



HAL
open science

Branches méconnues du vivant

Sarah Samadi, F. Not, Laure Bonnaud-Ponticelli

► **To cite this version:**

Sarah Samadi, F. Not, Laure Bonnaud-Ponticelli. Branches méconnues du vivant. Stéphanie Thiébault; José-Miguel Sánchez-Pérez; Clément Blondel; Mounia Mansouri; Floriane Vidal; Elodie Vignier. Perspectives de l'Institut Écologie et environnement du CNRS, CNRS, pp.61-69, 2017, Les Cahiers Prospectives. hal-03895328

HAL Id: hal-03895328

<https://hal.science/hal-03895328>

Submitted on 4 Jan 2023

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



BRANCHES MÉCONNUES DU VIVANT

Auteurs : Sarah Samadi, Fabrice Not, Laure Bonnaud-Ponticelli

*Contributeurs : Karine Alain, François Criscuolo, François Delavat, Damien de Vienne, Manolo Gouy
Christine Paillard Vianney Pichereau, Christophe Robaglia*

Les progrès des technologies de séquençage à haut débit ont récemment renouvelé les méthodes de prospection de la biodiversité. Ces données, en révélant l'existence d'une abondance extraordinaire d'organismes inconnus, ont largement confirmé le changement de paradigme sur la magnitude de la biodiversité, initié par les travaux de Erwin en 1982 (Erwin 1982). Dans le même temps, les études de génomique, de biologie cellulaire et de physiologie sur des organismes non modèles mettent en exergue une grande diversité des mécanismes mis en place au cours de l'évolution. Ces données soulignent la nécessité d'accroître l'exploration du vivant notamment pour les applications en écologie.

La connaissance des communautés est en effet indissociable de la connaissance des organismes qui les composent. Comprendre le fonctionnement et la dynamique des écosystèmes implique de connaître la diversité des communautés, mais aussi les interactions fonction-

nelles entre ses composantes. Face aux changements globaux, l'enjeu est de mieux appréhender la réponse et le devenir de ces organismes dans les écosystèmes en lien avec les variations des paramètres affectés par ces évolutions. Se dessine ainsi un double enjeu : identifier l'ensemble des acteurs, particulièrement les inconnus, et mieux caractériser le fonctionnement et les interactions de l'ensemble des acteurs. Au-delà de la nécessité de continuer l'exploration de la diversité du vivant, il est en effet indispensable de corriger le fort tropisme des savoirs fondamentaux (ex. : voies métaboliques, adaptations trophiques, etc.) en faveur de quelques organismes modèles. Ce tropisme induit *in fine*, une forte distorsion dans la compréhension de l'origine évolutive des organismes, de leurs mécanismes d'adaptation à leur environnement biotique et abiotique et ainsi dans la compréhension du fonctionnement et de la dynamique temporelle des écosystèmes.

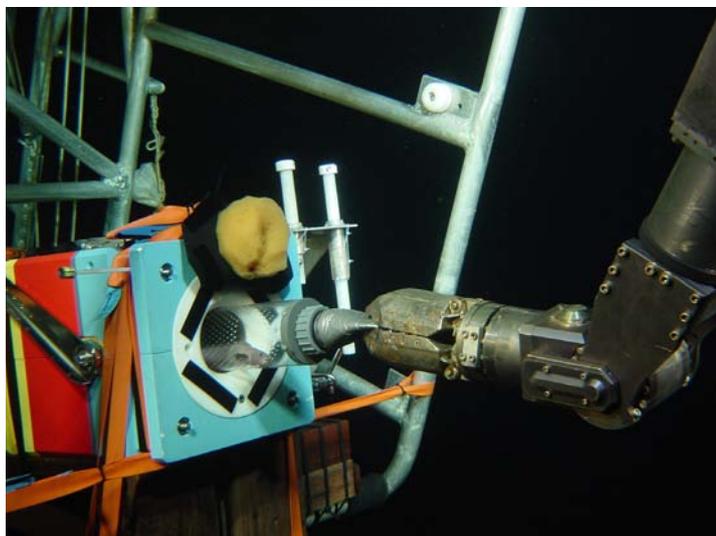
Pourquoi faut-il explorer les branches méconnues du vivant ?

Les lacunes de l'exploration

Les lacunes de l'exploration sont largement liées à l'accessibilité des milieux à échantillonner et/ou aux gammes de tailles des organismes vivants à décrire. Ainsi, l'immensité du milieu marin et sa difficulté d'accès font que son exploration est moins avancée. Les plus grandes découvertes taxinomiques de ces dernières décennies en sont en effet issues : au-delà de l'extraordinaire diversité des archées récemment mise en évidence, à titre d'exemples de nouveaux phylums tels que les *Loricifera* (Kristensen 1983) ou les *Cycliophora* (Funch, Kristensen 1995) ont été découverts, ainsi que de nouvelles classes comme les *Pinguiculyphyceae* (Kawachi et al. 2002) ou les *Thalassoarchaea* (Martin-Cuadrado et al. 2015). De même, ce déficit de connaissances se traduit

par des révisions taxinomiques spectaculaires, aussi bien au sein des métazoaires (Johnson et al. 2009, Rouse 2001) que des protistes (Biard et al. 2015). Dans le milieu marin, les environnements pélagiques, côtiers et les environnements qualifiés d'extrêmes (fosses abyssales, sources hydrothermales) ont concentré le plus d'attention. Le domaine aphotique (où plus aucune lumière n'arrive, donc sans possibilité de photosynthèse) reste encore largement méconnu : c'est par exemple dans le milieu mésopélagique (entre 200 et 1000 m de profondeur) que l'on trouve le plus de gènes inconnus chez les procaryotes planctoniques (Sunagawa et al. 2015) ; de la même manière, la faune interstitielle et les microorganismes en milieux benthiques restent peu étudiés à ce jour.

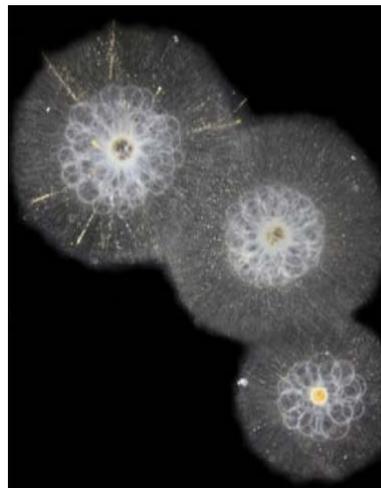
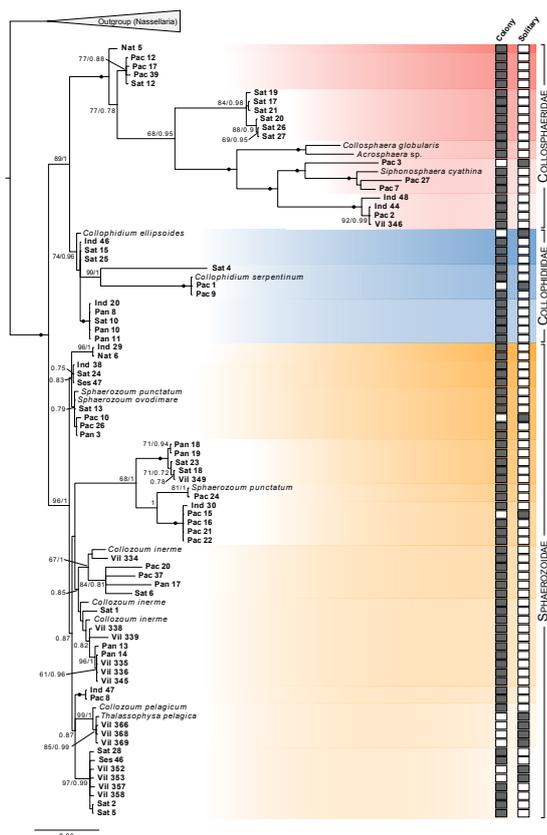
Fig. 1 : prélèvement d'un poisson zoarcidé hydrothermal (*Pachycara saldanhai*), par 2300 m de profondeur, au moyen de la cellule de récolte sous pression PERISCOPE. Le poisson est d'abord prélevé (par aspiration) dans un cylindre d'échantillonnage introduit dans le PERISCOPE, lui-même arrimé à un ascenseur.
Copyright : Ifremer



Certains biomes terrestres, comme les forêts tropicales, sont également peu explorés et méconnus et pourraient apporter des résultats surprenants notamment pour ce qui concerne les organismes parasites (Mahé et al. 2017). On citera également le sol dont l'étude a débuté par des projets tels que « MetaSoil », et pour lequel les problématiques de connaissances de la diversité du vivant rejoignent largement celles associées au milieu benthique marin. De même la plupart des écosystèmes aux interfaces (e.g.

air et nuage (Womack, Bohannon, Green 2010) ; canopée et rhizosphère) sont méconnus tant en terme de diversité taxinomique que fonctionnelle. L'exploration de ces compartiments, peu accessibles, ne fait que commencer.

Une grande part de la diversité du vivant se situe dans les petites gammes de tailles (notamment les micro-organismes mais aussi les organismes pluricellulaires de petite taille, < ca. 1 mm tels que ceux de la méiofaune). Ces compartiments peu visibles sont pourtant



Les lacunes de connaissances de l'arbre du vivant

Fig. 2 : Gauche : Phylogénie moléculaire des Collozoaires (Radiolaires) basée sur l'ADNr 18 et 28S. Les Collozoaires sont des protistes marins qui représentent une biomasse importante en milieu pélagique. Les séquences en gras (75 sur les 88 séquences) correspondent à des spécimens pour lesquels aucune information n'était disponible avant cette étude. Figure modifiée de Biard *et al.* 2015. Droite : Trois spécimens de Collozoaires avec leurs microalgues symbiotiques (nombreux petits points dorés), chaque spécimen mesure environ 1 mm.

des acteurs clés dans le fonctionnement des écosystèmes : ils participent aux grands cycles biogéochimiques sur la planète et interviennent dans le fonctionnement biologique d'autres organismes. Le déficit de connaissances sur les micro-organismes résulte à la fois : 1) de difficultés liées à la collecte adéquate de chaque classe de tailles, 2) de problématiques liées à la caractérisation taxinomique insuffisante (ce qui peut être le cas aussi bien avec des caractères morphologiques que moléculaires). Si les micro-organismes en milieux marins ont été particulièrement présents dans les thématiques de cet atelier, à l'autre bout de l'échelle de taille, la biologie et la physiologie d'organismes de très grande taille, comme par exemple le calmar géant *Architeuthis dux*, échappent aux outils actuellement disponibles et n'ont été observés *in situ* que très récemment (Kubodera, Mori 2005).

L'établissement des relations phylogénétiques des organismes, quelle que soit l'échelle taxinomique considérée, est souvent basé sur un échantillonnage restreint au regard de la diversité connue (et *a fortiori* inconnue) du taxon étudié (Hinchliff *et al.* 2015). Or, l'établissement d'un cadre phylogénétique robuste est un prérequis des approches comparatives. Pour que ces approches permettent d'apporter des explications évolutives à l'échelle des organismes et des écosystèmes, il est nécessaire que ce cadre phylogénétique soit établi sur un échantillonnage taxinomique dense, représentatif de la diversité réelle, et donc sans *a priori* adaptatif fort (Kuraku *et al.* 2016). Ce biais de représentation résulte le plus souvent 1) de contraintes expérimentales – comparaison avec des modèles biologiques expérimentalement bien maîtrisés, issus de milieux faciles d'accès pour la collecte et l'expérimentation – et 2) d'*a priori* évolutifs forts sur l'origine commune des organismes du milieu étudié. La distorsion s'explique également par d'autres causes : esthétiques (parmi les insectes, les coléoptères et les lépidoptères sont bien mieux étudiés que les hémiptères), contingentes (les moustiques ont été particulièrement étudiés parce qu'ils sont vecteurs de maladies), historiques (certains milieux ont été mieux explorés pour des raisons sans lien avec leur biodiversité).

Le séquençage à haut débit d'échantillons environnementaux, a notamment révélé une diversité inconnue et insoupçonnée à divers niveaux taxinomiques. L'effort d'investigation doit cependant être poursuivi et des développements méthodologiques, notamment sur la préparation des échantillons et l'analyse de données, associés à ces techniques de séquençage sont nécessaires. Par exemple, dans les clades où les transferts horizontaux sont fréquents (micro-organismes en particulier), nombre d'entre eux se produisent entre des espèces connues et des espèces inconnues. La réconciliation de l'histoire évolutive de ces gènes transférés à l'histoire évolutive des espèces qui les portent pourrait permettre de détecter la présence de ces groupes « fantômes » et de les positionner dans l'arbre de la vie¹. Par ailleurs, afin de contribuer à la compréhension du devenir des organismes et des communautés face aux changements globaux, l'étude des organismes doit associer les données génomiques à des données phénotypiques (*i.e.* morphologiques, physiologiques, éthologiques, métaboliques, etc.) ainsi qu'à des données permettant de replacer la diversité dans un contexte écologique, géographique et historique.

Les lacunes de connaissance dans l'interprétation des données issues des approches de séquençage à haut débit

Les lacunes de connaissances sont flagrantes dans l'interprétation des données issues des approches de séquençage à haut débit. On citera l'exemple des levures *Malassezia* (Wu *et al.* 2015), considérées comme des pathogènes fortement spécialisés de l'homme mais pour lesquels les approches de séquençage à haut débit suggèrent une présence dans bien d'autres milieux notamment marins et donc une niche écologique potentiellement moins étroite. De même, ces efforts récents de séquençage haut débit chez des organismes non modèles (transcriptomique, génomique) ou sur des échantillons environnementaux (méta-transcriptomique, méta-génomique) ont révélé que près de 2/3 des gènes n'ont pas d'équivalent chez les organismes modèles et donc le plus souvent pas de fonction connue. Par ailleurs, il est particulièrement difficile d'associer les séquences d'échantillons environnementaux à des organismes qui en sont porteurs. Les organismes

non modèles n'ont généralement pas fait l'objet d'effort de séquençage génomique conséquent, et lorsqu'un effort a été fait, c'est généralement sur des lignées à mode de vie particulier, ce qui offre une vue biaisée de la branche taxinomique au sens plus large. Pour ces organismes non modèles et/ou non cultivables, les fonctions des gènes et des protéines mises en évidence dans les approches haut-débit sont inférées par annotation comparativement aux connaissances disponibles pour des organismes modèles. Or, la croissance des données fonctionnelles et leur couverture phylogénétique sont largement disproportionnées (Bargsten *et al.* 2014).

Les lacunes de connaissance des phénotypes et des cycles de vie des organismes

Les processus qui expliquent l'évolution des organismes agissent sur la variabilité génotypique et phénotypique interindividuelle. Les variables phénotypiques sur lesquelles la sélection naturelle peut agir sont aussi bien physiologiques, morphologiques, cognitives, que reproductives². En effet certains organismes peuvent avoir des stades (larves ou graines, kystes, juvéniles, adultes) adaptés à des niches écologiques contrastées et qui ne sont pas affectées de la même façon par les variations des paramètres de l'environnement. Réciproquement, les régulations possibles des réponses phénotypiques de ces différents stades peuvent être différentes. Les développements techniques permettent de caractériser les changements phénotypiques en fonction de l'environnement mais aussi au cours des phases d'un cycle de vie. Cependant, la connaissance du cycle de vie de nombreuses espèces se heurte aux problèmes d'une phase développementale disjointe (au niveau spatial et temporel) de la phase adulte (*e.g.* phase larvaire planctonique des espèces marines benthiques). A l'heure actuelle, les données pour la plupart des organismes font cependant défaut pour que l'analyse comparative – et donc explicative – puisse être menée à une échelle pertinente pour prédire leurs réponses évolutives. Cette plasticité phénotypique individuelle des organismes peut s'avérer déterminante dans les capacités des populations, des espèces et donc des communautés, à se maintenir et se transformer en réponse aux changements de l'environnement, biotiques et/ou abiotiques. Par exemple, l'hétérogénéité phénotypique et le

1. Contribution de Vienne & Gouy - Des marqueurs plus adaptés et des méthodes indirectes pour détecter une diversité inconnue.

2. Contribution Heitz & Criscuolo - Métabolomique et biologie évolutive.

déterminisme génétique ou épigénétique sous-jacent jouent un rôle important dans la virulence de souches pathogènes³. C'est pourquoi, pour prédire les capacités d'évolution rapide face aux changements globaux, les phénotypes *sensu lato* (ex. : physiologie, métabolisme, épigénétique, etc.) doivent être décrits par des normes de réaction sur un grand nombre d'individus, en lien avec les paramètres de l'environnement affectés par ces changements (*i.e.* température, interactions biotiques) (Padfield *et al.* 2016, Mock *et al.* 2016). Plus généralement, la diversité est loin d'être documentée pour de nombreux groupes d'organismes non modèles, quels que soient les milieux considérés et un approfondissement des connaissances sur les cycles biologiques, les mécanismes physiologiques, métaboliques, génomiques fait défaut notamment quand il s'agit de prédire les réponses des organismes et des communautés aux variations de l'environnement dans un contexte de changement global.

Lacunes de connaissances sur les holobiontes

Les microorganismes, terme regroupant des organismes microscopiques appartenant aux trois branches de l'arbre du vivant (bactérie, archaea, eucaryote) et les virus, constituent les plus anciennes et abondantes formes de vie sur la planète. Durant leur évolution, une large partie de ces microorganismes a colonisé d'autres formes de vie, co-évoluant avec ces dernières et constituant ce que l'on nomme aujourd'hui l'holobionte. Ces interactions durables entre organismes (symbioses mutualistes, parasitismes, etc.) ont des conséquences directes sur la diversité, les capacités physiologiques et d'adaptation à l'environnement (*i.e.* photosymbioses, symbiotes des organismes profonds...) et l'évolution de leurs hôtes. Dans le contexte de changement global de l'environnement, ce sont les variations des facteurs physiques et chimiques de l'environnement qui sont mises en avant, pourtant pour les organismes, les réponses à ces changements sont largement dépendantes de paramètres biotiques (Hume *et al.* 2016). Cependant, les recherches concernant l'étude des microbiontes et des interactions qu'ils entretiennent avec leurs hôtes restent une science naissante et constituent l'exemple parfait de

distorsion dans la couverture taxinomique de l'arbre du vivant énoncé précédemment. En effet, plus de 90 % des études s'intéressent aux mammifères alors qu'ils ne représentent que 8 % des espèces de vertébrés décrites (Colston, Jackson 2016). Pour la plupart, elles ne se sont intéressées qu'à un seul des trois domaines du vivant constituant les microorganismes (*i.e.* les bactéries) laissant complètement de côté archées, eucaryotes et virus, qui peuvent avoir un rôle primordial au sein de l'holobionte (*e.g.*, la méthanogénèse qui est un produit de l'interaction entre bactéries, archées et protistes). Outre la nécessité de cet inventaire, les réseaux d'acteurs et leurs interactions restent également en grande partie à explorer : identification de molécules sécrétées par les différents acteurs, étude des mécanismes permettant l'échappement au système immunitaire de l'hôte, identification des bénéfiques pour l'hôte (*e.g.* métabolisme du carbone²⁴ dans le cas des photosymbioses), interaction à l'échelle des communautés de symbiotes (*e.g.* multi-infections dans la virulence d'une souche). Aujourd'hui, il apparaît donc nécessaire d'approcher l'inventaire de la biodiversité des holobiontes de manière holistique en augmentant l'éventail des branches du vivant étudiées, tant au niveau du microbiome qu'au niveau de leurs hôtes, afin de faire émerger des patrons structuraux et des interactions microbiennes en relation avec les paramètres de l'hôte (*e.g.* régime alimentaire, phylogénie...) et les paramètres environnementaux.

3. Contribution Delavat, Pichereau, Paillard - Du micro-environnement aux changements climatiques planétaires : utilisation de modèles d'interactions vibrions-mollusques pour comprendre la physiologie et l'évolution de pathogènes.

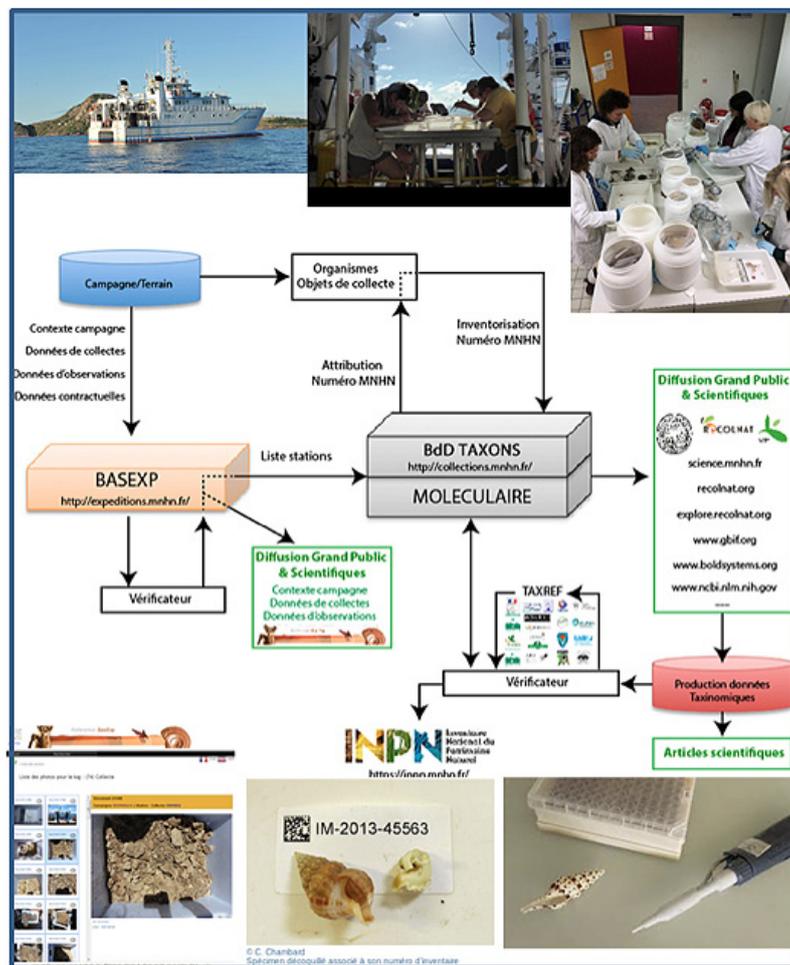
4. Contribution Robaglia - *Exploring the mechanisms of ancient and extant photosymbiosis.*

Les principaux enjeux de recherche et les stratégies à mettre en place

Parmi la diversité connue, il existe une distorsion des connaissances en faveur d'un petit nombre d'organismes modèles, de quelques branches/feuilles du buisson du vivant, qui en retour induisent une distorsion dans la compréhension du fonctionnement des écosystèmes. L'enjeu majeur est donc de s'appuyer sur les avancées

technologiques et méthodologiques pour établir une connaissance intégrative – c'est-à-dire qui associe phénotype et génotype – de la diversité du vivant, aussi bien dans les milieux encore peu explorés que dans les gammes de taille peu accessibles ou encore chez les organismes peu abondants. Concrètement il s'agit de :

Fig. 3 : Un exemple de traitement collaboratif des données, le système de base de données mis en place au MNHN pour tracer l'enrichissement des données acquises ; depuis la récolte (localisation GPS, documentation du contexte écologique du prélèvement, etc.) lors des expéditions naturalistes, jusqu'à la publication des différentes catégories de données (e.g. description taxonomique, analyse génétique, morphologique, etc.) dans les journaux ou bases de données nationales ou internationales



Poursuivre l'exploration naturaliste

- Identifier les domaines (géographiques, habitats, gamme de taille) de déficit en connaissances et organiser leur exploration dans toutes les dimensions spatio-temporelles de la variabilité des écosystèmes et de leurs communautés (e.g. moyens à la mer, technologie de récolte,

développement des observatoires multiparamétriques, outils « autonomes » d'observation). L'un des objectifs majeurs devrait être de poursuivre l'effort de soutien à la mise au point d'instrumentation *in situ*, éventuellement à haute fréquence, qui soient en mesure de relier les données acquises et les échelles d'observations pertinentes pour l'écologie d'un écosystème d'intérêt.

- Etablir des collections modernes, intégratives, qui permettent un accès aux organismes représentant les différentes branches du vivant et à l'ensemble des données (métadonnées) qui y sont associées (morphologiques, physiologiques, génomiques, transcriptomiques, métabolomiques ou éthologiques, données contextuelles sur les milieux)

- En lien avec ces collections modernes, d'ambition internationale, il apparaît important de construire des outils collaboratifs, e.g. plateforme d'échantillonnage/d'observation transdisciplinaire, ou encore bases de données interactives disponibles via internet, permettant de partager les données et expertises (e.g. expertise taxinomique, expertise bioinformatique) et donc d'intégrer les connaissances.

Associer des phénotypes aux génotypes

- Développer les infrastructures permettant des approches de phénotypage *sensu lato* à haut débit couplées à des approches de génomique à haut débit.

- Identifier les organismes par des approches morphologique et génétique, les décrire d'un point de vue fonctionnel et caractériser leurs interactions avec les organismes associés (*i.e.* holobiontes).

- Obtenir des données génomiques et phénotypiques plus nombreuses et mieux réparties dans l'arbre du vivant afin d'élaborer les hypothèses évolutives (y compris prédictives) par une approche comparative.

- Développer des méthodes permettant de caractériser le fonctionnement des organismes, cultivés ou non, par l'étude des réponses aux variations des paramètres environnementaux

dans un système contrôlé (*i.e.* mettre en relation des données phénotypiques avec les variables de l'environnement biotiques et abiotique des organismes). L'appui humain et financier au développement et renforcement de structures permettant l'expérimentation, en stations marines par exemple (où la France est leader avec le réseau EMBRC), répondrait (en partie) à cet objectif.

Cultiver et caractériser « l'incultivable »

- Utilisation des méta-omiques pour aider à l'identification des conditions physiologiques optimales, potentiel génétique, pour les organismes d'intérêt et donc permettre la mise en place de méthodes plus originales et globale de culture, identifier les acteurs clés dans le fonctionnement des écosystèmes et donc identifier les cibles privilégiées sur lesquels les efforts doivent être concentrés.

- Identifier des nouveaux organismes modèles (*i.e.* exploitables expérimentalement) pour lesquels il apparaît important de produire des jeux de données de références plus pertinents (*i.e.* couvrant mieux les branches méconnues du vivant).

- Constitution de corpus de données issues de plateformes de séquençage, de phénotypage, de dispositifs expérimentaux mais aussi d'observatoires notamment dans le but de caractériser les phénotypes tout au long des cycles de vie et de les mettre en relation avec les conditions de l'environnement.

- Mettre en place des méthodes d'acquisition de données, de caractérisation physiologique, morphologique, génétique sur des organismes non cultivés (donc non modèles) qui sont souvent les plus pertinents pour des questions écologiques et évolutives dans un écosystème changeant (la dichotomie r-K).

Les principaux verrous face à ces enjeux

L'acquisition de données génétiques est aujourd'hui réalisée à l'aide de technologies « haut débit » et à des prix de plus en plus abordables. Même si ces techniques à haut débit s'améliorent régulièrement, elles génèrent de nombreux artefacts. La détection de ces artefacts repose sur

la couverture de séquençage (le nombre de fois qu'une même séquence est obtenue dans une expérience donnée) ce qui rend difficile la distinction entre gènes méconnus parce que rares et chimères (Ficetola, Pansu, Bonin, Coissac, Giguet-Covex, De Barba, Taberlet 2015).

Les différentes méthodes sont plus ou moins faciles à mettre en œuvre sur les différents compartiments de la diversité et cela tend à biaiser la construction du corpus de connaissances. L'échantillonnage des organismes et leur caractérisation phénotypique tout au long de leur cycle de vie restent coûteux aussi bien en moyens techniques qu'humains. Les approches intégrées de caractérisation nécessitent des compétences diverses parfois multidisciplinaires. Les différents types de données doivent pouvoir être intégrés et connectés (e.g. Identification génétique / identification sur la base d'image) afin de faciliter une mise à disposition à la communauté et une interopérabilité. Pour renforcer les connaissances biologiques fondamentales sur un large spectre taxinomique, la production des différents types de données – depuis l'échantillonnage *in natura* jusqu'à la production de données expérimentales – doit être coordonnée.

L'accumulation des données impose une amélioration régulière des outils bioinformatiques permettant des analyses croisées multiples. Cela implique notamment un transfert des outils informatiques développés dans le cadre *big*

data vers l'exploration du vivant, en particulier en ce qui concerne les moyens d'organisation et de stockage des données.

Parmi les verrous à lever :

1) Développement de méthodes d'analyse des données de séquençage massif visant à améliorer la détection de la diversité rare.

2) Développement des plateformes expérimentales permettant le travail dans des conditions contrôlées sur des organismes non modèles et intégrant leur cycle de vie.

3) Interopérabilité des différentes catégories de données entre elles (les données des uns sont les métadonnées des autres). Cela implique de développer (1) des infrastructures de collections associées à des bases de données et assurer leur mise à jour au fur et mesure de l'acquisition de nouvelles données, (2) des protocoles qui permettent de générer des données réutilisables (*i.e.* les données doivent être traçables et accessibles à l'ensemble de la communauté scientifique).

Conclusion :

Pourquoi continuer l'exploration de la diversité biologique alors que la tâche semble incommensurable ?

La convention sur la diversité biologique rappelle l'enjeu sociétal que représente le sujet de cet atelier. Nous avons souligné dans ce document que connaître la complexité de la biodiversité est nécessaire pour comprendre le fonctionnement et les services rendus par les écosystèmes ainsi que leur vulnérabilité face aux changements prévisibles. Il est important de rappeler qu'en biologie, et particulièrement en écologie, la démarche scientifique de proposition d'hypothèses explicatives repose sur des connaissances très incomplètes. Pour tester ces hypothèses, il est donc indispensable d'adopter une démarche exploratoire (*i.e.* rechercher dans l'inconnu la contradiction possible des hypothèses). Pour finir, rappelons que l'exploration est génératrice d'hypothèses nouvelles mais

aussi d'idées en dehors du champ scientifique strict dans lequel elles ont été élaborées (e.g. bio-inspiration). La communauté scientifique doit donc se mobiliser pour diffuser de façon moderne et originale les résultats et les enjeux associés à ces connaissances.

RÉFÉRENCES

- Bargsten, J. W., *et al.* 2014. Biological process annotation of proteins across the plant kingdom. *Current Plant Biology*, 1, 73-82.
- Biard *et al.* 2015. Towards an Integrative Morpho-molecular Classification of the Collodaria (Polycystinea, Radiolaria). *Protist* 163:374-388
- Colston, T. J., & Jackson, C. R. 2016. Microbiome evolution along divergent branches of the vertebrate tree of life: what is known and unknown. *Molecular ecology*, 25(16), 3776-3800.
- Erwin, T. L. 1982. Tropical forests: their richness in Coleoptera and other arthropod species. *Coleopterists Bulletin*, 36(1), 74-75.
- Ficetola, G. F., Pansu, J., Bonin, A., Coissac, E., Giguet-Covex, C., De Barba, M., ... Taberlet, P. 2015. Replication levels, false presences and the estimation of the presence/absence from eDNA metabarcoding data. *Molecular Ecology Resources*, 15(3), 543-556. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12338>.
- Hinchliff, C. E., *et al.* 2015. Synthesis of phylogeny and taxonomy into a comprehensive tree of life. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112(41), 12764-12769.
- Hume, B. C., *et al.* 2016. Ancestral genetic diversity associated with the rapid spread of stress-tolerant coral symbionts in response to Holocene climate change. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 113(16), 4416-4421.
- Kristensen, R. M. 1983. Loricifera, a new phylum with Aschelminthes characters from the meiobenthos. *Zeitschrift für zoologische Systematik und Evolutionsforschung*, 21(3), 163-180.
- Funch, P., & Kristensen, R. M. 1995. Cyclophora is a new phylum with affinities to Entoprocta and Ectoprocta. *Nature*, 378(6558), 711.
- Johnson, G. D., *et al.* 2009. Deep-sea mystery solved: astonishing larval transformations and extreme sexual dimorphism unite three fish families. *Biology Letters*, 5(2), 235-239.
- Kuraku, S., *et al.* 2016. Incorporating tree thinking and evolutionary time scale into developmental biology. *Development, growth & differentiation*, 58(1), 131-142.
- Kawachi, M., *et al.* 2002. The Pinguiphyceae classis nova, a new class of photosynthetic stramenopiles whose members produce large amounts of omega 3 fatty acids. *Phycological Research*, 50(1), 31-47.
- Kubodera, T & Mori, K. 2005. First-ever observations of a live giant squid in the wild. *Proceedings of the Royal Society Biological Science*, 272(1581): 2583-2586.
- Mahé, F., *et al.* 2017. Parasites dominate hyperdiverse soil protist communities in Neotropical rainforests. *Nature Ecology & Evolution*, 1, 0091.
- Martin-Cuadrado, A. B., *et al.* 2015. A new class of marine Euryarchaeota group II from the mediterranean deep chlorophyll maximum. *The ISME journal*, 9(7), 1619-1634.
- Mock, T., *et al.* 2016. Bridging the gap between omics and earth system science to better understand how environmental change impacts marine microbes. *Global change biology*, 22(1), 61-75.
- Padfield, D., *et al.* 2016. Rapid evolution of metabolic traits explains thermal adaptation in phytoplankton. *Ecology letters*, 19, 133-142.
- Rouse, G. W. 2001. A cladistic analysis of Siboglinidae Caullery, 1914 (Polychaeta, Annelida): formerly the phyla Pogonophora and Vestimentifera. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 132(1), 55-80.
- Sunagawa, S., *et al.* 2015. Ocean plankton. Structure and function of the global ocean microbiome. *Science*. 348(6237):1261359.
- Womack, A. M., Bohannon, B. J., & Green, J. L. 2010. Biodiversity and biogeography of the atmosphere. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 365(1558), 3645-3653.
- Wu, G., *et al.* 2015. Genus-wide comparative genomics of *Malassezia* delineates its phylogeny, physiology, and niche adaptation on human skin. *PLoS Genet*, 11(11), e1005614.