Mya arenaria* (espèce introduite).

Axe 2- Dispersion, flux de gènes et processus micro-évolutifs

Concernant les processus à l'origine du succès d'établissement des espèces non-indigènes, DIVCO possède une expertise reconnue dans l'étude des impacts anthropiques, notamment des espèces introduites, comme en témoignent les projets de l'actuel contrat quadriennal, nos publications (plus de 30% concernent la biologie, l'écologie et l'évolution d'espèces introduites), les conférences invitées, les activités d'expertise et de vulgarisation scientifique. Ce thème bénéficie d'un contexte favorable avec des AO dédiés parus cette année (ex. Seas-era) et une forte demande sociétale. A côté d'enjeux liés à la conservation des habitats côtiers, les espèces introduites offrent des conditions privilégiées (ex. in situ, en temps réel) pour l'étude de processus éco-évolutifs. Un pan important en termes d'avancées méthodologiques sera le développement de l'utilisation des nouvelles technologies de génotypage et de séquençage, que nous avons initiées au cours du contrat actuel (ex. puce crépidule, EST-SSRs, scan génomique). Nous bénéficierons d'un contexte collaboratif et financier très favorable pour faire émerger les recherches en génomique et sur l'introgression adaptative avec le démarrage prochain (nov. 2012) pour 4 ans du projet ANR HySea. Concernant les croisements prévus pour l'étude des relations inter-spécifiques (*Jaera* spp. et *Ciona* spp.), nous bénéficierons de l'arrivée récente d'un ITA (à 25% dans l'équipe) pour les élevages expérimentaux, et de la rénovation des structures d'aquariologie à Roscoff.

Axe 3- Dispersion et Dynamique des communautés

Ces recherches bénéficient d'une interaction étroite avec la composante « Observation » du Service Mer & Observation. L'accès réservé aux données historiques offre une opportunité unique pour atteindre nos objectifs d'analyse de la dynamique des communautés benthiques. Concernant l'étude des nouveaux biomes, encore très peu étudiés, en particulier en Manche-Atlantique, nous bénéficions de données acquises ces 5 dernières années à la faveur de plusieurs projets dont Marinexus, Ecolerp, AXA MAAC.

Sur les codes-barres ADN, il s'agit de poursuivre des actions engagées dans le quadriennal précédent. Les approches d'identification de larves ou autres stades précoces de développement par barcoding [9] sont encore extrêmement rares [10, 11]. La mise en oeuvre de l'approche de meta-barcoding sera permise rapidement par un rapprochement avec d'autres équipes de l'unité, notamment EPPO qui est un leader international de la génomique environnementale (avec l'expertise en bioinformatique, critique dans ce type d'approche), et DPO qui souhaite développer cette approche dans le cadre des suivis à long terme du plancton, permettant de créer une dynamique interne à l'unité.

Pour ce qui est de l'étude de la structure génétique des pools larvaires, l'expertise est présente au sein de l'équipe. L'accent sera mis sur des espèces pour lesquelles des marqueurs moléculaires de type microsatellites sont disponibles (huître plate *O. edulis* ; *Mya arenaria*, collaboration R. Lasota, Pologne).

Pour l'étude des nouveaux biomes et des communautés benthiques et larvaires, les collaborations en place seront étendues, notamment avec le Plymouth Marine Laboratory et la Marine Biological Association (Plymouth, Royaume-Uni), avec qui nous développons ce projet dans le cadre du programme Interreg Marinexus.

A plus long terme, l'équipe souhaite un rapprochement plus important avec les équipes du MNHN travaillant sur la taxonomie intégrative, notamment le groupe de S. Samadi avec qui nous avons déjà des échanges dans le cadre du GDR MARCO. Leur expertise dans la gestion et l'analyse des données de barcoding nous permettra d'être plus efficaces en valorisant les efforts de chacun dans un projet collectif. Nous souhaitons aussi intégrer un chercheur

(poste de maitre de conférences demandé) pour renforcer les recherches sur les relations entre diversité taxonomique et infra-spécifique.

Références citées

- [1] Becker et al. 2007. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 104, 3267-3272
- [2] Strasseret al. 2008. Mar. Ecol. Prog. Ser. 370, 155-169.
- [3] Robinson et al. 2011. Global Ecol. Biogeogr. 20, 789-802.
- [4] Schleuter et al. 2010. Ecol. Monogr. 80, 469-484.
- [5] Vellend & Geber. 2005. Ecol. Lett. 8, 767-781.
- [6] Evanno et al. 2009. Mol. Ecol. 18, 1137-1144.
- [7] Valentini et al. 2009. Trends Ecol. Evol. 24, 110-117.
- [8] Hofmann & Gaines. 2008. BioScience 58, 43-52.
- [9] Bucklin et al. 2011. Annu. Rev. Mar. Sci. 3, 471-508.
- [10] Heimeier et al. 2010. Mar. Gen. 3, 165-177.
- [11] Puillandre et al. 2009. Mol. Ecol. Resour. 9, 1311-1321.

Vague D :
campagne d'évaluation 2012 - 2013
UMR 7144 - AD2M
2.1. Projet scientifique de l'équipe
Adaptation et Biologie des Invertébrés
en Conditions Extrêmes (ABICE)

1. Présentation de l'équipe

a. Historique

L'équipe 'Adaptation et Biologie des Invertébrés en Conditions Extrêmes (ABICE, Resp. S. Hourdez) résulte de la fusion des équipes 'Génétique de l'Adaptation aux Milieux Extrêmes' (GAME, Resp. D. Jollivet) et 'Ecophysiologie des Invertébrés Marins en Milieux Extrêmes' (EIMME, Resp. F. Lallier), avec une réorganisation des chercheurs et enseignants-chercheurs en deux grands axes thématiques directeurs. Bien que ces deux axes thématiques aient pu chacun correspondre au périmètre d'une équipe indépendante, notre fonctionnement avec mutualisation des moyens et des locaux, la fréquente participation conjointe de membres des deux équipes aux mêmes campagnes d'échantillonnage, la rédaction d'articles et les demandes de financement à des projets communs nous a encouragé à nous fédérer en une seule équipe.

b. Composition

Responsable de l'équipe : Stéphane HOURDEZ

Personnel Titulaire	Qualité	Personnel Temporaire	Période prévue
ANDERSEN, Ann	MC	GUEZI, Hayat (DOC)	Fin Oct. 2013
HOURDEZ, Stéphane	CR (HDR)	CASCELLA, Kevin (DOC)	Fin Oct. 2014
JOLLIVET, Didier	CR	FUENZALIDA, Gonzalo (DOC)	Fin Oct. 2015
LALLIER, François	PR (HDR)	DETREE, Camille (DOC)	Fin Oct. 2015
LE GUEN, Dominique	T		
LE PORT, Anne-Sophie	T		
MARY, Jean	MC		
TANGUY, Arnaud	MC		
TOULLEC, Jean-Yves	MC (HDR)		

2. Analyse SWOT¹⁵ et objectifs scientifiques de l'équipe

Points forts

Une des grandes forces de l'équipe ABICE réside dans la complémentarité des compétences des chercheurs et enseignants-chercheurs qui la composent, permettant d'aborder le problème de l'adaptation aux milieux extrêmes sous différents angles et à différentes échelles, allant de la relation structure-fonction des protéines à l'évolution des espèces et de leurs génomes en passant par la réponse physiologique des organismes aux variations environnementales. L'équipe bénéficie également de l'acquisition récente de nombreuses séquences de transcriptomes et du développement d'outils moléculaires pour l'analyse de données génétiques 'haut débit' (i.e. puces oligo) ainsi que de nombreuses collaborations, au niveau national et international, permettant la participation à des missions avec nos collègues étrangers et la mise en place de demandes de financements. La reconnaissance du « groupe de Roscoff » dans la communauté nationale et internationale s'intéressant à la biologie en milieux extrêmes est également un atout pour développer ces collaborations (GDR ECCHIS, CAREX, InterRidge, ...).

¹⁵ Le terme SWOT (acronyme pour *Strengths, Weaknesses, Opportunities and Threats*), en français MOFF ou AFOM, désigne un outil d'analyse d'une situation ou d'un environnement, et de construction de stratégie.

Points faibles

A côté de ces forces, l'équipe pâtit du manque d'aide technique au laboratoire (seulement 2 techniciennes pour 7 Chercheurs/Enseignant-Chercheurs) et de nombreuses difficultés à obtenir des financements de bourses de thèse au sein d'une et une seule ED en raison de la diversité des thèmes abordés. Nous recherchons activement des financements de thèse mais les opportunités sont de plus en plus rares, en particulier les financements ANR sur lesquels nous candidapons ne permettent pas de financer des salaires de doctorants. Au cours des 5 dernières années nos équipes ont également souffert d'une absence de recrutements en jeunes chercheurs et ITA, notamment sur l'évolution des génomes et la génétique évolutive. Des demandes auprès du CNRS ont été faites pour un poste d'Ingénieur d'Etudes en bioinformatique, indispensable à l'avancée de nos travaux sur l'évolution des génomes vis-à-vis d'environnements qualifiés d'extrêmes. Au cours des années précédentes, les 2 équipes se sont impliquées fortement dans la formation, en particulier en Master2, et la survie de l'équipe passe par son rattachement à une nouvelle Ecole Doctorale permettant d'explorer un spectre plus large de thématiques (allant des sciences de l'évolution à la biologie structurale).

Opportunités liées au contexte

L'équipe continuera de faire appel aux techniques de séquençage haut débit (en particulier Illumina/454), à la fois pour des séquençages de transcriptomes de nouvelles espèces, l'analyse du polymorphisme nucléotidique et pour les approches de transcriptomique. L'analyse des patrons d'expression de gènes et de protéines, la PCR quantitative, l'hybridation fluorescente *in situ*, permettra à la fois de rester à la pointe de la technologie, tout en conservant une vue intégrative des adaptations. La génomique environnementale est une approche promise à un brillant avenir et les études que nous menons sont à la pointe dans le domaine.

Risques liés au contexte

L'accès aux organismes qui nous intéressent (sources hydrothermales, Antarctique/Arctique) demeure difficile et coûteux et rend laborieuses beaucoup d'expérimentations *in vivo* ou de croisements pour valider certaines relations phénotype/génotype. Nous continuerons à demander des missions en mer pour récolter des organismes issus d'environnements extrêmes mais nous désirons également développer des approches comparatives sur des modèles côtiers, notamment en milieu intertidal. L'acquisition passée d'échantillons et le grand nombre de gènes obtenus par séquençage nous permettent d'ores et déjà de travailler encore longtemps sur les mécanismes adaptatifs des espèces sans l'acquisition de nouveaux échantillons. Enfin, nos collaborations, notamment internationales, nous permettent aussi d'acquérir des échantillons de différentes régions du monde.

Projet de l'équipe

Les objectifs de l'équipe ABICE se déclineront en deux grands axes de recherche. Le premier axe est centré autour de l'évolution des espèces et de leurs génomes en fonction des régimes de sélection particuliers (stabilité vs instabilité, hautes et basses températures, normoxie vs hypoxie chronique), retrouvés dans les environnements marins extrêmes. Il s'agit ici d'étudier les capacités d'adaptation des organismes, résultant de la longue évolution de ces organismes dans des milieux réputés 'hostile' à la vie. Le second axe sera focalisé sur la réponse physiologique de quelques espèces d'organismes, représentatifs de leur écosystème, aux variations de leur environnement. Cette fois nous nous intéresserons aux capacités d'acclimatation des organismes via leur plasticité phénotypique. Ces axes sont en continuité avec la majorité des thématiques développées auparavant par les deux équipes mais un recentrage sera mis en place, avec une diminution des espèces modèles principales. Les études portant sur la structure-fonction des pigments respiratoires resteront d'intérêt pour l'étude de certaines adaptations moléculaires, mais ne formeront plus un axe à part entière. Nous veillerons cependant à entretenir au sein de l'équipe l'expertise taxonomique développée sur certaines familles d'annélides (A. Andersen, S. Hourdez).

Axe 1- Evolution des génomes d'espèces sous fortes contraintes environnementales.

Resp. D. Jollivet

Autres personnes impliquées : S. Hourdez, J. Mary

Modèles principaux : Annélides Alvinellidae et Polynoidae

Approche multi-espèces, cadre phylogénétique, histoire des changements adaptatifs

Objectifs principaux : Adaptations à la température et à l'hypoxie

Les travaux de l'axe 1 reposent en grande partie sur les analyses comparées de transcriptomes d'annélides phylogénétiquement proches et occupant des environnements contrastés en termes de régime thermique ou de niveau d'oxygénation. Notre objectif est ici de relier des patrons de phylogénie comparée avec des approches expérimentales pour tester des hypothèses causales d'adaptabilité à des échelles écologiques et évolutives appropriées (Weber & Agrawal, 2012¹⁶). Limiter ce travail à un contexte phylogénétique restreint permet d'éviter les phénomènes de saturation du signal moléculaire. C'est pourquoi cette approche est menée sur deux familles d'annélides qui semblent avoir une histoire évolutive différente : les espèces actuelles d'Alvinellidae descendraient d'un ancêtre thermophile (relaxation de la pression de sélection dans les lignées mésophiles) alors que chez les Polynoidae, le caractère thermophile semble dérivé. L'utilisation de deux familles différentes permettra de distinguer les tendances communes vers l'adaptation thermique (convergences) des spécificités évolutives propres à l'histoire évolutive de chaque famille.

¹⁶ Weber M.G. & Agrawal A.A. 2012. Phylogeny, ecology, and the coupling of comparative and experimental approaches. *Trends Ecol. Evol.* 27 : 394-402. 10.1016/j.tree.2012.04.010

Aux 6 transcriptomes déjà disponibles pour chaque famille, nous rajouterons environ 6 espèces, représentant non seulement différents régimes de l'environnement hydrothermal (différentes gammes de température, parfois très variable) mais aussi le milieu littoral tempéré (relativement stable et tiède) et l'environnement Antarctique (très stable et froid). Ceci nous permettra d'étudier l'évolution des protéomes, d'évaluer le polymorphisme naturel et les mécanismes de sélection, et d'étudier des gènes cibles pour comprendre les bases moléculaires de l'adaptation.

Axe 1.1 - Evolution des protéomes

Au cours du quinquennal précédent, l'étude comparative des transcriptomes de l'espèce thermophile *Alvinella pompejana* et de l'espèce mésophile *Paralvinella grasslei* a permis de mettre en évidence des tendances mutationnelles similaires à celles trouvées chez les procaryotes thermophiles, notamment des enrichissements en acides aminés chargés (Arg, Lys) et en acides aminés hydrophobes (Ile, Tyr, et plus particulièrement Ala) et une forte préférence de l'espèce thermophile pour les codons se terminant en GC (Jollivet *et al.*, 2012). Ces aspects ont été développés dans le bilan 2007-2012 de l'équipe GAME. L'évolution des génomes d'espèces vivant dans des environnements très froids ou très chauds posent de nombreuses questions tant du point de vue évolutif que du point de vue mécanistique. En particulier, l'enrichissement en certains acides aminés ou l'utilisation préférentielle de certains codons (machinerie traductionnelle) sont-ils un caractère récemment dérivé dans les espèces thermophiles ou datent-ils de la colonisation de ces environnements particuliers ? Les pressions de sélection exercées sur les organismes eucaryotes (pour lesquels les limites de vie sont conditionnées par des températures < 60°C) conduisent-elles à sélectionner les mêmes patrons structuraux de consolidation de la molécule à l'échelle du protéome, ou l'adaptation de l'espèce est-elle le résultat d'une évolution individuelle de chaque protéine (processus stochastique de favorisation d'un environnement protéique permettant ensuite la sélection d'une mutation 'adaptative') en fonction d'un 'trade off' entre optimum de fonctionnement et rigidité de structure ? L'environnement 'chaud' favorise-t-il toujours l'émergence de protéines plus compactes et l'environnement froid permet-il toujours l'avènement de protéines plus flexibles ? Le développement de certains outils bioinformatiques et l'accumulation de transcriptomes séquencés au cours du quinquennal précédent nous permettent d'ores et déjà de répondre à certaines de ces questions à partir d'analyses globales sur les protéomes mais en privilégiant également des approches plus ciblées sur des protéines (ou familles de protéines) d'intérêt. A ce titre, nous proposons donc de focaliser ce type d'approche sur 2 groupes de polychètes (les terebellomorphes et les Polynoidae) ayant des représentants dans tous les types d'environnements marins, et pour lesquels nous projetons de séquencer de nouveaux transcriptomes chez des espèces de l'Antarctique. Les données additionnelles de séquençage pour au moins 12 autres espèces (incluant, pour chaque famille, 2 espèces littorales, et 2 Antarctiques) seront acquises très prochainement (financement Fondation Total sur la biodiversité en en milieu profond). Les scripts développés lors du dernier quinquennal nous permettent d'ores et déjà de déterminer les orthologies d'un grand nombre de gènes entre les espèces séquencées, de déterminer les fréquences des résidus aminés et donc les différences inter-spécifiques, de quantifier les mutations synonymes et non-synonymes et leur rapport dN/dS (indicateur du mode de sélection en cours sur le gène) et d'évaluer sa variabilité entre les espèces et au cours de l'évolution du gène. A terme, ceci devrait constituer à notre connaissance le premier jeu de données de cette importance sur l'effet de l'environnement, et en particulier la température, sur l'évolution des protéomes et de l'usage du code.

Axe 1.2 - Polymorphisme 'adaptatif' et mécanismes de sélection en milieu extrême

Le processus d'adaptation d'une espèce à un environnement changeant et/ou spatialement hétérogène passe par l'apparition dans les populations naturelles de variants protéiques pouvant conférer à l'espèce un avantage adaptatif (notion de valeur sélective de l'individu) et leur sélection au cours du temps, celle-ci pouvant être rapide et dirigée (balayage sélectif) dans un environnement stable et homogène ou, balancée (maintien de plusieurs isoformes : polymorphisme 'adaptatif') dans un environnement instable ou hétérogène. Le rôle de la sélection sur les changements de fréquences alléliques au sein des populations et leur effet à long terme pose de nombreuses questions sur les potentialités d'évolution des espèces 'à sang froid' (ectothermie) dans le cadre du réchauffement climatique annoncé, et notamment, si la nature (stabilité/hétérogénéité) de l'environnement de par son régime de sélection influe sur le polymorphisme et le devenir des espèces à travers leur potentiel évolutif ? Une approche possible est de regarder plus particulièrement le polymorphisme et la divergence d'espèces proches sur une collection de gènes d'intérêt. Le séquençage haut débit de transcriptomes des espèces d'annélides et du krill ont déjà permis d'analyser le polymorphisme synonyme et non-synonyme de certains gènes (HSP70, PGM, SOD) pour l'espèce *A. pompejana* et pour le krill Antarctique. Au cours du quinquennal précédent, nous avons tiré avantage de ces données et avons initié la mise en évidence de certains effets sélectifs ayant affecté le polymorphisme de ces espèces, soit en maintenant des allèles ancestraux, soit en favorisant un allèle particulier (balayage sélectif). Dans ce cadre, nous utiliserons les nombreuses séquences orthologues obtenues (et en cours d'obtention) chez les polychètes hydrothermaux, côtiers et antarctiques pour tester l'hypothèse que l'instabilité spatio-temporelle des conditions près des sources hydrothermales influence le régime de sélection sur les espèces et favorise un régime de sélection balancée. A l'inverse un environnement extrêmement stable du point de vue thermique comme l'Antarctique devrait favoriser la sélection purifiante et une faible diversité non-synonyme. Une telle approche sera effectuée en étudiant plus spécifiquement des gènes connus dans la littérature (*ie.* allozymes) pour être sensibles aux changements environnementaux, notamment les enzymes du stress oxydatif (SOD, CAT) et thermique (HSP70) et certains enzymes ayant une position clef dans l'alternance de métabolismes aéro-anaérobie (PGM, GPI, AAT, MDH, SAAH, opine deshydrogénases). Pour cela, nous effectuerons une étude des polymorphismes nucléotidiques de séquences codantes à partir d'un séquençage d'amplicons multiplexés par 454 en utilisant des individus taggés (RADTag) issus de populations provenant d'environnements thermiquement contrastés. Dans cette optique, nous chercherons également à détecter des locus pouvant être sous l'effet d'une sélection diversifiante à partir de 'scans' génomiques sur la différenciation génétique de 2 ou 3 espèces hydrothermales bien échantillonnées (*eg.* *A. pompejana*, *A. caudata*, *P. grasslei*) en utilisant les SNPs non-synonymes en fréquence intermédiaire déjà recensés dans nos banques de données (post doc E. Fontanillas, données non publiées) afin d'élargir notre choix de marqueurs pour les études de gènes-candidat. Une approche utilisant la capture de portions de génome (*ie.* fragments de chromosome) autour d'un gène

d'intérêt et le RAD Tag sera également effectuée en collaboration avec N. Bierne (U. Montpellier2, UMR 5554) pour mesurer les effets d'autostop entre gènes proches et l'influence de la sélection sur les portions non codantes selon le régime de sélection considéré. Enfin, dans le cas avéré de polymorphismes ancestraux maintenus par sélection, il nous semble particulièrement intéressant de s'intéresser aux relations entre environnement et phénotypes enzymatiques en cherchant à comprendre comment les mutations incriminées agissent sur les propriétés fonctionnelles et/ou la stabilité thermique de l'enzyme. Des outils de surexpression en vecteur bactérien d'allèles codant pour des isoformes de la MnSOD d'*Alvinella pompejana* ont déjà été utilisés pour tester l'idée que ces isoformes présentent des différences de stabilité thermique (ici, entre 3 et 5°C selon les méthodes de mesure). Nous allons étendre ce type d'études non seulement à plus de gènes mais surtout à d'autres espèces vivant dans les environnements côtiers tempérés et polaires. L'ajout d'espèces littorales tempérées (vivant dans un milieu cycliquement changeant) et d'espèces Antarctiques (vivant dans un milieu froid extrêmement stable) permettra de tester ces hypothèses sur l'effet de la stabilité environnementale sur la diversité génétique des espèces.

Axe 1.3 - Evolution de gènes cibles et histoire des changements adaptatifs

Chez les invertébrés marins, l'approche de séquençage des transcriptomes n'est envisageable que sur un très faible nombre d'espèces dans un contexte phylogénétique restreint. Dans ce cadre, l'approche permet de déterminer les orthologies sur un grand nombre de gènes, et de dessiner des amorces pour amplifier et séquencer ces gènes cibles chez d'autres espèces du même groupe taxonomique. Etudier l'histoire évolutive d'un gène permet de mieux comprendre le rôle d'un remplacement 'adaptatif' dans l'histoire évolutive des espèces et son effet sur la position écologique de celles-ci. En effet, le rôle de l'adaptation environnementale dans le processus de spéciation (*ie.* spéciation sympatrique/parapatrique vs. allopatrique) et l'évolution des espèces une fois la divergence initiée restent encore largement débattue, et ne peuvent trouver de réponse qu'à travers des approches NGS permettant d'effectuer et de comparer des phylogénies d'espèces sur un grand nombre de locus. Ce genre d'approche, initié au cours du quinquennal précédent sur un nombre d'espèces et de gènes restreints, sera poursuivi et amplifié au sein de nos familles de polychètes. Dans ce cadre particulier, nous chercherons plus spécifiquement à débusquer des gènes et/ou des codons sous sélection positive afin de positionner dans le temps la mise en place d'événements 'adaptatifs' et de mesurer leurs effets sur les lignées actuelles (*eg.* évolution du taux de mutation entre lignées et ancêtres). Une approche de surexpression de certaines séquences codantes orthologues présentant des mutations non-synonymes sous sélection positive dans les lignées actuelles ou au niveau d'un état ancestral (reconstruction des états ancestraux par analyses bayésiennes au niveau de la structure primaire de la protéine) permettra d'étudier les propriétés fonctionnelles et structurales de ces différentes isoformes pour mieux comprendre l'évolution de ces propriétés au cours de l'évolution des espèces. Cette approche a déjà permis une étude comparée des globines d'*Alvinella pompejana* et de *Paralvinella grasslei*. La modélisation 3D basée sur l'homologie de séquences avec des orthologues dont la structure a été déterminée par cristallographie permettra d'émettre des hypothèses sur le rôle des changements en acides aminés. La mutagenèse dirigée, aussi développée lors du quinquennal précédent, nous permettra de tester le rôle de ces changements sur les propriétés des isoformes (en y incluant les isoformes ancestrales par 'résurrection' protéique) et de vérifier ainsi nos hypothèses sur l'évolution des molécules.

Axe 2- Réponse des organismes aux conditions environnementales.

Resp. A. Tanguy

Autres personnes impliquées : A. Andersen, F. Lallier, J. Mary, J.-Y. Toullec

Modèles principaux : Mollusques bivalves (milieux profonds et littoraux) et krill (milieux polaires)

Approche sur espèces cibles (*Bathymodiolus*, *Loripes*, *Euphausia*), intégrative (transcriptomique, protéomique, hybridations *in situ*)

Objectifs principaux : Réponse aux variations environnementales (température, oxygène, métaux, sulfures, etc...).

L'écophysiologie et la physiologie comparée se sont jusqu'à présent bien souvent limitées à l'étude des variations d'une fonction physiologique à la fois, en réponse à un nombre restreint de paramètres de l'environnement. C'était également notre cas sur la fonction respiratoire par exemple. La maturité atteinte aujourd'hui par les techniques de génomique au sens large et leur accessibilité permet d'envisager une approche plus globale des réponses d'un organisme en considérant les réseaux de régulation physiologique (PRN, Cohen et al. 2012¹⁷). A ce niveau, on recherche les interactions existant entre les différents réseaux métaboliques dont l'activité est modulée en réponse aux perturbations examinées.

Les outils de transcriptomique et de protéomique, la plupart développés au cours du quinquennal précédent, seront particulièrement utilisés dans le cadre de ces recherches. Ils sont le résultat d'un fort investissement dans le séquençage 'haut débit' de transcriptomes des espèces modèles (détermination des séquences et des niveaux d'expression) et de l'utilisation récente de puces à oligonucléotides. Nous développons parallèlement des approches de protéomique classique (gel 2D et spectrométrie de masse) et avancées (MudPit - Multidimensional protein identification technology) et des techniques de localisation tissulaire des gènes et protéines codées. La nécessité de disposer de banques de séquences annotées les plus complètes possibles nous a amenés à resserrer nos travaux autour de quelques modèles biologiques, notamment ceux qui se prêtent le mieux à l'expérimentation *in vivo* afin de comprendre leur réponse physiologique aux stress environnementaux (approche intégrative).

Axe 2.1 - Mécanistique de l'adaptation

Les principaux mécanismes adaptatifs qui seront étudiés dans cet axe concernent l'étude des relations durables (plus

¹⁷ Cohen A. A., L. B. Martin, J. C. Wingfield, S. R. McWilliams, J. A. Dunne, Physiological regulatory networks: ecological roles and evolutionary constraints. Trends Ecol. Evol., 27 : 428-435, 10.1016/j.tree.2012.04.008

particulièrement la symbiose) chez les mollusques marins et l'adaptation aux métaux lourds chez les mollusques hydrothermaux. Les outils génomiques, transcriptomiques et protéomiques récemment développés sur les modèles hydrothermaux (*Bathymodiolus* spp.) et littoraux tels que *Mercenaria merceneria* (collaboration Stony Brook University) ou l'espèce littorale symbiotique *Loripes lucinalis* (Lucinidae) permettront d'appréhender de façon intégrée les différentes questions biologiques abordées. Pour la thématique relation durable, les principaux objectifs seront 1) l'identification des mécanismes moléculaires de régulation, de maintien et de contrôle, spécifiquement mis en œuvre dans une relation symbiotique, 2) l'étude des effets de l'intensité de la symbiose sur le métabolisme de l'hôte, en fonction de facteurs environnementaux (en particulier les apports de méthane ou de sulfures) et 3) l'étude de l'effet du bagage génétique de l'hôte sur la relation avec le symbiote. Dans ce cadre, un couplage expérimentation et étude en populations naturelles sera réalisé. Nous chercherons tout d'abord à identifier des patrons d'expression de gènes/protéines au niveau global afin d'identifier les grandes voies métaboliques régulées par les différents paramètres étudiés, en d'autres termes les réseaux de régulation physiologique évoqués ci-dessus... Des études plus fines de la régulation des acteurs moléculaires clés seront alors entreprises et complétées par une approche d'hybridation in situ des ARNm d'intérêt et/ou de la protéine correspondant par immunolocalisation, pour une compréhension intégrative des modèles d'étude. Nous proposons également de développer une approche comparative entre le modèle symbiotique (*Loripes*) et un modèle non symbiotique mais présentant une relation de type hôte/pathogène (*Mercenaria*) afin d'identifier les acteurs moléculaires impliqués dans la relation eucaryote/procaryote et de mieux comprendre notamment quelles sont les bases moléculaires de la reconnaissance des symbiotes/pathogènes (coll Stony Brook). La poursuite de l'étude de l'adaptation aux métaux lourds chez *B. azoricus* repose sur la récente caractérisation de plusieurs protéines (connues et nouvelles) potentiellement impliquées dans le processus de détoxification des métaux. Nous proposons de développer une approche intégrée (gène/protéine, relation structure fonction) sur cette question.

Axe 2.2 - Génétique: couplage génotype/phénotype

La réponse transcriptomique peut être extrêmement variable d'un individu à l'autre dans les populations naturelles. Une partie de cette variabilité peut être expliquée par des différences entre génotypes. A partir des données issues de la transcriptomique (gènes clés différentiellement exprimés en réponse à un stress), nous analyserons les variations en fréquences alléliques de certains gènes candidat à la sélection en populations naturelles ou entre lots d'individus expérimentés. Cette approche sera réalisée à partir de bases de données SNPs (obtenues ou en cours d'obtention) sur les différents modèles étudiés. Par la suite, un suivi des fréquences de ces différents variants sera entrepris afin de rechercher des corrélations entre la fréquence des allèles et les caractéristiques physico-chimiques de l'environnement dans lequel évoluent les populations mais également dans un cadre expérimental. Nous tenterons d'établir des corrélations entre certains génotypes et phénotypes clés (charge symbiotique, charge en pathogène, expression du transcriptome). Cette approche à grande échelle s'appuie sur les premiers résultats obtenus sur *B. azoricus* et le gène codant pour la PGM qui explique une partie de la variabilité de la réponse transcriptomique et qui ont été obtenus au cours du quinquennal précédent. Une approche avec de nombreux SNPs pourrait mettre en évidence l'avantage adaptatif de certains variants ou combinaisons de variants dans les conditions caractérisant l'habitat des différentes populations.

Axe 2.3 - Réponse à la température des espèces polaires

Bien que les milieux polaires arctiques et antarctiques se ressemblent au premier abord, les populations d'Antarctique sont effectivement coupées des autres océans par le courant circumpolaire. Ce courant limite aussi les échanges thermiques avec les autres océans et la température de l'eau en Antarctique a donc été très faible et extrêmement stable pendant plusieurs millions d'années. Au contraire, les populations arctiques sont exposées à des températures plus hautes et plus variables. Les populations arctiques continuent à échanger avec celles de zones plus tempérées, permettant d'envisager le passage d'allèles différentiellement adaptés dans les populations polaires. Nous allons utiliser cette dichotomie de contextes pour comparer la réponse du krill dans ces deux zones. Le projet actuellement en cours, abordant les réponses du krill d'Antarctique aux variations de température dans le cadre d'un réchauffement global annoncé, se prolonge avec une optique comparative vers des espèces d'Euphausiacés évoluant dans l'Arctique, un milieu froid mais moins contraint. Cette partie du projet qui a reçu l'aval de l'IPEV et se fait en collaboration avec l'institut polaire allemand AWI, a pour objectif d'étudier les réponses d'espèces de krill telles que *Thysanoessa inermis* ou *T. raschii* qui constituent les espèces majoritaires dans la région du Svalbard. Des chocs de température ou de salinité variables en intensité et durée seront appliqués à ces animaux afin de pouvoir suivre les réponses métaboliques engendrées. Cette étude nécessitera au préalable le séquençage des transcriptomes des différentes espèces, la construction de puces oligonucléotidiques et les suivis de cinétiques d'expression des marqueurs moléculaires sélectionnés. Ces données s'ajouteront à celles déjà obtenues sur les espèces d'Antarctique et constitueront un ensemble de données transcriptomiques uniques sur ces espèces fondamentales pour les régions concernées. Les résultats obtenus s'intégreront alors dans une étude globale et comparative avec les espèces d'Antarctique en cours d'étude. Ils permettront d'estimer les limites de tolérance des euphausiacés de ces régions fortement impactées par le réchauffement global et de prévoir le devenir de ces ressources fondamentales pour la survie des écosystèmes polaires.

3. Mise en œuvre du projet

Contexte scientifique général, originalité du projet de l'équipe

Le projet scientifique que nous proposons s'inscrit dans une tendance de laboratoires de pointe d'utiliser les méthodes de séquençage haut débit et à participer au développement des outils bioinformatiques nécessaires aux analyses de données de séquençage massif. Les invertébrés, ectothermes, et occupant des environnements très variés thermiquement (du point de vue des valeurs moyennes et de la variabilité) sont de très bons modèles eucaryotes pour

étudier la réponse aux variations de température et l'adaptation des espèces. L'approche de séquençage d'un grand nombre de gènes chez des espèces d'invertébrés phylogénétiquement proches mais occupant des milieux aux conditions contrastées est à notre connaissance unique à ce jour. Cette approche de la génomique environnementale est particulièrement intéressante pour l'étude de l'évolution des adaptations.

Dans un contexte réchauffement climatique, les mécanismes moléculaires de l'adaptation à la température sont d'un grand intérêt. Sur la côte Ouest des Etats Unis, par exemple, les chercheurs ont déjà montré une corrélation entre la stabilité thermique de la malate déshydrogénase de mollusques et leurs limites de distribution. Nous pensons développer une approche similaire sur les espèces de la Manche qui montrent une modification de leur aire de distribution (collaboration avec E. Thiébaud, UMR7144, équipe Diversité et Connectivité dans le Paysage Marin Côtier). Le milieu Antarctique s'impose aussi comme un très bon choix pour étudier l'adaptation à la température et nous y appliquerons nos connaissances acquises sur les modèles hydrothermaux. En effet, la très grande stabilité des températures dans cet environnement pendant plusieurs millions d'années pourrait avoir favorisé l'élimination d'allèles moins adaptés et ainsi réduit le polymorphisme. Les espèces Antarctiques sont donc à priori particulièrement susceptibles à un réchauffement, même minime. Nous allons évaluer le niveau de polymorphisme 'adaptatif' dans des populations de krill et de polychètes de la zone Dumont d'Urville (non encore affectée par le réchauffement) à celui de la Péninsule Antarctique, qui montre l'effet le plus marqué de ce réchauffement (collaboration M. Clark, British Antarctic Survey).

Le fonctionnement des symbioses, leur mise en place et leur maintien sont des sujets d'un grand intérêt dans la communauté internationale. En particulier, la reconnaissance, le contrôle des populations bactériennes et l'effet des paramètres environnementaux sont des phénomènes complexes, pouvant faire appel à des voies de régulation originales. L'approche haut débit est donc tout à fait adaptée à l'élucidation des mécanismes impliqués.

Partenariats dans la recherche et l'enseignement supérieur

Le travail de notre équipe fait parfois appel à des collaborations au niveau interne à la Station Biologique de Roscoff, au niveau national et au niveau international.

Collaborateurs	Thématique
Station Biologique de Roscoff	
M. Czjzek (UMR7139) E. Thiébaud (UMR7144)	Cristallographie et détermination de la structure 3D des protéines Adaptations différentielles des espèces dont la distribution change avec le réchauffement climatique
National	
F. Bonhomme (Montpellier II) N. Bierre (Montpellier II) O. Poch et O. Lecompte (IGBMC) B. Shillito et J. Ravaux (UPMC) N. Galtier (Montpellier II)	Polymorphisme 'adaptatif' Scan génomique et adaptation Annotations et analyses génomiques Réponse à la thermie (ANR Balist) Fourniture d'échantillons invertébrés pour le programme ANR PopPhyl (nous ne sommes cependant pas partenaires)
A. Tasiemski (Lille I)	Génomique environnementale (APEGE PollCa) et polymorphisme peptides anti-microbiens
International	
N. Satoh (OIST, Japon)	Transcriptomique et génomique <i>Bathymodiolus azoricus</i> (programme CNRS JST)
N. Dubilier (MPI for Marine Microbiology, Allemagne)	Relations hôte-symbiotes <i>Bathymodiolus</i> spp.
M. Clark et L. Peck (British Antarctic Survey, UK) G. Somero (Hopkins Marine Lab, USA)	Adaptation des organismes aux conditions Antarctiques et effet du réchauffement climatique Relations structure-fonction de la malate déshydrogénase, mécanismes moléculaires de la stabilisation thermique
S. Kawaguchi (Australian Antarctic Division, Australie) B. Meyer et F. Buchholz (Alfred Wegener Institute, Allemagne) P. Girguis (Harvard University, USA)	Expérimentations de longue durée sur le krill antarctique Expérimentations sur le krill antarctique et arctique, respectivement Adaptation à la thermie des Alvinellidae (transcriptomique, protéomique), spectrométrie de masse <i>in situ</i> (concentration des gaz)
B. Allam (Stony Brook University, USA) C. Fisher (Penn State University, USA) C. van Dover et C. Cunningham (Duke University, USA)	Réponse de <i>Mercenaria</i> aux infections bactériennes Ecophysiologie et écologie des espèces hydrothermales Génétique des populations des espèces des suintements froids Atlantiques, approche génomique des populations

Développement des compétences

Au cours du quinquennal, il nous apparaît indispensable de recruter de nouvelles compétences que ce soit en génomique évolutive ou en transcriptomique de la réponse au stress pour que nos axes de recherche puissent se développer suffisamment pour permettre un essaimage d'équipes plus petites mais plus ciblées sur les 2 grands axes thématiques de l'équipe ABICE. Les besoins en recrutement sont actuellement :

- un poste d'ingénieur (IE ou IR) en bioinformatique plein-temps pour maintenir les outils existants, effectuer les analyses pour nos besoins spécifiques et développer de nouveaux outils pour l'analyse des données haut débit (assemblage, orthologies, études de polymorphisme, études d'expression des gènes). L'obtention d'un financement de post-doc pour 2 ans (CNRS-CG29) au cours du quinquennal précédent nous a permis de progresser dans ce domaine mais a aussi montré les limites de l'équipe dans ce domaine et le besoin d'un ingénieur sur ces approches.

- L'axe 1 a besoin d'être renforcé par le recrutement d'un(e) chercheur ou enseignant-chercheur, ayant un profil plus ciblé en génomique des populations
- Le développement de l'axe 2 nécessite aussi le recrutement d'un chercheur/enseignant-chercheur dans le domaine de l'évolution des relations symbiotiques, tant du point de vue des mécanismes de communication hôte/symbiotes que du point de vue des forces évolutives qui favorisent la mise en place de la symbiose chez les bivalves (un modèle particulièrement adapté car différents niveaux d'intégration sont connus).

Recherche de moyens

Au cours des années, nous avons été très actifs dans la recherche de financement (ANR, GIS Europole Mer, Région, et Europe). Nous continuerons à faire des demandes de financements, notamment à l'échelle de l'Europe en utilisant le 'pool' de chercheurs fédérés au sein du programme CAREX.

Niveau régional

La région Bretagne permet de financer des thèses et des post-doctorants. Nous avons profité de cette possibilité et continuerons à le faire dans le futur.

Niveau National

Nous avons soumis des projets ANR au cours des dernières années. Bien que seul le projet Balist (ANR Blanc, porteur B. Shillito, UPMC) ait été financé, les projets pour lesquels nous étions porteurs (BIOBAZ, THANEOS, PROMETHEE, HADES) ont généralement été bien perçus et HADES (Session 2012) a même été classé. Nous continuerons nos efforts de recherche de financement, en particulier avec des partenariats à l'IGBMC (O. Lecompte et O. Poch), à Montpellier II (F. Bonhomme et N. Bierne), à Lille I (A. Tasiemski) et à l'Ifremer de Sète (S. Arnaud-Haond). Plusieurs demandes ANR seront soumises cette année, dans les programmes Blanc et BioAdapt, sur le développement de modèles côtiers bivalves et sur l'adaptation thermique des annélides et sa connexion avec la spéciation.

Niveau européen

Des chercheurs de l'équipe ont participé à la 'Coordination Action for Research on life in EXtreme environments' (FP7 CAREX) qui a permis de rédiger un rapport envoyé aux autorités des différents pays et à l'Union Européenne pour inciter à financer la recherche sur les milieux extrêmes de façon générale. Nous resterons attentifs aux opportunités qui pourraient sortir de cette série de workshops. A travers le réseau de chercheurs de ce programme, nous avons mis en place des collaborations possibles avec des chercheurs en Italie, au Portugal, en Allemagne, et au Royaume Uni qui nous permettront de profiter de futurs appels d'offre au niveau européen.

Fondations et opportunités à l'international

La Fondation Total vient de nous accorder un financement de 3 ans sur l'adaptation et la biodiversité des annélides en milieu profond. Nous soumettrons aussi une demande à la Fondation du Prince Albert II de Monaco sur l'adaptation à la thermie des invertébrés Antarctiques.

Nous sommes aussi associés à des demandes aux Etats Unis en tant que collaborateurs internationaux.

Notre travail requiert aussi la participation à des missions en mer. Nous participons à des demandes en collaboration avec nos collègues de l'Ifremer et de l'UPMC pour les missions sur les sources hydrothermales et les suintements froids. Nous menons aussi des missions en milieu polaire, avec des projets en cours et une demande prévue en septembre auprès de l'IPEV.

Diffusion des résultats

Les personnes de l'équipe ont bien publié au cours du quinquennal passé. Nous aurons tendance à privilégier les articles en Open Access, qui permettent une très bonne visibilité des résultats et de l'équipe. Le coût supplémentaire engendré par ce type de publication fait l'objet de demandes de financements lors de la rédaction des projets de recherche.

L'aide à l'encadrement d'étudiants d'autres laboratoires en France ou à l'étranger par des membres de l'équipe se poursuivra dans le futur. Cette activité, mettant en avant la reconnaissance de notre compétence par nos collègues, permet aussi de diffuser nos approches, techniques, et analyses.

Politique en termes de propriété intellectuelle

La recherche qui sera menée par l'équipe au cours du quinquennal est essentiellement fondamentale et n'a pas pour but de déposer des brevets. Si l'opportunité devait se présenter, soit en local, soit en collaboration, nous ferons appel aux services du CNRS et de l'UPMC concernés.

Vague D :
campagne d'évaluation 2012 - 2013
UMR 7144 – AD2M

2.1. Projet scientifique de l'équipe
Diversité et Interactions
au sein du Plancton Océanique (DIPO)

1. Présentation de l'équipe

a. Historique

L'équipe « Diversité du Plancton Océanique » (DPO, responsable D. Vaultot) devient « Diversité et Interactions au sein du Plancton Océanique » (DIPO, responsable L. Guillou). Le terme « Interactions » devient central dans les problématiques de cette nouvelle équipe, qui se voit renforcée par l'intégration d'un nouveau chercheur (Fabrice Not, issu de l'ancienne équipe EPPO, responsable Colombar de Vargas) et de l'arrivée récente d'un jeune chercheur Anne-Claire Baudoux.

b. Composition

Responsable de l'équipe : Guillou Laure

Personnel Titulaire	Qualité	Personnel Temporaire	Période prévue
Guillou Laure	DR2-HDR		
Vaultot Daniel	DR1-HDR		
Simon Nathalie	MC		
Not Fabrice	CR1		
Baudoux Anne-Claire	CR2		
Marie Dominique	IR1-50%		
Le Gall Florence	AI-50%		
	CRC	Guri Mathieu	Fin 2012
	CRC	Adriana Lopes	Fin 2013
	DOC-50%	Aliou Dia	Fin 2013
	DOC-50%	Lepelletier Frédéric	Fin 2013
	DOC	Biard Tristan	Fin 2015
	CDD	Bigéard Estelle	Fin 2013
	CDD	AI ANR REVIREC	2013-2014

2. Analyse SWOT¹⁸ et objectifs scientifiques de l'équipe

2.1 Analyse SWOT

Les points forts de l'équipe

Les organismes pélagiques jouent un rôle majeur dans le fonctionnement et l'équilibre de notre planète. En particulier, ils concourent très fortement à la productivité primaire globale et influencent les cycles biogéochimiques. Il apparaît de plus en plus clairement que la stabilité et le fonctionnement de l'écosystème pélagique dépend de la composition taxonomique et de la diversité génétique des compartiments biologiques (Duffy et al. 2006). Depuis 2

¹⁸ Le terme SWOT (acronyme pour *Strengths, Weaknesses, Opportunities and Threats*), en français MOFF ou AFOM, désigne un outil d'analyse d'une situation ou d'un environnement, et de construction de stratégie.

décennies, les analyses génétiques réalisées sur le compartiment microbien pélagique ont permis de révéler une diversité jusque-là insoupçonnée au sein des eucaryotes, bactéries et virus. L'équipe diversité du plancton océanique a acquis une expertise et une visibilité internationale en participant activement à ces découvertes majeures, en particulier en ce qui concerne les eucaryotes (Vaulot et al. 2008). Notre équipe a également été pionnière dans le développement de techniques permettant l'analyse des communautés *in situ* (avec comme outils de prédilection la cytométrie en flux et la biologie moléculaire). Nous avons également une expertise dans le domaine de la taxinomie classique du phytoplancton, ce qui est de plus en plus rare. Les descriptions de nouveaux taxons publiées par l'équipe depuis plus d'une décennie font référence et sont largement citées.

Avec le temps, nous avons consolidé et communautarisé cette expertise au niveau de la fédération de recherche FR2424 avec notre implication forte dans la mise en place de la RCC : Roscoff Culture Collection (Responsable scientifique D. Vaulot), l'ouverture de la cytométrie en flux pour des utilisations au sein de grands projets structurants (EMBRC-France, Assemble, responsable D. Marie), le suivi à long terme des communautés phytoplanctoniques au point d'observation à long terme SOMLIT-Astan (responsable N. Simon).

Ces dernières années ont été marquées par deux publications dans Science (Chambouvet et al. 2008, Thompson et al. 2012), toutes deux centrées sur l'étude d'interactions biotiques.

Les points faibles de l'équipe

Nos thématiques de recherche centrées sur l'étude de la diversité génétique du plancton océanique depuis plus de 15 ans nous ont permis de nous positionner en tant que leaders sur le plan international. Aujourd'hui, l'arrivée de techniques de séquençage à haut débit et les études de biogéographie à grande échelle (Sorcerer (EU), Tara (FR), Malaspina (SP), ..) posent de nouveaux challenges qu'il nous faut relever. Il nous semble cependant important d'innover tout en évitant de reproduire ce qui a déjà été fait par le passé avec l'utilisation de techniques moléculaires plus classiques (séquençage type Sanger).

L'exploitation scientifique des ressources précieuses accumulées au cours des 15 dernières années, (RCC, suivis à long terme) doit être approfondie. La RCC représente aujourd'hui une ressource fondamentale pour l'étude des gènes, de leur évolution et de leur rôle fonctionnel. Au sein de la RCC certaines espèces sont représentées par un nombre important d'isolats (prasinophytes, haptophytes, dinoflagellés, microeucaryotes parasites), ce qui ouvre de nouvelles voies pour l'étude de la diversité intraspécifique (génétique ou phénotypique) et/ou pour une analyse plus fine au niveau populationnel. Les séries à long terme constituent de véritables archives du passé (ADN, filtres FISH, comptages lugol), qui prennent toute leur mesure dans un contexte de changements planétaires globaux rapides. Il apparaît aujourd'hui que ces ressources n'ont pas encore été suffisamment exploitées scientifiquement.

Risques liés au contexte

La compétition au niveau internationale s'accroît. Le challenge actuel est de répondre à des questions de plus en plus globales tout en se focalisant sur un groupe particulier d'organismes planctoniques. Nous devons éviter tout risque de dispersion des forces de l'équipe par la multiplication des questions et/ou modèles.

Possibilités liées au contexte

L'arrivée dans cette équipe de deux jeunes chercheurs travaillant sur les interactions durables (Fabrice Not sur les symbioses mutualistes et Anne-Claire Baudoux sur les virus de microalgues) vient renforcer le volet « interaction » de l'équipe, qui devient central dans les objectifs de la nouvelle équipe.

2.2 Les objectifs de l'équipe.

Au cours de la décennie passée, nous avons fait un effort important d'inventaire de la richesse spécifique et de la distribution géographique et temporelle du plancton océanique. Certains groupes planctoniques clefs (espèces photosynthétiques du picoplancton océanique, parasites, photo-symbiontes) restent toutefois encore très mal décrits. Nous prolongerons donc cet effort en ciblant nos recherches sur des groupes clés pour une meilleure appréhension du fonctionnement des écosystèmes. Il nous paraît également indispensable de poursuivre la caractérisation des micro-organismes d'intérêts en culture dans la RCC.

Au-delà de ces efforts de description de la diversité, notre équipe va développer un nouvel axe central au cours des 5 à 10 prochaines années. Il s'agira de mieux comprendre comment les organismes microbiens marins coexistent et interagissent et quel est leur impact sur le fonctionnement des écosystèmes pélagiques. En effet, jusqu'alors, la plupart des études de dynamique et de distribution des organismes marins planctoniques se sont attachées à analyser le rôle des facteurs climatiques et hydrologiques (abiotiques) sur les compartiments biologiques. En comparaison, les études visant à comprendre le rôle des facteurs biotiques transitoires (tels que prédation) ou durables (tels que parasitisme ou symbiose mutualisme) sont bien moins nombreuses. Au sein du plancton marin, les interactions durables peuvent se distribuer sur un gradient de relation trophique qui va de la photo-symbiose mutualiste obligatoire entre un organisme unicellulaire et des micro-algues, jusqu'à l'exploitation complète de l'hôte par son symbionte (cas de parasites très virulents tels que virus et parasitoïdes eucaryotes). Dans ces deux cas, les deux partenaires sont intimement liés entre eux car la survie de l'un dépend de celle de l'autre. Ce type d'interactions est extrêmement structurant au sein de réseaux trophiques complexes (Amundsen et al. 2009). A titre d'exemple, notre groupe a montré que les interactions durables telles que les infections parasitaires pouvaient exercer un contrôle majeur sur le développement de micro-algues toxiques (Chambouvet et al. 2008). **Aujourd'hui, notre but est clairement de développer un axe de recherche fort centré sur l'étude de ces interactions durables au sein du plancton marin, tout en continuant notre analyse de la diversité planctonique.**

Nos modèles d'étude :

Par souci d'efficacité, nos efforts vont se porter sur un nombre réduit de modèles biologiques. Les modèles proposés sont ceux étudiés individuellement par les différents chercheurs de l'équipe depuis plusieurs années et pour lesquels nous avons une très forte expertise. Ces interactions impliquent systématiquement une espèce particulière du phytoplancton marin (espèces proliférantes du phytoplancton côtier, espèces picoplanctoniques particulièrement abondantes dans les océans, photo-symbiotes d'organismes pélagiques), qui reste ainsi le compartiment central pour nos problématiques. Les symbiotes de ces microalgues seront soit des pathogènes très virulents (virus, micro-eucaryotes parasitoides), soit des hôtes entretenant des photo-symbioses mutualistes obligatoires (radiolaires). Ces modèles ont la particularité de se compléter en termes de questionnements et offrent de multiples opportunités aux membres de l'équipe d'interagir entre eux (Fig. 1).

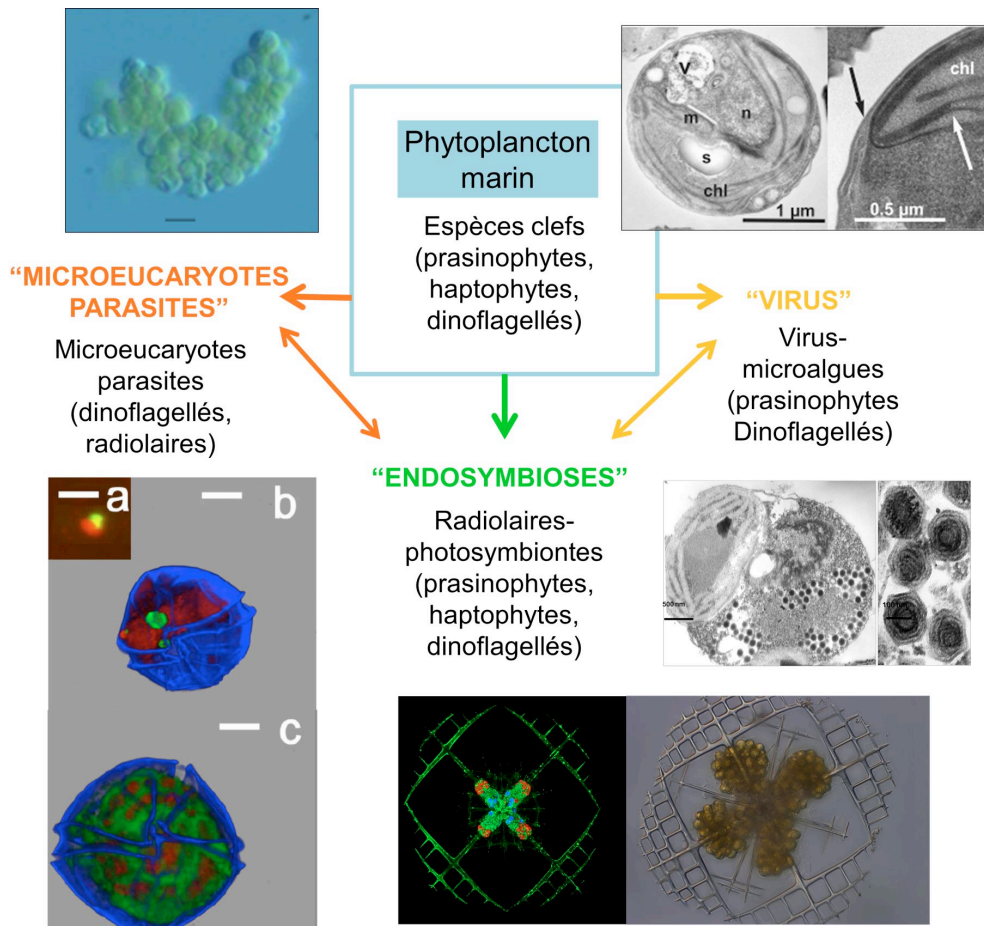


Figure 1: Les modèles d'étude de l'équipe Diversité et Interactions au sein du Plancton Océanique

En effet, il existe un fil ténu entre les photo-symbioses mutualistes et le parasitisme. Notre hypothèse est que les stratégies et les processus moléculaires impliqués dans la mise en place de ces symbioses sont en grande partie apparentés d'un modèle à l'autre. C'est de cette synergie que nous devrions tirer notre force.

Pour réaliser nos objectifs lors de ces 5 prochaines années, nous organiserons nos efforts selon deux axes de recherche, situés à des échelles spatio-temporelles distinctes.

Notre premier axe de recherche, organismique, s'attachera à définir au mieux nos modèles d'étude. Cet axe, allant de la description formelle de nouvelles espèces à l'étude des génomes, permettra notamment d'évaluer la diversité de nos modèles à différentes échelles (espèce, population), de mieux comprendre les traits d'histoire de vie, la spécificité de ces interactions, ainsi que les étapes clés de la mise en place de ces interactions depuis la rencontre entre les deux partenaires jusqu'à l'installation et le développement du symbiote à l'intérieur de son hôte.

Notre second axe de recherche, écologique, visera à évaluer la distribution océanique de nos modèles, ainsi que l'impact et la stabilité de ces interactions au sein de communautés complexes. Nous tenterons, entre autre, de comprendre comment les rythmes biologiques entre deux partenaires arrivent à se synchroniser dans le temps et dans l'espace. Nous appréhenderons ces problématiques à partir de nos sites d'échantillonnage à long terme, pour lesquels la dynamique et la saisonnalité des organismes sont déjà bien connues.

Une partie de l'information nécessaire à la mise en place de ces symbioses pourrait transiter par la production et la libération dans l'eau de médiateurs chimiques (reproduction sexuée synchronisée, lutte contre les pathogènes, attraction du partenaire, ...). A plus long terme, et sur la base des travaux réalisés au sein des deux axes explicités ci-dessus, nous envisageons donc qu'une partie de nos projets puisse évoluer vers des problématiques d'écologie chimique.

2.3 Intégration du programme dans le paysage scientifique

Au niveau national et international, l'étude des symbioses est très généralement concentrée sur un nombre relativement limité de modèles, le plus souvent terrestres (Mycorhizes, termites-Excavata, Insectes-plantes). Malgré l'importance des symbioses en milieu aquatique, un très faible nombre d'équipes travaille sur les virus des micro-algues (en Europe il s'agit pour la plupart d'équipes qui seront également citées en tant que collaborateurs), sur les parasites de micro-algues (champignons-diatomées en eau douce,) ou de métazoaires (bivalves-perkinsoides, crustacées-bactéries). Très peu d'équipes ont la particularité de pouvoir associer étude environnementale et approche culturelle avec autant d'expertise que la nôtre.

Evolutions par rapport à la période précédente :

L'équipe se repositionne clairement sur des thématiques centralisées autour de la diversité et des interactions durables au sein du plancton marin. Nous avons tous une expertise unique et reconnue internationalement sur nos modèles d'étude (Chambouvet et al. 2008, Decelle et al. 2012, Ishitani et al. 2012, Baudoux et al. 2006, Baudoux et al. 2012, Foulon et al. 2008, Vaultot et al. 2008). L'émergence de sujets innovants au sein de l'équipe est également relié à l'arrivée de deux jeunes chercheurs, ayant tous deux obtenus l'acceptation de projets PEPS-INEE (NOVA, 2012-2013) et émergence UPMC (DESIRS, 2012-2015). Notre projet d'équipe s'inscrit également à l'interface de nombreuses disciplines symbolisées par notre appartenance à différentes sections CNRS (19, 20, 30).

3. Mise en œuvre du projet

3.1 Nos objectifs de résultats

Axe 1 - Caractérisation des protagonistes et mécanismes d'interaction

Objectif 1 : Cultiver l'incultivable et caractériser nos modèles

L'obtention de souches en culture sera capitale pour la compréhension de nos modèles (études phénotypiques, spécificités d'interactions, développement des symbioses). Dans le cadre de projets du type MaCuMBA, ANR Paralex et DESIRS, un gros travail de mise en culture de nos modèles est en cours. En se basant sur des études phénotypique, écologique, et génomique, nous chercherons ensuite à affiner les connaissances fondamentales permettant une meilleure caractérisation formelle de nos modèles et une meilleure appréhension de leurs traits d'histoire de vie. Nous chercherons notamment à mieux comprendre, si possible, leur capacité à se reproduire sexuellement. En ce qui concerne les interactions durables entre deux partenaires, nous tenterons de comprendre comment hôtes et symbiontes arrivent à se synchroniser dans le temps et dans l'espace. Nous tenterons également d'évaluer le spectre d'hôtes et la spécificité de nos interactions. Nous aborderons le cas de symbioses multiples, ainsi que celui de la compétition/collaboration éventuelle entre espèces ou entre clones de la même espèce.

Enfin, nous aborderons le problème de la variabilité infra-spécifique et de la dynamique à l'échelle des populations. Dans ce contexte, notre objectif sera d'analyser la variabilité inter-individuelle au sein d'espèces ubiquistes du phytoplancton (dinoflagellés, prasinophytes) et de leurs partenaires durables (micro-eucaryotes parasites). Par ailleurs, nous étudierons la manière dont les interactions durables peuvent structurer la diversité infra-spécifique. A partir de cultures, nous analyserons la structure des populations intra- et inter-sites de certains de nos modèles (dinoflagellés, ANR Paralex), et tenterons de comprendre comment le parasitisme influe sur cette structuration.

Objectif 2 : Interactions moléculaires

Nous chercherons à définir au niveau moléculaire l'impact des symbioses sur les protagonistes, et comment certains processus interviennent dans la spécificité, la mise en place, et le maintien des interactions entre cellules. Nous explorerons ces mécanismes par une combinaison d'approches fonctionnelle, structurale, et génomique (ANR REVIREC, PEPS-INEE NOVA, projets JST-CNRS et Génoscope, avec l'acquisition prochaine de plusieurs génomes) sur les modèles disponibles en collection dans l'équipe (virus, micro-eucaryotes parasites, photo-symbiontes) ou sur cellules isolées depuis l'environnement (radiolaires). Dans le cas particulier des virus, nous ciblerons notamment des structures spécifiques telles que les enzymes utilisées dans les premières étapes du processus d'infection. Nous étudierons leur rôle dans les patrons de spécificité et la viabilité des virus (la durée de vie de ces enzymes pourrait être associée à la perte du pouvoir infectieux des virus). L'implication de médiateurs chimiques dans la mise en place de ces symbioses sera explorée.

Axe 2 : Interactions au sein d'assemblages microbiens pélagiques complexes

Objectif 3 : Diversité, distribution, et dynamique dans des écosystèmes complexes.

Nous étudierons finement la diversité et de la distribution spatio-temporelle des groupes phytoplanctoniques ciblés et les entités biologiques en interaction durable avec ces derniers par des approches moléculaires spécifiques (utilisation et/ou développement de nouveaux outils en cytométrie de flux, TRFLP, barcoding (tags), FISH ou par QPCR). L'acquisition des paramètres biotiques et abiotiques nous permettra une approche écosystémique, qui pourra être appréhendée par la mise en place de réseaux de corrélation par exemple. Ce travail sera réalisé sur des sites d'observation à long terme (Stations SOMLIT sur Roscoff, Villefranche et Banyuls-sur-mer, Estuaire de Penzé,) pour lesquels infrastructure de prélèvement et paramètres hydrologiques et biologiques de base sont disponibles. Nous étudierons la spécificité et la stabilité de certains couplages hôtes-symbiotes (dinoflagellés-parasites, radiolaires-photosymbiotes, virus-prasinophytes) sur plusieurs années consécutives et/ou d'un jour sur l'autre de façon à suivre au mieux les dynamiques parasitaires par exemple.

A plus grande échelle, nous continuerons à étudier la distribution de nos modèles dans les océans en utilisant les échantillons collectés lors de campagnes océanographiques réalisées par le passé (BIOSCOPE 2004, BOUM 2008, MALINA 2009, CEFAS 2011, Japon 2011) et à venir (expédition Tara par exemple).

Objectif 4 : Analyse fonctionnelle et métagénomique environnementale

L'étude en culture permet de nombreuses avancées, qu'il nous faudra confronter à la réalité du milieu naturel. Pour cela, nous traquerons certains gènes fonctionnels d'intérêts dans des banques environnementales effectuées au cours de nos différentes campagnes de prélèvements. Notre préférence ira vers des banques environnementales construites de façon ciblée en aval sur des populations naturelles préalablement triées par cytométrie. Nous mettrons également un accent particulier sur des gènes reliés à la photosynthèse, à l'assimilation d'azote et de phosphore à partir de populations du picophytoplancton eucaryote obtenu par tri. En ce qui concerne les symbioses, nous initierons ce travail en nous concentrant sur des gènes déjà connus, tels que ceux impliqués dans des réactions anti-oxydantes (type DMSP/DMSO), et ceux impliqués dans la spécificité des interactions (enzymes et lectines de type C par exemple).

Nos objectifs en termes d'innovation et d'impact sociétal

Les microbes marins photosynthétiques contribuent de façon significative dans la production d'oxygène, l'utilisation du carbone atmosphérique, et la production de biomasse dans les océans. L'ensemble de ces organismes représentent également un incroyable réservoir d'espèces, dont l'inventaire est loin d'être terminé. Il constitue aujourd'hui un potentiel énorme en termes de fonctions, d'applications biotechnologiques associées, et de nouvelles ressources médicales.

Les questions sociétales clairement posées sont comment les océans et leur assemblage complexe de microbes participent à l'équilibre et la stabilité de notre planète, et quelles ressources d'avenir pouvons-nous espérer.

La richesse spécifique des microbes marins est aujourd'hui explorée de façon intensive, grâce à l'utilisation de techniques à haut débit. On peut dire aujourd'hui que de nombreux verrous méthodologiques permettant l'étude de ces communautés complexes sont levés. Au sein de communautés complexes, les organismes ne sont pas isolés et entretiennent nécessairement des relations, souvent stables, avec de nombreux partenaires. Par exemple, si l'on considère que chaque espèce est au moins parasitée par une autre, la richesse spécifique de ce compartiment symbiotique est potentiellement aussi vaste que celui des hôtes. Les synergies induites au cours des interactions durables donnent souvent lieu à l'émergence de propriétés originales et sont potentiellement une source de biomolécules actives, du fait de la longue histoire évolutive des protagonistes, et de leur évolution souvent antagoniste. Enzymes de dégradation des parois, biomolécules actives à distance, voies métaboliques impliquées dans le contrôle de l'hôte ou du symbiote, sont autant de mécanismes moléculaires susceptibles d'apporter des applications en biotechnologie. A plus large échelle, le challenge actuel est de comprendre comment l'ensemble de ces protagonistes interagissent, et de mieux définir la stabilité de ces interactions dans un contexte de perturbations environnementales croissantes. C'est pour l'ensemble de ces raisons que nous considérons qu'il est désormais déterminant de mieux considérer l'étude des interactions durables au sein du plancton marin et que cette thématique est porteuse de challenges pour les années à venir.

Analyse des compétences et des moyens disponibles et mobilisables

La station Biologique de Roscoff est le cadre idéal pour nos activités de recherche. Les plateformes développées permettent l'utilisation de nombreux moyens opérationnels importants (moyens à la mer, Observations à long terme, cytométrie en flux, Plateformes Imagerie, spectrométrie, séquençage et enfin la RCC).

3.2 Stratégie d'équipe

Notre stratégie sera de nous positionner au niveau international sur les interactions durables grâce au développement d'un nombre réduit de modèles biologiques, choisis pour leurs intérêts écologiques, et qui nous permet de plus une complémentarité conceptuelle et technique évidente.

Nos partenariats :

Local :

Nous avons de nombreuses interactions fortes avec différentes équipes de la station Biologique de Roscoff

- Au sein du groupe plancton (équipes Eppo, DIPO et PPM), nous partageons de nombreuses ressources (moyens humains, équipements, espaces, site web, mise en place et exploitation commune de base de données). Nous émargeons également très souvent dans des projets communs de grandes envergures (BioMarks, MicroB3, MaCuMBA, ANR..).
- Au sein l'UMR 7144, nous collaborons avec de nombreuses équipes ayant des expertises complémentaires : équipe EGPM (prochaine UMI, responsable Myriam Valéro) pour leur compétence en génétique des populations et l'équipe Chimie Marine (responsable P. Morin) pour l'étude des paramètres abiotiques.
- Au sein de la Station Biologique de Roscoff, nous initiions actuellement des rapprochements constructifs avec l'équipe Glycobiologie Marine (M. Czjzeck) pour l'étude des enzymes capables de dégrader les sucres ou l'équipe Défenses des algues (P. Potin) pour le développement d'approches métabolomiques.

National :

- Le volet virus de microalgues a été renforcé par l'arrivée d'Anne-Claire Baudoux dans notre équipe. Cette thématique va se développer en partie en connexion avec l'Observatoire Océanologique de Banyuls-sur-mer (FRE 3355, équipe Génomique évolutive et environnementale du phytoplancton, N. Grimsley, ANR REVIREC 2012-2015). Ce projet viendra renforcer une collaboration initiée lors des ANR Picovir (2008-2011) et Paralex (2009-2013) durant lesquelles une diversité génétique importante des virus de microalgues a été mise en évidence. Toutefois la fonctionnalité de cette diversité génétique reste une question fondamentale irrésolue puisque la majorité des séquences codées par le virus n'ont aucun homologue dans les banques de données actuelles. Au cours de ce nouveau plan quadriennal, ces approches génomiques (expertise OOB) seront combinées avec des analyses structurales afin mieux comprendre les mécanismes fonctionnels impliqués dans les interactions des virus avec leur hôte et leur environnement naturel. Pour y parvenir, des analyses de protéomiques comparatives et caractérisation de structures spécifiques seront implémentées dans l'équipe. Pour cela des connexions complémentaires avec l'UPR 5301, Equipe Chimie et biotechnologie des oligosaccharides (W.Helbert) sont envisagées.
- Nous entretenons également d'étroites connexions avec l'Observatoire Océanologique de Villefranche sur mer, avec lequel nous avons travaillé dans le cadre du projet ANR Aquaparadox. Ces connexions sont renforcées actuellement dans le cadre du projet émergence-DESIRS (collaborations avec Lars Stemmann et John Dolan). Nous sommes par ailleurs en relation avec d'autres stations marines et observatoires marins en ce qui concerne le suivi des assemblages planctoniques (à travers le RESOMAR).
- Enfin, nous nous sommes particulièrement rapprochés ces dernières années d'Ifremer (en particulier des centres de Brest et de Concarneau). Ces connexions ont été concrétisées par l'obtention de projets communs (EC2CO, ANR Paralex), et permet de rassembler nos expertises autour des microalgues toxiques.

International

- Le projet interaction virus-microalgues permettra de renforcer des liens déjà existants avec le Royal Nioz, Department Biological Oceanography (NL, C. Brussaard).
- Nous entretenons actuellement des relations privilégiées avec le Japon pour l'étude du picoplancton photosynthétique (D. Vaultot) et de la diversité des Radiolaires (F. Not). Ces travaux se déroulent dans le cadre de programmes collaboratifs financés par le JST et le CNRS.
- Nous participons également activement à la mise en place d'un **GDRI entre la France, le Chili et le Brésil**. Cette structure devrait donner un cadre aux collaborations étroites que nous entretenons avec ces deux pays d'Amérique du Sud (thèse en cotutelle avec le Chili, écoles thématiques)

Développement de nouvelles compétences :

- 1- Recrutement d'une aide technique en Biologie moléculaire. C'est une de nos priorités actuelles, car l'intégration récente de deux chercheurs supplémentaires ne fait qu'accroître notre besoin criant pour ce type de poste (un poste AI à 50% pour cinq chercheurs et un Ingénieur de recherche). Ce poste devrait permettre une meilleure harmonisation et rationalisation de nos ressources et moyens techniques.
- 2- Développement de nouvelles techniques. Approches métabolomiques, développement de techniques sur cellules isolées (amplification de génomes, techniques de tri par cytométrie avec ou sans marquage fluorescent, microsattellites, niveau de ploïdie), approches enzymatique et protéomique.
- 3- A moyen terme, le recrutement d'un chercheur bioinformaticien niveau ingénieur de recherche ou chercheur dans l'équipe serait indispensable.

Diffusion des résultats :

1. Publications prochaines des bases de données existantes comme (1) une base de données de séquences référence concernant l'ensemble des protistes, avec un développement futur programmé en cohésion avec l'équipe Eppo, (2) une base de données biologiques pélagiques (abondance de taxons) recueillies au cours des 2 dernières décennies par les stations et laboratoires marins du RESOMAR (base RESOMAR-PELAGOS, <http://abims.sb-roscoff.fr/pelagos/>) en collaboration avec les producteurs de données du RESOMAR.
2. Transfert des connaissances : Le transfert de notre savoir sera effectué au travers de nos activités :
 - d'enseignement au sein du Master de l'Université Pierre et Marie Curie (spécialités « Océanographie et Environnement Marin » et volet mer de la spécialité « Expertise Faune Flore »,
 - de formation par la recherche (encadrement d'étudiants en master et doctorat),

- d'animation d'ateliers de formation. Nous avons ainsi initié en 2010 au sein du RESOMAR des ateliers de « taxonomie du plancton » pour la formation d'experts.
 - Organisation d'écoles thématiques internationales (Brésil, Vietnam)
3. Publications scientifiques, participations colloques, représentations dans les sociétés scientifique thématique, etc...

Références citées (autres que celles de l'équipe) :

Amundsen P.-A., Lafferty K. D., Knudsen R., Primicerio R., Klemetsen A., Kuris A. M. (2009). Food web topology and parasites in the pelagic zone of a subarctic lake. *Journal of Animal Ecology*. 78:563-573

Duffy J. E. and Stachowicz J. J. (2006). Why biodiversity is important to oceanography: potential roles of genetic, species, and trophic diversity in pelagic ecosystem processes. *Marine Ecology Progress series* 311:179-189.

Vague D :
campagne d'évaluation 2012 - 2013
UMR 7144 – AD2M
2.1. Projet scientifique de l'équipe
Procaryotes Phototrophes Marins
(MaPP)

1. Présentation de l'équipe

a. Historique

L'équipe gardera les mêmes contours que précédemment, à l'exception du départ de Florence Le Gall. Laurence Garczarek assurera la direction de l'équipe MaPP (Marine Phototrophic Prokaryotes) à partir du 1er janvier 2014.

b. Composition

Responsable de l'équipe : Laurence Garczarek

Personnel Titulaire	Qualité	Personnel Temporaire	Période prévue
Frédéric PARTENSKY	(DR1)	Dominique BOEUF (DOC)	sept. 2009-déc. 2012
Christian JEANTHON	(DR2)	Florian HUMILY (DOC)	sept. 2009-juin 2013
Laurence GARCZAREK	(CR1)	Frédéric LE PELLETIER (DOC 50%)	sept. 2010-déc. 2013
Christophe SIX	(MC)	Gregory FARRANT (DOC)	sept. 2011-déc. 2014
Morgane RATIN	(IE2)	Justine PITERRA (DOC)	oct. 2012-déc. 2015
Dominique MARIE	(IR1 25%)	XX (DOC Région Bretagne/projet EU MaCumBa)	oct. 2012-déc. 2015
		XX (CRC1 - ANR Rhomeo)	jan. 2013-déc. 2015
		XX (CRC2 – projet EU MicroB3)	jan. 2013-déc. 2013
		XX (CRC3 – projet EU MicroB3)	jan. 2013-déc. 2013
		XX (CDD cultures – projet EU MaCumBa)	oct. 2013-avr. 2015
		XX (CRC4 bioinformatique – projet EU MaCumBa)	jan. 2013-juin 2014
		XX (CDD mutagénèse – projet EMBRC)	jan. 2013-juin 2014

2. Analyse SWOT et objectifs scientifiques de l'équipe

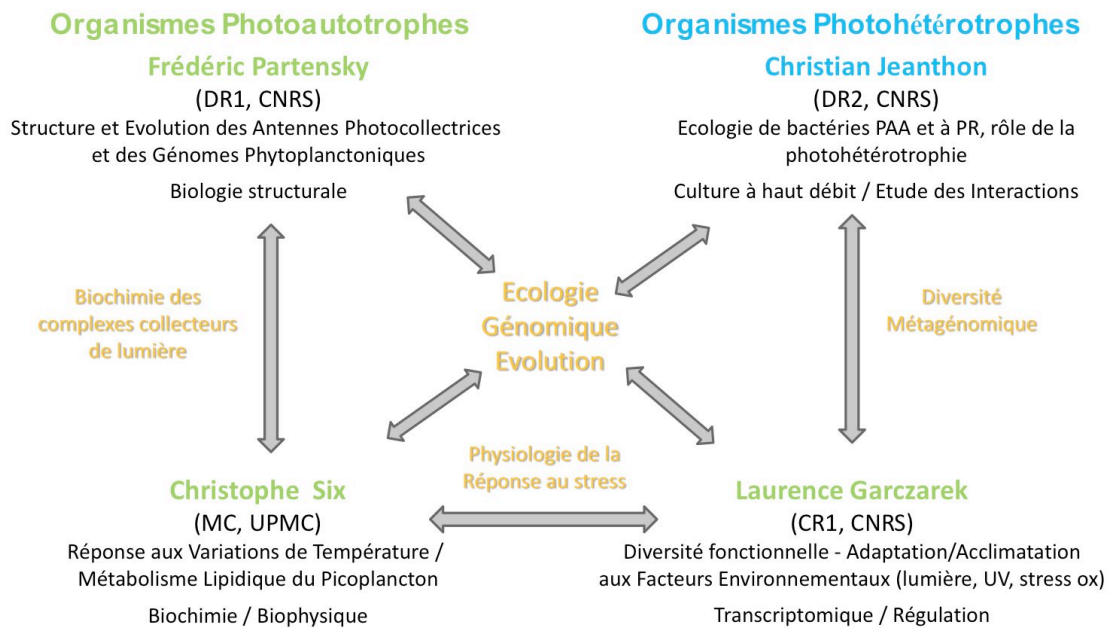
- Points forts (éléments internes qui vont aider au choix et à la réalisation du projet)
 1. Financements et/ou personnels déjà acquis pour une partie des objectifs
 2. Compétences très complémentaires (thématique et technique) des membres de l'équipe (cf. figure page suivante)
 3. Recrutement d'étudiants intéressés par nos thématiques facilité par la présence d'un enseignant-chercheur dans l'équipe
- Points faibles (éléments internes qui vont pénaliser le projet)
 1. Manque de personnel ITA permanent, en particulier dans les nouveaux domaines de compétence (métagénomique, biologie structurale), requérant le recrutement de CDD
- Risques liés au contexte (éléments externes de nature à contrarier la réalisation du projet)
 1. Financement restant à acquérir pour certains des objectifs (projets ANR Bioadapt SAMOSA et ERC Cyanolyase)
 2. Recrutement d'étudiants en thèse indispensable à la menée des recherches potentiellement plus difficile dans la future configuration des écoles doctorales (prochain quinquennal)
 3. Dépendance vis à vis du Génoscope pour l'obtention de données de génomes/métagénomes (délais importants)
 4. Gestion et analyses de données massives de NGS requérant main d'oeuvre et puissance de calcul importantes
- Possibilités liées au contexte (éléments externes de nature à faciliter l'émergence du projet)
 1. Local:
 - a. Groupe Plancton: i) visibilité accrue facilitant l'accès à des projets européens; ii) mutualisation de compétences, du personnel, des locaux et de l'équipement
 - b. FR2424: accès aux infrastructures communes: CRBM (RCC), service mer (suivi à long terme à la station Astan), plateformes techniques (séquençage, bioinformatique, biologie structurale)
 2. Régional : accès aux plateformes Biogenouest (génomique, bioinformatique et transcriptomique)

3. National: implication dans EMBRC France et des projets collaboratifs (Genoscope et plateforme CNRGV de Toulouse)
4. International : Insertion dans plusieurs projets européens : MicroB3, MaCumBa; accès à des bases de données de métagénomique au travers de collaborations internationales (TARA-OCEANS, MIMAS, etc.)

Pour tenir compte de cette analyse, de l'évolution de nos thématiques ainsi que du contexte scientifique (priorités de l'ANR et/ou du programme cadre de l'Union Européenne) et technique (développement rapide des technologies à haut débit), nous avons structuré notre projet 2014-2018 en 3 thèmes principaux, plus fédérateurs que ceux de la période précédente:

1. Distribution et diversité génétique et pigmentaire des procaryotes phototrophes marins en culture et *in situ*.
2. Etude du rôle des facteurs environnementaux (biotiques/abiotiques) sur la physiologie des procaryotes phototrophes marins
3. Mécanismes adaptatifs et évolution génomique des cyanobactéries marines

Ces thématiques font pleinement appel aux compétences très complémentaires des 4 chercheurs de l'équipe qui développent un certain nombre d'axes communs et d'autres qui leur sont plus spécifiques (Figure ci-dessous).



Répartition des thématiques et des compétences entre les 4 chercheurs de l'équipe MaPP

3. Mise en œuvre du projet

Au cours de la période 2014-2018, nos modèles d'étude resteront les mêmes que lors du précédent quadriennal, à savoir les cyanobactéries (avec une emphase sur *Synechococcus*), les bactéries anoxygéniques phototrophes aérobies (PAA) et les bactéries à protéorhodopsine (BPR), les trois groupes bactériens phototrophes les plus abondants de la zone éclairée des océans. Nos buts principaux seront de mieux comprendre leur succès écologique et la structure de leurs communautés *in situ* en étudiant i) leur diversité à différents niveaux taxonomiques (genre, espèce, écotype et/ou type pigmentaire), ii) leur distribution vis-à-vis des diverses niches disponibles dans l'écosystème marin et iii) leur capacité d'adaptation/acclimatation à divers facteurs environnementaux. Pour cela, nous mèneront des recherches au laboratoire et *in situ* à différentes échelles d'organisation : gène, cellule, population, écosystème et océan global. Cette approche multi-échelle devrait permettre de mieux comprendre les déterminants génétiques et les adaptations responsables des différents *patterns* de distribution écologique observés, en faisant le lien entre la biologie et l'écologie de ces organismes. Ce projet ambitieux est particulièrement pertinent d'un point de vue environnemental, puisqu'il s'intéresse à des groupes qui, de par leur abondance et leur ubiquité, jouent un rôle clé dans les cycles biogéochimiques des principaux éléments et dans le fonctionnement de la boucle microbienne. Les résultats obtenus seront donc utiles non seulement pour établir un état des lieux de la biodiversité microbienne marine dans les eaux superficielles, mais aussi pour prédire la réponse de ces communautés face aux changements des conditions environnementales en cours (extension des zones oligotrophes, réchauffement des eaux, etc.), une question qui revêt un intérêt tout particulier pour le grand public et les preneurs de décision, notamment dans le cadre de programmes de préservation des écosystèmes.

En termes de formation par la recherche, l'objectif de l'équipe est de former deux à trois Master2 par an, dans l'optique de recruter un étudiant en thèse par thème tous les 3 à 4 ans.

3.1. Distribution et diversité génétique et pigmentaire des procaryotes phototrophes marins en culture et *in situ*

3.1.1- Diversité des souches cultivées

La diversité génétique des ~300 souches clonales de *Synechococcus* déjà disponibles dans la Collection de Cultures de Roscoff (RCC) et de toutes celles qui y seront déposées au cours du prochain quinquennal, sera examinée en séquençant le gène *petB*, un marqueur hautement résolutif (Mazard et al., 2011; Humily et al., en prép.), tandis que la composition pigmentaire de leurs phycobilisomes sera déterminée par spectrofluorimétrie. Couplées avec les données physico-chimiques mesurées aux sites d'isolement de ces souches, ces informations devraient nous permettre de déterminer les facteurs responsables de la répartition écologique des principaux clades/écotypes et types pigmentaires chez ce genre.

La comparaison des approches culturelles et moléculaires a mis en évidence que seule une faible fraction de la diversité des bactéries photohétérotrophes était obtenue par des méthodes classiques de culture et que les taxons isolés étaient souvent peu abondants dans l'environnement. Dans le cadre du projet européen MACUMBA (recrutement d'un étudiant en thèse et d'un AI), nous comptons isoler des souches représentatives des groupes photohétérotrophes majeurs d'environnements contrastés (station Astan au large de Roscoff, mer Méditerranée, etc..). Des isolements par dilution et des cultures en réacteurs mimant les conditions environnementales seront effectués en utilisant la plateforme à haut débit COCAGNE développée par l'UMR 6197 (Université de Bretagne Occidentale, Plouzané). La diversité des isolats sera examinée par séquençage des gènes *16S/pufM/PR* et les souches déposées à la RCC. Nous espérons ainsi accéder à des micro-organismes d'importance écologique majeure encore incultivés ou non disponibles à la communauté scientifique (comme *Pelagibacter ubique*, souche représentative du groupe SAR11).

3.1.2- Distribution et diversité des populations naturelles

La diversité génétique *in situ* des cyanobactéries marines du genre *Synechococcus* sera étudiée à partir d'échantillons récoltés en Manche, Mer du Nord, Méditerranée et Atlantique Nord. Pour toutes ces analyses, nous mettrons à profit les pipelines développés dans le cadre de l'ANR PELICAN, consistant en un tri cellulaire par cytométrie en flux, l'amplification du gène *petB* et le pyroséquençage des amplicons par 454 GS-FLX. L'analyse de la diversité génétique d'un grand nombre d'échantillons provenant de régimes trophiques variés permettra de déterminer la distribution des écotypes à l'échelle globale et de préciser plus encore le rôle des principaux facteurs environnementaux sur leur distribution. Par ailleurs, nous envisageons d'analyser les variations temporelles de la diversité génétique des picocyanobactéries au cours de divers suivis annuels, auxquels nous aurons accès au travers de divers programmes et/ou collaborations: Helgoland en Mer du Nord (collab. avec H. Teeling, MPI Brème; programme MIMAS) et station Astan au large de Roscoff en Manche (N. Simon, Roscoff; demande prévue à l'ANR). Pour ce qui est de la diversité pigmentaire, la possibilité de déduire la pigmentation de cellules isolées de l'environnement à partir du contenu en gènes de la région PBS (voir bilan), va nous permettre d'étudier la distribution écologique des types pigmentaires dans différentes conditions trophiques et de qualité spectrale de la lumière. Pour cela, deux approches seront utilisées : i) le pyroséquençage d'amplicons spécifiques de types pigmentaires donnés, et ii) le criblage de banques de métagénomomes afin d'examiner la distribution des différents gènes impliqués dans la synthèse et la régulation des protéines pigmentaires. Nous utiliserons pour cela les bases de données de métagénomomes/métatranscriptomes procaryotes de la campagne *TARA-Oceans*, pour laquelle plus d'une quarantaine de stations à travers l'océan mondial ont d'ores et déjà été séquençés à deux profondeurs (surface, DCM).

Ces bases de données seront également utilisées pour étudier la diversité des populations naturelles des bactéries PAA. Leur diversité sera évaluée en analysant différents gènes impliqués dans la photosynthèse anoxygénique comme *pufM* et *BChY*. Les résultats issus de ce travail nous permettront d'améliorer de manière significative nos connaissances sur l'organisation des opérons photosynthétiques, la distribution des bactéries PAA en fonction des statuts trophiques à l'échelle globale, et les facteurs environnementaux qui l'influencent. Ce travail sera effectué par un post-doc recruté dans le cadre du projet européen MicroB3 en collaboration avec I. Ferrera (CSIC, Barcelone).

Si l'on veut comprendre l'importance écologique de la phototrophie liée à la PR, il est nécessaire non seulement de connaître la diversité et l'abondance des BPR mais également d'explorer l'expression des gènes PR dans les océans. Dans le cadre du prochain quinquennal, l'accent sera mis sur l'étude de la dynamique, la diversité génétique et l'activité transcriptionnelle *in situ* des BPR. Leurs variations saisonnières seront étudiées au site observatoire de la SBR par pyroséquençage du gène PR. La dynamique annuelle des groupes majoritaires et de l'expression *in situ* de leur PR sera ensuite déterminée par PCR et RT-PCR quantitative. Ce travail sera effectué par un post-doctorant recruté dans le cadre de l'ANR RHOMEIO. Une analyse comparative sera menée en parallèle sur des échantillons collectés au site observatoire de Banyuls en collaboration avec l'équipe de M. Suzuki (UMR 7621-LOMIC, Banyuls).

3.2. Etude du rôle des facteurs environnementaux (biotiques et abiotiques) sur la physiologie des procaryotes phototrophes marins

3.2.1- Facteurs biotiques

L'environnement immédiat des cellules phytoplanctoniques marines est considéré comme un environnement physiquement et chimiquement distinct de l'eau de mer environnante qui pourrait favoriser la croissance de taxons microbiens spécifiques. Du fait de la complexité des communautés phytoplanctoniques, il n'a pas encore été possible de déterminer comment leur dynamique, leur diversité et leur fonctionnement résultent de leurs interactions avec les bactéries. Nous ignorons par exemple le degré de spécificité des interactions entre les espèces phytoplanctoniques et les espèces bactériennes associées ainsi que la dynamique temporelle de ces associations qui est probablement liée à la variation des paramètres environnementaux et l'état physiologique du phytoplancton. La compréhension de ces interactions est fondamentale pour mieux comprendre le fonctionnement des réseaux trophiques marins.

Les bactéries photohétérotrophes, en particulier les bactéries PAA, sont généralement associées aux efflorescences algales. Notre objectif sera de documenter les interactions microalgues-bactéries dans

l'environnement marin. Notre hypothèse est que si les bactéries sont capables de différentes interactions physiologiques avec leur hôte algal, elles révéleront différentes dynamiques de colonisation dans le temps. Par exemple, les bactéries spécialisées dans la minéralisation de la matière organique à partir de cellules algales mortes (saprophytes) montreraient une colonisation plus forte après des blooms. A l'inverse, les bactéries bénéfiques pour leur hôte algal (mutualistes) seraient plus abondantes pendant les fortes abondances algales. De même, les bactéries compétitrices ou parasites d'un hôte algal auraient une abondance maximale juste avant le déclin du bloom algal.

L'objectif général sera d'identifier les types d'interactions exercées par les différents taxons bactériens identifiés lors d'efflorescences algales (par ex. des dinoflagellés *Heterocapsa triquetra* et *Alexandrium minutum* dans l'estuaire de la Penzé ou de la diatomée *Guinardia delicatula* en Manche). Pour cela, nous analyserons le degré de spécificité de la diversité bactérienne associée aux cellules algales et examinerons les dynamiques temporelles d'attachement aux microalgues des principaux taxons bactériens. Ces questions seront abordées en utilisant des approches complémentaires et innovantes (isolements « single-cell » de cellules microalgales par pinces optiques et par encapsulation, culture des bactéries associées aux cellules microalgales isolées, identification moléculaire des bactéries associées et suivi temporel des associations par pyroséquençage et analyse de réseaux d'interactions). Ces travaux seront réalisés dans le cadre de l'ANR PARALEX qui vise notamment à identifier les bactéries responsables du déclin des efflorescences d'*A. minutum* et du projet européen MACUMBA (recrutement d'un étudiant en thèse) en collaboration avec L. Guillou (équipe DIPO, UMR 7144), coordinatrice du projet PARALEX et des partenaires du projet MACUMBA (plate-formes d'isolement single-cell de l'Université Heriot-Watt, Ecosse et de l'UMR 6197, Plouzané).

3.2.2- Facteurs abiotiques

3.2.2.1 - Cyanobactéries

La plupart des études physiologiques concernant les *Synechococcus* marins ont pour l'instant porté sur trois souches modèles, dont une seule (WH8102) appartient à un clade abondant dans le milieu naturel. Dans le cadre du prochain plan quinquennal, nous comptons déterminer les limites de tolérance et les optima de croissance vis-à-vis de la lumière, les radiations UV et la température d'une douzaine de souches de *Synechococcus* représentatives des écotypes les plus abondants *in situ*, afin de mettre en évidence la plasticité physiologique de ces écotypes. Nous envisageons également de caractériser les principaux mécanismes d'acclimatation (au sens physiologique) et d'adaptation (au sens évolutif) impliqués dans la réponse différentielle des clades/écotypes de *Synechococcus* à divers facteurs environnementaux, en vue de leur modélisation (collab. avec la plateforme GenOuest de Rennes, UMR INRIA 6074). Pour cela, nous prendrons en compte non seulement la variabilité de la réponse physiologique à différents stress (fortes lumières, fortes et basses températures, exposition aux UV) d'une souche modèle (WH7803), mais également la variabilité écotypique de cette réponse en soumettant une sélection de 4 souches à un nombre plus limité de ces différents stress. Les mesures de taux de croissance, d'activité photosynthétique ainsi que les analyses transcriptomiques réalisées sur ces souches, complétés par des données acquises précédemment concernant les stress UV et oxydant (Kolowrat et al., 2010; Blot et al., 2011), seront utilisées pour construire un réseau global de régulation génique prenant en compte la partie commune de ces réponses ainsi que les réponses spécifiques à un stress ou à un écotype donné de *Synechococcus*. Par ailleurs, La combinaison des résultats de transcriptomique et de génomique comparative (cf. § 3.3.1) permettra d'identifier les gènes qui sont à la fois spécifiques d'un écotype et différentiellement exprimés en réponse à un ou plusieurs stress. Ces gènes constitueront des cibles privilégiées pour des analyses fonctionnelles, par mutagenèse et caractérisation physiologique des mutants obtenus. En prenant en compte la plasticité génétique et physiologique au sein de ce genre, cette étude devrait permettre d'élaborer des modèles réalistes d'évolution de la diversité à l'échelle des individus, des populations et des communautés et, plus généralement, de prédire la capacité d'adaptation/acclimatation des populations du genre *Synechococcus* et donc leur dynamique et leur distribution en réponse à des changements de conditions environnementales. Ce projet, baptisé SAMOSA, sera (re)soumis à l'ANR Bioadapt en janvier 2013, une première mouture ayant été refusée en 2012. La mise au point des techniques de mutagenèse, nécessaires pour la caractérisation des gènes, sera, quant à elle, assurée par un CDD AI, recruté dans le cadre du projet EMBRC France (acquis). La réalisation de ce projet ambitieux nécessite également l'achat d'un nouveau fluorimètre PAM, qui fera l'objet d'une demande spécifique.

Par ailleurs, nous comptons également poursuivre nos travaux concernant la réponse physiologique des types pigmentaires de *Synechococcus*. Des travaux préliminaires ont en effet permis de mettre en évidence une certaine variabilité phénotypique entre souches capables d'adaptation chromatique de type IV, un processus réversible qui permet à certaines souches de *Synechococcus* de modifier leur pigmentation pour s'adapter aux changements de couleur de la lumière ambiante, bleue ou verte (Everroad et al., 2006 J. Bacteriol. 188:3345-3356). Afin de caractériser les bases moléculaires de cette variabilité, des cinétiques de réponse à un changement de qualité de lumière (bleu vers vert ou vice versa) seront réalisées pour l'ensemble des souches d'adaptateurs chromatiques de la RCC dont le génome est séquencé (cf. § 3.3.2).

3.2.2.2 - Bactéries à protéorhodopsine

Les protéorhodopsines sont des pompes à protons transmembranaires dépendantes de la lumière qui interviennent dans le métabolisme bactérien en capturant l'énergie lumineuse pour la transformer en ATP. Depuis la découverte des BPR, le rôle écopysiologique des protéorhodopsines n'a toujours pas été élucidé. L'utilisation d'énergie lumineuse pour différentes fonctions cellulaires pourrait accroître l'efficacité de leur métabolisme hétérotrophe et, par voie de conséquence, diminuer leur production de dioxyde de carbone. Cette forme altérée de photochimie pourrait également servir de mécanisme de sauvegarde et fournirait de l'énergie aux cellules lorsqu'elles font face à une carence en nutriments. La PR pourrait donc correspondre à un système auxiliaire nécessaire à leur survie. L'étude des réponses physiologiques (croissance, survie) des BPR en culture à la lumière et aux conditions changeantes de leur milieu naturel est indispensable si l'on veut comprendre leur succès écologique (en tant que

groupe fonctionnel) et prédire la façon dont ces organismes s'adapteront aux changements climatiques et trophiques en cours. Notre objectif sera de déterminer l'effet de la quantité de la lumière, de la quantité et qualité du carbone et des nutriments sur l'efficacité d'utilisation du carbone et l'expression de la PR. Les premières souches testées seront des bactéries arctiques récemment isolées au laboratoire, mais l'effort portera également sur des souches isolées pendant le prochain quinquennal (cf. § 3.1.1). Ce travail sera effectué par un post-doctorant recruté dans le cadre de l'ANR RHOME0.

3.3. Mécanismes adaptatifs et évolution génomique des cyanobactéries marines

3.3.1- Structure et évolution des génomes

Les génomes de 25 souches de *Synechococcus*, sélectionnées de façon à couvrir au mieux la grande diversité génétique et pigmentaire au sein de ce genre et une vaste gamme d'origine géographique et de régimes trophiques, sont en cours de séquençage au Genoscope à notre demande. Ajoutés aux génomes actuellement disponibles dans les bases de données publiques, nous aurons bientôt accès à 63 génomes de picocyanobactéries (dont 14 *Prochlorococcus* et 49 *Synechococcus*). Les nouveaux génomes seront assemblés grâce à des scripts développés localement puis annotés automatiquement à l'Institute of Genome Science (Univ. du Maryland). L'incorporation des séquences annotées dans une base de données de groupes d'orthologues dédiée aux picocyanobactéries marines (Cyanorak v2; <http://abims.sbr-roscoff.fr/cyanorak/>), dont le développement est en cours dans le cadre de l'ANR PELICAN, permettra ensuite de réaliser des comparaisons génomiques exhaustives et de mettre en évidence pour chaque genre: i) les gènes communs (présents dans tous les génomes de *Synechococcus*), ii) les gènes accessoires (présents dans 2 à 48 génomes) et iii) les gènes spécifiques d'un seul génome. Ces données permettront non seulement de mieux comprendre les mécanismes et le taux d'évolution de ces génomes (estimation des gains et des pertes géniques survenus au cours de l'évolution, etc.), mais aussi d'identifier les gènes spécifiques des différents clades, potentiellement impliqués dans l'adaptation de ces organismes à des niches écologiques particulières. La comparaison de ces données avec les analyses de diversité génétique et pigmentaire (§ 3.1) permettra également de vérifier la représentativité *in situ* des génomes séquencés et de proposer de nouveaux génomes à séquencer en utilisant les technologies NGS prochainement disponibles à la SBR. Enfin, ces génomes constitueront une base de référence des picocyanobactéries marines utile pour l'analyse des données de métagénomique et métatranscriptomique marines, dont le nombre augmente de façon exponentielle. Ces travaux sont en partie financés par un projet collaboratif avec le Genoscope (METASYN) et le projet ANR PELICAN et feront également l'objet d'un *workpackage* "génomique" dans le projet ANR SAMOSA.

3.3.2- Bases génomiques et évolution de la diversité pigmentaire

L'analyse comparative des 11 premiers génomes de *Synechococcus* nous a permis de mieux comprendre les bases moléculaires de la grande diversité de pigmentation observée chez ce genre (Six et al., 2007; voir bilan). En plus des nouveaux génomes de *Synechococcus* prochainement disponibles (voir § 3.3.1), nous allons obtenir (dans le cadre du programme ANR PELICAN) près de 200 régions PBS de populations naturelles de *Synechococcus* par tri cellulaire, amplification génomique, clonage dans des banques de fosmidés et séquençage à haut débit. Cela multipliera par 10 à 20 les informations actuellement disponibles sur les gènes de pigmentation et devrait nous permettre de découvrir de nouveaux types de pigments et/ou d'enzymes. La catégorie de gènes la plus discriminante pour distinguer les différents types pigmentaires est celle des phycobiline-lyases, des enzymes qui sont impliquées dans la fixation de chromophores à des sites bien particuliers des phycobiliprotéines. Dans le cadre du programme ANR PELICAN, une collaboration avec la plateforme bioinformatique de l'INRIA de Rennes nous a permis de créer la base de données Cyanolyase (<http://cyanolyase.genouest.org>), qui est spécifiquement dédiée à ces enzymes (Bretaud et al., soumis). Cet outil bioinformatique performant permet en effet de trouver et d'annoter très rapidement toutes les séquences des lyases d'un génome donné et d'en déterminer les motifs conservés. Les phycobiliprotéines étant utilisées comme marqueurs fluorescents, ces enzymes ont un intérêt majeur en biotechnologie et nous comptons déposer un projet ERC Senior (coordinateur: F. Partensky) au prochain appel d'offres de l'UE pour caractériser la structure et la fonction des phycobilines-lyases spécifiques des *Synechococcus* marins par des approches de génétique (expression hétérologue, mutagenèse dirigée), de biochimie (isolement et caractérisation des phycobiliprotéines par HPLC et spectrométrie de masse) et de biologie structurale (en collaboration avec la plateforme locale dirigée par Mirjam Czjzek). Une telle approche nous a déjà permis d'identifier la fonction de RbcG, une enzyme capable de non seulement de catalyser la fixation d'un chromophore capturant la lumière verte, à une position bien particulière de la phycocyanine, mais aussi de l'isomériser en un chromophore capturant la lumière bleue (Blot et al., 2009).

Par ailleurs, nous allons poursuivre nos travaux sur la compréhension des bases moléculaires de l'adaptation chromatique de type IV (cf. § 3.2.2.1). La disponibilité de plusieurs génomes complets de ce type pigmentaire nous a récemment permis de repérer les gènes spécifiques de ces souches (Six et al., 2007), gènes qui se regroupent dans une petite région génomique, la région CA4 (Humily et al., en prép.). En collaboration avec David Kehoe (Indiana University, Bloomington, USA), nous avons utilisé avec succès une combinaison d'approches génétiques et biochimiques pour caractériser *mpeZ*, l'un des gènes majeurs de cette région (Shukla et al., *PNAS*, en révision). Celui-ci code pour un nouveau type de phycobiline lyase-isomérase, au mode d'action similaire à celui observé chez RbcG, mais présentant une faible similitude de séquence avec cette dernière. Si *MpeZ* est une enzyme-clé du processus d'acclimatation chromatique, nos analyses ont révélé qu'il existait au moins une autre enzyme du même type impliquée dans ce processus qu'il nous reste à découvrir et à caractériser, un objectif qui devrait être réalisé dans le cadre du projet ERC.

Vague D :
campagne d'évaluation 2012 - 2013
UMR 7144 – AD2M

2.1. Projet scientifique de l'équipe
Evolution des Protistes et Ecosystèmes Pélagiques (EPEP)

1. Présentation de l'équipe

a. Historique

La nouvelle équipe *EPEP* va continuer à fonctionner sur une taille avoisinant les 10 membres (voir « Résultats », Fig.1), avec cependant la mutation de Fabrice Not (CR1) vers la nouvelle équipe *DIPO* qui focalisera son attention sur les mécanismes d'interaction au sein du plancton marin, et la titularisation de notre AI Sarah Romac pour assurer les activités de base en biologie moléculaire, la formation des étudiants au travail de laboratoire, et la bonne réalisation du projet des Investissements d'Avenir *OCEANOMICS* (2012-2020). Etant donné l'évolution thématique prévue pour cette période 2014-2018, nous avons décidé de faire évoluer également le nom de l'équipe d'*EPPO - Evolution du Plancton et Paléo-Océans* à *EPEP - Evolution des Protistes et Ecosystèmes Pélagiques*. Le maître mot reste « *Evolution* », mais les termes « *Protistes* » et « *Ecosystèmes* » deviennent centraux, comme définis dans notre projet de recherche ci-dessous.

b. Composition

Responsable de l'équipe :

Personnel Titulaire	Qualité	Personnel Temporaire	Période prévue
Colomban de Vargas	DR2 - HDR		
Stéphane Audic	IR1		
Sarah Romac	AI		Titularisation prévue en 2013
	CDD (AI 50%)	Nathalie Babic	2014-2018
	CDD (IR)	Oceanomics Manager	2014-2018
	CDD (AI 50%)	Oceanomics	2013-2015
	CRC	Johan Decelle	2013-2014
	CRC	Oceanomics PD	2014-2015
	Doc (EDDV)	Nicolas Henry	2012-2015
	Doc	Noan Le Bescot	2011-2014

2. Analyse SWOT¹⁹ et objectifs scientifiques de l'équipe

2.1 Analyse SWOT :

Les principaux points forts de l'équipe *EPPO/EPEP* sont, à notre avis :

- Une cohérence thématique originale et aux interfaces:** la co-évolution des protistes et des écosystèmes pélagiques, avec le souci constant de couvrir des échelles taxonomique, physiologique, géographique, et temporelle suffisamment larges pour déceler les particularités biologiques du plancton capables d'influer les cycles biogéochimiques globaux. Le maintien d'un contact continu avec la communauté française et internationale des paléo-océanographes pour ne pas rester confiné à la biologie du quaternaire.
- Une vision et capacité de créer des projets et consortia internationaux pluridisciplinaires autour de son thème de prédilection.** L'équipe a su poser les bonnes questions au bon moment, s'engager et faire financer plusieurs programmes de grande envergure en France (ANR BOOM, POSEIDON, projet des IA OCEANOMICS), en Europe (EraNet BioMarks), et à l'international (expédition *Tara-Océans*, CBOL Protist Working Group).
- Un renouvellement thématique original lié au recrutement de personnel de qualité.** Les 7 étudiant(e)s en thèse qui sont passés dans l'équipe ont développé des sujets souvent très nouveaux : sexe, symbiose, virologie, microévolution, phylogéographie, etc. avec comme seul point commun les groupes organismique modèles (Rhizaria et Hacrobia) et l'environnement cible (système pélagique).

¹⁹ Le terme SWOT (acronyme pour *Strengths, Weaknesses, Opportunities and Threats*), en français MOFF ou AFOM, désigne un outil d'analyse d'une situation ou d'un environnement, et de construction de stratégie.

4. **Une politique de publication active et de haut niveau** : 95 publications dans la période 2007-2012, avec 31 articles publiés dans des journaux à facteur d'impact >5, dont 3 Nature, 2 Science, 3 PNAS, 2 Plos Biology, etc.

Points faibles de l'équipe :

Paradoxalement, les deux points faibles principaux nous semblent intrinsèquement liés aux points forts 2. et 3. susmentionnés. Tout d'abord les projets engagés ont été légèrement disproportionnés par rapport à la taille effective de l'équipe. Le lancement coup sur coup de *BioMarks* et de l'expédition circumglobale *Tara-Océans* a certainement mis la petite équipe *EPPO* sous une pression trop importante. De plus, notre intérêt pour l'évolution du système planctonique dans son ensemble a entraîné une certaine dispersion thématique avec parfois des frustrations de ne pas pouvoir approfondir un sujet particulièrement prometteur.

Possibilités liées au contexte :

Une combinaison de plusieurs facteurs nous met dans une position confortable pour mener à terme notre projet à 5 ans : (i) la forte expertise en bioinformatique amenée par l'intégration de Stéphane Audic (IR1) dans l'équipe, qui nous permet d'assumer pleinement des projets liés aux nouvelles technologies de séquençage à très haut-débit (NGS) ; (ii) l'établissement, au cours des 3 dernières années, d'une collection d'échantillons morphogénétiques de plancton unique, couvrant plusieurs niveaux systémiques (ADN, ARN, organismes), plusieurs fractions de taille organismique, et une échelle spatiale planétaire (à la fois dans les systèmes côtiers et du grand large) ; (iv) la création, au cours du dernier quadriennal, d'un réseau de collaboration international comprenant notamment des experts des tous les groupes de cellules eucaryotes connus ; (v) l'obtention d'un projet des Investissements d'Avenir centré sur nos thématiques et financé pour les 7 années à venir.

Enfin, nous sommes confiant que l'exploration et la connaissance du plancton, écosystème comprenant >98% du volume de la biosphère, très réactif et pro-actif aux changements climatiques, et pourtant largement méconnu en terme de biodiversité et de bioressources à exploiter, resteront un sujet de prédilection au cours des années à venir.

Risques liés au contexte :

La plus grande difficulté à laquelle a été confrontée l'équipe *EPPO* est la précarité des contrats CDD, et notamment l'impossibilité de prolonger des membres de très grande qualité qui s'approchaient du quota des 6 ans passés dans la fonction publique (y compris la durée de la thèse dans la période incertaine des années 2008-2011). Cette règle a causé le départ prématuré et forcé de personnes clef qui pourtant désiraient continuer leur travail excellent au sein de l'équipe, et pour qui nous avions les financements nécessaires. Cela a mis en grande difficulté la continuité des programmes *BioMarks* et *Tara-Océans*. Etant donné l'envergure et la durée de notre nouveau projet *OCEANOMICS* des Investissements d'Avenir, la nouvelle équipe *EPEP* ne peut plus fonctionner sans la pérennisation d'au moins un AI pour assurer le travail de base au laboratoire et sauvegarder le savoir-faire acquis depuis la création d'*EPPO*.

2.2 Objectifs 2014-2018:

Notre projet «14-18» s'inscrit dans la stricte continuité de nos recherches sur la coévolution des protistes et des écosystèmes pélagiques, avec cependant une nouvelle approche résolument *éco-systémique*. Nous abandonnons le découpage en 4 thématiques principales de la période 2007-2012 (symbiose, sexe, virus, diversité morphogénétique des protistes biominéralisant) pour une approche plus intégrale qui vise à explorer les diversités biologiques et métaboliques de la *totalité* des protistes du plancton marin à l'échelle *globale* des océans planétaires par l'utilisation des nouvelles méthodes de séquençage et d'imagerie à haut-débit. En effet, fort des *possibilités* listées dans notre analyse *SWOT* ci-dessus, nous avons monté un projet dans le cadre des Investissements d'Avenir, *OCEANOMICS - wOrld oCEAN biOressources, biotechnologies, and Earth-system serviCeS*, dont les objectifs principaux sont d'étudier les *structures éco-morpho-génomique holistiques* (des virus aux métazoaires) des écosystèmes planctoniques, leur dynamique à travers les >150 sites échantillonnés au cours de l'expédition *Tara-Océans*, et leurs ressources biotechnologiques potentiellement exploitables.

Résumé du projet *OCEANOMICS* : Le projet *OCEANOMICS* vise à promouvoir, en France, l'exploitation rationnelle et durable d'un des écosystèmes les plus importants en terme de changement écologiques globaux et de bioressource : le plancton océanique. Le problème n'est pas simple, car la biomasse relativement délayée des systèmes planctoniques est encore très mal connue en terme de biodiversité et potentiel biotechnologique. Le domaine planctonique marin comprend >98% du volume biosphérique, et la France planctonique est 20X plus étendue que sa surface terrestre. Chaque litre d'eau de mer contient de 10 à 100 milliard d'organismes, virus, procaryotes, protistes, et métazoaires, des communautés caractérisées par un taux de renouvellement très rapide, des interactions biotiques exacerbées, une ressource énorme de formes de vie et composés bioactifs inexplorés. Dans sa phase exploratoire, le projet *OCEANOMICS* s'appuie sur le succès de l'expédition *Tara-Océans 2009-2012*, une entreprise publique/privée qui a récolté >50 000 échantillons et données éco-morpho-génétiques dans 11 fractions de tailles organismiques couvrant l'ensemble des communautés planctoniques -des virus aux animaux- sur plus de 150 sites et 3 profondeurs à travers

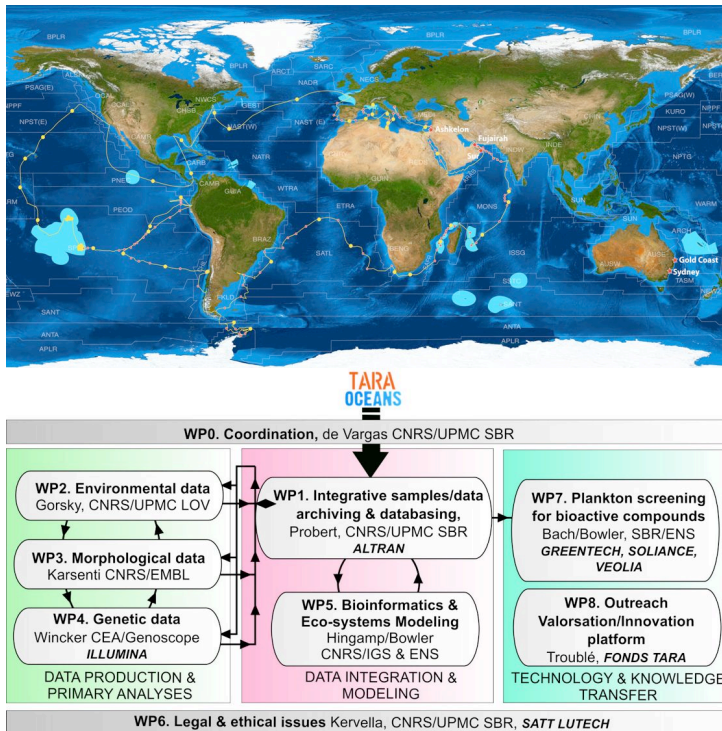


Figure 1 : A. L'expédition Tara-Océans (2009-2012) ; B. La stratégie globale du projet OCEANOMICS en 8 Work-Packages.

les océans planétaires (Fig.1A). Les 18 partenaires du projet dirigé par C. de Vargas vont s'attaquer aux 8 'WP/Work-Packages' décrits en Fig.1B et qui consistent à produire et organiser les données éco-morpho-génétiques de *Tara-Océans*, les analyser et les modéliser, ainsi que les utiliser pour un criblage dirigé de souches et métabolites planctoniques d'intérêt industriel. OCEANOMICS propose une combinaison de protocoles de séquençage et d'imagerie à très haut débit pour extraire l'information de cette collection unique à plusieurs niveaux systémiques : DNA, RNA, phénotypes. Des comparaisons de ces nouvelles données aux métadonnées environnementales et aux nouveaux génomes et transcriptomes de souches/organismes planctoniques de référence séquencés dans le cadre du projet permettront une compréhension taxonomique, métabolique, et éco-systémique profonde de la structure, de la dynamique, et de l'évolution de la biodiversité planctonique. En parallèle, nous allons, en collaboration avec nos partenaires privés -ILLUMINA, ALTRAN, VEOLIA, LEICA, GREENTECH, SOLIANCE-, utiliser cette nouvelle

connaissance pour: (i) transférer les nouvelles technologies et méthodes de séquençage/imagerie haut-débit à des études de cas en biomonitoring aquatique, (ii) procéder à du phénotypage d'échantillons environnementaux et de souches de choix pour l'analyse de leur lipides, métabolites secondaires, et exo-métabolomes ; (iii) cribler des souches de choix pour leur composés bioactifs d'intérêt pharmaceutique, nutraceutique, cosmétique, et dans les secteurs de l'agriculture et de l'environnement. OCEANOMICS va aussi servir de cas d'étude pour définir un modèle juridique équilibré pour la bio-prospection du plancton marin (WP6). Mobilisant plusieurs centres de recherches français et internationaux majeurs (CNRS, UPMC, GENOSCOPE, ENS, EMBL), OCEANOMICS opérera à la croisée de plusieurs initiatives nationales et européennes (EMBR- France, Greenstars, France Bioluminescence, France Genomics, MicroB3), et sera ainsi un puissant catalyseur pour propulser la France sur le front de la «révolution bleue».

En plus de coordonner l'ensemble du projet, l'équipe EPEP aura 4 objectifs principaux :

1. Une analyse de la structure et de la dynamique des communautés de protistes océaniques couvrant des échelles taxonomique et géographique globales, alliant des méthodes de *meta-barcoding* et d'imagerie automatique à haut-débit.
2. L'exploration des transcriptomes des protistes clef du plancton océanique, et l'expression de leurs gènes dans le méta-transcriptome océanique global, par des méthodes de séquençage haut-débit des ARN de protistes en culture ou environnementaux (Illumina RNAseq).
3. L'intégration des données 'protistes' d'OCEANOMICS au sein des analyses des autres domaines du vivant : virus, procaryotes, métazoaires, pour une compréhension holistique des systèmes planctoniques.
4. L'orientation des analyses de criblage organismique et métabolique des protistes océaniques prometteurs en terme d'exploitation industrielle.

Ceci explique le changement de nom d'EPP0 vers EPEP - Evolution des *Protistes* et *Ecosystèmes Pélagiques*, ces deux termes définissant plus précisément les cadres biologique et écologique de notre nouvelle orientation globalisante.

L'équipe EPEP opère plusieurs innovations technologiques et conceptuelles importantes :

1. Elle intègre les techniques de séquençage massif des ADN et ARN à la fois d'organismes non-modèle et d'échantillons environnementaux, les adaptant spécifiquement à l'étude des protistes, notamment par le biais de nouvelles bases de données génétiques 'protiste' et d'outils bioinformatiques appropriés.
2. Elle participe au transfert des dernières méthodes d'imagerie automatique -notamment celle de microscopie confocale à haut-débit développée à l'EMBL-Heidelberg-, désormais solidement établies en biologie cellulaire et médicale, vers les études écologiques des cellules eucaryotes environnementales, comblant ainsi un gap-technologique considérable.
3. Elle vise à une compréhension holistique du système plancton -écosystème particulièrement propice à des études systémiques vu la taille relativement petites de tous les organismes le constituant et sa relative simplicité et homogénéité à l'échelle globale-, adoptant ainsi pleinement le grand changement

paradigmatique de la biologie actuelle qui s'éloigne de plus en plus des recherches intrinsèques aux organismes modèles pour l'étude des consortia, réseaux, et systèmes biologiques intégrant aussi les données environnementales.

Cependant le maître mot d'EPEP reste « Evolution » et nous n'abandonnons pas le dessein ambitieux de comprendre les taux de changements organismiques et métaboliques du plancton marin, en particulier en réponse aux changements globaux des océans actuels : réchauffement, stratification/oligotrophication, acidification. Dans ce contexte, la compréhension fine de la biologie et de l'écologie des *protistes biominéralisant* ayant laissé de loin les meilleurs bilans fossiles de notre planète dans les sédiments marins profonds, est un outil formidable pour une meilleure interprétation des co-évolutions bio-géologiques et des équilibres ponctuels du système Terre. Ainsi, dans notre approche éco-morpho-génétique du plancton planétaire, nous allons donner une attention particulière aux groupes traditionnellement utilisés en micropaléontologie : *foraminifères* et *radiolaires* (Rhizaria), *coccolithophores* (Haptophyta), *diatomées*. Les groupes de nano- et micro-plancton calcifiant et silicifiant sont au centre de processus essentiels et relativement peu connus en écologie planctonique : mixotrophie, symbiose, sexe, et biominéralisation. Ces thèmes, en partie traités dans notre projet 2007-2012, seront ré-explorés à l'échelle écosystémique au sein des *Rhizaria* et *Hacrobia*, permettant à la fois d'éclairer leurs enregistrements fossiles et de comprendre des processus biologiques fondamentaux pour la biogéochimie du plancton marin.

3. Mise en œuvre du projet

Ainsi, le projet scientifique de l'équipe EPEP consiste avant tout à réaliser le projet des Investissements d'Avenir OCEANOMICS, financé pour les 7 années à venir (2012-2020). Les détails de la mise en œuvre d'OCEANOMICS sont accessibles dans le dossier ANR mis en ligne @ : <http://www.sb-roscoff.fr/Phyto/>.

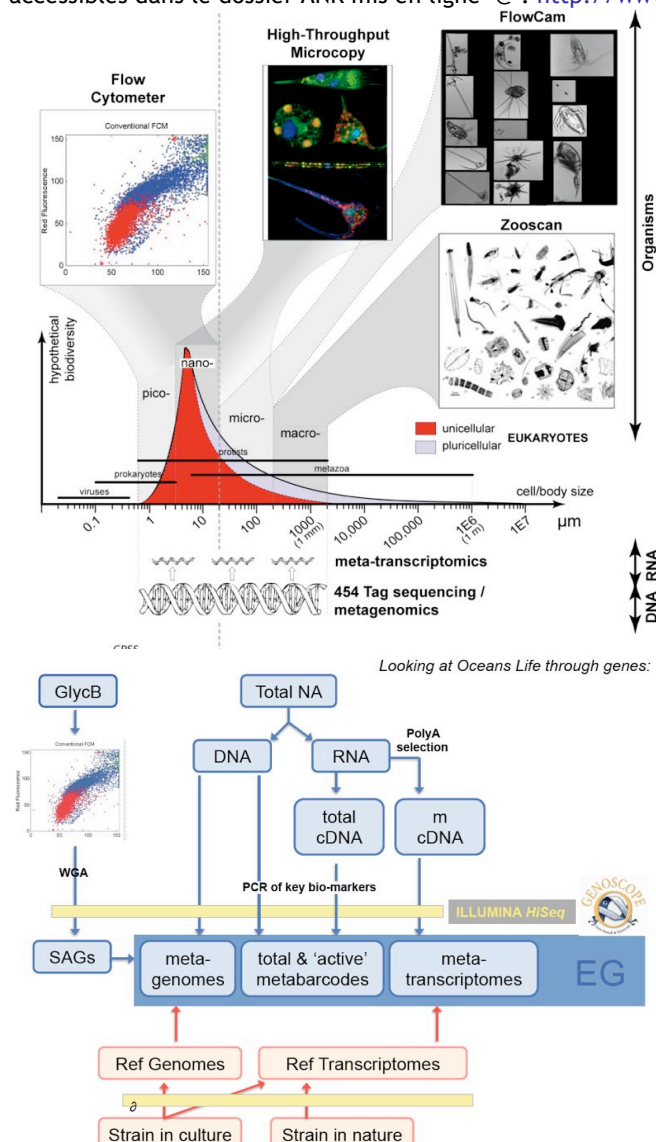


Figure 2: A. La stratégie morphogénétique « haut-débit » pour une étude holistique de la biodiversité des protistes du plancton océanique ; B. Détail de la stratégie de séquençage du plancton marin en MétaB, MétaT, MétaG, (Barcoding, Transcriptomique, Génomique), supplémentée par du séquençage de B, T, G de souches de référence.

Très brièvement, pour les objectifs EPEP :

1. **Structure et dynamique des communautés de protistes océaniques couvrant des échelles taxonomique et géographique globales.** Nous traitons ici le niveau systémique *organismique*, avec la stratégie suivante : (i) séquençage à saturation, en *Illumina MySeq*, de métabarcodes ribosomaux, mitochondriaux, et chloroplastiques à partir des extractions d'ADN et d'ARN (cDNA) total de 4 fractions de taille cellulaire couvrant la totalité des protistes (Fig.2B); (ii) acquisition et traitement automatiques d'images des cellules du plancton par cytométrie en flux, microscopie confocale à haut-débit, flow-cam, et zooscan selon les fractions de taille, à partir des mêmes échantillons traités par 'métabarcoding' (Fig.2A); (iii) analyses bioinformatiques et statistiques des α - et β -biodiversités des communautés de protistes, notamment par les méthodes d'analyse de réseaux qui permettent d'intégrer les données éco-morpho-génétiques ; (iv) retour sur les questions clefs de la biodiversité des protistes pélagiques par 'reverse taxonomy', analyses en *FISH* (fluorescence in situ hybridization), et PCR group-spécifique. La division des communautés de protistes en 4 fractions de taille permettra de répondre à des questions fondamentales sur les symbioses et cycles de vie des cellules eucaryotes pélagiques, phénomènes très importants et pourtant sous-étudiés.
2. **Transcriptomique et méta-transcriptomique des protistes clef du plancton océanique.** Nous sommes ici au niveau systémique *génique*, car nous pensons qu'il est encore trop tôt pour se lancer dans la métagénomique des protistes. En effet, les communautés comportent des milliers d'espèces, une bonne proportion d'entre elles ayant des génomes de taille 10, 100, ou même 1000X supérieure à celle du génome humain, alors que le

nombre de gènes chez les espèces eucaryotes est relativement modeste et constant, de l'ordre de quelques milliers. Notre stratégie est la suivante : (i) suivant l'identification des taxa les plus importants écologiquement et/ou phylogénétiquement en (1.) (MetaB, microscopie), isolation et séquençage en *Illumina RNAseq* des ARN messagers totaux des protistes majoritaires du plancton marin, en provenance de culture ou de cellules isolées de l'environnement pour les incultivables ; (ii) analyses fonctionnelles et phylogénomiques des contenus géniques, et analyses quantitatives de l'expression des gènes par comparaison des nouveaux transcriptomes aux méta-transcriptomes de l'océan global; (iii) identification des gènes, et potentiellement métabolismes et fonctions nouvelles et fondamentales dans le protistome océanique. En plus de nous laisser simplement guider par les données *metaB* et *metaT*, nous nous pencherons sur l'analyse de nos groupes taxonomiques et questions fonctionnelles privilégiées : les lignées des *Rhizaria* et des *Hacrobia*, ainsi que les questions de la *symbiose*, de la *mixotrophie*, et du sexe chez les protistes marins.

3. **Intégration 'trans-kingdoms'**. Nous passons ici au niveau systémique *holistique*, avec une analyse intégrant des virus aux animaux, en passant par les procaryotes et les protistes. Il s'agit d'intégrer les analyses 'protiste' issues de échantillons et données de *Tara-Océans* avec l'ensemble des autres analyses couvrant les autres domaines du vivant ainsi que les variations physiques et chimiques des masses océaniques échantillonnées. L'équipe *EPEP* fournira les analyses organismiques (1.) et géniques (2.) des communautés de protistes au consortium *OCEANOMICS*, qui apportera des analyses complémentaires sur les virus (CNRS Marseille et University of Arizona, USA), les procaryotes (CNRS-Roscoff et ICM, Barcelona, Espagne), les animaux (CNRS Villefranche et Génoscope), et les paramètres environnementaux (CNRS-Brest, SZN, Naples Italie, CMES Bremen Allemagne). Une grande synthèse sera alors menée par les bioinformaticiens et statisticiens de l'EMBL, Heidelberg Allemagne, du VIB, Bruxelles Belgique, de l'ENS-Paris, du Génoscope, et ceux présents dans toutes les autres équipes du projet. Cet exercice, réalisé à l'échelle planétaire, est une première en écologie car le plancton est peut-être le seul système sur Terre qui contient la quasi totalité des lignées organismiques, et dont les représentants sont suffisamment petits pour être échantillonnés de manière quasi-holistique à chaque site. Nous espérons dégager des lois écosystémiques générales de cette analyse singulière.

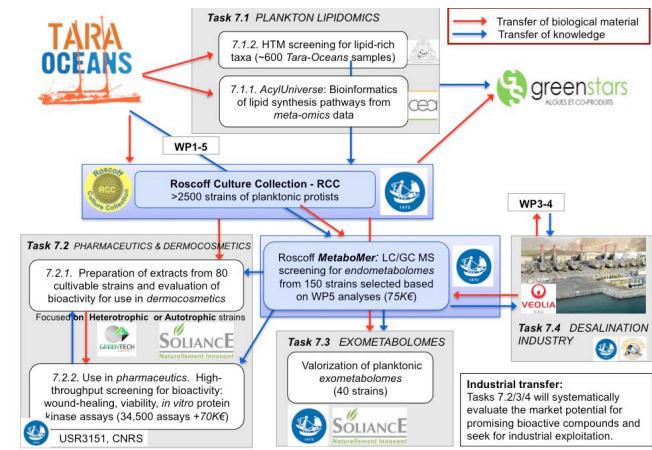


Figure 3: Stratégie et partenariat public/privé autour du WP7 d'OCEANOMICS. Notons le rôle central des deux plateformes de culture et de criblage métabolomique de la Station Biologique de Roscoff

Partenariat :

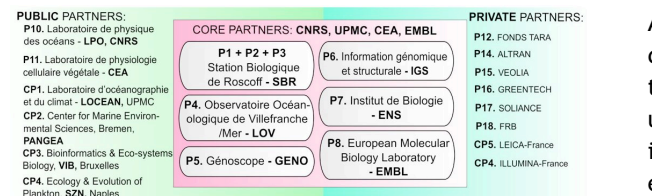


Figure 4: Le consortium public/privé OCEANOMICS.

A travers les coordinations du projet *OCEANOMICS* et du *ProWG* ('Protist Working Group' du 'Consortium for the Barcoding of Life'), l'équipe *EPEP* sera connectée à un solide réseau de collaborations nationales et internationales à la fois dans les secteurs académiques et privés. Dans *OCEANOMICS*, nos partenaires principaux seront : l'EMBL- Heidelberg (Karsenti, Bork, Pepperkok), le Génoscope (Wincker), l'ENS-Paris (Bowler), plusieurs équipes du CNRS à Marseille, Villefranche/Mer, Banyuls, Brest, Paris, PANGEA-Bremen (Pesant), le VIB-Bruxelles (Raes), la SZN-Naples (Iudicone), l'ICM-Barcelona (Acinas), ainsi que les partenaires privés listés en Fig.4. Par ailleurs, le réseau d'experts en protistologie que nous avons créé au sein du *ProWG* contient plus de 25 membres réputés internationalement pour leur connaissance approfondie d'une ou plusieurs lignées d'eucaryotes. Ceci apportera une puissance d'interprétation significative aux données organismiques générées dans le projet d'équipe.

A la Station Biologique de Roscoff, le projet *OCEANOMICS* a une forte horizontalité et valeur structurante, réunissant des équipes des UMR 7144 et 7139, ainsi que de l'USR 3151 et de la FR2424.