



www.cnrs.fr

cherche
midi

COMMUNIQUÉ DE PRESSE NATIONAL | PARIS | 2 NOVEMBRE 2015

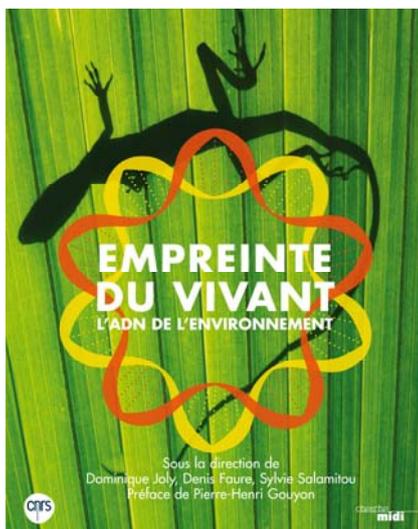
Parution de l'ouvrage « Empreinte du vivant, l'ADN de l'environnement »

L'ouvrage « Empreinte du vivant, l'ADN de l'environnement », rédigé par des chercheurs issus de laboratoires CNRS ou associés, paraît le 12 novembre 2015 en librairie. Publié par le cherche midi, en partenariat avec le CNRS, ce livre grand public nous invite à aller sur les traces laissées dans l'environnement par les organismes vivants. Ces empreintes génétiques, qui contiennent de l'ADN, livrent aux chercheurs des informations inédites sur le vivant actuel et fossile. Une plongée dans un pan de recherche méconnu et en plein essor.

Une enquête sans précédent a débuté ! Les chercheurs en génomique environnementale sondent le sol, l'eau et même l'atmosphère à la recherche de matériel génétique susceptible de leur livrer des informations inédites sur les organismes vivants et sur ceux qui vivaient il y a des milliers d'années. Grâce aux nouvelles technologies de séquençage et d'analyse de l'ADN à très haut débit, il est maintenant possible de décoder le vivant dans tous les environnements, de découvrir des facettes encore méconnues de son histoire et de lever le voile sur le monde des micro-organismes. L'empreinte du vivant se révèle sous un nouveau jour... pour décrire la vie dans les écosystèmes et en comprendre son fonctionnement.

Ce livre, abondamment illustré, nous invite ainsi à découvrir le champ scientifique passionnant et en plein essor de la génomique environnementale. Des spécialistes de toutes les disciplines issus des laboratoires du CNRS et de leurs partenaires dressent un panorama des travaux en cours et tracent les voies de recherches pour les années à venir.

Cet ouvrage propose un voyage inédit au cœur de cette nouvelle discipline qui révolutionne nos connaissances et ouvre un pan de recherches impensables il y a encore quelques années.



« Empreinte du vivant, l'ADN de l'environnement »

Disponible en librairie et mise en vente le 12 novembre 2015

Un ouvrage collectif sous la direction de Dominique Joly, Denis Faure et Sylvie Salamitou

le cherche midi, en partenariat avec le CNRS

192 pages illustrées en couleurs (17 x 22) – 24,90 €



www.cnrs.fr

cherche
midi

Télécharger le dossier de presse de l'ouvrage.

La **présentation de cet ouvrage** aura lieu
jeudi 12 novembre 2015 à 17h00 au CNRS (3 rue Michel-Ange, Paris 16e)

Sur inscription uniquement auprès de Priscilla Dacher (priscilla.dacher@cnrs-dir.fr) ou Valérie Borgèse (vborgese@cherche-midi.com)

Dans la même collection du **cherche midi** (en partenariat avec le CNRS) :
Biodiversité(S) (2010), *Mondes polaires* (2012), *Écologie chimique* (2012), *Mondes marins* (2014) et *Écologie tropicale* (2015).



Contacts

Presse CNRS | Priscilla Dacher | T 01 44 96 46 06 | priscilla.dacher@cnrs-dir.fr

Presse le **cherche midi** | Valérie Borgèse | T 01 42 22 82 93 | vborgese@cherche-midi.com

DANS LA MÊME COLLECTION :

Biodiversité(S), nouveaux regards sur le vivant, 2010.

Mondes polaires, hommes et biodiversités, des défis pour la science, 2012.

Écologie chimique, le langage de la nature, 2012.

Mondes marins, voyage insolite au cœur des océans, 2014.

Écologie tropicale, de l'ombre à la lumière, 2015.

SOMMAIRE

Avant-propos	6
Préface	8
1. La génomique environnementale : une science à haut débit	13
2. Le génome, une mosaïque d'ADN à explorer	35
3. Vers un inventaire accéléré du vivant	53
4. Suivre les fluctuations de la biodiversité	69
5. L'écogénomique dévoile les secrets de l'adaptation	87
6. Lumière sur des couples fusionnels : les microbes et leurs hôtes	101
7. Écosystèmes : chacun sa place, chacun sa fonction	117
8. Biodiversité sous pression	133
9. La paléogénomique, pour une lecture du passé au présent	151
10. Santé environnementale et santé humaine : un duo inséparable	167
Glossaire	184
Liste des auteurs	188
Pour en savoir plus et crédits photographiques	190
Remerciements	191



AVANT-PROPOS

Tous les organismes vivants, quels qu'ils soient, laissent des empreintes de leur passage dans l'environnement. Ainsi, le cygne qui glisse au bord du lac laisse ses plumes, le cheval qui trotte le long des sentiers forestiers son crottin, la couleuvre qui se faufile dans les prés sa mue, la libellule qui virevolte le long des mares ses œufs, sans oublier les milliards de cellules des micro-organismes présents dans tous les environnements. Toutes ces traces contiennent de l'ADN : il s'agit de l'ADN environnemental.

À l'orée des années 2000, de nouvelles technologies de caractérisation de l'ADN – le séquençage à haut débit – révolutionnent les capacités et la rapidité d'analyse de l'ADN. Aujourd'hui, il est possible en seulement quelques heures (au lieu d'une année dans les années 1990) d'accéder à la séquence complète de l'ADN d'une bactérie. Il est aussi possible d'inventorier et de caractériser les milliers d'espèces de macro- et micro-organismes présentes dans un échantillon de sol ou d'eau. Connaître l'information génétique contenue dans de l'ADN ancien, conservé pendant des milliers d'années dans le sol ou la glace, est aussi possible. De ces bouleversements émerge un nouveau champ de recherche : la génomique environnementale. Cette discipline rassemble la totalité des connaissances acquises sur les écosystèmes et les organismes vivants, présents et passés (dans un passé parfois lointain), grâce à l'analyse des informations obtenues après le séquençage à haut débit de leur ADN.

La génomique environnementale informe sur la taxinomie et la diversité des organismes actuels et fossiles, sur leur phylogénie et leur évolution, leurs potentialités et capacités d'adaptation et d'acclimatation, leur biologie et leur écologie. En association avec d'autres approches à haut débit générant de grandes quantités de données et dites « omiques » et « métaomiques », la génomique environnementale permet de comprendre les interactions des organismes vivants avec leur environnement à différentes échelles de temps et d'espace. Elle étudie de manière intégrée et comparative des organismes isolés, des populations et des communautés d'organismes, des écosystèmes contemporains et passés, et recherche les interactions entre les sociétés humaines et les écosystèmes.

Cette « datavalanche » de données de séquençage de l'ADN a de nombreuses répercussions sur la communauté scientifique : elle l'oblige à changer les paradigmes de recherche, force la taxinomie à passer en mode turbo, la bio-informatique à traiter des milliards de données en temps limité et à moindre coût, la biologie à travailler sur de nouveaux concepts, et les mathématiques à développer de nouveaux modèles. Champ thématique interdisciplinaire par excellence, elle favorise le dialogue et les synergies entre différentes disciplines telles que biologie, écologie, évolution, paléobiologie et taxinomie, mais aussi chimie, bio-informatique, mathématiques, biogéochimie, sociologie ou anthropologie. La génomique environnementale crée ainsi de nouvelles opportunités scientifiques entre les chercheurs de disciplines différentes en renouvelant les itinéraires d'acquisition de savoirs et de savoir-faire.

La génomique environnementale représente une opportunité exceptionnelle pour répondre aux défis posés en matière d'environnement, de réchauffement climatique, et plus généralement de maîtrise des impacts du changement global sur les écosystèmes. Elle ambitionne de documenter les questions de recherche suivantes nées d'enjeux sociétaux : comment obtenir une meilleure gestion des ressources et des écosystèmes, comment augmenter les services écosystémiques (c'est-à-dire les bienfaits directs ou indirects que l'environnement apporte à l'homme) ; ou bien encore, comment mieux évaluer les risques environnementaux issus des activités humaines ?

Sans prétendre aborder de façon exhaustive l'ensemble des recherches qui relèvent de la génomique environnementale, cet ouvrage collectif issu de la communauté scientifique française présente les développements les plus récents du domaine, illustrés à l'aide d'exemples choisis dont la diversité reflète les potentialités de ce champ disciplinaire en émergence.

Stéphanie Thiébault

Directrice de l'Institut écologie et environnement du CNRS

Dominique Joly

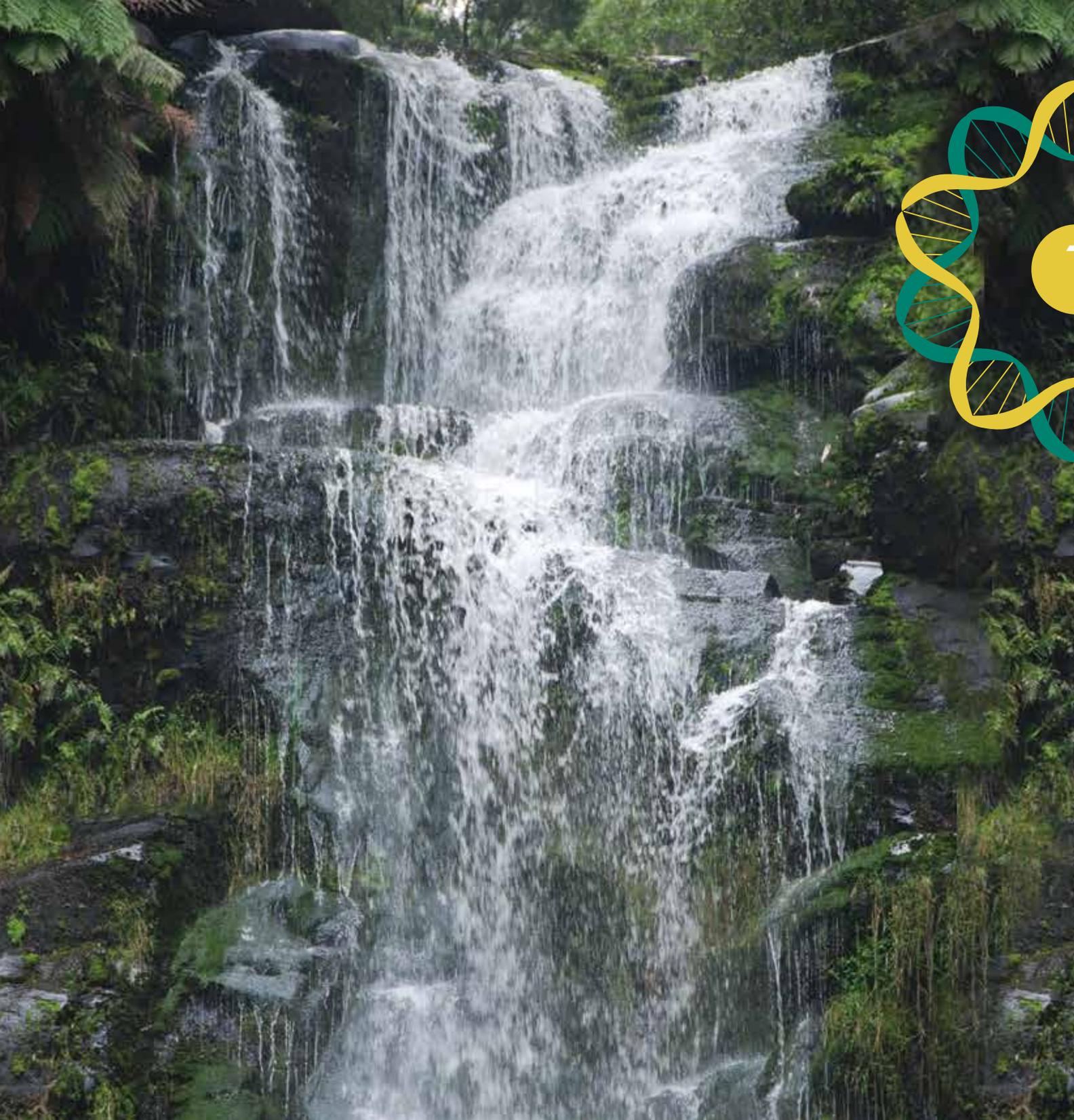
Directrice adjointe scientifique de l'Institut écologie et environnement du CNRS

Denis Faure

Directeur de recherche au CNRS, groupement de recherche génomique environnementale

Sylvie Salamitou

Chargée de recherche au CNRS



1 La génomique environnementale : une science à haut débit

Longtemps, les naturalistes ont arpenté les terres et les océans à la recherche de nouvelles espèces, profitant du commerce maritime des épices, des étoffes et des pierres précieuses pour constituer des cabinets d'histoire naturelle comme celui du roi de France, situé au Jardin des Plantes et enrichi par Georges-Louis Leclerc de Buffon. Aujourd'hui, les chercheurs n'ont plus besoin de traquer les animaux ou les plantes : un peu d'ADN récolté dans la terre, l'eau, le sable ou l'atmosphère, et les voilà capables de décrire sans les voir quantité d'espèces, certaines très rares, d'autres parfaitement inconnues. Ainsi, la génomique environnementale lève le voile sur une part insoupçonnée de la biodiversité de notre planète et apporte un éclairage nouveau sur le nombre et la diversité des espèces comme les bactéries, les virus et les microbes.

*À l'image de cette cascade, la génomique
environnementale produit des données à un débit
sans cesse renouvelé.*

“
Qu'est-ce donc qu'une mauvaise herbe,
sinon une plante dont on n'a pas encore
découvert les vertus ? ”

Ralph Waldo Emerson



*Bien que morphologiquement identique, chaque individu d'une même espèce se distingue de ses congénères par des fragments de séquences uniques. Ici des rosettes géantes d'*Espeletia pycnophylla*, en Équateur.*

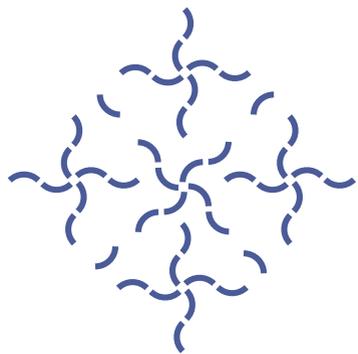


3

Vers un inventaire accéléré du vivant

Les menaces qui planent sur la biodiversité propulsent la caractérisation taxinomique sur le devant de la scène. Alors que pendant des millénaires, les taxinomistes se sont appuyés sur la morphologie des organismes pour les décrire et les classer, ils peuvent aujourd'hui compter sur les nouvelles techniques de séquençage à haut débit pour répertorier le vivant, en accéléré. Grâce à des codes-barres ADN, l'ensemble des espèces animales, végétales et microbiennes d'un échantillon environnemental donné peut ainsi être immédiatement identifié et dénombré. Dans 100 grammes de terre, par exemple, on peut trouver un nombre d'organismes équivalent à 2 fois la population humaine mondiale, et parfois jusqu'à 2 500 000 espèces de micro-organismes pour la plupart inconnues.

Le séquençage à haut débit renouvelle notre vision de la biodiversité dans de nombreux groupes taxinomiques, tel chez les lézards.



LA BIBLIOTHÈQUE DU VIVANT

Pendant trois ans, des centaines de chercheurs ont œuvré pour répertorier le vivant du territoire français et faciliter à terme son étude.

Le projet Bibliothèque du vivant a été soutenu entre 2011 et 2013 par le Centre national de la recherche scientifique, le Muséum national d'histoire naturelle et l'Institut national de recherche agronomique, et a bénéficié du support technique du Genoscope (Centre national de séquençage français du Commissariat à l'énergie atomique). Ce projet fédératif a épaulé plus de 100 équipes françaises dans l'étude de la biodiversité : il s'agissait de leur faciliter l'accès au séquençage massif de codes-barres ADN d'organismes pluricellulaires de différents groupes taxinomiques (plantes, champignons, vertébrés, insectes, etc.). Les équipes de recherche ont travaillé sur la délimitation d'espèces au sein de complexes d'espèces mal différenciées, comme les bourdons *Bombus lapidarius*, mais ayant un intérêt économique, de santé publique ou de conservation de la biodiversité. Ces équipes ont aussi reconstruit l'histoire évolutive des organismes à différents niveaux de l'arbre du



Les scientifiques français conjuguent leurs efforts pour définir les espèces au sein de groupes taxinomiques d'intérêt écologique et économique (champignons et insectes ravageurs par exemple), ainsi que pour quantifier l'abondance des espèces dans les écosystèmes, telles les forêts tropicales de Guyane.

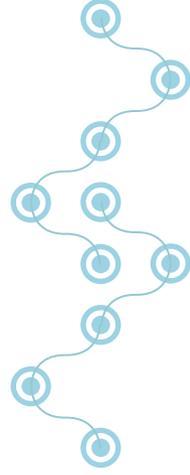
vivant pour mieux comprendre l'origine de la biodiversité et consolider la classification des organismes sur des bases évolutives. Les chercheurs ont également développé des approches de type métacode-barres et phylogénomique en utilisant le séquençage haut débit pour les travaux en écologie, permettant par exemple d'étudier l'amplitude de la diversité génétique au sein d'une espèce.

Les applications potentielles d'une telle approche sont multiples et recouvrent plusieurs facettes de l'analyse de la biodiversité. Elles permettent l'inventaire de la biodiversité dans des zones protégées mais aussi sa caractérisation à l'échelle du territoire français qui héberge une grande variété d'écosystèmes : faune et flore méditerranéennes, alpines, caraïbes, mascareignes, guyanaises, néo-calédoniennes et celles des océans Pacifique et Austral. Afin de préserver cette biodiversité pour les générations futures, ces travaux aideront à

hiérarchiser les choix de conservation. L'usage du code-barres ADN a aussi pour vocation de faciliter l'identification à haut débit, autrement dit sans avoir recours au tri manuel de spécimens, tout en gardant la qualité de validation des taxons (dont les espèces) par des spécialistes de la taxinomie classique fondée sur les caractéristiques morphologiques. Les bases de données de séquences ADN codes-barres ainsi alimentées pourraient permettre de lever ce verrou en facilitant l'identification massive. Ce type d'identification à haut débit peut s'appliquer à la surveillance du territoire contre des organismes invasifs qui génèrent chaque année des coûts notoires (plantes, ravageurs, vecteurs de maladies). Ainsi, le coléoptère *Diabrotica virgifera*, redoutable espèce invasive de ravageur du maïs et originaire d'Amérique du Nord, a été accidentellement introduit en Europe, puis plus récemment en France avant d'être éradiqué.

Ces analyses ADN facilitent également, pour les études écologiques, l'identification rapide d'échantillons difficiles à conserver. L'analyse massive de la diversité biologique permet aussi de mieux comprendre et de prédire les transformations de cette dernière face aux conditions changeantes actuelles (climat, destruction des forêts, pollution, etc.). Enfin, ces études permettent de proposer de nouvelles hypothèses évolutives concernant la diversification des groupes d'organismes étudiés, leur histoire biogéographique, le conservatisme ou la variation de certains traits d'histoire de vie au cours de leur évolution et de proposer des mécanismes adaptatifs sous-jacents. Enfin, le projet Bibliothèque du vivant contribue directement aux grands projets internationaux de caractérisation de la biodiversité de la planète, tels que le programme Barcode of Life et Tree of Life.

Les bateaux de plaisance, comme les navires marchands, sont des vecteurs d'introduction majeurs en milieu marin comme en témoigne la coque de ce bateau richement colonisée par des espèces indigènes et non indigènes !



DE NOMBREUSES ESPECES VOYAGENT EN EMPRUNTANT LES ROUTES DU COMMERCE MONDIAL

Emprisonnées dans les ballasts ou accrochées sous les coques des navires, des centaines d'espèces voyagent à travers le monde.

En Europe, plus d'un millier d'espèces marines ont été introduites volontairement ou accidentellement par les activités humaines, depuis des provenances aussi diverses que l'océan Pacifique-Nord, l'océan Indien ou les côtes est de l'Amérique du Nord. Les navires de commerce et les bateaux de plaisance agissent comme des vecteurs d'introduction des espèces exotiques ; ils sont de véritables îles mouvantes hébergeant des dizaines, voire des centaines d'espèces sur leur coque ou dans leur ballast. Un contrôle des organismes associés à chaque

navire est d'autant plus difficile qu'un grand nombre d'espèces est transporté à des stades de développement qui les rendent invisibles à l'œil nu, comme c'est le cas par exemple pour les larves de bivalves ou les spores d'algues. De plus, les introductions d'espèces marines sont difficiles à prévenir ou contenir car les courants marins facilitent la propagation des espèces à partir du lieu de leur introduction.

Pourtant, reconnaître, identifier et détecter ces espèces exotiques est essentiel pour alerter sur l'introduction d'une espèce et

suivre son expansion. Des objectifs auxquels l'approche métacode-barres sur l'ADN environnemental permettrait de répondre en déterminant l'ensemble des espèces présentes dans les ballasts. En effet, lorsque les cargos ou les pétroliers font un voyage de retour à vide, ils remplissent d'eau de mer leur ballast (jusqu'à 200 000 tonnes), pour assurer leur stabilité, et le vident au point de chargement. On estime que 10 milliards de m³ d'eau de mer sont ainsi transportés d'un bout à l'autre de la planète chaque année, avec tous les organismes que contient cette eau : virus, bactéries, plancton, larves d'invertébrés et même poissons. Ainsi, le cténophore *Mnemiopsis leidyi* (sorte de petite méduse), originaire des estuaires de l'Atlantique américain, a été introduit en mer Noire au début des

années 1980, via les eaux de ballast d'un navire en provenance d'un port américain. La sensibilité de détection de l'approche métacode-barres à partir d'échantillons d'eau ou de matériau prélevés sous les coques des bateaux permettrait aussi de détecter ces espèces exotiques alors qu'elles sont encore très rares. Si certains verrous techniques, comme le dénombrement exhaustif des espèces présentes dans un échantillon, et méthodologiques, comme l'archivage dans des bases de données mondiales, restent encore à lever, ces stratégies de suivi de populations non indigènes ont déjà fait leur preuve dans les domaines de la santé humaine et animale pour le suivi des populations pathogènes ou vectrices de pathogènes (moustiques vecteurs de bactéries ou parasites pathogènes).

FOCUS

COMMENT LES TERMITES DIGÈRENT-ILS LE BOIS ?

Digérer du bois n'est pas donné à tout le monde. Grâce à des micro-organismes uniques en leur genre, les termites ont cette capacité.

La matière végétale représente une part très importante de la biomasse sur Terre. Pourtant, peu d'animaux sont capables de s'en nourrir exclusivement. Pour cause, les trois principaux constituants du végétal – la cellulose, l'hémicellulose et la lignine – forment des fibres de lignocellulose extrêmement difficiles à dégrader. Les termites, ces insectes sociaux apparus il y a environ 150 millions d'années sont, eux, capables de dégrader plus de 90 % de la cellulose et de l'hémicellulose ingérées. Cette efficacité de dégradation est exceptionnelle. Chez les ruminants par exemple, le



Le microbiote des termites les aide à digérer le bois dont ils se nourrissent : termites (Reticulitermes grassei) à gauche ; termitière dans la savane du Cameroun à droite.



pourcentage de dégradation de la matière végétale est rarement supérieur à 30% alors que ceux-ci n'ingèrent que de l'herbe, plus facile à dégrader que le bois !

Le régime alimentaire spécialisé des termites dépend de la présence de micro-organismes dans leurs intestins. La génomique environnementale a permis d'explorer la diversité et la fonction de ce microbiote intestinal qui se compose de milliers d'espèces de procaryotes (des bactéries et des archées) ainsi que des eucaryotes unicellulaires (des protistes). Ces micro-

organismes sont transmis verticalement quand les larves de termites ingèrent un liquide anal riche en symbiotes produit par leurs parents.

La cellulose est découpée par des enzymes appelées cellulases. Des travaux originaux de métagénomique ont montré que les cellulases produites par les termites coupent la cellulose par son milieu, tandis que les cellulases des symbiotes la découpent à partir des extrémités. En plus d'être complémentaires, ces deux activités enzymatiques distinctes sont synergiques

car les produits des cellulases de l'hôte fournissent de nouveaux substrats aux cellulases symbiotiques. C'est probablement cette complémentarité hôte-symbiote et la synergie des systèmes enzymatiques qui permet aux termites de dégrader de manière aussi efficace la cellulose du bois.

Ces recherches sur les cellulases des termites et leurs microbiotes pourraient contribuer à la production industrielle, à partir du bois, de nouveaux biocarburants et de produits biodégradables comme des bioplastiques.



10

Santé environnementale et santé humaine : un duo inséparable

Métaux lourds, pesticides, engrais, antibiotiques, nanoparticules... La liste de polluants émis par l'homme ne cesse de s'allonger, induisant des conséquences de plus en plus lourdes sur la santé humaine et sur l'environnement. La génomique environnementale et les techniques de séquençage à haut débit offrent aujourd'hui la possibilité d'étudier l'impact que peuvent avoir ces différentes sources de pollution sur la biodiversité, d'anticiper les risques et d'envisager des solutions. Elles donnent notamment accès aux communautés microbiennes environnementales et humaines – celles qui peuplent notre peau, nos muqueuses et notre système digestif – qui peuvent favoriser l'émergence de nouvelles maladies ainsi que l'apparition de résistance aux traitements, mais qui aussi nous aident à survivre et à lutter contre de multiples agents pathogènes.

*Baignade dans un milieu profondément transformé
par l'homme : quels risques pour la santé ?*