

« Pourquoi pas les abysses ? »

Le projet de recherche de l'Ifremer pour mieux connaître la biodiversité des fonds marins

Par Sophie ARNAUD-HAOND

Écologue à l'Ifremer

et Florence PRADILLON

Chercheur au Laboratoire « Environnement profond » de l'Ifremer

Lancé en 2016 par l'Ifremer, le projet « Pourquoi pas les abysses ? » (ABYSS) a pour objectif de proposer un nouveau recensement de la biodiversité des grands fonds marins à l'échelle mondiale s'appuyant sur la mise en œuvre des nouvelles techniques moléculaires et devant permettre d'accéder à ce que l'on appelle l'« ADN environnemental ». Les fragments d'ADN isolés dans des échantillons d'eau ou de sédiments permettent désormais d'accéder à la liste des espèces qui vivent dans un environnement ou y ont séjourné à un moment donné. Basé sur une caractérisation systématique d'échantillons de sédiments et d'eau récoltés dans tous les océans du globe, ce projet a pour ambition de contribuer à l'inventaire moléculaire de la diversité marine, en particulier de celle présente dans le fond des mers et les abysses, des environnements qui à plus de 95 % sont à ce jour restés vierges d'exploration. Cette révision en profondeur de l'étendue de la biodiversité marine nous permettra également d'appréhender les facteurs qui gouvernent sa distribution et sa persistance.

Les abysses, des zones encore largement inconnues, mais pourtant déjà affectées par l'empreinte de l'homme

Les océans couvrent 70 % de la surface de notre planète et dans leurs trois dimensions représentent 90 % de la biosphère terrestre. Bien que les océans nous fournissent au minimum la moitié de l'oxygène que nous respirons et qu'ils renferment des puits de carbone essentiels, ainsi que des ressources uniques en termes d'alimentation et de biotechnologies, nous avons jusqu'à présent exploré moins de 5 % de leur surface. À titre indicatif, Vénus et Mars sont, à l'heure actuelle, mieux cartographiées, sur l'ensemble de leur surface, que notre propre planète.

En dépit de cette exploration encore très partielle et superficielle, aucun des compartiments marins (ou presque) ne semble échapper aujourd'hui à l'impact des activités humaines. Pendant un siècle, la surface occupée par tous les grands écosystèmes a diminué en raison de la pollution, de la croissance démographique – surtout dans les

zones côtières –, des conséquences de cette pression croissante sur les habitats et les ressources, et, plus récemment, de l'impact du changement climatique.

Ainsi, 30 % des récifs coralliens, 30 % des zones de mangroves et 65 % des herbiers marins et des zones humides ont disparu au cours des cinquante à cent dernières années, tout comme 90 % des grands animaux marins et un grand nombre de stocks de poissons.

L'intégration des données résumant les principales perturbations d'origine anthropique (les polluants, la pêche, le transport maritime, les changements de température et de pH dus au changement climatique, etc.) montre que l'avenir d'au moins 40 % des océans est gravement menacé en raison de l'accumulation de plusieurs facteurs d'impact d'origine anthropique. Une carte mondiale de l'empreinte de l'homme sur les océans publiée il y a de cela huit ans dans la revue internationale *Science* montre qu'aucune zone de l'océan n'est à l'abri, pas même la haute mer. La pollution et le changement climatique ont, eux aussi, un impact sur les endroits les plus isolés, là où

l'on relève peu d'activités humaines. En attestent la fonte des glaces en Arctique et la détection de contaminants rares provenant de pays industrialisés retrouvés jusque dans les sédiments marins du pôle Nord.

Ces observations ont également été confirmées par les études réalisées par un consortium international pour le recensement de la vie marine (*Census of Marine Life*) à l'issue d'une collaboration de 10 ans entre plus de 80 pays : quoique plus difficiles à quantifier dans les environnements méconnus, il est désormais avéré que les menaces qui pèsent sur la biodiversité marine touchent également les abysses.

Une grande inconnue : la biodiversité des grands fonds

L'étendue de notre ignorance s'accroît au fur et à mesure que l'on s'enfonce dans les grandes profondeurs, où vivent de nombreuses espèces originales encore largement méconnues. Sur environ 1,8 million d'espèces décrites à ce jour, moins de 250 000 sont des espèces marines, mais les dernières estimations suggèrent que 60 à 80 % de la biodiversité « planétaire » serait en fait cachés sous la surface des océans.

Les grandes expéditions, comme celle du navire Challenger, à la fin du XIX^e siècle, ont révolutionné notre vision des abysses en révélant l'existence de la vie à des profondeurs où l'absence de lumière rendait la photosynthèse inenvisageable, seul processus bioénergétique connu jusqu'alors de production de la matière organique, le constituant élémentaire du vivant. La découverte, en 1977, par des équipes américaines, de sources hydrothermales sous-marines a montré l'existence d'une production primaire dans des zones dépourvues de lumière grâce à une autre voie, celle de la chimiosynthèse, conduisant à de très fortes concentrations de vie dans ces « oasis », qui contrastent avec la très faible biomasse estimée dans la plaine abyssale qui les entoure.

Cette découverte a profondément changé notre compréhension de l'environnement profond : la vie n'y dépend donc pas seulement de l'apport de matière organique dégradée produite dans la zone photique (exposée à la lumière de façon suffisante pour permettre la photosynthèse), mais également d'une voie de production « locale » originale et jusqu'alors insoupçonnée. Malgré les efforts développés depuis par la communauté internationale travaillant sur l'environnement profond, la nature et l'étendue de la biodiversité cachée dans les profondeurs marines restent de loin les plus mal appréhendées en raison de la difficulté d'accès et de l'exploration extrêmement fragmentaire des grands fonds, ainsi que du temps nécessaire à la constitution d'inventaires morphologiques et à la description d'espèces nouvelles.

Compte tenu du rythme de la description taxonomique en 2015, on estime que 10 000 ans seraient nécessaires pour compléter les descriptions et l'inventaire des espèces marines restant à décrire, à condition qu'elles soient accessibles et échantillonnées.

De nouvelles estimations avec « Pourquoi pas les abysses ? »

Le projet « Pourquoi pas les abysses ? » lancé en 2016 par l'Ifremer ambitionne de contribuer à de nouvelles estimations de la biodiversité marine cachée dans les profondeurs océaniques, en mettant à profit les moyens issus des avancées spectaculaires réalisées ces dernières années en biologie moléculaire. La capacité de séquençage, qui a été multipliée plusieurs milliers de fois depuis le premier séquençage du génome humain il y a à peine plus de 20 ans, permet de réaliser des inventaires de la diversité présente dans un milieu donné sur la base de l'analyse de l'ADN issu de simples prélèvements de sédiments et d'eau. Ce sont de nouvelles approches dites d'analyse d'« ADN environnemental ». Il ne s'agit pas de séquencer l'ADN de grains de sable ou de molécules d'eau, qui en sont dépourvus, mais d'extraire de façon massive l'ADN des microorganismes et des restes de macroorganismes (restes de peau, de coquille, de mucus, d'organismes en décomposition...) contenus dans une poignée de sédiments ou quelques litres d'eau. Cette capacité permet de changer le prisme à travers lequel peut se concevoir l'étude de la biodiversité et son inventaire : en nous donnant accès à l'invisible, les technologies reposant sur l'ADN environnemental nous offrent la capacité de révéler l'étendue de la diversité marine dans tous les écosystèmes, y compris les moins accessibles. Ces nouveaux inventaires de biodiversité permettent d'envisager une révision en profondeur des estimations qui en sont faites depuis des décennies, de reconstituer son histoire et d'identifier les facteurs qui gouvernent sa distribution et son maintien. À titre indicatif, des inventaires moléculaires réalisés à l'Ifremer dans les herbiers côtiers dans lesquels environ 300 espèces avaient été recensées en dix ans de surveillance, ont mis en évidence sur la base d'un seul échantillonnage temporel une diversité de plus de 1 200 « unités taxonomiques opérationnelles » ou OTUs (les spécimens sont décrits et leur espèce est déterminée sur la base d'un ensemble de critères morphologiques, les OTUs le sont sur la base de critères moléculaires – avec la mise en évidence de divergences entre les séquences).

La révolution des nouvelles techniques moléculaires

La révolution moléculaire – l'avènement du « séquençage de nouvelle génération » – a débloqué l'accès à la diversité microbienne, longtemps entravé par de multiples limites et biais techniques, en particulier la nécessité de cultiver des microorganismes, un défi impossible à relever pour la plupart des lignées bactériennes. La « métagénomique » (séquençage des génomes) et le « métabarcodage » (séquençage de portions clés du génome permettant d'inférer l'identité des lignées révélées) sont désormais incontournables en microbiologie. Ces méthodes ont récemment été transposées à l'étude des génomes d'organismes pluricellulaires, en particulier quand l'observation directe et l'approche morphologique ne permettent pas l'inventaire complet de la diversité des espèces présentes dans un environnement ou dans un échantillon donné (environ-

nement difficile d'accès, faune invisible avec des moyens d'observation directe, échantillons dégradés...). Le projet Tara Océan, qui se veut exemplaire dans ce domaine pionnier, et la circumnavigation espagnole Malaspina ont permis la réalisation à grande échelle des premiers inventaires de la diversité du plancton dans les océans et ont ainsi contribué à une meilleure compréhension des forces environnementales majeures et des interactions entre espèces qui gouvernent sa distribution spatiale.

Le fond de l'océan dans sa globalité, avec ses 95 % de zones inexplorées, est resté à l'écart de ces explorations pionnières de grande envergure, qui par ailleurs ont été principalement orientées vers le monde viral et microbien. Le but du projet « Pourquoi pas les abysses ? » (ABYSS) est de contribuer à combler ces lacunes géographiques et taxonomiques en fournissant une réévaluation de l'étendue et de la distribution de la biodiversité marine (des organismes microbiens jusqu'aux organismes macroscopiques). À terme, il s'agira également d'explorer les interactions entre les espèces et de ces dernières avec leur environnement, des interactions qui peuvent jouer un rôle dans la distribution, la dynamique et l'évolution de la biodiversité marine. Les données recueillies permettront également d'améliorer notre compréhension de l'évolution des grandes lignées du vivant, de reconstituer les mouvements ancestraux d'extinction, de radiation et de colonisation lors des grandes périodes géologiques. Enfin, les méthodes et protocoles mis au point dans ce projet nous permettront d'envisager l'utilisation de la voie molé-

culaire pour procéder de façon efficace, fiable et rapide à la description de l'état initial des écosystèmes ciblés par les futures exploitations minières des grands fonds, et de fournir des éléments de méthodologie pour la définition des états initiaux et l'évaluation et le suivi des impacts potentiels de ces exploitations.

Ce projet repose donc sur la caractérisation de l'ADN environnemental qui sera extrait des sédiments marins et de la couche d'eau affleurant le plancher océanique, et ce à différentes profondeurs et dans tous les océans, sans distinction entre les écosystèmes. Le projet a défini un protocole d'échantillonnage standardisé, reproductible et simple pour être en mesure de recueillir, d'analyser et de comparer les résultats à partir d'échantillons prélevés dans le monde entier. Pour ce faire, les équipes de l'Ifremer impliquées dans la réalisation de ce projet procéderont à des prélèvements systématiques d'eaux et de sédiments au cours des nombreuses campagnes d'exploration qui seront organisées dans les années à venir. Mais elles ont également sollicité leurs partenaires européens, américains et japonais afin de collecter des échantillons susceptibles de réunir la plus grande diversité géographique et écosystémique possible. Des échantillons prélevés dans la Méditerranée, dans les océans Atlantique et Arctique et dans des eaux japonaises sont d'ores déjà en cours d'analyse, et des campagnes d'échantillonnage devraient être réalisées d'ici à juillet 2017, en Alaska et dans le Pacifique.