



LE GÉNOME DE L'OcéAN MONDIAL : UN "CATALOGUE" DES ÊTRES VIVANT DANS L'OcéAN

Elisa Laiolo^{1,2,3*†}, Intikhab Alam^{3†}, Mahmut Uludag³, Tahira Jamil^{1,2,3}, Susana Agusti^{1,2}, Takashi Gojobori³, Silvia G. Acinas⁴, Josep M. Gasol⁴ et Carlos M. Duarte^{1,2,3}

¹Programme de science marine, Division des sciences biologiques et environnementales et de l'ingénierie, Université des sciences et techniques Roi Abdullah (KAUST), Thuwal, Arabie Saoudite

²Centre de recherche de la mer rouge (RSCR), Université des sciences et techniques Roi Abdullah (KAUST), Thuwal, Arabie Saoudite

³Centre de recherche en bioinformatique (CBRC), Université des sciences et techniques Roi Abdullah (KAUST), Thuwal, Arabie Saoudite

⁴Département de biologie marine et d'océanographie, Institut des Sciences de la mer, Conseil national de la recherche espagnole (CSIC), Barcelone, Espagne

†Ces auteurs ont contribué de manière égale à ce travail et se partagent la place de premier auteur

La vie évolue dans les océans depuis bien plus longtemps que sur la terre ferme, ce qui a donné naissance à des organismes océaniques très diversifiés, en particulier des microbes tels que les bactéries et les archées. Les microbes des océans remplissent des fonctions cruciales dont dépend la santé de l'océan et qui influencent finalement le climat de la Terre. Pour comprendre la diversité et les fonctions des organismes marins, les scientifiques ont utilisé une technique puissante, appelée métagénomique, qui analyse l'ADN de tous les organismes présents dans un échantillon d'eau de mer. Dans le cadre de notre recherche, nous avons combiné les résultats de nombreuses études métagénomiques obtenus à partir d'échantillons provenant de différents endroits et de différentes profondeurs dans les océans du monde entier. Cela nous a permis d'établir un génome océanique mondial composé de 317,5 millions de groupes de gènes similaires,

dont environ la moitié a pu être classée par type d'organisme et par fonction. Cette quantité de données sans précédent a beaucoup à nous apprendre sur les différents habitats océaniques et peut aider les scientifiques à répondre à de nombreuses questions sur les organismes océaniques et sur leurs fonctions.

L'OCÉAN, BERCEAU DE LA VIE

L'océan est le plus vaste habitat du monde. Les océans couvrent 71% de la surface de notre planète et contiennent un volume d'eau énorme : 1335 milliards de km³, soit environ 97% de toute l'eau présente sur Terre ! L'océan est également le berceau de la vie : les premières formes de vie sont apparues dans ce monde aquatique il y a environ 3,9 milliards d'années.

De nombreuses sortes d'organismes vivent dans l'océan, des plantes aux animaux en passant par les bactéries et les virus. Tu es probablement plus familier avec les grands animaux marins tels que les baleines, les dauphins et les poulpes, pourtant l'océan contient un large éventail de formes de vie. Les premières formes de vie sur Terre sont nées dans l'océan et n'ont évolué que plus tard pour conquérir le milieu terrestre. La longue histoire évolutive de la vie océanique est illustrée par le fait que, sur les 34 principaux embranchements animaux connus, un seul existe exclusivement sur terre (il s'agit des Onychophora ou vers de velours) [1]. Il n'est pas surprenant, compte tenu de la durée de l'évolution de la vie dans ce milieu, que les océans recèlent une formidable biodiversité, en grande partie inexplorée.

Tous les êtres vivants, qu'ils vivent dans l'océan ou sur la terre ferme, sont classés en deux groupes : les **eucaryotes** dont chaque cellule possède un noyau et d'autres unités fonctionnelles entourées d'une membrane, appelées organites, et les **procaryotes** qui sont des organismes unicellulaires dépourvus de noyau et d'organites spécialisés, séparés en deux domaines du vivant, les bactéries et les archées. Dans les océans, les procaryotes, invisibles à l'œil nu, sont de loin les plus abondants. Ces microbes océaniques comprennent deux types d'organismes : les bactéries, dont tu as probablement entendu parler, et les **archées**, qui te sont peut-être moins familières. Si les bactéries et les archées ont de nombreux points communs, une caractéristique importante les distingue : les parois cellulaires de nombreuses bactéries contiennent une substance appelée **peptidoglycane**, mais celles des archées en sont totalement dépourvues.

Nous savons qu'il existe plus de deux millions d'espèces de bactéries dans l'océan, mais nous ne savons pas grand-chose d'elles ni des autres types de microbes océaniques. Ces organismes sont extrêmement difficiles à étudier et plus de 99% d'entre eux n'ont jamais été cultivés

EUCARYOTE. Organisme dont les cellules contiennent un noyau et d'autres unités fonctionnelles entourées de membranes, appelées organites. Les animaux, les plantes et les champignons sont des exemples d'eucaryotes.

PROCARYOTE. Organisme unicellulaire qui ne possède pas de noyau distinct ni d'organites. Les procaryotes se répartissent entre deux domaines du vivant : les bactéries et les archées.

ARCHÉES. Micro-organismes unicellulaires procaryotes, comme les bactéries, mais formant un domaine du vivant phylogénétiquement distinct de celui des bactéries

PEPTIDOGLYCANE. Substance formant les parois cellulaires de nombreuses bactéries. Les peptidoglycanes ne sont pas présents dans les parois cellulaires des archées.

MÉTABOLISME. Ensemble des réactions chimiques de transformation d'énergie et de matière à l'intérieur des cellules.

TAQ POLYMÉRASE. Enzyme assurant la polymérisation de l'ADN (allongement de la chaîne de nucléotides en copiant un segment d'ADN) isolée de la bactérie *Thermus aquaticus*. La caractéristique de cette enzyme est d'être résistante à la température élevée (95°C) utilisée pour une des étapes de la PCR et qui permet de séparer les brins complémentaires de l'ADN.

PCR. « Polymerase chain reaction » c'est-à-dire « Amplification en chaîne par polymérase ». Méthode de biologie moléculaire permettant d'obtenir rapidement *in vitro* un grand nombre de copies d'une séquence d'ADN.

GÉNOME. Ensemble des gènes d'un organisme.

SÉQUENÇAGE. Technique de laboratoire qui permet aux scientifiques de "lire" l'information (le code) de l'ADN, qu'il s'agisse de petits segments d'ADN ou du génome entier d'un organisme.

en laboratoire !

POURQUOI LES MICROBES DE L'OcéAN SONT-ILS IMPORTANTS ?

La variété des espèces de bactéries et d'archées est fascinante. Il est important de noter qu'elles ont de nombreuses façons d'obtenir leur énergie. Le **métabolisme** est le mot qui désigne les réactions chimiques qui produisent de l'énergie à l'intérieur de la plupart des cellules. Ces réactions utilisent des sources de "nourriture" pour produire l'énergie dont les cellules ont besoin pour croître, se reproduire et, d'une manière générale, rester en vie. Certaines bactéries et archées utilisent la lumière du soleil pour produire de l'énergie, tandis que d'autres décomposent ou transforment des composés contenant du carbone, de l'azote ou du soufre — des éléments qui affectent la chimie des océans et qui jouent un rôle important dans l'évolution du climat de la Terre [2, 3].

En outre, certains microbes océaniques sont des sources de molécules jouant un rôle clé dans les biotechnologies. Par exemple, une protéine appelée **Taq polymérase** a été isolée à partir de bactéries se développant au fond de l'océan dans de l'eau très chaude près des cheminées hydrothermales, des sortes de geysers des profondeurs. Cette protéine est désormais un élément clé d'un test de laboratoire courant appelé **PCR**, utilisé pour de nombreuses études scientifiques et médicales, y compris pour détecter le virus SARS-CoV-2 qui cause le COVID-19.

Ces exemples suffisent à montrer que, malgré leur taille minuscule, les microbes océaniques (en particulier les bactéries et les archées) sont des habitants de l'océan d'une importance cruciale. Ce qui est encore plus fascinant, c'est que de nombreux microorganismes océaniques et leurs fonctions associées n'ont pas encore été découverts. Que pouvons-nous nous faire pour avoir une idée de tous les organismes qui vivent dans les océans, des eucaryotes aux procaryotes les plus petits et les plus difficiles à étudier ? Ce serait formidable, n'est-ce pas, si nous pouvions simplement prélever des échantillons d'eau ou de sédiments dans l'océan et les analyser rapidement en laboratoire pour découvrir quels types d'organismes y vivent et quelles fonctions ils remplissent ? Eh bien, grâce à une nouvelle technique puissante appelée **métagénomique**, les chercheurs peuvent le faire !

ÉTUDIER LES GÈNES POUR CONNAÎTRE LES ORGANISMES

Tout organisme vivant contient de l'ADN, qui est le support des instructions (les gènes) nécessaires au développement et au fonctionnement de cet organisme. Collectivement, l'ensemble des gènes d'un organisme constitue son **génome**. L'une des principales méthodes utilisées par les scientifiques pour étudier les génomes des organismes (domaine appelé **génomique**) consiste à séquencer leur ADN. Le **séquençage** est une technique de laboratoire qui permet aux

MÉTAGÉNOMIQUE. Étude des génomes de tous les organismes présents dans un échantillon, comme un échantillon d'eau de mer ou de peau humaine.

scientifiques de "lire" les instructions (le code) de l'ADN. Pendant de nombreuses années, le séquençage de l'ADN était un processus long, sujet à erreurs, et les scientifiques ne pouvaient séquencer que de courts fragments d'ADN à chaque expérience ; il fallait donc beaucoup de temps pour lire le génome d'un organisme. Par exemple, le séquençage de l'ensemble du génome humain, appelé Projet du génome humain, a nécessité 13 ans de travail de la part de nombreux scientifiques répartis dans 20 institutions à travers le monde [4].

Au cours des dernières décennies, des avancées techniques étonnantes dans le domaine du séquençage de l'ADN ont non seulement rendu le séquençage du génome entier plus rapide, plus facile et moins cher, mais ont également permis au domaine de la **métagénomique** d'exploser. « Meta » signifie « plus grand » ou « au-delà ». Ainsi, la métagénomique va au-delà de l'étude du génome d'un seul organisme : elle permet l'étude de l'ensemble des informations génétiques de tous les organismes contenus dans un échantillon prélevé dans un environnement, comme l'eau ou le sol. Grâce aux techniques de métagénomique, les scientifiques peuvent séquencer l'ensemble de l'ADN d'un échantillon d'eau de mer pour déterminer le génome global de cet échantillon, c'est-à-dire la séquence de tous les gènes de tous les organismes présents dans cet échantillon. Ces informations permettent aux scientifiques de savoir quels types d'organismes sont présents et quelles fonctions écologiques importantes ils remplissent dans les habitats océaniques [5] !

LE POUVOIR DE LA MÉTAGÉNOMIQUE : QUI VIT DANS L'OCÉAN ET QU'Y FAIT-IL ?

La première étude métagénomique de l'océan a été réalisée par la Sorcerer II Global Ocean Sampling Expedition, en 2003-2004, et a analysé une communauté de plancton marin. Au cours des dix dernières années, d'autres expéditions ont eu lieu, notamment l'expédition TARA Ocean, qui a recueilli 243 échantillons provenant de 68 sites entre 2009 et 2013, principalement dans la partie supérieure de l'océan. L'analyse métagénomique de ces échantillons a permis d'identifier 33,3 millions de gènes ! (Par comparaison, le génome humain contient environ 30 000 gènes.) D'autres études, notamment l'expédition Malaspina, le programme Ocean Sampling Day [6] et le Hawaii Ocean Time Series, ont approfondi ces résultats en échantillonnant d'autres océans, des habitats marins particuliers, et différentes profondeurs.

Il est important de savoir que l'environnement océanique n'est pas le même de la surface au fond de l'océan ; on identifie trois zones selon la profondeur (superficielle, mésopélagique, crépusculaire) et la zone benthique qui correspond au plancher de l'océan et l'eau juste au-dessus (Figure 1A.)

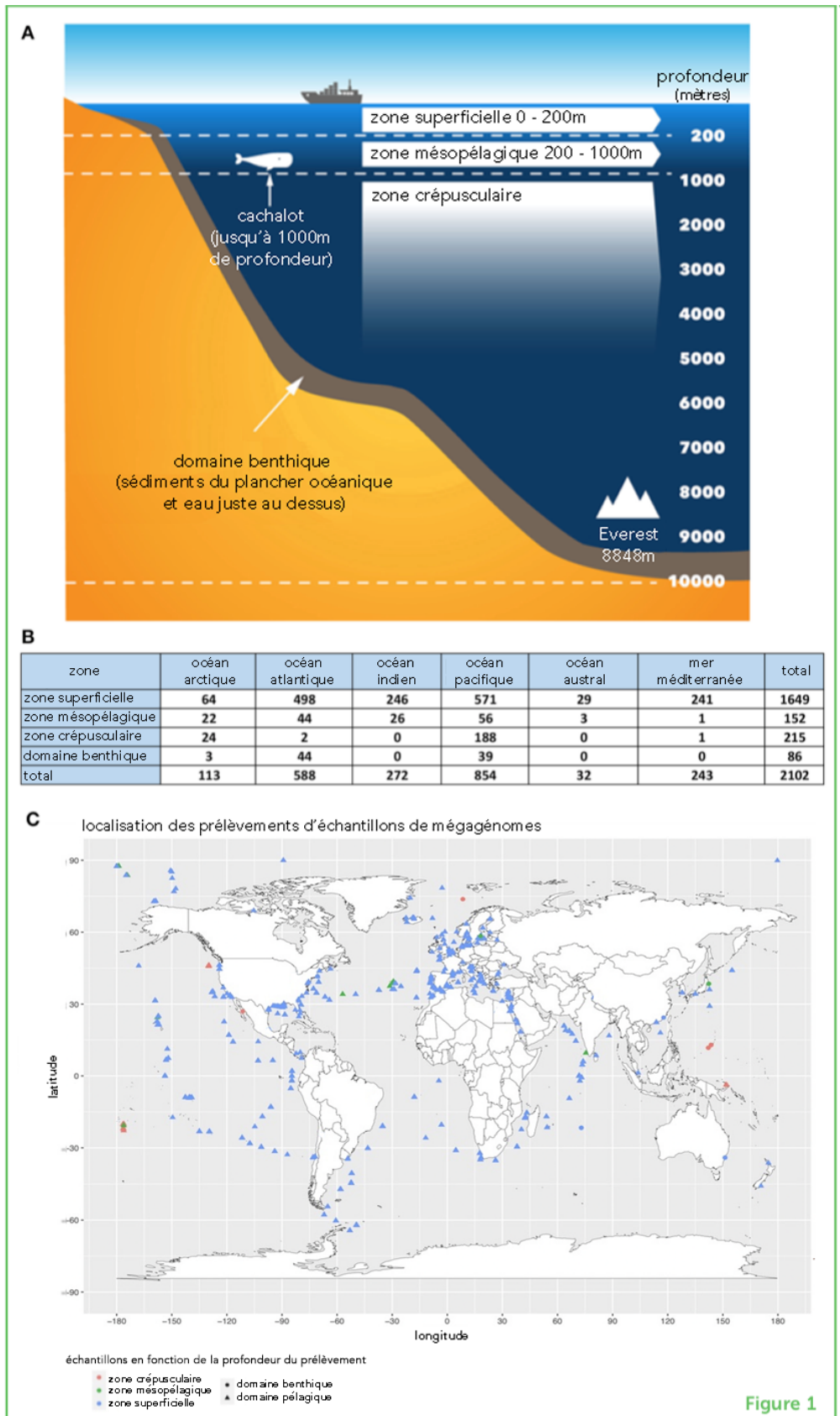


Figure 1

Figure 1. (A) Zones océaniques et profondeurs. La profondeur des océans atteint 10 000 mètres alors qu'en surface la plus haute montagne (le Mont Everest) atteint près de 9 000 mètres. (B) Nombre et répartition des échantillons en fonction de la localisation des prélèvements dans différents océans et mers. Certains océans, comme l'océan Austral, certaines zones de profondeur, comme la zone crépusculaire, et la zone benthique, sont sous-représentés dans ces échantillons. (C) Localisation des sites de prélèvement des échantillons.

GÈNES ANNOTÉS. Les gènes qui ont été classés selon le type d'organisme auquel ils appartiennent et les fonctions des protéines qu'ils codent.

Dans le cadre de notre recherche, nous avons combiné les données de métagénomiques provenant de 2 102 échantillons océaniques recueillis lors d'études antérieures (**Figure 1 B, C**), afin d'établir un "catalogue" complet du génome océanique mondial, appelé KMAP Global Ocean Gene Catalog 1.0.

Ce catalogue contient une quantité étonnante d'informations : 317,5 millions de groupes de gènes (collections de gènes similaires regroupés selon leur fonction), dont environ la moitié est **annotée**, c'est-à-dire composée de gènes qui ont été classés selon le type d'organisme auquel ils appartiennent et les fonctions des protéines qu'ils codent.

LES BACTÉRIES : PRINCIPAUX ACTEURS DE L'OcéAN

En nous concentrant sur les groupes de gènes annotés (ceux que nous pouvons relier à un type d'organisme particulier et pour lesquels nous disposons d'informations fonctionnelles), nous avons constaté que, dans l'ensemble des échantillons océaniques, 78,34% des gènes annotés provenaient de bactéries, 12,16% d'eucaryotes, 6,05% d'archées et 3,44% de virus (**Figure 2A**).

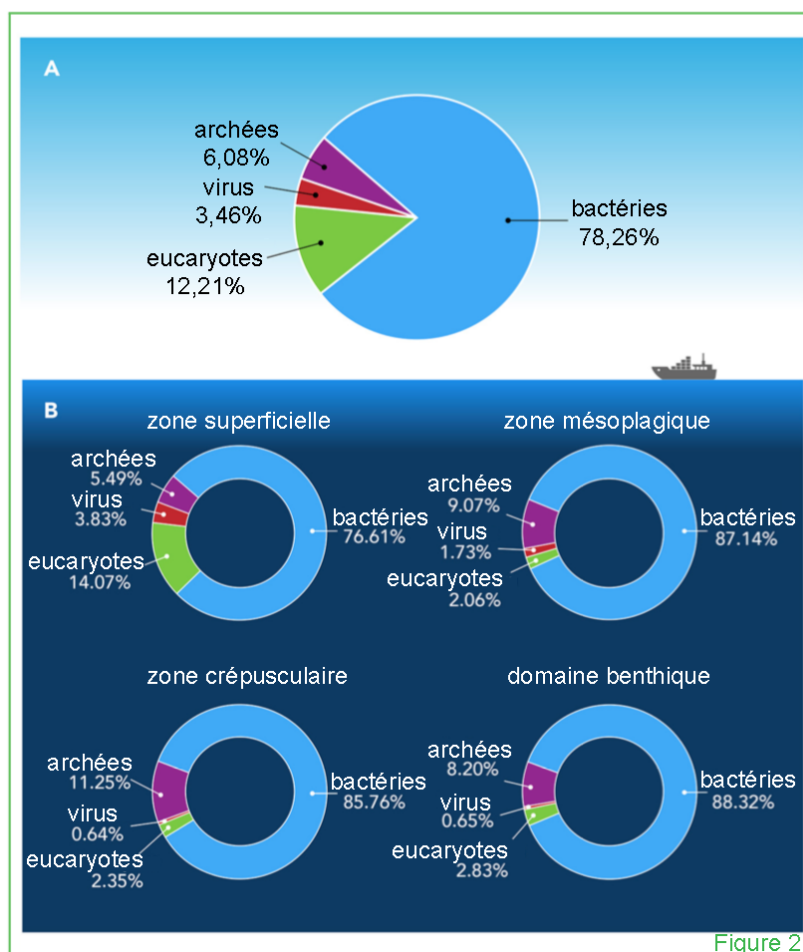


Figure 2

Figure 2. (A) Abondance globale des gènes des quatre principaux types d'organismes dans l'ensemble des échantillons étudiés. (B) L'abondance des gènes de chaque type d'organisme diffère entre les différentes zones de profondeur et entre ces zones et la zone benthique. Cela nous indique que chaque zone de l'océan forme un habitat unique avec des conditions de croissance spécifiques, dans lequel certains organismes peuvent prospérer.

NICHE ÉCOLOGIQUE.
Ensemble des conditions (biotiques et abiotiques) permettant à une espèce de se maintenir en tant que population dans un écosystème

GAZ À EFFET DE SERRE. Gaz présents dans l'atmosphère terrestre qui retiennent la chaleur du soleil et l'empêchent de s'échapper dans l'espace.

RÉCHAUFFEMENT CLIMATIQUE. Augmentation de la température moyenne de la Terre causée par les gaz à effet de serre présents dans l'atmosphère.

Si les gènes de bactéries étaient dominants dans toutes les zones des océans, les quatre grands types d'organismes océaniques n'étaient pas répartis uniformément dans toutes les zones — la zone benthique et les différentes zones de profondeur du domaine océanique contenaient des proportions différentes de gènes de chaque type d'organisme (**Figure 2B**). Cela n'est pas surprenant car les conditions environnementales varient d'une zone de profondeur à l'autre, notamment en ce qui concerne la quantité de lumière disponible, et cela crée une variété de **niches écologiques** uniques dans lesquelles certains types d'organismes peuvent prospérer.

LE MÉTABOLISME DES MICROBES PEUT INFLUENCER LE CLIMAT DE LA TERRE

Le métabolisme microbien maintient les océans en bonne santé en modulant les flux de nutriments et d'énergie. Comme nous l'avons déjà mentionné, certains processus métaboliques microbiens influencent le cycle des éléments (comme le carbone), et ces éléments peuvent influencer le climat de la Terre. Nous avons donc regardé de manière approfondie les gènes liés au métabolisme dans notre catalogue de gènes annotés. Dans les échantillons du domaine benthique, 41,3% des groupes de gènes étaient impliqués dans des processus métaboliques, contre seulement 25% dans les autres communautés. Cela nous indique qu'il se passe beaucoup de choses dans cette région de l'océan communément négligée et sous-étudiée !

Lorsque nous avons trié les gènes annotés liés au métabolisme dans les échantillons en fonction des substances métabolisées, nous avons constaté que 50% d'entre eux participaient à un métabolisme lié au carbone (**Figure 3**). Les molécules contenant du carbone, comme le dioxyde de carbone (CO_2) et le méthane (CH_4), sont des **gaz à effet de serre** qui contribuent au **réchauffement de la planète**.

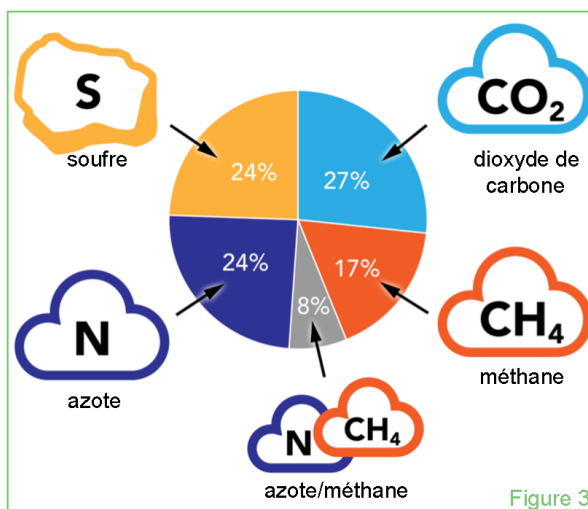


Figure 3

Figure 3. Dans l'ensemble des échantillons, plus de 50% des gènes de métabolisme sont liés à un métabolisme du carbone (CO_2 et CH_4). Des gènes impliqués dans le métabolisme de l'azote (N) et du soufre (S) étaient également bien représentés.

HYDRATE DE CARBONE.
Substance composée de
carbone, d'hydrogène et
d'oxygène (glucide).

Certaines bactéries et algues peuvent utiliser la photosynthèse pour transformer le CO₂ en **hydrates de carbone** grâce à la lumière du soleil, éliminant ainsi le CO₂ de l'atmosphère. Mais la photosynthèse n'est pas la seule voie utilisée par les organismes océaniques pour métaboliser le carbone ! Les voies de métabolisation du méthane, par exemple, ne nécessitent pas de lumière et peuvent fonctionner dans les profondeurs de l'océan et dans le domaine benthique, où la lumière ne pénètre pas. Certaines de ces voies ont été découvertes très récemment et les scientifiques ont encore beaucoup à apprendre à leur sujet.

LA MÉTAGÉNOMIQUE : L'AVENIR DE LA RECHERCHE OCÉANIQUE ?

Le KMAP Ocean Gene Catalog 1.0 comprend environ 163 millions de groupes de gènes annotés, ce qui nous fournit une quantité extraordinaire d'informations sur les types d'organismes vivant à différentes profondeurs de l'océan et sur les fonctions qu'ils remplissent. Le génome de l'océan mondial est bien plus qu'un simple catalogue des nombreux organismes qui y vivent et de leurs fonctions. Il peut améliorer notre compréhension de l'océan et nous fournir une "base de référence" pour évaluer les effets des perturbations humaines susceptibles de modifier l'équilibre délicat de l'océan, notamment la pollution, la surpêche et l'exploitation minière de l'océan.

Bien que le séquençage et l'étude du génome de l'océan mondial aient commencé depuis un certain temps, deux facteurs ont limité l'ampleur de ces études : la technologie et le coût de ces recherches. Les percées récentes dans le domaine des technologies de séquençage ont permis de mettre au point des appareils plus rapides, plus précis et plus portables [7]. La portabilité est particulièrement importante pour les scientifiques marins, car les appareils portables peuvent être utilisés à bord des navires de recherche. Les progrès dans la technologie du séquençage ont également permis d'en réduire considérablement le coût. Dans le passé, les scientifiques devaient poser des questions plus restreintes et choisir avec soin les expériences de séquençage à réaliser, car ces recherches étaient extrêmement chères. Aujourd'hui, une technologie de séquençage moderne et peu coûteuse permet une collecte relativement simple de données sur le génome à une échelle sans précédent. Ces données peuvent aider les scientifiques à répondre à des questions sur la vaste gamme des bénéfices fournis par les écosystèmes des organismes océaniques pour maintenir notre planète entière, et nous-mêmes, en bonne santé.

Tu te poses des questions sur les organismes océaniques et leurs fonctions ? Les futures études du métagénome mondial des océans y apporteront peut-être des réponses !

REMERCIEMENTS

Cette recherche a été soutenue par l'Université des sciences et

techniques Roi Abdullah, par le biais d'un financement concurrentiel accordé au Centre de recherche en bioinformatique. Coécrit par Susan Debad, docteur en sciences, diplômée de la Graduate School of Biomedical Sciences de l'Université du Massachusetts (États-Unis) et rédactrice/éditrice scientifique chez SJD Consulting, LLC.

ARTICLE SOURCE

Laiolo, E., Alam, I., Uludag, M., Jamil, T., Agusti, S., Gojobori, T., et. al. 2024. Metagenomic probing toward an atlas of the taxonomic and metabolic foundations of the global ocean genome. *Front. Sci.* 1:1038696. doi: 10.3389/fsci.2023.1038696

RÉFÉRENCES

- [1] Jaume D., and Duarte C. M. 2006. *General Aspects Concerning Marine and Terrestrial Biodiversity. The Exploration of Marine Biodiversity–Scientific and Technological Challenges*. Bilbao: Fundación BBVA.
- [2] Venter, J. C., Remington, K., Heidelberg, J. F., Halpern, A. L., Rusch, D., Eisen, J. A., et al. 2004. Environmental genome shotgun sequencing of the Sargasso Sea. *Science* 304:66–74. doi: 10.1126/science.1093857
- [3] Rusch, D. B., Halpern, A. L., Sutton, G., Heidelberg, K. B., Williamson, S., Yooseph, S., et al. 2007. The sorcerer II global ocean sampling expedition: Northwest Atlantic through eastern tropical pacific. *PLoS Biol.* 5:e77. doi: 10.1371/journal.pbio.0050077
- [4] Wikipedia. 2022. Human Genome Project. Available online at: https://en.wikipedia.org/wiki/Human_Genome_Project (accessed January 18, 2023).
- [5] Escobar-Zepeda, A., Godoy-Lozano, E. E., Raggi, L., Segovia, L., Merino, E., Gutiérrez-Rios, R. M., et al. 2018. Analysis of sequencing strategies and tools for taxonomic annotation: defining standards for progressive metagenomics. *Sci. Rep.* 8:12034. doi: 10.1038/s41598-018-30515-5
- [6] Kopf, A., Bicak, M., Kottmann, R., Schnetzer, J., Kostadinov, I., Lehmann, K., et al. 2015. The ocean sampling day consortium. *GigaSci.* 4:27. doi: 10.1186/s13742-015-0066-5
- [7] Tyler, A. D., Mataseje, L., Urfano, C. J., Schmidt, L., Antonation, K. S., Mulvey, M. R., et al. 2018. Evaluation of oxford nanopore's MinION sequencing device for microbial whole genome sequencing applications. *Sci. Rep.* 8:10931. doi: 10.1038/s41598-018-29334-5

VERSION FRANÇAISE

Cet article d'accès libre est une traduction avec modifications d'un article publié par Frontiers for Young Minds (doi : 10.3389/frym.2023.1052361 ; Laiolo E, Alam I, Uludag M, Jamil T, Agusti S, Gojobori T, Acinas SG, Gasol JM and Duarte CM (2024) The Global Ocean Genome: A "Catalog" of Ocean Life. *Front. Young Minds.* 12:1052361).

TRADUCTION : Nicole Pasteur, Association Jeunes Francophones et la Science

ÉDITION : Catherine Braun-Breton, Association Jeunes Francophones et la Science

MENTORS SCIENTIFIQUES : Marie Péquignot et Ula Hibner

REMERCIEMENTS : Merci à Laurent Laval pour son accueil et son implication dans l'édition de cet article par ses élèves.

JEUNES ÉDITEURS :

ILYÈS, RAYAN, ALÈS, EVE, MARTIN, RUSLAN, ALEXIS, RAPHAËL, JUSTIN, EULALIE, ISALINE, BARBARA, SARAH, SOFIYA, SIDRA, 16-17 ANS

Nous sommes un groupe de lycéennes et de lycéens en spécialité scientifique à Montpellier, dans le sud de la France. Grâce à notre fabuleux professeur de SVT et sa génialissime assistante, nous sommes passionné·e·s par la biologie et ravi·e·s d'avoir pu découvrir ce sujet passionnant et d'avoir pris part à l'édition de cet article ! L'échange avec une chercheuse a aussi été très instructif

ARTICLE ORIGINAL (VERSION ANGLAISE)

SOU MIS le 23 septembre 2022 ; **ACCEPTÉ** le 6 Janvier 2023

PUBLIÉ EN LIGNE le 16 janvier 2024

ÉDITION : Pedro Morais

MENTORS SCIENTIFIQUES : Luisa Falcon et Gustavo Fonseca

CITATION : Laiolo E, Alam I, Uludag M, Jamil T, Agusti S, Gojobori T, Acinas SG, Gasol JM and Duarte CM (2024) The Global Ocean Genome: A "Catalog" of Ocean Life. *Front. Young Minds.* 12:1052361. doi: 10.3389/frym.2023.1052361

DÉCLARATION DE CONFLIT D'INTÉRÊTS : Les auteurs déclarent que les travaux de recherche ont été menés en l'absence de toute relation commerciale ou financière pouvant être interprétée comme un conflit d'intérêt potentiel.

DROITS D'AUTEURS

Copyright © 2024 Laiolo, Alam, Uludag, Jamil, Agusti, Gojobori, Acinas, Gasol and Duarte

Cet article en libre accès est distribué conformément aux conditions de la licence Creative Commons Attribution (CC BY). Son utilisation, distribution ou reproduction sont autorisées, à condition que les auteurs d'origine et les détenteurs du droit d'auteur soient crédités et que la publication originale dans cette revue soit citée conformément aux pratiques académiques courantes. Toute utilisation, distribution ou reproduction non conforme à ces conditions est interdite.

JEUNES EXAMINATEURS

IGOR, 12 ANS

Je vis au Brésil, sur la plage. J'aime jouer aux Legos, voyager, faire du surf et j'adore lire. Plus tard, je deviendrai architecte et j'aime les sciences. Dans ma maison, j'ai un grand jardin avec une cabane dans les

arbres.

SEBASTIAN, 13 ANS

J'aime le sport, la lecture, les mathématiques, la physique et tout ce qui touche à l'espace !

AUTEURS

ELISA LAIOLO

Elisa est doctorante à l'Université des sciences et techniques Roi Abdullah (KAUST), sous la supervision du professeur Carlos M. Duarte. Elle a obtenu sa licence en sciences biologiques à l'Université polytechnique des Marches, à Ancône, Italie, en 2018, et sa maîtrise en biologie marine dans la même université en 2020. Au cours de ses études de licence et de maîtrise, Elisa a commencé à utiliser la métagénomique pour étudier la diversité microbienne dans un large éventail d'environnements aquatiques et pour comprendre les fonctions de ces microbes, à la fois en termes de métabolisme et de substances qu'ils produisent. L'écologie microbienne a toujours été le principal domaine d'intérêt d'Elisa et ses études actuelles se concentrent sur l'utilisation de la métagénomique pour étudier les fonctions des communautés microbiennes dans les sédiments, avec une attention particulière pour les habitats côtiers qui peuvent stocker le carbone dans leurs plantes et leurs sédiments. *elisa.laiolo@kaust.edu.sa

INTIKHAB ALAM

Intikhab est bioinformaticien au Centre de recherche en bioinformatiques (CBRC) de l'Université des sciences et techniques Roi Abdullah depuis 2010. Il a obtenu son doctorat en bioinformatique à l'Université de Bielefeld, en Allemagne, en 2004, et son master en biologie moléculaire au Centre d'excellence en biologie moléculaire de l'Université du Punjab, au Pakistan. Intikhab développe des moyens d'attribuer des informations taxonomiques et fonctionnelles aux gènes provenant de nouveaux génomes ou métagénomes, afin de les comparer à des bases de données de référence à l'aide de superordinateurs tels que Shaheen et ses groupes d'ordinateurs associés. Il élabore des catalogues de gènes à partir de données métagénomiques accessibles au public.

MAHMUT ULUDAG

Mahmut Uludag est développeur de logiciels à l'Université des sciences et techniques Roi Abdullah. Il s'intéresse à l'amélioration de l'accessibilité et de l'interprétation des résultats de recherche à l'aide de technologies logicielles libres, telles que la plateforme de recherche Solr et la bibliothèque d'apprentissage automatique Weka.

TAHIRA JAMIL

Tahira Jamil est chercheuse à l'Université des sciences et techniques Roi Abdullah (KAUST). Elle se passionne pour la science des données et

l'analyse des Mégadonnées. Lorsqu'elle travaillait à Amsterdam, elle a développé et mis en œuvre un programme de modèles bayésiens pour analyser les données qualitatives avec des logiciels statistiques libres d'accès. À la KAUST, elle a travaillé sur divers projets d'analyse de données environnementales et biologiques. Elle a analysé l'effet de multiples facteurs de stress sur l'écosystème du récif corallien de la mer Rouge. Elle utilise les vagues de chaleur marines pour identifier les zones de récifs coralliens susceptibles de blanchir, en utilisant la mer Rouge comme système modèle. Elle a travaillé sur les données de séquençage des génomes, collaboré au catalogue mondial des gènes de la biosphère et réalisé des analyses métagénomiques sur le SRAS-CoV-2, les enzymes dégradant le plastique et les gènes de résistance aux antibiotiques.

SUSANA AGUSTI

Susana Agusti est professeure de sciences marines à l'Université des sciences et techniques Roi Abdullah, au centre de recherche de la mer Rouge (Arabie saoudite). Elle a été auparavant professeur à l'Institut des océans de l'UWA, à l'École de biologie végétale et au Conseil national de la recherche espagnol, et professeur adjoint à l'Université de Tromsø (Norvège). Elle est titulaire d'une licence et d'un doctorat de l'Université autonome de Madrid. Elle a participé à des expéditions océanographiques dans les océans polaires Arctique et Antarctique, ainsi que dans les océans Atlantique, Indien et Pacifique. Elle étudie également la mer Rouge, l'une des mers les plus chaudes de la planète. La professeure Agusti étudie le plancton photosynthétique et l'équilibre métabolique des océans, dans le but d'évaluer l'impact du changement climatique sur les océans. Elle étudie également la sensibilité des organismes marins à l'augmentation de la température de l'eau et à d'autres facteurs de stress, tels que les rayons UV-B, les polluants persistants et les combinaisons de facteurs de stress.

TAKASHI GOJOBORI

M. Gojobori est professeur émérite à l'Université des sciences et techniques Roi Abdullah. Ses recherches portent sur la génomique comparative et l'expression génétique des cellules nerveuses dans les organes sensoriels de divers organismes, ainsi que sur la métagénomique marine d'une grande diversité de micro-organismes. Il cherche à élucider l'origine évolutive du génome et la manière dont il peut être utilisé pour le développement de la bioénergie. Il est membre de plusieurs académies prestigieuses.

SILVIA G. ACINAS

Silvia G. Acinas est chercheuse à l'Institut de sciences de la mer à Barcelone. Elle adore travailler avec les petits microbes vivants sur Terre, les procaryotes (bactéries et archées). Elle a obtenu son doctorat à Alicante, en Espagne, en étudiant la diversité des bactéries et des

archées dans les écosystèmes marins. Après son doctorat, Silvia s'est installée aux États-Unis pendant sept ans, dont cinq au Massachusetts Institute of Technology, où elle a découvert à quel point les génomes microbiens peuvent être différents, même entre des espèces étroitement apparentées. Cela a éveillé sa fascination pour les mécanismes évolutifs à l'origine de la spéciation chez les microbes. Elle travaille actuellement à la compréhension de l'évolution et de la diversité génétique et fonctionnelle des bactéries dans les écosystèmes marins polaires, qui sont menacés par le changement climatique.

JOSEP M. GASOL

Josep M. Gasol est professeur de recherche à l'Institut des sciences de la mer à Barcelone. Il s'est passionné pour les habitants microbiens des milieux aquatiques lors de ses études de biologie et a commencé à travailler sur un minuscule lac rouge (20 m de diamètre !) en Catalogne. Ce lac étant un peu trop petit, il s'est tourné vers de nombreux lacs de la région de Montréal et du sud du Québec au cours de son travail postdoctoral. Lorsque ces derniers sont devenus trop petits, il a décidé que l'océan était le plus grand écosystème de la Terre et s'est passionné pour les microbes océaniques. Il aime toujours les environnements d'eau douce et a également travaillé sur des lacs de montagne et des lacs salins, petits et grands, en Amérique du Sud, en Afrique et dans les Pyrénées. Pep s'intéresse maintenant aux eaux souterraines à l'interface terre-océan. Son travail sur l'océan combine la recherche sur un site côtier à long terme (l'Observatoire microbien de la baie de Blanes) et les grandes croisières océanographiques (comme le Malaspina), et ses approches vont de l'observation à l'expérimentation. Il aime aussi observer les oiseaux !

CARLOS M. DUARTE

Carlos est professeur émérite à l'Université des sciences et techniques Roi Abdullah. Après avoir documenté pendant près de quarante ans l'impact des pressions humaines sur les organismes marins, Carlos espère être le « fer de lance » d'un effort scientifique mondial visant à rétablir l'abondance de la vie marine. Ses recherches se caractérisent par l'indépendance, la créativité, et le lien entre plusieurs disciplines, ainsi que par sa capacité d'organiser et de collaborer avec de grandes équipes interdisciplinaires. Il adore les chiens et aime être en mer, lire, nager, faire de la plongée en apnée, marcher et jouer avec son petit-fils, Oliver.