

## **Atelier « Vers une intégration de la génomique environnementale » (Animateurs : Christian Jeanthon & Raffaele Siano)**

### **1. Contexte**

Plusieurs initiatives, telles que les rapports de l'European Ocean Observing System (EOOS), reconnaissent désormais la nécessité d'inclure plus largement les variables biologiques dans les stratégies d'observation marine. Dans ce contexte, des méthodes basées sur l'analyse haut débit de l'ADN environnemental (e-DNA) ont récemment émergé comme un complément indispensable à l'observation de la biodiversité marine.

Ces méthodes sont désormais considérées comme efficaces, peu coûteuses, répétables, robustes, standardisables et automatisables pour détecter et surveiller la diversité biologique dans les systèmes marins. Elles offrent également plusieurs avantages par rapport aux méthodes traditionnelles, notamment, (1) une capacité à identifier un large éventail d'organismes à partir d'un seul échantillon, et (2) une plus grande sensibilité pour détecter des espèces rares ou difficiles à observer. Elles présentent néanmoins certaines limites (e.g. approche non quantitative, base de données de référence incomplète)

### **2. Initiatives actuelles**

Au cours des dernières années, plusieurs initiatives ont été lancées afin d'intégrer les approches de génomique environnementale dans les suivis de la biodiversité marine en milieu côtier. Ces initiatives se déclinent à différentes échelles :

- Actions individuelles menées à l'échelle d'un laboratoire
- Initiatives structurées à l'échelle nationale :
  - Le Réseau d'Observatoires de Microbiologie Environnementale intégrée (ROME) de l'Ifremer
  - Le projet du PPR Océan Climat "FUTURE-OBS"
- Projets européens :
  - European Marine Omics Biodiversity Observation Network (EMOBON)
  - Genetic tools for Ecosystem health Assessment in the North Sea regions (GEANS)
  - Marine Coastal Biodiversity Long-term Observations : strengthening biodiversity observation in support of decision making (MARCO-BOLO)
  - Observing and Mapping Marine Ecosystems – Next generation tools (OBAMA-Next)

Un premier atelier organisé à Wimereux en 2019 a permis de rassembler pour la première fois la communauté scientifique nationale impliquée dans l'observation génomique, en particulier sur le compartiment microbien. Cet atelier a largement contribué à la définition de protocoles standardisés, de l'échantillonnage à la production de séquences.

### **3. Objectifs du nouvel atelier**

Face au développement récent des différentes méthodes de génomique environnementale (métabarcoding, métagénomique, métatranscriptomique), le présent atelier visera à :

- Dresser un état des lieux des initiatives d'observation par les outils de génomique environnementale, notamment :
  - Les compartiments biologiques suivis (micro-organismes, zooplancton, benthos, poissons)
  - Les protocoles de suivis utilisés
- Aborder les questions cruciales pour l'avenir de l'observation génomique marin :
  - Comment structurer une communauté nationale autour de l'observation génomique ? Quels sont les laboratoires marins intéressés ?

- Quelles approches technologiques privilégiées (ex. métabarcoding vs. métagénomique, type de marqueurs) dans une logique d'observation à long terme ? Quelle stratégie d'échantillonnage (ex. nombre de sites, compartiments biologiques) promouvoir ?
- A quelles questions scientifiques les données de génomique environnementale peuvent ou non répondre ? Comment ces nouveaux outils peuvent répondre aux questions sociétales et aux porteurs d'enjeu en zone littorale et côtière ?
- Comment intégrer cette communauté dans les dispositifs actuels d'observation ? Avec quels moyens pérennes ?
- Comment maintenir des séries à long terme pérennes en génomique environnementale dans un environnement technologique en constante évolution ?