

TARA
OCEANS

Présentation des programmes scientifiques



Résumé

Il n'y a aujourd'hui aucune équivoque : le réchauffement de la planète se produit à une vitesse 100 fois supérieure à ce que les études géologiques avaient supposé. La majeure partie (>50%) de la production primaire de biomasse globale se produit dans la couche océanique superficielle de moins de 200 m (la zone photique) et cela détermine également la plupart des cycles planétaires des éléments qui interviennent dans la régulation du climat. On pense que les acteurs essentiels de ces processus sont les protistes planctoniques, qui produisent de l'oxygène et recyclent le dioxyde de carbone. Cependant, les protistes sont incorporés dans un réseau d'organismes allant des virus aux larves de poisson, et les chaînes alimentaires dynamiques complexes que forment ces organismes restent en grande partie inconnues.

TARA OCEANS analysera les écosystèmes du plancton en relation avec les conditions physico-chimiques de tous les océans du monde, en évaluant leur adaptation et leur réaction face à un système planétaire en évolution rapide. Des projets de grande ampleur en génomique et métagénomique associés à de nouvelles méthodes d'imagerie à haute résolution et haut débit permettront des études quantitatives des écosystèmes planctoniques et l'identification de la composition du plancton au sein de ceux-ci. Des analyses par bioinformatique intégrative des données physico-chimiques, climatiques, d'imagerie, et de génomes, obtenues au cours de l'expédition, serviront à évaluer la biodiversité et l'activité du plancton dans les divers écosystèmes océaniques échantillonnés. L'ensemble des données générées par le projet sera destiné à former une base de données bio-océanographique multidimensionnelle en accès libre, qui permettra de créer des modèles prédictifs de l'évolution spatio-temporelle des écosystèmes du plancton.

Les résultats de ce projet auront des conséquences exceptionnelles pour notre compréhension de l'évolution de la vie, des cycles biogéochimiques globaux et de l'évolution spatio-temporelle du climat de la planète.



Coordination du Consortium scientifique



Steering Committee

Francesca Benzoni, Milan-Bicocca, IT
Chris Bowler, ENS/CNRS, FR
Philippe Clais, TARA, FR
Colomban De Vargas, CNRS, FR
Eloise Fontaine, TARA, FR
Gaby Gorsky, CNRS, FR
Steffi Kandels-Lewis, EMBL, DE
Michael Pitiot, TARA, FR
Christian Sardet, CNRS, FR
Romain Troublé, TARA, FR
Didier Velayoudon, BNP Paribas, FR
Jean Weissenbach, Genoscope, FR

Directeurs du projet

Eric Karsenti, EMBL, DE
Etienne Bourgois, TARA, FR

Coordinateurs scientifiques

Francesca Benzoni, Milan-Bicocca, IT
Paul Bertone, EBI, UK
Jeroen Raes, EMBL, DE
Chris Bowler, ENS/CNRS, FR
Colomban De Vargas, CNRS, FR
Mick Follows, MIT, USA
Silvia Gonzalez-Acinas, ICM, ES
Gaby Gorsky, CNRS, FR
Pascale Joannot, MNHN, FR
Steffi Kandels-Lewis, EMBL, DE
Maria Krestyaninova, EBI, UK
Nadine LeBris, IFREMER, FR
Emmanuel Reynaud, UCD, IRL
Matt Sullivan, Arizona, USA
Patrick Wincker, Genoscope, FR
Olivier Jaillon, Genoscope, FR
Maria-Grazia Mazzocchi, SZN, IT
Erica Goetze, Hawaii University, USA
Gilles Reverdin, UPMC, FR

Récifs coralliens
Stockage de données
Bioinformatique
Omics
Biodiversité des protistes
Modélisation
Prokaryotes
Océanographie opérationnelle
Archivage/Autorisations
Logistique/ Scientifique
Management base de données
Sources hydrothermales profondes
Imagerie/Cytométrie
Virus
Séquençage
Génomie
Zooplancton
Zooplancton Génomie
Physique-Chimie

Autres coordinateurs

Philippe Clais, TARA, FR
Eloise Fontaine, TARA, FR
Michael Pitiot, TARA, FR
Romain Troublé, TARA, FR
Christian Sardet, CNRS, FR
Myriam Thomas, TARA, FR
Rachel Moreau, TARA, FR

Sécurité
Communication
Projets médiatiques
Tara operations
Plateforme Multimédias
Evènements
Autorisations & environnement

Consortium scientifique : Instituts & laboratoires participants

Plancton

CNRS / ENS, Paris, France
NOC, Southampton, UK –
CNRS / UPMC, Paris, Roscoff, Banyuls, Villefranche-sur-Mer, France
Stazione Zoologica, Naples, Italy
J. Craig Venter Institute, San Diego, USA
Marine Biology Laboratory, Woods Hole, USA
Massachusetts Institute of Technology, Boston,
USA - University of Washington, Seattle, USA
University of California, Santa Cruz, USA
Flinders University, Adelaïde, Australia
JAMSTEC, Kanagawa, Japan
ICM, Spain.

Coraux

CNRS / UPMC, Paris, Villefranche-sur-Mer, France
Centre Scientifique de Monaco
University of Milan Bicocca, Italy
MNHN, Paris France
James Cook University, Townsville, Australia
Museum of Tropical Queensland, Townsville, Australia
CORDIO East Africa, Mombasa, Kenya
University of Warwick, Coventry, UK
Nova Southeastern University, Florida, USA.

Océanographie interdisciplinaire et infrastructure d'échantillonnage

Tara Expeditions, Paris, France
CNRS / UPMC, Villefranche-sur-Mer, France
Stazione Zoologica, Naples, Italy
NOC, Southampton, UK
University of Maine, Orono, USA
ACRI-ST, Sofia-Antipolis, France
LEGOS/CNRS, Toulouse, France
GIP Mercator Océan/CNRS, Ramonville St Agne, France
METEO France, Toulouse, France
Satlantic Inc., Halifax, Canada
Hydroptic Ltd., Lisle en Dodon, France
LOCEAN / UPMC, Jussieu, Paris, France.

Collaborations interdisciplinaires spécifiques

CNRS/UPMC, Paris, France
IFREMER, Brest, France
University of Hawaii, USA
Marine Biology Laboratory, Woods Hole, USA.

Infrastructures d'imagerie des organismes et de cytométrie

EMBL, Heidelberg, Germany

CNRS / UPMC, Villefranche-sur-Mer, Roscoff, France

University of Washington, Seattle, USA

School of Biology and Environmental Science, UCD, Dublin, Ireland

Monterey Bay Aquarium Research Institute, USA.

Infrastructures de séquençage et de bioinformatique

Genoscope, Evry, France

EMBL, Heidelberg, Germany

EBI, Cambridge, UK - Stazione Zoologica, Naples, Italy

IOBIS, Cmarz / Census of Marine Life, Washington, USA.

Scientifiques & Instituts Associés au programme Tara Oceans

Angelico Maria Manuel

M'Hamed Idrissi

Omar Ettahiri

Silvia Gonzales-Acinas

Mohamed Néjib Daly Yahia

Marina Montresor

Dr Aldo Drago

Prof. Dr Marasovic,

Dr. Evangelos Papathanassiou

Pr. Emin Ozsoy

Prof. Mohamed Said

Dr George Zodiatis

INRB/IPIMAR

INRH Tanger

INRH-Casablanca

Instituto de Ciencias del Mar ICM

Faculté des Sciences de Bizerte

Stazione Zoologica Anton Dohrn

IOI - Malta Operational Centre

Ivona Institute of Oceanography and Fisheries

Hellenic Centre for Marine Research

Orta Dogu Teknik Universitesi

National Institute of Oceanography and Fisheries

Oceanography Centre

Portugal

Morocco

Morocco

Spain

Tunisia

Italy

Malta

Croatia

Greece

Turkia

Egypt

Cyprus

I. Systèmes planctoniques

I.1. Protistes des océans, Symbiose et ADN extracellulaire

Contact: Colombar de Vargas, Station Biologique, CNRS / UPMC, Roscoff, France.

L'équipe de Roscoff se consacrera aux protistes - des microorganismes unicellulaires possédant un noyau (eucaryotes). Nous avons tous entendu parler des virus, des bactéries, des plantes, ou des animaux, mais la plupart d'entre nous ignorent encore les protistes, qui constituent un cinquième compartiment de la vie sur terre et sont présents dans tous les océans. Les protistes marins sont apparus il y a plus d'un milliard d'années. Ils ont depuis évolué en formant une diversité inimaginable d'organismes dont les structures complexes, les génomes, et les métabolismes contribuent de façon notable aux ressources énergétiques et biogéochimiques de notre planète.

Parmi les organismes planctoniques, les protistes de type plante sont particulièrement importants dans la mesure où ils produisent des quantités massives d'oxygène. Ils absorbent également le CO₂, en créant ainsi des flux de carbone depuis l'atmosphère jusqu'aux profondeurs et sédiments océaniques. Malgré leur rôle essentiel dans l'écologie et le climat de la planète, nous connaissons probablement moins de 1% des espèces de protistes existants. Notre projet **POSEIDON – PrOtiStan EcologIcal bioDiversity in Tara-OceaNs**, financé par l'ANR, propose de nouvelles approches technologiques et méthodologiques pour explorer la diversité génétique et morphologique des protistes des océans. En ayant recours à un séquençage massif des marqueurs d'ADN, nous caractériserons les groupes les plus importants de protistes des océans, et nous analyserons leur morphologie et leur fonction dans les écosystèmes marins. Pour la première fois, nous explorerons les protistes de toutes tailles (de 1 à 5000 microns) et leur biodiversité. Cela permettra de comprendre les relations écologiques, et en particulier les symbioses, entre les protistes de différentes tailles.

Nous coordonnerons également les recherches sur la biodiversité planctonique. Nous avons établi d'étroites collaborations avec le GENOSCOPE pour le séquençage et la bioinformatique, avec l'équipe d'imagerie du LEBM d'Heidelberg pour la microscopie à haut débit, avec l'Université polytechnique des Marches d'Ancône pour l'exploration de l'ADN extracellulaire. Nous coordonnerons les recherches menées par un réseau d'experts internationaux (le groupement « protiste » de Tara-Oceans) afin d'analyser et d'interpréter les données produites au cours de l'expédition.

Quatre types de données expérimentales seront obtenues à partir du même échantillon d'eau : *génétiques* (séquences d'ADN), *morphologiques* (microscopie optique et électronique), *d'archives* (ADN, ARN, et échantillons cellulaires), et *contextuelles* (paramètres écologiques). Les marqueurs de biodiversité nucléaires, mitochondriaux, et chloroplastiques seront massivement séquencés à l'aide de la technologie 454-DNA en collaboration avec le GENOSCOPE (France) et le Groupement pour l'initiative Barcoding of Life (Canada). Les structures cellulaires et les morphologies seront analysées par des protocoles de microscopie en fluorescence, optique, et électronique, ainsi que par la cytométrie en flux.

I.2. Une mesure "génétique" de la biodiversité

Contact: Olivier Jaillon, GENOSCOPE, CEA, Evry, France

Le GENOSCOPE – le Centre National de Séquençage d'ADN français – participe à l'inventaire des microorganismes marins en utilisant deux approches génétiques complémentaires :

- *Une mesure de la diversité des espèces:* Nous séquencerons massivement les génomes des microorganismes prélevés à trois profondeurs océaniques différentes (zones de couches superficielles, de maximum profond de chlorophylle (DCM), et aphotique). Les espèces seront recueillies sur des filtres et réparties en fonction de leur volume en utilisant différentes tailles de pores.

- *Une mesure de la diversité des gènes.* En parallèle avec la première approche, nous procéderons à des extractions et au séquençage des copies (ARN) de gènes exprimés dans les microorganismes présents dans les échantillons. Cette méthode se traduira par une meilleure connaissance de la partie "active" des microorganismes de même que par une connaissance de l'ensemble des gènes utilisés par les microorganismes pour s'adapter à leur environnement.

Parmi les divers microorganismes collectés au cours de l'expédition Tara Oceans, le GENOSCOPE a choisi d'étudier une catégorie spécifique de plancton marin - les protistes – ainsi qu'un groupe de virus géants – les « girus » (Mimivirus) – qui ont été découverts récemment. Les protistes eucaryotes unicellulaires représentent une ressource qui est encore peu connue et inexploitée et pourrait être extrêmement utile dans le cadre d'applications industrielles. La découverte de nouveaux biocatalyseurs pourrait déboucher sur des méthodes nouvelles de transformation chimique moins polluantes pour l'environnement que les procédés de chimie synthétique utilisés aujourd'hui.

I.3. GENEXO: pertinence quantitative, sources et empreinte génétique de l'ADN extracellulaire dans les océans du monde (*Quantitative relevance, sources and GENetic imprint of EXtracellular DNA in the world's Oceans*)

Contact: Antonio Dell'Anno et Cinzia Corinaldesi,
Université Polytechnique des Marches, Ancona, Italie.

L'ADN extracellulaire (c'est-à-dire, l'ADN non associé à la biomasse ou à des particules virales) est une composante universelle du réservoir de matière organique dans les océans de la planète. L'ADN extracellulaire joue un rôle crucial dans les processus biogéochimiques et trophodynamiques et est potentiellement impliqué dans les processus de recombinaison par transfert horizontal de gènes. En même temps, l'information génétique contenue dans le réservoir d'ADN extracellulaire, qui intègre des sources et des processus biologiques, représente le « bruit de fond » de la biodiversité et la dynamique des chaînes alimentaires pélagiques.

Malgré le progrès des connaissances sur la dynamique du réservoir d'ADN extracellulaire dans les environnements marins, de nombreuses questions subsistent. Quelle est la valeur quantitative, l'origine et le poids écologique de l'ADN extracellulaire dans les écosystèmes marins pélagiques sur de grandes échelles spatiales et dans différents milieux écologiques ? Les concentrations d'ADN extracellulaire changent-elles en fonction des gradients océaniques de latitude et de longitude ? Quels sont les principaux facteurs écologiques qui influencent la concentration et la distribution d'ADN extracellulaire sur une

échelle globale ? Quelles sont les sources biologiques essentielles des réservoirs d'ADN extracellulaire ? L'empreinte génétique de l'ADN extracellulaire est-elle couplée à la biodiversité et à la structure communautaire des chaînes alimentaires pélagiques ? Pour aborder ces questions fondamentales, des opérations d'échantillonnage de grande ampleur et des collaborations scientifiques collectives sont nécessaires. L'expédition Tara-Oceans offre une occasion unique d'étudier la valeur quantitative, les principales sources et l'empreinte génétique du réservoir d'ADN extracellulaire dans les océans du monde.

Par des approches chimiques, biochimiques et de biologie moléculaire, nous analyserons le réservoir d'ADN extracellulaire. Cela devrait améliorer la compréhension du fonctionnement et de la biodiversité des écosystèmes marins et du rôle des facteurs naturels et/ou anthropogéniques. Ces recherches seront menées par le Département des Sciences marines, Université polytechnique des Marches, Ancône.

I.4. TANIT - Fonctionnement et diversité des procaryotes (TARA Oceans Prokaryotic Functioning and Diversity)

Contact: Silvia Gonzalez-Acinas, Barcelone, Espagne.

TARA-Oceans est un projet de navigation et de collecte d'échantillons dans les océans du monde entier qui réunit une équipe internationale de scientifiques pour **explorer la vie des océans et sa sensibilité au changement climatique**.

TANIT (TARA Oceans Prokaryotic Functioning and Diversity) représente un groupement de scientifiques au sein de TARA-Océans qui étudieront le fonctionnement écologique et la biodiversité des bactéries dans les océans. TANIT mènera une étude d'ampleur mondiale sur 3 années de la biogéographie bactérienne des échantillons des couches superficielles et de maximum profond de chlorophylle (DCM). Les assemblages bactériens seront mis en corrélation avec des données environnementales physico-chimiques, et la relation avec d'autres fractions du plancton marin comme les larves de poisson, le zooplancton, les algues et les virus sera explorée.

TANIT est motivé par les changements climatiques très rapides et l'augmentation des températures et de l'acidification des océans, qui peuvent affecter l'état de santé des grands écosystèmes océaniques. Les bactéries constituent une composante précieuse des réseaux alimentaires des océans; elles sont responsables de 30% de la production primaire de biomasse et de 95% de la respiration de l'océan en atteignant 10^{29} cellules dans l'océan global. La biodiversité et le fonctionnement écologique des bactéries sont encore mal connus, mais ces connaissances sont essentielles pour comprendre les flux et déplacements du carbone dans les profils des communautés bactériennes marines en réponse à des changements environnementaux. Une étude quantitative et qualitative globale de la vie des procaryotes sera effectuée par génomique et transcriptomique à haut débit et par d'autres méthodes d'écologie moléculaire pour servir de base à des études futures et pour apporter des données à des modèles dynamiques de réactions d'écosystème face au changement climatique.

Le laboratoire participant au groupement TANIT réunit 15 groupes de scientifiques multidisciplinaires venant d'Europe (France, Allemagne, Pays-Bas, Italie et Espagne) et des Etats-Unis (MIT, UC) spécialisés en océanographie, écologie microbienne, microbiologie environnementale, génomique et bioinformatique, offrant une occasion unique de mieux comprendre l'état actuel de la « vie » bactérienne des océans.

TANIT ouvrira la voie à l'exploration des génomes bactériens des océans du monde et élaborera des méthodes innovantes permettant de produire un inventaire complet et cohérent de la diversité génétique et fonctionnelle de cette composante importante des réseaux alimentaires océaniques. De nouvelles espèces de procaryotes seront découvertes et la biogéographie des espèces bactériennes sera pour la première fois explorée de façon exhaustive dans un contexte océanographique global. TANIT contribuera à suivre l'évolution quantitative des écosystèmes planctoniques et appuiera les futures décisions de conservation sur des connaissances scientifiques solides.

I.5. Génomique fonctionnelle des diatomées

Coordinateur : Chris Bowler, CNRS/Ecole Normale Supérieure, Paris, France

Les diatomées sont l'un des constituants les plus importants du phytoplancton marin et sont les principaux acteurs de la pompe biologique à carbone (séquestration du CO₂ de l'atmosphère jusqu'aux profondeurs océaniques). Au cours de l'expédition Tara Oceans, le cytomètre SeaFlow surveillera en continu les concentrations de diatomées dans les eaux de surface. De plus, des échantillons d'eau seront prélevés, enrichis en diatomées, à la fois des eaux de surface et de la zone de maximum profond de chlorophylle (DCM). Nous les utiliserons pour des observations au microscope, aussi bien à bord avec des échantillons vivants, qu'à terre avec des échantillons fixés, afin de caractériser les populations de diatomées au niveau des espèces.

Afin de faciliter l'identification des espèces, nous utiliserons le silane-FITC colorant fluorescent, qui marque de manière spécifique les parois cellulaires silicifiées des diatomées. Les cellules des échantillons d'eau seront recueillies sur des filtres et l'ADN et l'ARN seront extraits. L'ADN et l'ARNr seront séquencés pour quantifier l'abondance des espèces au niveau moléculaire, et l'ARNm sera séquencé pour révéler les profils d'expression génétique dans les différents contextes océaniques.

Les principaux résultats attendus sont une évaluation globale des communautés de diatomées et des profils d'expression génétique des diatomées dans un éventail de contextes océaniques différents. Les résultats serviront de référence pour comprendre comment les diatomées seront affectées par des phénomènes induits par le changement climatique dans le futur.

Les laboratoires participants sont l'ENS de Paris, la Stazione Zoologica de Naples, l'University of Washington Seattle, le LEBM à Heidelberg, le Génoscope d'Evry, l'IEB de Cambridge, et la Station Biologique de Roscoff.

I.6. Biogéographie des diversités virales et des métabolismes

Coordinateur : Matt Sullivan, Université d'Arizona, Phoenix, USA

Les microbes commandent les moteurs biogéochimiques qui dirigent la planète et nous avons récemment appris qu'au moins pour les cyanobactéries, leurs virus interagissent au niveau du métabolisme central, la photosynthèse, et de manière générale : 60% de la machinerie centrale de photosynthèse microbienne dans les eaux océaniques de surface est viral. Cependant, notre compréhension des types de virus qui se trouvent dans leur milieu naturel, et de leur fort impact probable sur la modulation de la biogéochimie dans les océans de la planète est faible.

Le but du projet OViD (Ocean Virus Diversity) est de cartographier la biogéographie des diversités virales et des métabolismes tout au long de l'expédition Tara Oceans. Notre laboratoire s'attaquera tout d'abord à l'un des plus abondants groupes de virus bactériens à ADN double brin observés dans les océans, les virus de type T4.

Deux autres laboratoires des virus participant au projet compléteront ces travaux : le laboratoire de Markus Weinbauer (Observatoire de Villefranche sur Mer) étudiera la diversité moléculaire des virus à ADN double brin par une technique d'empreinte, alors que le laboratoire de Mya Breitbart (University of South Florida) se penchera sur la diversité virale de l'ADNss et de l'ARN. Nous utiliserons ces ensembles de données, avec les abondantes données biotiques (mesures virales de base + mesures d'autre classe d'organisme) et abiotiques (chimie et physique), pour sélectionner un sous-ensemble des 375 sites d'échantillonnage pour le séquençage métagénomique viral. Mya Breitbart et moi-même avons été récemment financés pour améliorer la méta(génomique) virale par la USA National Science Foundation au titre du Projet PHANTOME: Phage Annotation Tools and Methods (outils et méthodes d'annotation des phages).

Le but du travail métagénomique est d'examiner la diversité de toute la communauté virale, ainsi que de faire progresser notre compréhension de la capacité métabolique et de l'évolution de l'ensemble de la communauté virale. De plus, nous sommes prêts à examiner le signal viral dans les ensembles de données métagénomiques et métatranscriptomiques microbiennes de Tara Oceans sous la direction de chercheurs partenaires. Le groupe de Hiroyuki Ogata (Université de Marseille) examinera les virus géants (« Girus ») et a coordonné l'échantillonnage et les analyses avec le projet TANIT (le groupe des procaryotes), ces grands virus étant collectés avec la fraction "procaryote".

I.7. a chasse aux “Giruses” dans les océans

Coordinateur :Hiroyuki Ogata, Nigel Grimsley, Université de la Méditerranée, Marseille, France

Les virus géants (qu'on appelle « Girus ») sont de grands virus à ADN double brin. Les girus infectent une grande variété d'eucaryotes, notamment les poissons, les crevettes de même qu'un plancton photosynthétique important au niveau climatique, et sont ainsi considérés comme affectant la chaîne alimentaire dans toutes les mers du monde. Aujourd'hui, le plus grand virus connu est le Mimivirus qui infecte l'amibe, avec son génome de 1,2 méga-paires de bases et sa taille de 0,7 microns.

Les génomes des girus sont censés être une importante source de nouveaux gènes servant à développer de nouveaux outils génétiques, par exemple, en médecine. Pour découvrir de nouveaux girus, pour évaluer leur diversité génétique et pour comprendre leurs rôles écologique et évolutif, nous collecterons des organismes et des échantillons d'eau contenant des girus dans des stations visitées par la goélette Tara.

La chasse aux girus nécessite leur isolement en laboratoire. A cette fin, nous cultiverons un certain nombre de protistes précédemment non testés ("eucaryotes unicellulaires") dans des cultures en laboratoire dans nos laboratoires en tant qu'hôtes pour permettre la découverte de nouveaux girus. Le GENOSCOPE déchiffrera l'information génétique de ces virus par des techniques de séquençage à haut débit.

Le premier inventaire global des girus marins fournira une base essentielle pour évaluer l'impact futur des changements climatiques sur les communautés microbiennes marines girus-cellule hôte. En tant que « chasseurs de girus », nous espérons rencontrer au cours de notre expédition des géants du monde viral qui battront tous les records.

Les laboratoires participants sont l'Institut de Microbiologie de la Méditerranée (Marseille), l'Observatoire Océanologique (Banyuls), la Station Biologique (Roscoff), le GENOSCOPE (Evry), et l'Institut de Ciències del Mar (Barcelone).

I.8. Imagerie de biologie marine

Coordinateur :Dr Emmanuel G. Reynaud, University College Dublin, Irlande

Plateforme d'imagerie de biologie marine (TAOMI) de Tara Oceans

Le but de la plateforme est de permettre à chacun des membres d'équipe et laboratoires participant à Tara- Oceans d'examiner par imagerie son espèce particulière de plancton, de corail, ou d'algue à bord au cours de collectes pour des observations sur le vivant. Les échantillons seront également observés de façon plus fouillée à terre. La plateforme d'imagerie compacte embarquée combine des instruments nouveaux (notamment des prototypes), ainsi que du matériel de microscopie moderne et des instruments d'imagerie sous-marine. La plateforme à terre s'appuie sur un réseau de laboratoires situés à Heidelberg, Villefranche, Roscoff, Dublin. La plateforme TAOMI permettra l'analyse à haut débit du plancton, la microscopie confocale ainsi que la micro-tomographie aux rayons X. Ces équipements seront à la libre disposition de tous les membres du réseau Tara-Oceans.

Analyse d'imagerie à haut débit Poseidon (PHITIA)

Ce programme développé en parallèle avec Tara-Oceans fait partie du projet ANR POSEIDON. Afin de comprendre la complexité de la communauté du plancton, il est essentiel d'identifier et de quantifier tous les organismes présents dans la colonne d'eau.

Chaque échantillon prélevé et fixé à bord de Tara pendant la croisière servira à identifier et à quantifier les différentes espèces qu'il contient. Cela nécessite la création d'une plateforme d'imagerie à haut débit exceptionnelle qui permet l'imagerie de divers organismes ayant des tailles, formes, propriétés optiques et constituants minéraux différents (squelette de silice, squelette de carbonate de calcium...). En outre, il sera nécessaire de développer des logiciels et des applications d'analyse d'image spécifiques pour permettre l'accès et l'analyse via une interface web pour les chercheurs qui le demandent. Toutes les images seront stockées dans les Bio-Banques de Tara-Oceans.

L'expédition Tara Oceans est une chance unique de tester de façon approfondie les nouveaux équipements et prototypes et d'adapter également les microscopes « terrestres » à des conditions embarquées. Nous continuerons de développer les équipements à bord ainsi que d'introduire et d'élaborer de nouvelles technologies.

“Une image vaut un millier de mots”

La plateforme TAOMI comprend des aquariums et un studio de macrophotographie et de vidéo HD de même que le meilleur équipement de microscopie et d'imagerie sous-marine. Nous obtiendrons certainement des images étonnantes d'organismes marins qui pourront être utilisées de façon appropriée dans le domaine de l'éducation et de la communication. Nous veillerons à ce que les images prises par les laboratoires participants soient bien diffusées.

I.9. Océanographie fonctionnelle

Coordinateur : Gabriel Gorsky, LOV, CNRS / UPMC, Villefranche sur Mer, France.

Plusieurs projets seront menés par les membres du LOV (Laboratoire d'Océanographie de Villefranche) et un réseau de laboratoires partenaires.

Détermination rapide de la composition faunistique du zooplancton

- Nous entreprendrons une étude comparative de la composition faunistique du zooplancton dans les différents systèmes océaniques échantillonnés au cours de l'expédition.
- Nous estimerons les cycles du carbone des différents écosystèmes.
- Nous mettrons en place une banque d'images numériques du zooplancton suivant les différentes régions océaniques.
- Nous établirons une distribution à l'échelle mondiale des pigments photosynthétiques dans les eaux superficielles (300 m) par des méthodes HPLC.

L'analyse des échantillons de plancton sera effectuée à l'aide du ZooScan. Il s'agit d'un système intégré construit à Villefranche/mer pour l'acquisition et le traitement d'images numériques à partir d'échantillons conservés. Les échantillons liquides seront numérisés et traités pour détecter, quantifier, mesurer, et identifier les organismes planctoniques. Le Zooscan fournit également des estimations de leur taille et de leur masse.



Figure 1: Gauche : récupération d'échantillon à partir du ZooScan après la numérisation, droite : image au ZooScan de zooplancton méditerranéen.

Distribution verticale du zooplancton et de matière particulaire en relation avec les conditions hydroclimatiques. Estimation de l'export vertical de carbone.

Nous estimerons l'export de carbone à partir du premier kilomètre sur la route de Tara Oceans au moyen du Underwater Vision Profiler (UVP). Les images et les données seront traitées à terre. Les laboratoires participants sont le LOV, France, la Stazione Zoologica à Naples, Italie, l'IMS METU en Turquie, et le MCM, Le Cap, Afrique du Sud.

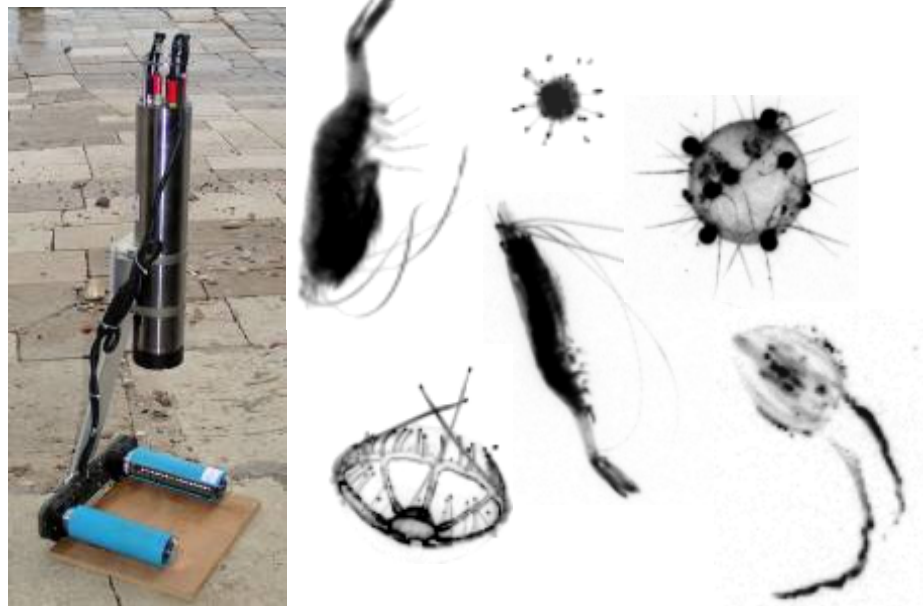


Figure 2. La version de l'UVP isolé. La plage de fonctionnement de l'UVP est comprise entre 0 et 3000 mètres et le volume de chaque image acquise à la fréquence de 5 im/s est de 1,2 litres. L'abondance et la taille du zooplancton sont triées *in situ* et visualisées à bord.

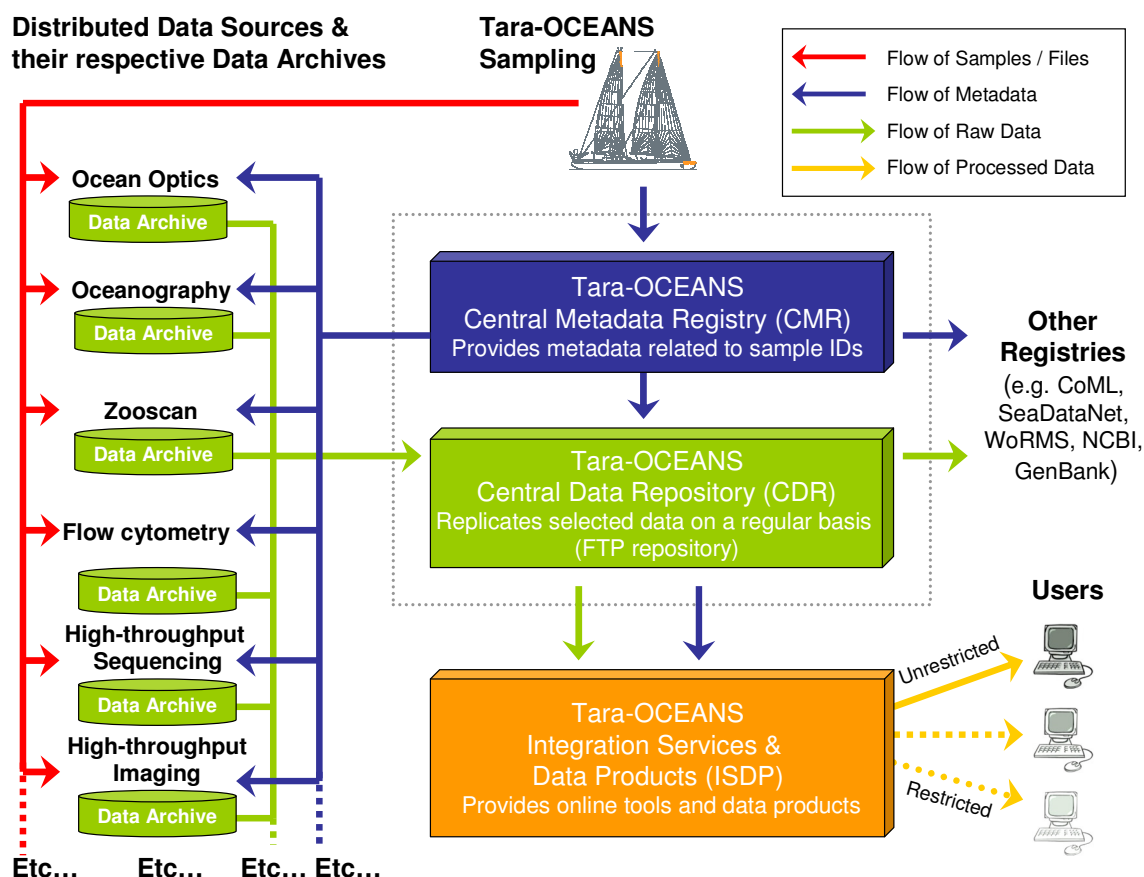
I.10. Une Biobanque intégrée

Coordinateur : Maria Kreстьяnina, IEB, Royaume-Uni, Stephane Pesant, PANGAEA®, Germany, Jeroen Raes, EMBL, Allemagne

L'intégration de cette masse d'informations allant de données océanographiques et satellite à des images et des séquences est un véritable défi. Il est nécessaire de mettre au point un outil qui permette d'établir des corrélations entre ces divers ensembles de données.

Généralement, les océanographes stockent leurs résultats environnementaux dans des « bases de données » spécifiques et leurs données d'imagerie sur le plancton dans d'autres référentiels. De nouvelles initiatives tendent à réunir tout cela, mais les travaux ne sont pas encore parfaitement coordonnés. Les données des génomes des organismes marins sont également stockées dans d'autres endroits et l'intégration de toutes ces informations, si essentielle pour la compréhension des écosystèmes marins, est encore largement insuffisante.

TARA OCEANS va élaborer un nouveau système de traitement et de stockage de données afin de coordonner toutes les données acquises de la manière décrite dans les sections précédentes. Le but est de mettre au point un outil permettant d'extraire des corrélations fonctionnelles entre les gènes, la diversité des organismes présents dans une région donnée et l'environnement physique. Cela apportera également des informations que les modélisateurs travaillant sur la dynamique des écosystèmes océaniques seront en mesure d'utiliser pour prévoir la manière dont la vie des océans réagira face à des changements climatiques rapides. Ces travaux seront effectués au LEBM-Heidelberg et à l'IEB, en collaboration avec le PANGAEA de Brême.



Organisation des flux de données. Les nombreux échantillons et enregistrements électroniques qui seront recueillis à bord de Tara seront régulièrement distribués (*flèches rouges*) aux collaborateurs scientifiques à terre

qui les analyseront de manière plus approfondie, et archiveront les données sur place ou dans un centre de données de leur choix. Des métadonnées sur *qui* a mesuré *quoi*, *où*, *quand* et *comment* seront enregistrées à bord de Tara et archivées dans les archives centrales de métadonnées de Tara-OCEANS « Central Metadata Registry (CMR) » installées au LEBM. Ces métadonnées sont associées aux échantillons et aux enregistrements par un système code barres. Le CMR est par conséquent crucial pour suivre la trace de tous les échantillons et s'assurer que les collaborateurs scientifiques reçoivent (*flèches bleues*) des métadonnées complètes et à jour pour tous les échantillons et enregistrements qu'ils analysent. Le CMR joue également un rôle clé dans l'assemblage ultérieur des données générées par tous les collaborateurs scientifiques et la dissémination des données et métadonnées à d'autres registres consacrés aux activités d'échantillonnage (SeaDataNet), à la biodiversité (CoML), la taxonomie (WoRMS, ITIS et NCBI) et au séquençage (EBI et GenBank). La qualité des données brutes est vérifiée par les collaborateurs scientifiques avant qu'elles ne soient reproduites (*flèches vertes*) dans les archives centrales de données de Tara-OCEANS « Central Data Repository (CDR) », servant de sauvegarde, de point de partage et de source de données pour le développement de « Tara-OCEANS Integration Services & Data Products (ISDP) » par des fournisseurs de services spécialisés (comme l'IEB et PANGAEA®) et les communautés d'experts (comme les bioinformaticiens, les modélisateurs des écosystèmes et les taxonomistes). L'ISDP inclura des outils en ligne (comme des portails et entrepôts) qui permettent aux utilisateurs d'accéder aux données (*flèches jaunes*) et de générer des produits (y compris certains niveaux de méta-analyse) susceptibles d'être utilisés par les communautés océanographiques et de biologistes moléculaires et, le plus important, pour leur intégration.

II. TARA OCEANS - CORAUX

II.1. Composition et diversité de la communauté bactérienne

Coordinateur: Dr Christine Ferrier-Pagès et Dr Didier Zoccola, Centre Scientifique de Monaco.

Mots clés: Bactéries, biodiversité, associations corail-bactérie, maladies coralliennes

Depuis le siècle dernier, les récifs coralliens connaissent un déclin rapide. Les activités humaines de même que le changement climatique associé aux oscillations extrêmes d'El-Nino, sont considérés comme certaines des principales causes de l'apparition de nouvelles maladies dans les récifs. L'ampleur de ces perturbations peut être considérable dans certaines régions, en constituant un problème écologique majeur. L'augmentation de la température des eaux de mer favorise le développement des agents pathogènes, et réduit la résistance des hôtes. Les procaryotes (virus, bactéries) sont parmi les organismes les plus diversifiés du monde et beaucoup d'entre eux vivent en association étroite avec les animaux ou les plantes. Dans les coraux, les procaryotes se trouvent dans la couche de mucus, dans le tissu de même que dans le squelette, mais les associations corail-bactérie sont encore largement mal connues. La diversité bactérienne des coraux est liée à la santé de ceux-ci. Cependant, peu d'études ont été jusqu'à présent effectuées pour comprendre la composition et le fonctionnement des populations bactériennes dans les coraux sains, et encore moins dans les coraux stressés. L'objectif du projet est de comparer la diversité bactérienne associée à trois espèces de corail de différents récifs dans tout l'océan Indo-Pacifique. Cette comparaison nous aidera à dégager les espèces bactériennes étroitement associées à chaque espèce de corail indépendamment de leur emplacement, semblant indiquer une réelle symbiose. Les interactions symbiotiques seront étudiées par la caractérisation de l'ADN des bactéries associées aux coraux en utilisant à la fois l'électrophorèse classique DGGE et le séquençage de bandes distinctes ou le pyroséquençage. A cet effet, des échantillons d'eau de mer et de corail seront prélevés dans les récifs étudiés, sur plusieurs colonies et sites. Les résultats attendus devraient permettre de mieux comprendre les espèces de récifs coralliens et leur relation avec les symbiotes et bactéries associées, et d'envisager les applications potentielles pour la gestion de l'environnement et la santé des écosystèmes des récifs coralliens.

II.2. Compréhension et prévision des impacts du changement climatique sur les récifs coralliens : étude initiale des communautés de symbiotes algaux (*Symbiodinium* spp.) dans les coraux constructeurs de récifs de régions récifales peu étudiées et reculées de l'Indo-Pacifique

Coordinateur : Dr Andrew Baker, Université de Miami, Floride, USA

Mots clés: *Symbiodinium*, *zooxanthelles*, *symbiose*, *biodiversité*, *Scleractinia*

L'objectif de ce projet est de caractériser les communautés de symbiotes algaux dans les coraux de régions récifales sous étudiées de l'Indo-Pacifique, et d'utiliser ces informations pour mieux comprendre la biodiversité fonctionnelle des coraux récifaux au niveau global, et leur réaction face au changement climatique. Nous proposons d'associer les communautés de *Symbiodinium* à : (1) des paramètres environnementaux, en particulier, la température et le blanchiment récent sur le site; (2) l'identité de l'hôte corallien (lien avec l'équipe de systématique corallienne); (3) d'autres partenaires microbiens des coraux (lien avec l'équipe des microbes coralliens). Nous utiliserons ces informations pour mieux comprendre si la distribution des symbiotes présumés résister à la chaleur (dans le clade D du *Symbiodinium*) est plus commune dans des régions plus chaudes et des taxons coralliens spécifiques, et s'il existe des impacts sur les communautés microbiennes associées du fait de ces partenariats. Ces recherches nous aideront à élaborer notre compréhension globale de la biodiversité fonctionnelle des coraux récifaux, et à comprendre si et comment le corail peut s'adapter à des environnements chauds en prenant pour hôte des symbiotes algaux résistants à la chaleur. Ces résultats contribueront à aborder une question préoccupante en matière de biologie, d'écologie et de conservation des coraux, à savoir : les coraux récifaux possèdent-ils un mécanisme symbiotique nouveau pour s'adapter aux changements de température ? Peuvent-ils basculer entre des algues physiologiquement et génétiquement distinctes lorsqu'ils sont exposés à différentes conditions thermiques ? Ces informations fourniront des données importantes permettant d'évaluer le mode de réaction des récifs coralliens aux changements climatiques globaux à venir.

II.3. Diversité algale dans les océans Indien et Pacifique

Coordinateur : Dr Line Le Gall Museum National d'Histoire Naturelle (MNHN – UMR 7138), France.

Mots clés: *Algues*, *Rhodophytes*, *Pheophyceae*, *Chlorophytes*, *biodiversité*, *biogéographie*

Notre objectif est d'étudier la diversité des algues vertes, rouges, et brunes, pour déduire les profils et processus des phénomènes de spéciation concernant les macroalgues. Les océans Indien et Pacifique offrent une opportunité unique pour étudier les processus et profils de spéciation dans un environnement marin :

- i) il s'agit d'un "point névralgique" de la biodiversité marine,
- ii) cela représente les côtes continentales et insulaires qui offrent des habitats continus et isolés pour évaluer l'influence de facteurs tels l'isolement de la reproduction et la dispersion sur de longues distances sur la divergence génétique,
- iii) l'histoire géologique tourmentée de ces océans fournit une base chronologique pour déduire la vitesse à laquelle les phénomènes de spéciation se produisent au cours du temps géologique.

Dans ce but, un échantillonnage de grande ampleur sera effectué dans les océans Indien et Pacifique. On procédera à une attribution d'espèce fiable pour chaque échantillon à l'aide d'un code barres d'ADN en plus des observations morphologiques et anatomiques. D'une part, des analyses phylogénétiques seront menées pour déterminer les affinités taxonomiques de chaque espèce caractérisée d'algues vertes, rouges et brunes dans un contexte mondial. D'autre part, des déductions phylogéographiques seront effectuées pour étudier les affinités biogéographiques de la flore des océans Indien et Pacifique. Ces études amélioreront considérablement nos connaissances de la diversité algale et de la biogéographie, et constitueront un point de départ solide pour suivre les changements floristiques influencés par les empreintes de l'homme, notamment le réchauffement global. Les conséquences seront également importantes en matière de conservation et de gestion des ressources naturelles.

II.4. Biodiversité des foraminifères benthiques : profils de latitude et de longitude

Coordinateur : Prof. Daniela Basso University of Milano - Bicocca (UNIMIB), Italie

Mots clés: Foraminifères benthiques, sédiment, biodiversité

Les foraminifères sont les protozoaires marins les plus abondants dans le domaine benthique, épypélagique et mésopélagique supérieur. En raison de la complexité et de la diversité des habitats, notamment dans la zone benthique peu profonde, les foraminifères présentent une forte biodiversité et abondance du fait de leurs différentes nécessités écologiques. Des cycles de vie courts et la possibilité d'une réorganisation génétique par reproduction sexuelle permettent une réaction rapide aux changements environnementaux. Les foraminifères sont ainsi des bio-indicateurs idéaux pour les changements à court et à long terme des environnements marins, d'échelles globales à extrêmement locales. Le principal facteur de régulation de l'abondance et de la diversité est la trophisation: les conditions oligotrophiques et mésotrophiques entraînent des diversités plus élevées, alors que l'eutrophisation aboutit au développement de quelques espèces opportunistes.

Nous étudierons les profils de biodiversité des biocoenoses et thanatocoenoses des foraminifères benthiques présents dans les échantillons de surface de sédiment mou collectés sur tous les sites. Les recherches sur la distribution et la biodiversité des foraminifères benthiques nous permettront d'obtenir des informations utiles sur les principaux facteurs écologiques qui affectent leur composition d'assemblage, tels que l'apport alimentaire, la texture sédimentaire et l'état d'énergie du substrat en fonction des gradients géographiques et de profondeur. De plus, la présence possible d'individus planctoniques et épiphytiques pourra être utilisée respectivement à titre d'indication pour la production d'export et l'association écologique avec d'autres groupes benthiques. Ce projet permettra : 1) d'obtenir des données quantitatives sur les assemblages de foraminifères benthiques d'environnements récifal et péri-récifal, le long de tous les gradients géographiques sélectionnés ; d'utiliser les données de biodiversité des assemblages de foraminifères benthiques comme indications de changements des profils géographiques et/ou environnementaux.

Nous prévoyons d'obtenir des échantillons de sédiment de fond de toutes les stations de l'équipe TARA sélectionnées (1-7).

II.5. Biogéographie et Biodiversité coralliennes : profils latitudinal et longitudinal

Coordinateur : Dr Carden Wallace Museum of tropical Queensland (MTQ)

Mots clés: Scleractinia, Acropora, Isopora, Astreopora, biodiversité, biogéographie

Nous étudierons les profils biogéographiques et de biodiversité de la famille corallienne des Acroporidae, en privilégiant les genres *Acropora*, *Isopora* et *Astreopora*. Nous avons un projet déjà bien engagé, qui utilise les 26 400 enregistrements de spécimens d'*Acropora* et *Isopora*, dans lequel nous analysons un ensemble de configurations liées aux profils latitudinal et longitudinal, par exemple, des changements de distribution en profondeur en fonction de la latitude, gradients nord et sud de l'équateur, répartition longitudinale des espèces. Ce programme engendre une série d'hypothèses sur les origines et les perspectives futures de la distribution corallienne de l'Indo-pacifique, en intégrant les conditions climatiques passées et à venir. Dans ce projet, nous suivons les élargissements d'aires de distribution des espèces au nord et au sud de l'équateur dans l'océan Pacifique. Le programme de recherches de Tara Oceans devrait cadrer avec les recherches des autres membres de l'équipe de biodiversité corallienne, et compléter leur sélection de genres et de familles de coraux.

Notre projet comporte les éléments suivants : 1) Affinités biogéographiques et origines des Acroporidae de l'Indo-Pacifique oriental et occidental ; 2) Génétique des populations des espèces établies et en cours d'établissement (océan Indien occidental); Affinement de l'hypothèse des origines de la biodiversité dans la partie centrale de l'océan Indien, précédemment développée pour l'Indonésie centrale à l'aide du WWAC; Développement d'un modèle analogue pour l'évolution et la biogéographie des Acroporidae, en utilisant les genres *Astreopora* et *Isopora* (en combinant les données de ce projet et les données fossiles) ; Mise en place d'une vision unifiée de la biogéographie à l'échelle mondiale des Acroporidae, en tant que point de départ pour le suivi du changement des frontières entre espèces dans les trois genres nommés; Elaboration d'une hypothèse unifiée sur les origines et les perspectives futures de la distribution corallienne mondiale, s'appuyant sur les Acroporidae, la famille corallienne dominante dans l'Indo-Pacifique et précédemment en Europe et aux Caraïbes. Nous utiliserons les données de recherches sur les fossiles de nos études en paléontologie caribéenne et européenne pour compléter les données biologiques de ces recherches, pour développer l'hypothèse globale de la réaction future des profils de distribution corallienne face au changement climatique de la planète.

II.6. Populations insulaires et fragmentées et phylogéographie des coraux scléactiniaires

Coordinateur : Prof. Michel Pichon¹ et Fabrizio Stefani² Museum of tropical Queensland (MTQ)¹,
Université de Milan-Bicocca²

Mots clés: *Scleractinia*, *Psammocora*, *phylogéographie*, *populations insulaires/fragmentées*

Tara Oceans visitera des sites de récifs coralliens isolés et rarement étudiés dans l'océan Indo-Pacifique. L'échantillonnage effectué dans ces lieux permettra d'obtenir des données de première main sur la phylogéographie et la biogéographie d'espèces coralliennes sélectionnées et géographiquement très répandues. Cela apportera des informations essentielles sur les relations faunales entre les diverses populations de ces espèces, populations parfois très isolées. De récentes études taxonomiques sur les morphoespèces appartenant aux familles coralliennes scléactiniaires des Psammocoridae et Siderastreidae ont fourni de nouvelles données fiables sur les frontières entre des espèces étroitement liées, et ont en même temps profondément modifié notre savoir sur leur distribution et leur biogéographie. Nos connaissances de la distribution détaillée de ces espèces comportent cependant de nombreuses lacunes, et comme c'est souvent le cas pour les espèces à forte distribution géographique, en particulier sur leur variabilité génétique inter-régionale et inter-population. A cet égard, les zones isolées qui seront visitées au cours de l'expédition Tara Oceans, et qui ne sont pas faciles d'accès dans le cadre de projets de recherche normaux, constituent une occasion unique d'étudier la composition morphologique et génétique, et de mieux comprendre les relations entre population de la même espèce ou espèce sœur dans une région particulière et plus ou moins isolée de leur aire de distribution globale. Le projet devrait apporter des résultats sur la phylogénie et la biogéographie des espèces et groupes d'espèces dans les familles des Psammocoridae et Siderastreidae.

II.7. Frontières entre espèces chez les Scleractinia : implications pour la systématique et la biogéographie

Coordinateur : Dr Francesca Benzonì and Dr Fabrizio Stefani Université de Milano - Bicocca (UNIMiB)

Mots clés: *Scleractinia*, *frontières entre espèces*, *systématique intégrée*, *biodiversité*, *biogéographie*

L'étude de la biodiversité des Scleractinia (Cnidaria) habitant les récifs a connu un apport considérable ces dernières décennies grâce à l'échantillonnage de grande ampleur et aux observations sur le terrain. Cependant, d'une part, de nombreux sites reculés attendent toujours d'être explorés, et d'autre part, la taxonomie corallienne et la distribution des espèces restent non étudiés pour la plupart des taxons. Par conséquent, la plupart des espèces coralliennes et leur distribution doivent être confirmées.

En dehors de son importance intrinsèque, le problème des frontières entre espèces dans les coraux scléactiniaires a d'importantes retombées sur plusieurs aspects de la biologie, de l'écologie et de la conservation des récifs

coralliens. La réévaluation des caractères morphologiques classiques du squelette, l'étude de la morphologie des polypes et la découverte de macro, micro et nano structures précédemment négligées se sont révélées instructives au niveau phylogénétique lorsqu'elles sont combinées avec des résultats moléculaires. Les objectifs de ce projet sont : 1) l'étude des frontières entre espèces d'un nombre sélectionné de taxons problématiques ayant une grande aire de distribution par une approche multidisciplinaire ; 2) l'évaluation de la biodiversité des Scleractinia des récifs dans des lieux reculés et/ou mal étudiés ; 3) la création d'une collection de référence, pour chaque corail échantillonné, de squelette, tissus conservés, images *in vivo* et informations sur les conditions environnementales au moment de l'échantillonnage. La recherche de frontières entre espèces et de relations phylogénétiques dans et entre taxons sélectionnés sera poursuivie par une approche multidisciplinaire visant à harmoniser les informations provenant de différentes techniques, notamment, imagerie SEM, scanographie, analyses morphométriques, réexamen des descriptions originales et de matière type, phylogénies moléculaires. Grâce à la délimitation des espèces, une distribution plus précise des espèces sera obtenue pour les taxons étudiés. L'évaluation de la présence d'espèce dans différents environnements et son domaine de plasticité apporteront en retour des informations importantes pour l'étude de l'écologie des récifs coralliens et de leur biodiversité dans les différents lieux.

II.8. Diversité et résilience des récifs coralliens dans l'océan Indien

Coordinateur :

Dr David Obura, Dégradation des récifs coralliens dans l'océan Indien (CORDIO – Afrique de l'est)

Mots clés: Scleractinia, résilience, biodiversité, biogéographie

La biogéographie des organismes marins d'eau peu profonde dans l'océan Indien occidental (OIO) est mal connue, bien qu'il existe des indications d'un pic de biodiversité (distributions d'espèces et de genres) dans la région située à l'extrémité nord du canal du Mozambique entourée par le nord de Madagascar, le nord du Mozambique et le sud de la Tanzanie. Cette région est alimentée par le courant équatorial sud qui se dirige vers la pointe nord de Madagascar, avec certaines indications sur la formation d'un tourbillon autour de l'archipel des Comores et la formation de forts remous qui se déplacent ensuite en direction du sud dans le canal du Mozambique. L'objectif du projet proposé est de déterminer la biogéographie et l'abondance relative des espèces coralliennes pour : les intégrer dans un ensemble de données régionales sur les coraux de l'océan Indien occidental (Obura 2008) ; 2) identifier les profils de diversité entre les Iles Eparses et les littoraux adjacents sur les plus grandes îles et le continent ; 3) évaluer la résilience et l'état écologique actuel des récifs coralliens sur les Iles Eparses; 4) identifier tous les gradients latitudinaux et leur importance sur la biogéographie et la vulnérabilité face au changement climatique. La recherche proposée dans le cadre de Tara Oceans consiste à procéder à un échantillonnage, à l'aide de techniques écologiques et biogéographiques, qui sera utilisé pour effectuer a) une caractérisation suivie de la biogéographie des récifs coralliens dans l'océan Indien occidental (Obura 2008), et b) une étude permettant de déterminer s'il existe un centre de diversité et de résilience des récifs dans l'océan Indien occidental. Les données collectées présenteront un intérêt par rapport au programme de conservation régionale mené dans les écorégions marines de l'Afrique de l'Est et de l'océan Indien occidental (soutenu par le World Wildlife Fund, WWF, et la Commission de l'Océan Indien, COI), et à la vulnérabilité à long terme de la région et des régions périphériques qui en dépendent en tant que sources larvaires, face au changement climatique.

II.9. Des transects à la dynamique des populations : une approche mixte évaluation-prédiction

Coordinateur : Prof. Bernhard Riegl et Dr. Samuel Purkis Nova Southeastern University

Mots clés: Scleractinia, trajectoires de population, transects photo

Les expéditions sont utiles pour atteindre de nombreuses zones différentes et elles permettent donc d'évaluer rapidement de nombreux récifs et espèces différentes. Nous avons l'intention d'utiliser cet avantage avec Tara Oceans et de le combiner à l'échantillonnage qui apportera les informations détaillées nécessaires pour étudier les paramètres historiques des espèces coralliennes rares.

L'objectif du projet proposé est d'utiliser les informations instantanées obtenues sur une expédition pour modéliser les trajectoires des populations d'espèces coralliennes rares et peu communes. On utilisera la télédétection par satellite à l'échelle des récifs pour donner le contexte spatial dans lequel sera réalisée l'étude sur le terrain. L'imagerie par satellite est une technique qui a fait ses preuves et est peu coûteuse pour cartographier la distribution et la santé des habitats récifaux dans tous les systèmes de dépôt. Les ensembles de données provenant d'expéditions permettent généralement une évaluation instantanée de l'aspect de la communauté (couverture vivante), de la composition de la communauté (classements taxonomiques), et de la santé.

Nous compléterons ces données en extrayant de transects photos : la dynamique de transition des coraux entre différents stades, la prévisibilité des trajectoires des populations/communautés dans l'avenir, la capacité de révéler les perturbations antérieures. A partir des données satellite couplées à une évaluation rapide au sol, nous réaliserons des cartes d'habitat à une résolution à l'échelle métrique qui décriront la mosaïque spatiale des assemblages récifaux, des statistiques morphométriques pour quantifier la complexité spatiale des unités de récif, et leurs relations mutuelles (probabilités de transition), des cartes bathymétriques extraites directement des données satellite, des tableaux de rugosité pour identifier les « points chauds » de complexité tridimensionnelle.

Les données bathymétriques, avec l'imagerie par satellite, serviront à établir un modèle tridimensionnel de la surface des récifs. Les cartes satellite fourniront des informations quantitatives sur la taille, la forme, et la complexité des différentes facettes qui composent la mosaïque récifale. Ces informations sont précieuses pour fournir le contexte spatial dans lequel se situe le travail à petite échelle avec les transects photo, en assurant ainsi un échantillonnage représentatif des habitats présents. De plus, il s'est avéré que la complexité spatiale des systèmes récifaires dans des environnements comparables suit des lois de changement d'échelle mathématiques qui facilitent la prédiction de l'hétérogénéité d'une très grande à une très petite échelle. L'existence de cette prédictibilité peut être utilisée pour révéler les forces qui gouvernent la géomorphologie du système récifaire et en particulier l'existence probable de perturbations répétitives dans la région et l'influence de la topographie antérieure (ancienne) sur la structure moderne des récifs.

II.10. Biodiversité des mollusques: profils latitudinaux et longitudinaux

Coordinateur :

Prof. Daniela Basso et Prof. Elio Robba Université de Milan - Bicocca (UNIMIB)

Mots clés: Foraminifère, mollusques, scleractinia, assemblage de mollusques morts, biodiversité

Les sédiments marins contemporains contiennent les restes (coquilles ou autres parties du squelette) de plusieurs générations de populations benthiques qui s'accumulent sur place ou sont apportées depuis des sites adjacents par un transport post-mortem, avec d'autres particules sédimentaires. Les gastéropodes à coquille et les bivalves sont généralement les groupes dominants et les mieux préservés. Du fait de la valeur moyenne dans le temps sur plusieurs générations, leurs associations sont très diverses et contiennent souvent également des espèces rares et mal connues.

C'est pourquoi des associations de mollusques morts de la zone sublittorale représentent la biodiversité locale et leur étude constitue une manière rapide de décrire les profils des gradients géographiques ou environnementaux. Nous étudierons les profils de biodiversité des associations de mollusques morts de différents taxa sélectionnés de populations benthiques apparaissant sur les fonds mous des récifs. Nos principaux objectifs sont les suivants : obtenir des données quantitatives sur les associations de mollusques morts dans l'environnement des récifs ou périphériques, selon des gradients géographiques ; utiliser les données sur les associations de mollusques morts comme représentatives de la biodiversité des mollusques locaux afin d'identifier des profils géographiques ou environnementaux ; comparer les profils de biodiversité des mollusques avec les profils de biodiversité corallienne.

II.10. Impact de l'acidification des océans à l'échelle mondiale

Coordinateur : Dr Stephanie Reynaud et Dr Eric Tambutté Centre Scientifique de Monaco

Mots clés: calcification, formation de bandes, isotopes stables, oligoéléments

En plus de la décoloration (bleaching), mécanisme aboutissant à la rupture de l'association entre le corail et ses microalgues, les récifs souffrent de l'acidification de l'eau de mer. Ce processus consécutif à la dissolution de l'excès de dioxyde de calcium dans les océans (associée aux activités humaines) aboutit à une chute du pH de l'eau de mer. Le pH est passé de 8,3 à l'époque glaciaire à environ 8,1 aujourd'hui, et un pH de 7,7 est prévisible pour le siècle prochain. Plusieurs biologistes spécialistes des coraux suggèrent même que les récifs coralliens pourraient pratiquement disparaître d'ici environ 2100. Il a été montré dans des conditions expérimentales que le taux de calcification des coraux exposés à des conditions plus acides soit un pH de 7,7 diminuait d'environ 54 %. Malheureusement, les études *in situ* sont très peu nombreuses.

Une incertitude importante persiste quant à l'importance sur le terrain de l'acidification des océans sur la croissance des coraux. Notre projet cherche à combler cette lacune grâce à une étude générale sur la route de Tara. Les amas de coraux, comme ceux du genre *Porites*, constituent des archives importantes de représentants géochimiques qui nous ont permis de mieux comprendre la chimie des océans et les changements climatiques dans des temps antérieurs et pourraient être utiles pour prédire l'avenir des récifs coralliens. Depuis de nombreuses années, l'analyse des bandes a été utilisée pour étudier l'extension linéaire chez ces espèces. Des bandes de croissances peuvent être utilisées comme horloge et la somme d'une bande sombre et d'une bande claire correspond à une année. Dans ce projet, nous nous proposons de mesurer l'extension linéaire (croissance) en analysant la formation de bandes de densité des squettes de plusieurs colonies d'amas de *Porites* et en révélant les bandes par radiographie aux rayons X. Les données doivent ensuite être comparées à d'autres données environnementales qui ne sont pas encore disponibles.

C'est pour cela que nous suggérons d'effectuer parallèlement une analyse isotopique ($\delta^{18}\text{O}$, $\delta^{13}\text{C}$, $\delta^{11}\text{B}$) et des oligoéléments (Sr/Ca, Mg/Ca) puisque ces valeurs sont utilisées en tant que marqueurs des paramètres environnementaux. Une analyse du bore sera effectuée sur les mêmes prélèvements puisque son absorption dans les carbonates est contrôlée par le pH. En fait ce paramètre nous servira à mieux comprendre la modification de la chimie de l'eau de mer au site de calcification (dans les coraux). Nous prévoyons de déterminer grâce à cela si le taux de calcification est actuellement en train de diminuer ou non par rapport au siècle dernier (environ 30 ans). Cette étude donne des informations sur l'effet des changements planétaires sur les coraux (acidification des océans, température, etc.).

II.11. Une étude protéomique de la biominéralisation chez les coraux

Coordinateur : Dr Eric Tambutté, Dr Sylvie Tambutté, et Dr Didier Zoccola Centre Scientifique de Monaco

Mots clés: Calcification, matrice organique, électrophorèse 2D, clades de *Zooxanthellae*

Les coraux scleractiniaires hermatypiques, ainsi que les algues calcaires, sont responsables de l'édification de récifs coraliens. Les récifs coraliens présentent un fort taux de calcification d'environ 2 à 6 kg de carbonate de calcium par m² et par an.

Ces taux de calcification particulièrement élevés sont dus à un mécanisme de biominéralisation associé à la symbiose et plus particulièrement à des zooxanthellae photosynthétiques intracellulaires symbiotiques qui vivent à l'intérieur des cellules animales. Dans les coraux, la structure biominéralisée est un exosquelette calcaire dont les propriétés de résistance et de formation sont uniques. La formation de cet exosquelette est le résultat d'une série complexe d'évènements cellulaires et biochimiques responsables de la micro- et de la macrostructure des biominéraux. Comme pour tout autre biominéral, l'exosquelette des coraux est composé d'une matrice organique incluse dans une structure minérale. La matrice organique est composée de sucres, de lipides et de protéines et est impliquée dans la nucléation des cristaux, la croissance et l'inhibition de la croissance. Dans les coraux, même si les données sont rares, on sait que la synthèse de la matrice organique est soumise à une régulation biologique/génétique et également que sa composition est influencée par les zooxanthellae.

L'objectif de l'étude effectuée pendant l'expédition Tara Oceans est de répondre aux questions suivantes: Est-ce que dans une espèce la biominéralisation varie entre des sites géographiques différents? Est-ce que la biominéralisation dans les coraux montre des caractéristiques inter-genres? Les protéines de la matrice organique peut-elle être considérée comme un critère taxonomique des coraux? Les clades/sous-clades ont-ils une influence sur la composition de la matrice organique et donc sur la biominéralisation? Nous étudierons la micro- et la macroarchitecture du squelette de différentes espèces coralliennes au niveau de différents sites et nous comparerons les profils protéiques par électrophorèse sur gel. Outre la comparaison entre les sites nous procéderons à une comparaison entre genres. Parallèlement, nous déterminerons les caractéristiques génétiques zooxanthellae symbiotiques à différents sites et dans différents genres. Nous espérons que cela nous permettra de déterminer 1) si les différents coraux présentent des caractéristiques communes en matière de protéines spécifiques de la matrice 2) si les protéines de la matrice organique peuvent être utilisées en tant que critère taxonomique 3) si les clades/sous-clades influencent le profil protéique de la matrice organique. Cette étude apportera des informations aussi bien sur le mécanisme de biominéralisation que sur la taxonomie des coraux et le rôle des zooxanthellae dans la biominéralisation.

II.12. Abondance et biogéographie des agents responsables de la bio-érosion interne dans les récifs coraliens de la région Indo-Pacifique

Coordinateur : Cornelia Maier¹ et Aline Tribollet² Laboratoire d'Océanographie de Villefranche sur mer (LOV)¹, Institut de Recherche pour le Développement (IRD)² France.

Mots clés: Bioérosion, macroforeurs, microforeurs, euendoliths

Les agents responsables de la bio-érosion interne, qui comprennent des macroforeurs (éponges, polychaètes, sipunculides, mollusques, crustacés) et des microforeurs (cyanobactéries, algues, fungi), sont discrets mais très abondants dans les écosystèmes des récifs coraliens. Ils colonisent toutes sortes de carbonates, morts ou vivants, en creusant activement des galeries dans le substrat (par un procédé chimique et/ou mécanique). Dans les coraux vivants, les agents responsables de la bio-érosion interne présentent une relativement forte spécificité de taxon pour leurs hôtes ce qui suggère une co-évolution. Il est généralement admis que la bio-érosion est l'un des mécanismes les plus importants et les plus actifs participant à la dissolution du carbonate et au déclin des récifs coraliens.

Dans certains récifs coraliens, la bio-érosion par des agents responsables de l'érosion interne peut être néfaste pour la croissance du corail et menacer la stabilité du cadre du récif. Il a été montré récemment que la bio-érosion interne est accrue par des facteurs anthropogéniques et climatiques susceptibles d'affecter la croissance du corail tels que l'eutrophisation, le stress thermique et l'acidification des océans. La bio-érosion interne a été identifiée comme étant un agent responsable de l'immersion de certains récifs coraliens.

Jusqu'à présent, la bioérosion a été peu quantifiée à l'aide de techniques de surveillance *in situ*, ce qui fait qu'il serait extrêmement important d'acquérir des informations sur la diversité et l'abondance des agents responsables de l'érosion interne dans les récifs coraliens, notamment dans les régions éloignées et perturbées. Étudier l'abondance des agents responsables de l'érosion interne à une grande échelle, c'est-à-dire dans tout l'océan Indo-Pacifique, nous aiderait à identifier les principaux facteurs (comme le substrat, la température, la concentration de nutriments, le pH océanique) qui affectent et contrôlent la bioérosion interne, et en fin de compte le déclin des récifs.

L'expédition Tara Oceans pourrait apporter une plateforme idéale pour une étude de ce type grâce aux séries de données complémentaires qui seront recueillies parallèlement sur la chimie de l'eau et la diversité des coraux et des algues. La variation spatiale de la diversité et de l'abondance des différents organismes étudiés incluant les agents responsables de l'érosion interne sera comparée entre les sites de manière globale.

III. Résultats intégrés attendus

L'approche et les méthodes décrites ci-dessus aboutiront tout d'abord à une découverte sans précédent de nouvelles espèces. Cela génèrera également des données quantitatives sur l'abondance relative d'organismes tels que les virus, bactéries, protozoaires et petits métazoaires dans les divers environnements océaniques. Comme nous utiliserons des méthodes génomiques, nous aurons accès à la quantification des espèces de ces écosystèmes. Combinées avec l'imagerie, les données moléculaires apporteront de nouvelles informations sur la corrélation entre la forme et les structures de génome et surtout sur les phénomènes symbiotiques complexes qui se produisent dans les régions pélagiques et coralliennes ainsi que sur les processus de transfert horizontal des gènes. De la même manière, les corrélations entre la présence de virus spécifiques et d'organismes cibles potentiels dans divers environnements océaniques physico-chimiques fourniront des informations importantes sur la manière dont les écosystèmes océaniques s'adaptent aux contraintes physico-chimiques.

Le voyage nous amènera à croiser des régions océaniques ayant un pH très différent (figure 3). Nous prévoyons d'étudier tout d'abord les échantillons d'écosystèmes de zones ayant de forts gradients de pH sous diverses latitudes. Actuellement, nous ne savons pas comment les variations du pH peuvent affecter la susceptibilité des protistes, des bactéries à des attaques de virus ni comment ces variations du pH peuvent affecter la santé des protistes et de coraux. Comme nous aurons accès à l'enregistrement de nombreux autres paramètres physico-chimiques, il est quasiment certain que certains profils d'écosystème très intéressants (par exemple, dans des systèmes pauvres en oxygène ou en fonction du pH) se dégageront.

Cela devrait également nous apprendre beaucoup sur les principes qui gouvernent l'évolution de la vie microscopique dans les océans et sur les écosystèmes coraliens. Sur le relativement long terme (3 à 5 ans à partir du début de l'expédition), nous devrions avoir accumulé suffisamment de données pour construire des modèles dynamiques de ces écosystèmes et commencer à explorer la relation entre le climat et l'évolution des écosystèmes océaniques.

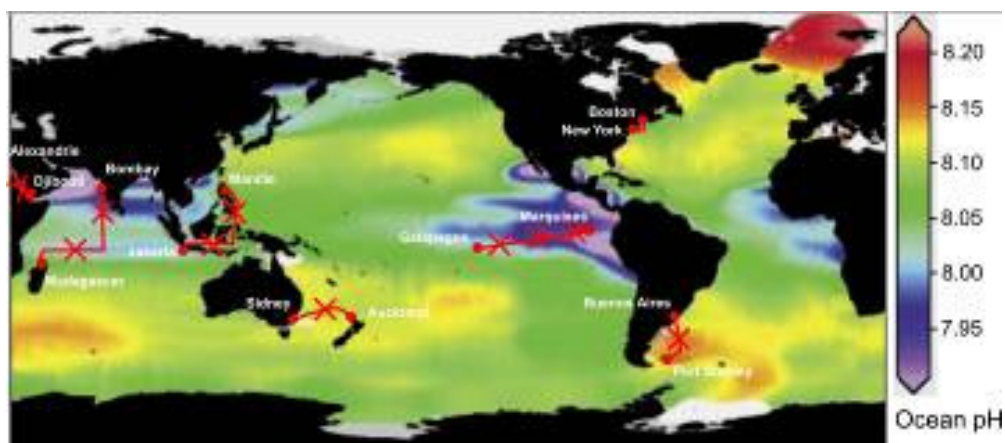


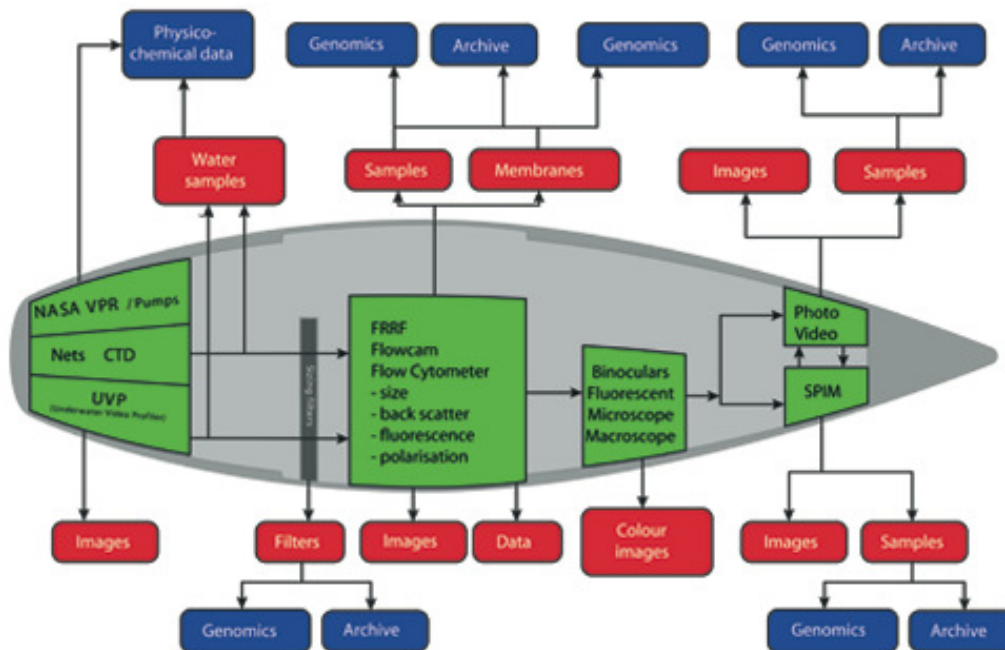
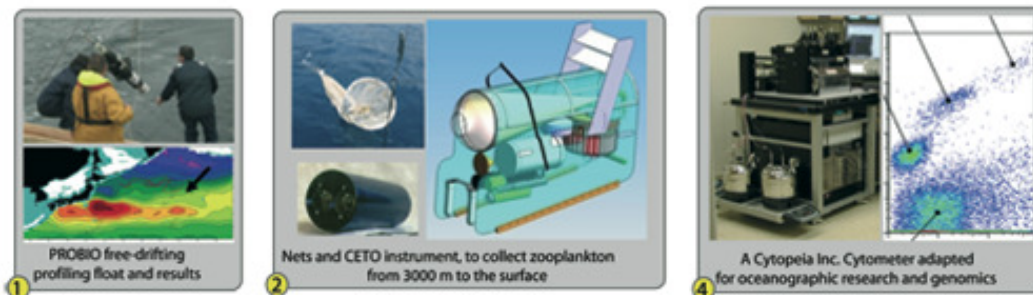
Figure 5: Emplacement des 6 étapes de Tara-Oceans et des 10 stations proposées, sur une carte du pH océanique de surface actuel. La mosaïque des divers domaines du pH est liée principalement aux profils de circulation océanique.

Les précédentes expéditions réalisées au cours du 19^{ème} siècle ont eu des effets considérables et durables sur la science et la société (l'expédition du Beagle, et celle de Challenger, par exemple). Nous prévoyons que les études résultant de TARA OCEANS deviendront l'une des ressources de métadonnées océaniques les plus importantes du 21^{ème} siècle, non seulement pour les scientifiques mais aussi pour le public, par l'importance de leurs retombées concernant le fonctionnement de notre planète.

Annexe

Equipements à bord

Sampling and Observation Pipeline on-board Tara
Equipments in green, red ovals denote outputs, and blue ovals denote the final results



Types d'échantillon prélevés et instruments utilisés sur une station type de Tara Océans

Durée de la station : 12 heures.

Physics/Chemistry	Zooplankton	Protists	Bacteria/Virus
TSRB Radiometry/hand CTD	Bongo 200um (500m-surface)	Pumping subsurface	CTD-Rosette HPLC (300 m)
CTD-Bio-optics (300 m)	Bongo 500um (500-surface) (2X)	Bongo 200um (subsurface, 2X)	CTD-Rosette DCM (2X)
CTD-Rosette HPLC (300 m)	Double Net (50 & 330 um) (100 - 0)	Bongo 20um (subsurface, 2X)	
long CTD Rosette (2000m)	Bongo 100/500um (500-surface) (2X)	CTD-Rosette (DCM) (2X)	
Imaging	Double Net (50 & 330 um) (100 - 0)	Closing Net 200um, 20um DCM (2X)	
	MultiNet (1000-0)		

La Plateforme d'Imagerie Tara Océans

La plateforme à bord du voilier d'expédition est organisée en un « pipe line » permettant une analyse depuis le niveau cellulaire (bactéries, protistes, algues) jusqu'au niveau des organismes multicellulaires et populations planctoniques.

La plateforme cytométrie :

Un imageur **FlowCam** en flux pour l'imagerie rapide et en continu des échantillons

Un appareil de mesure de la biomasse et des activités photosynthétiques

FRRF, Fast Repetition Rate Fluorometer,

Un **cytofluorimètre TARA Influx** en flux continu pour la mesure des organismes du pico-nanoplancton

Un **système bio-optique** pour détecter le nano et macro-plancton photosynthétique et la matière dissoute et particulaire.

La plateforme macro-microscopie :

Un microscope et un macroscopie à fluorescence pour l'imagerie des microorganismes, protistes et métazoaires après tri, dissection, marquages et montages des échantillons.

La plateforme de microscopie con-focale 3D à feuille de lumière - **SPIM** : Single Plane Illumination Microscope - pour l'imagerie en trois dimensions de spécimens de 20 µm à 3mm.

La plateforme de macrophotographie et vidéo HD :

Documentation de la morphologie et du comportement des organismes du plancton collectés

La plateforme d'imagerie in situ (open ocean) :

Un **UVP** - Underwater Vision Profiler pour détection *in situ* et la quantification des organismes et particules,

Un **VPR** – Vidéo Plankton Recorder, ainsi que les moyens d'acquisition et de classification des objets - mesures et analyses, reconnaissance automatisée des formes,

Un analyseur de plancton - **Zooscan**, pour échantillons fixés permettra de compléter les analyses à terre.