

Session 1 : Dynamique de la biodiversité, évolution et biogéographie

Dynamique structurale et fonctionnelle des génomes des populations phytopathogènes *Dickeya solani* et *Dickeya dianthicola*

Pauline Blin * ¹, Slimane Khayi ^{1,2}, Yannick Raoul Des Essarts ¹, Jacques Pédron ³, Teik-Min Chong ⁴, Kok-Gan Chang ⁴, Mohieddine Moumni ², Valérie Hélias ⁵, Frédérique Van Gijsegem ³, Denis Faure ¹

¹ Institut des sciences du végétal (ISV) – CNRS : UPR2355 – Bat. 23 av. de la terrasse 91198 GIF SUR YVETTE CEDEX, France

² Université Moulay Ismaïl de Meknès (MOROCCO) – Maroc

³ Institut d'écologie et des sciences de l'environnement de Paris (IEES) – Institut de recherche pour le développement [IRD], Université Paris-Est Créteil Val-de-Marne (UPEC), Université Pierre et Marie Curie (UPMC) - Paris VI, CNRS : UMR7618 – 46 rue d'Ulm, 75005 Paris, France

⁴ Division de Génétique et de Biologie Moléculaire, Institut de Sciences Biologiques, Faculté de Sciences, Université de Malaisie, Kuala Lumpur, Malaisie – Malaisie

⁵ AGROCAMPUS OUEST [Le Rheu] – Université de Rennes 1 – UMR 1099 INRA-Biologie des organismes et des populations appliquée à la protection des plantes (BIO3P), Domaine de la Motte, 35327 Le Rheu cedex, France

Chez la pomme de terre, la jambe noire et la pourriture molle sont des maladies provoquées par des populations bactériennes associant une ou plusieurs espèces des genres *Pectobacterium* et *Dickeya*. Depuis plusieurs décennies en Europe, l'implication des *Dickeya* s'amplifie, notamment avec l'émergence récente (années 2000) de *D. solani*. Afin de comprendre les moteurs de la variabilité génétique de *D. solani* et *D. dianthicola*, et ses liens avec le trait de vie que constitue la virulence, nous avons entrepris une approche de génomique comparative structurale et fonctionnelle. Les technologies Illumina et PacBio ont été combinées afin d'obtenir des génomes complets qui sont utilisés comme références pour comparer 19 autres génomes de *D. solani* et 11 de *D. dianthicola* générés par Illumina. Cette approche de génomique comparative a révélé et permis de quantifier les sources de variabilité que sont les SNPs/InDels et les transferts horizontaux de gènes (de type addition et remplacement). En parallèle des essais d'agressivité ont été réalisés sur tubercules de pomme de terre pour l'ensemble des *D. solani* et *D. dianthicola*. En croisant les données de virulence et génomique, nous avons associé un trait génétique (gènes codant la mobilité) avec la variation de l'agressivité. Pour compléter cette étude, l'acquisition de transcriptomes Hiseq est en cours pour étudier plus finement la régulation des fonctions de virulence. Les transcriptomes sont comparés d'une part entre *D. solani* et *D. dianthicola*, et d'autre part entre 3 souches de *D. solani* ayant des niveaux d'agressivité et des structures de génomes différents.

Mots-Clés: *Dickeya*, jambe noire, pomme de terre, génome des populations, transferts horizontaux de gènes

*Intervenant

Les communautés fongiques ectomycorhiziennes et non symbiotiques des forêts de fagacées françaises répondent différemment aux paramètres climatiques

Emila Akroume ¹, Pierrick Royer ¹, Bernd Zeller ², Laurent Saint-André ²,
Marc Buée ^{*† 1}

¹ UMR 1136 IAM – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1136 – INRA,
UMR1136 Interactions Arbres-Microorganismes, F-54280 Champenoux, France

² UR BEF 1138 – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UR1138 – INRA UR 1138
Biogéochimie des Ecosystèmes Forestiers, Centre INRA de Nancy, Champenoux, France

La composition en espèce des communautés fongiques forestières semble contrôlée localement par la combinaison de processus neutres, de paramètres historiques et du déterminisme environnemental, lié aux facteurs physico-chimiques des sols, la gestion forestière, la compétition entre espèces... L'influence du climat, doit quant à lui, être évalué sur des échelles géographiques plus larges, via des gradients régionaux ou continentaux. Désormais, le couplage du métabarcoding et des nouvelles technologies de séquençage offre une réelle opportunité d'appréhender ce changement d'échelle en écologie microbienne et d'étudier les impacts relatifs des facteurs climatiques et édaphiques sur les communautés fongiques du sol. Ainsi, bénéficiant d'un réseau de placettes forestières à l'échelle de la France, nous avons testé l'influence de paramètres climatiques sur la richesse et la structure des communautés fongiques. Douze placettes de fagacées, de 2ha chacune, ont été sélectionnées pour étudier un gradient naturel de précipitation. Compte tenu des contraintes hydriques des deux essences sélectionnées (chênes et hêtres), nous avons émis l'hypothèse selon laquelle les champignons ectomycorhiziens associés aux arbres hôtes et les champignons saprophytes du sol répondraient différemment aux précipitations. Nos travaux révèlent que certains facteurs physico-chimiques des sols, comme le pH, sont les déterminants majeurs de la structure des communautés de champignons non symbiotiques. Par contre, les champignons ectomycorhiziens sont prioritairement soumis à l'influence des précipitations. Les réponses contrastées de ces deux groupes écologiques seront discutées au regard des connaissances de l'écologie des fagacées et des résultats que nous avons récemment acquis sur d'autres études biogéographiques à l'échelle nationale et européenne.

Mots-Clés: communautés fongiques, champignons ectomycorhiziens, climat, forêt, facteurs édaphiques

*Intervenant

†Auteur correspondant: buee@nancy.inra.fr

Effectiveness of ecological rescue for altered soil microbial communities and functions

Aymé Spor ^{*†} ¹, Kadiya Calderon ¹, Marie-Christine Breuil ¹, David Bru ¹, Florian Bizouard ¹, Cyrille Violle ², Romain Barnard ¹, Laurent Philippot[‡]
₁

¹ UMR1347 Agroécologie – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1347 – 17 rue Sully 21065 Dijon, France

² Centre d'Ecologie Fonctionnelle et Evolutive (UMR5175) – CNRS : UMR5175 – F-34293 Montpellier Cedex 5, France

Soil ecosystems worldwide are subjected to dramatic modifications caused by anthropogenic disturbances and global climate change, resulting in microbial diversity loss and alteration of ecosystem functions. Despite the paucity of studies, restoration ecology provides an appropriate framework for testing the potential of the manipulation of soil microbial communities for the recovery of ecosystem functioning. Here we used experimentally altered microbial communities and reciprocal transplant design to investigate the effectiveness of introducing complex microbial communities in degraded soil ecosystems to restore N-cycle functioning. We show that diversity loss resulted in alternative compositional states associated with impaired N-cycle functioning. The addition of microbial communities gave only a marginal increase in the diversity of degraded ecosystems and could even result in losses of both richness and phylogenetic diversity in the alternative state without clear restoration of soil N-cycle functions. Our results indicate that priority effects could be overridden in restoration attempts through microbial community manipulation.

Mots-Clés: Soil biodiversity, ecosystem functioning, ecological restoration, N cycling, alternative states

*Intervenant

†Auteur correspondant: ayme.spor@dijon.inra.fr

‡Auteur correspondant: laurent.philippot@dijon.inra.fr

Mucilage marin du sud du Golfe de Gascogne : quels changements dans les communautés microbiennes marines sont impliqués dans sa dynamique de formation ?

Vanessa Rouaud ^{*† 1}, Nicolas Susperregui ², Rémy Guyoneaud ¹, Philippe Gaudin ³, Robert Duran ¹, Béatrice Lauga ¹

¹ Equipe Environnement et Microbiologie - IPREM UMR CNRS 5254 (EEM) – CNRS : UMR5254, Université de Pau et des Pays de l'Adour [UPPA] – IBEAS - UFR Sciences BP 1155 64013 PAU CEDEX, France

² Institut des Milieux Aquatiques – Institut des Milieux Aquatiques – 1 rue de Donzac, BP106, 64101 Bayonne cedex, France

³ Ecologie Comportementale et Biologie des Populations de Poissons (ECOBIOP) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UR1224, Université de Pau et des Pays de l'Adour [UPPA] – France

Les mucilages marins correspondent à des stades d'évolution muqueux de la neige marine non-sédimentée. Ils se forment dans la zone euphotique dans les eaux côtières.

Cette étude porte sur un type de mucilage marin apparaissant depuis quelques années au large de la côte basque, principalement au Sud de l'estuaire de l'Adour, fleuve du bassin versant pyrénéen. Localement le phénomène est appelé " Liga ". De plus en plus fréquent et abondant, il pose actuellement des problèmes dans le secteur de la pêche et pourrait impacter le tourisme local.

La dynamique des communautés microbiennes du Liga a été suivie par T-RFLP en ciblant les gènes de l'ARNr 16S bactérien et 18S eucaryote durant une année, afin d'élucider la genèse du phénomène. Sur la période d'observation ceci a permis de montrer que les communautés microbiennes du Liga diffèrent de celle de l'eau de mer. Alors que la température de l'eau, la salinité et la température de l'air sont les facteurs qui expliquent au mieux la structuration des communautés microbiennes de l'eau de mer et du Liga en automne, c'est la concentration des sels nutritifs qui intervient principalement au printemps. Ainsi le Liga peut se former dans des conditions environnementales contrastées, indépendamment de la dynamique des communautés microbiennes environnantes.

En conclusion, le Liga constitue pour certaines espèces une niche écologique dans l'écosystème marin côtier. C'est un écosystème transitoire autonome, dérivé des communautés microbiennes marines, qui se développe en réponse aux apports de nutriments et de microorganismes de l'Adour.

Mots-Clés: Liga, mucilage marin, biodiversité, dynamique, communautés microbiennes

*Intervenant

†Auteur correspondant: vanessa.rouaud@univ-pau.fr

Impact de l'exploitation pétrolière sur les communautés et métabolismes microbiens du réservoir pétrolier de Halfdan (Mer du Nord)

Adrien Vigneron * ¹, Eric Alsop ², Nicolas Tsesmetzis ³, Ian Head ¹

¹ University of Newcastle upon Tyne – Royaume-Uni

² DOE Joint Genome Institute – États-Unis

³ Biodomain, Shell Technology Center Houston – États-Unis

Les réservoirs pétroliers profonds ont longtemps été considérés comme un environnement extrême limitant le développement microbien. Cependant l'exploitation pétrolière a considérablement modifié les caractéristiques physicochimiques de ces environnements, introduisant à la fois des sources d'énergies inespérées pour les microorganismes (Fer/Sulfate/Nitrate) mais également de nouvelles communautés microbiennes. La composante microbienne de ces écosystèmes se retrouve fortement perturbée et à la recherche d'un nouvel équilibre, générant des effets indésirables pour les exploitants (dégradation des hydrocarbures, corrosion ...) et focalisant les études sur les puits problématiques. Afin d'étudier en détail la diversité et les métabolismes microbiens associés à ces nouveaux environnements, la totalité du champ pétrolier de Halfdan (32 puits en Mer du Nord), en exploitation depuis 1999, a été échantillonnée. L'abondance, la diversité microbienne et le potentiel métabolique de ces communautés ont été obtenus par des approches diverses et complémentaires (QPCR, ARISA, multigénique NGS, Metagenomic). Les résultats mettent en évidence une importante diversité microbienne auparavant sous-estimée. Sur l'ensemble du champ pétrolier, la communauté bactérienne, représentant la grande majorité des procaryotes, est principalement dominée par des thermophiles et mésophiles affiliés aux Deltaproteobacteria, Deferribacterales, Clostridiales et Thermotogales alors que les Archaea sont représentées par différentes lignées de Thermococcales, Archaeoglobales et Methanogenes. Cependant les analyses taxonomiques et fonctionnelles indiquent différents profils de communautés, présentant des potentiels métaboliques et énergétiques contrastés (fermentation, méthanogénèse, fer/sulfate/nitrate-réduction, sulfo-oxidation). Ces données, corrélées avec les caractéristiques physicochimiques et l'historique des puits de production présentent pour la première fois l'évolution temporelle et la dynamique des communautés microbiennes au sein des réservoirs pétroliers.

Mots-Clés: Metagenomic, multigénique, Thermophiles, extreme, Hydrocarbures, réservoirs pétrolier, Halfdan

*Intervenant

L'ECOSYSTEME HYDROTHERMAL HYPERALCALIN SOUS-MARIN DE LA BAIE DE PRONY, NOUVELLE CALEDONIE

Nan Mei *¹, Marianne Quéméneur¹, Anne Postec¹, Méline Bes¹, Claude Payri², Bernard Pelletier², Bernard Ollivier¹, Gaël Erauso^{† 1}

¹ Institut méditerranéen d'océanologie (MIO) – CNRS : UMR7294, Université du Sud Toulon - Var, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UMR235, Aix Marseille Université – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Campus de Luminy Case 901 13288 MARSEILLE cedex 09, France

² Centre IRD – Nouméa, 101 Promenade Roger Laroque, Anse Vata – Nouvelle-Calédonie

Depuis une dizaine d'années, les sources hydrothermales alcalines associées à la réaction de serpentinisation suscitent un intérêt scientifique croissant puisque leur contexte géochimique serait similaire à celui ayant permis l'émergence de la vie sur la Terre primitive. Ces écosystèmes sont aussi actuellement évalués pour leurs capacités à séquestrer le CO₂, considéré comme le principal gaz à effet de serre responsable du réchauffement climatique. Nous avons conduit des études microbiologiques sur les sources hydrothermales sous-marines (< 50 mbsl) de la baie de Prony dans le lagon sud néo-calédonien. Ce système émet des fluides hyperalcalins (pH ~11), mésothermiques (< 40C) et anoxiques riches en hydrogène et méthane. Cette émission engendre une précipitation des minéraux contenus dans le fluide au contact de l'eau de mer aboutissant à la formation de cheminées carbonatées pouvant atteindre plusieurs dizaines de mètres de hauteur. La faible diversité d'archées observée dans les fluides et à l'intérieur des cheminées par des approches moléculaires (PCR quantitative, FISH, 16S pyroséquencage et métagénomique) est dominée par des Methanosarcinales, pouvant potentiellement produire ou oxyder le méthane en condition anaérobie. Les bactéries sont de leur côté plus abondantes et diversifiées. Elles sont notamment représentées par des hydrogénotrophes aérobies (e.g. Hydrogenophaga, 'Serpentinomonas') ou anaérobies (sulfato-réducteurs appartenant aux Deltaproteobacteria). On retrouve également des microorganismes fermentaires de l'ordre des Clostridiales que nous avons été capables de cultiver. Les informations dont nous disposons démontrent que des microorganismes sont donc particulièrement bien adaptés à cet écosystème hyperalcalin et peuvent refléter une certaine image de la biosphère profonde.

Mots-Clés: Serpentinisation, mcrA, dsrB, Biodiversité microbienne, Ecosystème hydrothermal

*Intervenant

†Auteur correspondant: gael.erauso@mio.osupytheas.fr

Biodiversité des nuages au sommet du puy de Dôme

Pierre Amato *¹, Anne Oudart^{1,2}, Najwa Taib², Isabelle Mary², Anne Mone², Didier Debroas², Laurent Deguillaume^{3,4}, Anne Marie Delort¹

¹ Institut de Chimie de Clermont-Ferrand (ICCF) – CNRS : UMR6296, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II, Ecole Nationale Supérieure de Chimie de Clermont-Ferrand – 24 Avenue des Landais, 63177 Aubière Cedex, France

² Microorganismes : génome et environnement (LMGE) – Université d’Auvergne - Clermont-Ferrand I, CNRS : UMR6023, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II – Université Blaise Pascal, Campus des Cézeaux, 24, avenue des Landais BP 80026 63 170 AUBIERE, France

³ Laboratoire de météorologie physique (LaMP) – INSU, CNRS : UMR6016, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II – bat. Physique 5 - 3ème étg 24 Av des landais 63177 AUBIERE CEDEX, France

⁴ Observatoire de physique du globe de Clermont-Ferrand (OPGCF) – CNRS : UMS833, INSU, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II – Campus des Cézeaux 24, Av des landais 63177 AUBIERE CEDEX, France

L’atmosphère transporte des microorganismes sur de longues distances et connecte ainsi des écosystèmes distants. Outre les problématiques épidémiologiques sous-jacentes, il a été montré que les aérosols microbiens influencent les processus physico-chimiques atmosphériques. Il apparaît donc déterminant de documenter la structure des communautés microbiennes de ces environnements afin d’appréhender au mieux leur dispersion et leurs interactions avec le milieu. Les premières études culturelles ont d’abord révélé une diversité importante, dominée par certains groupes bactériens et fongiques épiphytes (*Pseudomonas*, *Sphingomonas*, *Dioszegia*...). L’avènement des nouvelles méthodes de séquençage haut-débit a permis d’approfondir notre vision de cette biodiversité, tout en surmontant en partie les problèmes liés à la faible biomasse ($\sim 10^4$ cellules m⁻³). Le séquençage de bibliothèques d’amplicons (gènes de l’ARNr 16S et 18S) sur plateforme Illumina MiSeq, générées à partir d’extraits ADN et ARN de 3 échantillons d’eau de nuage, a confirmé la large domination des Protéobactéries dans les communautés microbiennes, tout en mettant à jour la présence de nouveaux groupes tels que les virus, les cyanobactéries, ou encore les Archaeas, notamment. Clairement, certains groupes taxonomiques ne sont présents que ponctuellement, alors que d’autres paraissent plus récurrents et pourraient représenter la microflore caractéristique des écosystèmes nuageux. La biodiversité active déterminée à partir des extraits ARN concerne une fraction seulement des groupes présents ; ces données sont actuellement en cours d’analyse et seront présentées lors du colloque. Enfin, les métagénomés obtenus par MDA témoignent de la diversité génétique des microorganismes transitant par l’atmosphère, ainsi que de leurs multiples capacités d’interactions avec les environnements nuageux.

Mots-Clés: nuages, atmosphère, biodiversité, NGS, métagénome

*Intervenant

A survey of light and temperature effects on marine eukaryotic phytoplankton bloom initiation in north western Mediterranean Sea using combined environmental monitoring and microcosm approaches

Stefan Lambert ^{*† 1}, Philippe Schatt ¹, Aurore Gueux ², Olivier Crispi ¹,
Eric Maria ², Pascal Conan ¹, François-Yves Bouget ^{* ‡ 1}

¹ Laboratoire d'Océanographie Microbienne (LOMIC) – CNRS : UMR7621, Université Pierre et Marie Curie (UPMC) - Paris VI – Observatoire Océanologique, Banyuls/mer, France

² Observatoire océanologique de Banyuls (OOB) – CNRS : UMS2348, Université Pierre et Marie Curie (UPMC) - Paris VI – LABORATOIRE ARAGO BP 44 66651 BANYULS SUR MER CEDEX, France

Marine phytoplankton plays essential roles in food webs and biogeochemical cycles contributing to nearly half of the global primary production. Ocean warming is supposed to be the main factor contributing to the recently observed changes in global phytoplankton biomass and productivity, phenology (timing of phytoplankton bloom), and community composition. In temperate oceanic areas, phytoplankton abundance and biomass increase drastically from winter to spring. These spring blooms contribute substantially to the annual primary production and to maintain the marine food web.

Combining in situ survey of microbial diversity (7 year time series) and microcosm experiments on a coastal site of north western Mediterranean sea (SOLA station Banyuls sur Mer) we have investigated the importance and hierarchism of environmental factors triggering the spring bloom of eukaryotic picophytoplankton. Our results highlight the key role of temperature and to some extent, light, in initiating the bloom. They also suggest that upon global warming, the uncoupling of light and temperature drivers will affect the phenology of blooms and potentially the entire food web.

This work is funded by the ANR PHOTO-PHYTO (ANR-14-CE02-0018) project to FYB.

Mots-Clés: phytoplankton bloom, environmental monitoring, microcosm

*Intervenant

†Auteur correspondant: stefan.lambert@obs-banyuls.fr

‡Auteur correspondant: francois-yves.bouget@obs-banyuls.fr

Diversity, abundance and physiological potential of microorganisms from the Canterbury Basin

Karine Alain ^{*† 1}, Maria-Cristina Ciobanu ¹, Frédéric Gaboyer ¹, Gaetan Burgaud ², Alexis Dufresne ³, Anja Breuker ⁴, Vanessa Rédou ², Sarah Ben Maamar ⁵, Axel Schippers ⁴, Philippe Vandenkoornhuyse ³

¹ Laboratoire de Microbiologie des Environnements Extrêmes [Plouzané] (LM2E) – CNRS : UMR6197, Institut Français de Recherche pour l’Exploitation de la Mer (IFREMER), Université de Bretagne Occidentale [UBO] – IUEM, France

² Laboratoire Universitaire de Biodiversité et d’Ecologie Microbienne LUBEM (EA3882) – Université de Bretagne Occidentale [UBO] – ESIAB Plouzané, France

³ Ecosystèmes, biodiversité, évolution (ECOBIO) – INEE, Université de Rennes 1, CNRS : UMR6553, Observatoire des Sciences de l’Univers de Rennes – Bâtiment 14 - Université de Rennes 1 - Campus de Beaulieu - CS 74205 - 35042 Rennes Cedex - France, France

⁴ Bundesanstalt für Geowissenschaften und Rohstoffe (BGR) – Hannover, Allemagne

⁵ Laboratoire de Microbiologie des Environnements Extrêmes [Plouzané] (LM2E) – CNRS : UMR6197, Institut Français de Recherche pour l’Exploitation de la Mer (IFREMER), Université de Bretagne Occidentale [UBO] – IUEM Plouzané, France

The subsurface realm is colonized by microbial communities to depths of more than 1000 meters below the seafloor. We investigated the subsurface microbial communities from a core of a record-length (1927m) collected in the Canterbury basin, during the IODP Leg 317 expedition. A stringent high-throughput 454-pyrosequencing approach targeting the 16S/18S rRNA genes for Bacteria, Archaea and Eukarya, along with real-time PCR analysis (genetic markers and functional genes), cell counts and cultures, were performed to assess microbial abundance, diversity and activity all along the core. Our results suggest that diverse microorganisms persist down to 1922 mbsf in the seafloor of the Canterbury Basin and extend the previously known depth limits of microbial evidence (i) from 159 to 1740 mbsf for Eukarya and (ii) from 518 to 1922 mbsf for Bacteria. In addition, metagenome analyses (Illumina) have been performed to determine the functional potential of microorganisms from 2 depth horizons (31 and 136 mbsf) and to hypothesize their ecological functions. The metagenome analyses gave information about diversity (presence of phages notably) and metabolisms, and revealed a potential for processes that may confer selective advantages in subsurface. Annotation of genomic fragments described the metabolic versatility of some taxa. This study confirmed that the subsurface habitat is unique compared to other habitats at the (meta)-genomic level and described physiological potential of still uncultured groups. Ciobanu, M.-C., Burgaud, G., Dufresne, A., ... & Alain, K (2014). The ISME Journal 8: 1370-1380 - Gaboyer, F., Burgaud, G. & Alain, K. FEMS Microbiology and Ecology. In press.

Mots-Clés: Biosphère de subsurface, diversité, potentiel fonctionnel

*Intervenant

†Auteur correspondant: Karine.Alain@univ-brest.fr

L'environnement physico-chimique de la rhizosphère pourrait-il être un levier de tolérance de la microflore face aux stress hydriques ?

Annette Bérard *¹, Stéphane Ruy², Anaïs Coronel³, Bruce Toussaint³,
Line Capowiez³, Sonia Czarnes⁴, Laurent Legendre⁴, Claude Doussan³

¹ UMR1114 Environnement Méditerranéen et Modélisation des AgroHydrosystèmes (EMMAH) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1114 – Site Agroparc 84914 Avignon Cédex 9, France, France

² UMR1114 Environnement Méditerranéen et Modélisation des AgroHydrosystèmes – Institut National de la Recherche Agronomique - INRA (FRANCE) – France

³ UMR1114 Environnement Méditerranéen et Modélisation des AgroHydrosystèmes – Institut national de la recherche agronomique (INRA) – France

⁴ CNRS UMR5557 - Team3 Laboratoire Ecologie Microbienne Lyon France – CNRS : UMR5557 – France

Hot-spot d'activité, la rhizosphère est un milieu où, en interaction avec la biologie, les propriétés physico-chimiques se différencient : l'agrégation, la densité, la porosité et les transferts d'eau et de nutriments seraient modifiés par rapport au sol "moyen". Réciproquement, ces conditions physico-biologiques spécifiques pourraient induire des comportements particuliers (résistance ? résilience ?) des microorganismes et des plantes vis-à-vis de stress environnementaux (sécheresses). La production d'exopolysaccharides (EPS) par les racines et les microorganismes pourrait avoir un rôle important dans ces interactions-rétroactions biologie-propriétés hydriques. Au cours de 2 campagnes de prélèvements d'une expérimentation en champs (maïs), nous avons caractérisé des échantillons de sols rhizosphérique et moyen d'un point de vue physicochimie (rétention en eau, EPS) et microbiologique (biomasse microbienne, catabolisme, stabilité de la respiration après perturbation de "canicule"). Les sols rhizosphériques présentaient des biomasses, une stabilité face au stress physique, des quantités d'EPS et des valeurs de rétention en eau plus élevées que les sols moyens. Nous avons mis en évidence des corrélations entre rétention en eau et quantités d'EPS dans les sols, confirmant le rôle des EPS dans les propriétés hydriques des sols. Ces résultats sont plus prononcés en été qu'au printemps.

Mieux connaître ces interactions au sein de la rhizosphère entre propriétés hydriques locales, modifiées, du sol et comportements microbiens (processus de minéralisation) vis-à-vis des stress hydriques, nous permettra de mieux appréhender la réponse de la plante et de la microflore du sol, dans un contexte agronomique de changement climatique avec des périodes de déficit hydrique plus intenses et plus fréquentes.

Mots-Clés: rhizosphère, Hot, spot, exopolysaccharides (EPS), rétention en eau, respiration, résistance, résilience, sécheresse, canicule

*Intervenant

Caractérisation des interactions entre les bactéries de réservoirs pétroliers et les interfaces eau-hydrocarbure-roche

Boussad Arroua * ¹, Patrick Bouriat[†] ², Laurent Urios[‡] ¹, Anthony Ranchou-Peyruse[§] ¹, Régis Grimaud ¹

¹ Institut Pluridisciplinaire de Recherche sur l'Environnement et les Matériaux (IPREM) – CNRS : UMR5254, Université de Pau et des Pays de l'Adour [UPPA] – Hélio parc Pau Pyrénées 2 av. P. Angot 64053 PAU CEDEX 9, France

² Laboratoire des Fluides Complexes et leurs Réservoirs (LFC-R) – Université de Pau et des Pays de l'Adour [UPPA], CNRS : UMR5150, TOTAL – BP 1155 - 64013 Pau, France

La récupération assistée des hydrocarbures par des microorganismes (MEOR) est une technologie potentiellement utilisable pour améliorer l'efficacité de l'extraction pétrolière. En effet, la croissance des bactéries indigènes peut conduire à la production de biosurfactants, des polysaccharides et la formation de biofilms. Ces activités peuvent améliorer la récupération du pétrole en modifiant les propriétés des interfaces eau-pétrole-roche ou en modifiant l'écoulement des fluides (eau et pétrole) au sein de la roche réservoir. Cependant, le manque de connaissances sur la physiologie et les activités métaboliques des microorganismes de réservoirs est un obstacle majeur pour le développement de cette approche. Dans le cadre de ce travail, les caractéristiques physiologiques d'intérêt dans le cadre de la MEOR ont été évaluées sur 96 souches bactériennes isolées exclusivement à partir d'échantillons de fluides de réservoirs pétroliers. Ces souches bactériennes appartiennent à trois groupes métaboliques : les sulfato-réducteurs (SRB), les anaérobies fermentaires et les fermentaires thiosulfato-réducteurs. Les capacités physiologiques ciblées lors de cette étude sont la capacité à produire des biosurfactants, à former des biofilms et à dégrader l'hexadécane. Ainsi, 35 souches bactériennes produisent un biosurfactant. 30% des souches testées forment un biofilm sur silice avec une dominance des BSR. 13% des souches semble capables de croître en présence de l'hexadécane comme seule sources de carbone. Cette prospection nous a permis d'avoir une image de la diversité des bactéries possédant des activités appropriées pour la MEOR et de sélectionner des souches qui ont des propriétés pertinentes afin de développer des modèles d'étude.

Mots-Clés: réservoirs pétroliers, biosurfactants, anaérobies fermentaires, sulfatoréducteurs, biofilm

*Intervenant

[†] Auteur correspondant: patrick.bouriat@univ-pau.fr

[‡] Auteur correspondant: laurent.uriros@univ-pau.fr

[§] Auteur correspondant: anthony.ranchou-peyruse@univ-pau.fr

ÉTUDE DE LA BIODIVERSITÉ DES BACTÉRIES MODÉRÉMENT HALOPHILES DE LA SEBKHA DE BOUGTOB ET LEUR APTITUDE À PRODUIRE DES BIOMOLÉCULES

Farida Nateche * ¹, Meriam Amziane[†] ¹, Amel Darenfend Bouanane[‡] ¹,
Jean-Luc Cayol[§] ², Marie-Laure Fardeau[¶] ²

¹ Université des Sciences et de la Technologie Houari Boumediene [Alger] (USTHB) – BP 32 EL ALIA
16111 BAB EZZOUAR ALGER, Algérie

² Institut méditerranéen d’océanologie (MIO) – CNRS : UMR7294, Université du Sud Toulon - Var,
Institut de recherche pour le développement [IRD] : UMR235, Aix Marseille Université – M.I.O. Institut
Méditerranéen d’Océanologie Campus de Luminy Case 901 13288 MARSEILLE cedex 09, France

Les environnements salins sont des environnements extrêmes abritant une multitude de microorganismes halophiles et halotolérants ouvrant une porte sur des domaines prometteurs. L’intérêt croissant pour ces micro-organismes est dû au désir de connaître les limites de la vie et d’élargir les connaissances sur leurs biodiversités et leurs physiologies adaptatives particulières. Le but de ce travail a été dans un premier temps l’étude de la biodiversité des bactéries modérément halophiles de la sebkha de Bougtob, un lac salé situé dans le sud-ouest algérien. Outre, nous avons entrepris une recherche de biomolécules à propriétés enzymatiques et antimicrobiennes.

Les 25 isolats obtenus ont été caractérisés sur le plan phénotypique et phylogénétique. L’investigation moléculaire par l’ARNr16S a permis l’affiliation de ces souches aux genres : Halomonas, Virgibacillus, Lentibacillus, Paralibacillus, Halobacillus, Alkalibacillus, Natrialba et Haloferax.

Nous avons évalué par la suite leurs capacités à synthétiser des enzymes extracellulaires à potentiel industriel à savoir, la caséinase, la lécithinase, la lipoprotéinase, la lipase, l’estérase, l’amylase, la cellulase et la gélatinase. On a aussi testé le pouvoir antagoniste de ces souches halophiles modérées vis-à-vis de *Monilia* spp., *Thielaviopsis* spp., *Colletotrichum* spp., *Fusarium* spp., *Aspergillus niger*, *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline, *Pseudomonas aeruginosa* et *Escherichia coli*.

Le Sahara algérien est un territoire vierge qui a beaucoup à offrir pour l’étude de la biodiversité des espèces microbiennes et de leur évolution dans le temps et l’espace.

Mots-Clés: biodiversité, Halophiles, sebkha, phylogénie, biomolécules

*Intervenant

†Auteur correspondant:

‡Auteur correspondant:

§Auteur correspondant: jean-luc.cayol@mio.osupytheas.fr

¶Auteur correspondant:

Anoxybacillus et Geobacillus d'origine hydrothermale, sources d'enzymes thermostables

Amel Bouanane-Darenfed * ¹, Khelifa Bouacem *

¹, Farida Nateche *

¹, Marie-Laure Fardeau *

², Jean- Luc Cayol *

2

¹ Laboratoire de Biologie Cellulaire et Moléculaire (Equipe de Microbiologie), Université des Sciences et de la Technologie Houari Boumediene, Alger, Algérie (USTHB) – BP 32 EL ALIA 16111 BAB
EZZOUAR ALGER, Algérie

² Aix Marseille University, IRD, University of Toulon, CNRS, Mediterranean Institute of Oceanography (MIO) – Aix Marseille University – UM 110, 13288 Marseille, cedex 09, France

Des souches de Geobacillus et de Anoxybacillus isolées à partir de deux sources chaudes du Nord de l'Algérie ont été étudiées pour leur capacité de dégrader plusieurs molécules , notamment : cellulose, xylane, amidon, gélatine, lécithine du jaune d'œuf, caséine , lipase, estérase ainsi que d'autres hétérosides, polyalcools et acides uroniques à des températures de 60C. Les résultats obtenus sont très intéressants pour l'ensemble des souches. Cette caractéristique les rend intéressantes sur le plan industriel et biotechnologique. La stabilité de ces enzymes offre de nouvelles opportunités pour la biocatalyse et la biotransformation. Geobacillus et de Anoxybacillus apparaissent comme des représentants des sources hydrothermales terrestres ou sub-terrestres, et communs aux écosystèmes chauds de la planète, ils peuvent être considérés comme des marqueurs biologiques de ces biotopes.

Mots-Clés: Source thermale, Anoxybacillus, Geobacillus, Activités enzymatiques thermostables.

*Intervenant

Biodiversité des procaryotes anaérobies indigènes à une source thermale mexicaine (Los Azufres, Michoacán) : caractérisation d'une nouvelle espèce acidophile appartenant au genre *Thermodesulfobium*

Manon Bartoli *¹, Lise Cao Van Tuat¹, Johanne Aubé², María Fernanda Pérez Bernal^{1,2,3}, Maria Soledad Goni-Urriza², Cristiana Cravo-Laureau², Germán Cuevas Rodríguez³, Elcia Margareth Souza Brito³, Bernard Ollivier¹, Rémy Guyoneaud², Agnès Hirschler-Réa^{†1}

¹ Institut méditerranéen d'océanologie (MIO) – CNRS : UMR7294, Université du Sud Toulon - Var, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UMR235, Aix Marseille Université – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Campus de Luminy Case 901 13288 MARSEILLE cedex 09, France

² Equipe Environnement et Microbiologie - IPREM UMR CNRS 5254 (EEM) – CNRS : UMR5254, Université de Pau et des Pays de l'Adour [UPPA] – IBEAS - UFR Sciences BP 1155 64013 PAU CEDEX, France

³ Environmental Engineering Laboratory, Université de Guanajuato – Campus de Guanajuato, Mexique

Dans le cadre du projet BIOMETAL1, la diversité moléculaire et culturelle d'une source thermale mexicaine (Los Azufres, Michoacán) naturellement acide (pH 2) et riche en soufre, a été étudiée. Deux points de prélèvements, se distinguant notamment par leur température (35 et 82C), ont été pris en compte. L'analyse des gènes de l'ARNr 16S a montré une très faible diversité procaryote (moins de 100 OTU). Parmi les anaérobies appartenant au domaine des Bacteria, le genre dominant est composé d'espèces sulfo-réductrices du genre *Desulfurella*. Les approches culturelles ont permis d'isoler des anaérobies du domaine des Bacteria. Bon nombre d'entre elles appartiennent à l'ordre des Clostridiales (*Clostridium*, *Thermoanaerobacterium*). Plusieurs bactéries sulfo-réductrices, représentantes du genre *Desulfurella* (classe des delta-Proteobacteria), ont également été isolées, ce qui conforte la dominance des espèces de ce genre dans ces eaux acides riches en soufre élémentaire. Par ailleurs, des bactéries sulfato-réductrices, ont été isolées. Parmi elles, la souche AZC1502 constitue le quatrième membre de l'ordre des Thermoanaerobacterales (classe des Clostridia) représenté par deux genres et trois espèces, *Thermodesulfobium narugense*, *Coprothermobacter platensis* et *C. proteolyticus*. Cette nouvelle souche thermophile, lithoautotrophe, est capable d'utiliser le sulfate et le thiosulfate comme accepteur final d'électrons. Sa gamme de pH est comprise entre 3,8 et 7,7 (optimum 4,5-6). Cette souche, qui représente la 4e souche sulfato-réductrice acidophile décrite, sera proposée comme nouvelle espèce du genre *Thermodesulfobium*. 1: ANR-12-ISV7-0006-02

Mots-Clés: sulforéduction, sulfatoréduction, acidophilie, biodiversité, *Thermodesulfobium*

*Intervenant

†Auteur correspondant: agnes.hirschler@univ-amu.fr

Diversité des bactéries magnétotactiques d'un lac marin sur la côte atlantique française

Nathalie Pradel * ¹, Maxime Fuduche ², Bernard Ollivier ¹

¹ MEB, MIO, UM110, IRD, Marseille – Aix Marseille Université – France

² MEB, MIO, UM110, Marseille – Aix Marseille Université – France

Les bactéries magnétotactiques sont des microorganismes aquatiques capables de former des cristaux de magnétite dans leur cytoplasme. Ces cristaux leur permettent de s'orienter le long des lignes du champs magnétique terrestre. Les potentiels écologiques et biotechnologiques majeurs de ces bactéries en font des modèles d'étude de grand intérêt. Ici, nous mettons pour la première fois en évidence la présence de ces bactéries sur la côte Atlantique Nord. Leur observation en microscopie indique une population hétérogène composée de plusieurs morphotypes. L'analyse du 16 rDNA par pyrosequençage révèle la présence d'au moins quatre unités taxonomiques affiliées à l'ordre des Magnetococcales, classe des Alphaproteobactéries. L'une d'entre elle est étroitement liée aux bactéries magnétotactiques mises en évidence sur la côte méditerranéenne tunisienne. Ce travail apporte de nouvelles informations sur le contexte environnemental et la biogéographie des bactéries magnétotactiques. De plus, il souligne l'impact possible des courants marins sur la distribution de ces bactéries sur la planète.

Mots-Clés: bactéries magnétotactiques, courants marins, Atlantique, Méditerranée, Magnétococcales

*Intervenant

Effet de différents types de Produits Résiduaire Organiques sur les communautés microbiennes telluriques

Sophie Sadet-Bourgeteau ^{*† 1}, Sabine Houot ², Samuel Dequiedt ³, Virginie Nowak ⁴, Vincent Tardy ⁴, Sébastien Terrat ⁴, Denis Montenach ⁵, Vincent Mercier ², Pierre Alain Maron ⁴

¹ INRA Dijon, UMR 1347 Agroecology – Agrosup Dijon – France

² INRA Thiverval-Grignon, UMR 1402 Ecosys Ecologie fonctionnelle et Ecotoxicologie des agroécosystèmes – Institut National de la Recherche Agronomique - INRA (FRANCE) – France

³ INRA Dijon, Genosol Plateform – Institut National de la Recherche Agronomique - INRA (FRANCE) – France

⁴ INRA Dijon, UMR 1347 Agroecology – Institut National de la Recherche Agronomique - INRA (FRANCE) – France

⁵ INRA Colmar, UE 0871 Service d'expérimentation Agronomique et Viticole – Institut National de la Recherche Agronomique - INRA (FRANCE) – France

L'apport de Produits Résiduaire Organiques (PRO) permet de limiter la détérioration de la qualité des sols due à une exploitation intensive. Cependant, l'impact des PRO sur la qualité biologique des sols est peu documenté. Dans le présent projet, nous proposons d'évaluer cet impact via l'étude du métagénome microbien par pyroséquençage en utilisant la technologie 454. Des échantillons de sol ont été prélevés sur les dispositifs expérimentaux de Feucherolles (F) et Colmar (C) en mars 2012, un an après l'apport de PRO. Chaque site comportait des parcelles Témoin sans apport de PRO, et d'autres amendées avec différents types de PRO. Sur le site F, les PRO testés étaient : compost d'ordures ménagères résiduelles (OMR), compost de boue d'épuration (DVB), compost de biodéchets (BIO) et fumier de bovins (FUM). Sur le site C : boue d'épuration urbaine (BOUE), DVB, BIO, FUM et fumier de bovins composté (FUMc).

Pour le site F, aucun effet des PRO n'a été observé sur la structure de la communauté bactérienne. La structure de la communauté fongique (Basidiomycota) était, en revanche, modifiée par l'apport de BIO. Pour le site C, l'apport de FUM, FUMc et BOUE modifiait la structure de la communauté bactérienne (Crenarchaeota, Thaumarchaeota, Acidobacteria et Chloroflexi). La structure de la communauté fongique était, elle, impactée uniquement par l'apport de FUMc (Chytridiomycota).

En conclusion, nos résultats montrent que l'impact des PRO sur la diversité des communautés microbiennes du sol dépend de la qualité du PRO et du type de sol.

Mots-Clés: Communauté microbienne tellurique, Produits Résiduaire Organiques

*Intervenant

†Auteur correspondant: sophie.bourgeteau-sadet@agrosupdijon.fr

Distribution spatiale et déterminisme de la diversité microbienne à l'échelle de la France par application des techniques de NGS sur les sols du RMQS

Sebastien Terrat ¹, Samuel Dequiedt ², Mélanie Lelievre ², Corinne Cruaud ³, Patrick Wincker ³, Claudy Jolivet ⁴, Nicolas P. A. Saby ⁴, Dominique Arrouays ⁴, Walid Horrigue ⁵, Pierre Alain Maron ⁵, Nicolas Chemidlin Prevoist-Boure * ⁶, Lionel Ranjard ⁵

¹ INRA Dijon, UMR 1347 Agroecology – Université de Bourgogne – France

² INRA Dijon, Genosol Plateform – Institut National de la Recherche Agronomique - INRA (FRANCE) – France

³ Genoscope - Centre national de séquençage [Evry] (GENOSCOPE) – CEA, Genoscope – 2, rue Gaston Crémieux CP5706 91057 EVRY Cedex, France

⁴ INRA Orléans – Institut national de la recherche agronomique (INRA) – Unité de sciences du sol Avenue de la pomme de pin, BP 20619, 45166 Olivet Cedex, France

⁵ INRA Dijon, UMR 1347 Agroecology – Institut National de la Recherche Agronomique - INRA (FRANCE) – France

⁶ Agroécologie (AgroSup Dijon) – Agrosup, Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1347, Université de Bourgogne – BP 86510, F-21000 Dijon, France

Le sol, longtemps considéré comme seul support de construction et de production, est maintenant légitimé comme un des derniers remparts pour la biodiversité terrestre. Les microorganismes y sont les plus abondants et diversifiés (> 109 individus et > 106 espèces par gramme de sol) et jouent un rôle central dans le fonctionnement des sols et les services écosystémiques associés (recyclage des nutriments, qualité de l'atmosphère et de l'eau, production primaire...). Améliorer la qualité des sols et la durabilité de leur usage nécessite donc de mieux connaître les processus écologiques et les filtres environnementaux impliqués dans la diversification et l'assemblage de ces communautés et passe nécessairement par des études à grandes échelles spatiales considérant leur diversité beta (variation des communautés entre écosystèmes). Dans ce contexte, les communautés bactériennes et fongiques ont été caractérisées sur tous les sols du RMQS (Réseau de Mesures de la Qualité des Sols, 2200 sites) à une échelle nationale par une approche de pyroséquençage. Une approche géostatistique a permis de cartographier et de définir les profils de distribution de la diversité microbienne à l'échelle de la France. Des analyses multivariées et des approches de partition de variance ont permis d'identifier les paramètres environnementaux (pédo-climat, géomorphologie, espace) structurant les communautés microbiennes et d'évaluer la prévalence de processus écologiques déterministes ou neutres sur ces assemblages. L'extension de ces approches aux taxons majoritaires a permis de revisiter leurs attributs écologiques. Enfin, ce jeu de données a permis de démontrer l'extraordinaire taux de diversification des communautés microbiennes en revisitant la relation aire-espèce.

*Intervenant

Mots-Clés: sol, pyroséquençage, communauté bactérienne, communauté fongique, biogéographie, relation aire, espèces, indices de diversité, profils de distribution, territoire national

Impact du type d'acier sur la diversité microbienne à l'interface acier-argilite après 10 ans de contact au sein d'une couche d'argilite profonde

Laurent Urios * ¹, Jean-Christophe Auguet ¹, Laure Lazorthes ¹, Margot Flachet ², François Marsal ³, Michel Magot ¹

¹ Institut Pluridisciplinaire de Recherche sur l'Environnement et les Matériaux (IPREM) – CNRS : UMR5254, Université de Pau et des Pays de l'Adour [UPPA] – Equipe Environnement et Microbiologie IBEAS 64013 Pau, France

² Institut de Radioprotection et de Sécurité Nucléaire (IRSN) – Ministère de l'écologie de l'Energie, du Développement durable et de l'Aménagement du territoire – PRP-DGE/SEDRAN/B4S, B.P. 17, 92262 Fontenay aux Roses Cedex, France

³ Institut de radioprotection et de sûreté nucléaire (IRSN) – Ministère de l'écologie de l'Energie, du Développement durable et de l'Aménagement du territoire – IRSN, PRP-DGE/SEDRAN/BERAM, B.P. 17, 92262 Fontenay aux Roses Cedex, France

Le concept français de stockage de déchets radioactifs en couche argileuse profonde implique l'utilisation d'aciers, entre les déchets de haute activité et la roche, contribuant au confinement des radionucléides. Les microorganismes aux interfaces entre roche et acier pourraient impacter la corrosion des composants métalliques et affecter leur durabilité. Afin d'étudier cette question, une expérience à long terme a été réalisée en conditions in situ. Des coupons d'aciers carbone, inoxydable et réfractaire, séparés par de l'argilite recompactée, ont été placés dans une couche d'argilite profonde dans 2 forages soumis à des conditions environnementales différentes. Dix ans plus tard, les coupons et l'argilite environnante ont été extraits. Les diversités phylogénétique et fonctionnelle microbiennes aux interfaces acier-argilite ont été caractérisées par séquençage à haut débit. L'analyse phylogénétique indique que les communautés au contact d'acier ont des trajectoires évolutives différentes comparées aux contrôles, avec des assemblages dominés par des genres bactériens sulfato-réducteurs et ferri-réducteurs connus pour être impliqués dans les phénomènes de corrosion. L'estimation des métagénomés associés aux communautés corrobore ces résultats en montrant un enrichissement des gènes impliqués dans le métabolisme des sulfures dans les échantillons au contact d'acier. L'humidité et surtout le type d'acier sont les facteurs structurants prédominants au niveau phylogénétique et fonctionnel. Les coupons en acier carbone sont les plus corrodés et se caractérisent par des communautés dominées par des *Geobacter* ainsi qu'un enrichissement en gènes de la biosynthèse des lipopolysaccharides et du chimiotactisme. Ces résultats sont à considérer pour le dimensionnement des aciers d'un stockage géologique de déchets radioactifs.

Mots-Clés: sulfatoréducteur, ferriréducteur, corrosion, stockage géologique profond, argilite, acier

*Intervenant

Production de biohydrogène et diversité des hydrogénases [Fe-Fe] du système hyperthermal sous-marin hyperalcalin de la baie de Prony, Nouvelle-Calédonie

Nan Mei *¹, Li Zhonglin¹, Anne Postec¹, Bernard Pelletier², Claude Payri², Bernard Ollivier¹, Gaël Erauso¹, Marianne Quémeneur^{† 1}

¹ Institut méditerranéen d'océanologie (MIO) – CNRS : UMR7294, Université du Sud Toulon - Var, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UMR235, Aix Marseille Université – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Campus de Luminy Case 901 13288 MARSEILLE cedex 09, France

² Centre IRD – Nouméa, 101 Promenade Roger Laroque, Anse Vata – Nouvelle-Calédonie

L'hydrogène (H₂) est une source d'énergie très convoitée de nos jours. Il est naturellement présent en grande quantité sous forme de gaz libre ou dissous dans les fluides hyperalcalins émis par le système hydrothermal de la Baie de Prony en Nouvelle-Calédonie. Afin de déterminer la part des processus biotiques (e.g. fermentation) et abiotiques (réactions de serpentinisation) dans le cycle de l'H₂ à Prony, le potentiel des microorganismes à produire de l'H₂ dans cet écosystème a été évalué par des analyses culturales et moléculaires sur des échantillons de fluide et de concrétions collectés de différents sites. La diversité globale des bactéries présentes a été étudiée par analyse des séquences des gènes codant l'ARNr 16S tandis que celles des populations productrices d'H₂ a été évaluée en se basant sur l'analyse des gènes *hydA*, codant la sous-unité catalytique des hydrogénases [Fe-Fe]. Cette étude a montré que la diversité spécifique et fonctionnelle varie en fonction des sites échantillonnés et de leur profondeur. Les Clostridiales dominent dans les séquences *hydA* obtenues par séquençage des produits de PCR de ce gène ainsi que dans celles issues d'une approche métagénomique. Deux groupes de séquences *hydA* se distinguent et coïncident avec une origine de " surface " ou " profonde " de leurs hôtes présumés. Par ailleurs, nous avons isolé plusieurs souches de Clostridiales d'échantillons de cheminées et concrétions des différents sites de Prony. Parmi elles, la souche *Clostridium* sp. ProH₂ produit efficacement de l'H₂ par voie fermentaire (2,71 moles d'H₂/mole de glucose) en condition alcaline (pH 9,5).

Mots-Clés: Serpentinisation, Hydrogène, Diversité, *hydA*, Séquençage

*Intervenant

[†]Auteur correspondant: marianne.quemeneur@ird.fr

Solution de séquençage à haut degré de multiplexage pour l'étude des communautés microbiennes au sein des environnements complexes

Jérémy Denonfoux * ¹, Céline Wahl ¹, Yannick Laurent ¹, Frédéric Texier ¹,
Stéphanie Ferreira[†] ¹

¹ Genoscreen – Institut Pasteur de Lille – France

L'exploration des communautés microbiennes au sein des environnements complexes a récemment conduit au développement des méthodes moléculaires se basant sur l'identification de gènes biomarqueurs, dans les domaines de l'écologie, agronomie et des biotechnologies. Les évolutions récentes des technologies de séquençage sur la plate-forme Illumina Miseq en 2x300 pb en termes de longueur des séquences et de profondeur, rendent les analyses de PCR ciblées très intéressantes en métagénomique. Actuellement les protocoles classiques proposant un multiplexage supérieur à 96 échantillons sur un même run, sont peu utilisés en métagénomique et restent coûteux. Nous avons travaillé au développement d'une méthode standardisée et optimisée, proposant un haut degré de multiplexage (jusqu'à 384 échantillons sur un même run) pour l'exploration des environnements complexes.

Notre solution de séquençage propose (i) un protocole standardisé et à façon de préparation des amplicons, (ii) la réassociation des lectures "paired-end" 2x300 pb pour l'obtention d'amplicons pleine longueur et (iii) un pipeline d'analyse dédiée pour l'affiliation taxonomique des séquences et l'analyse de la structure des communautés microbiennes.

Cette solution d'analyse à haut-degré de multiplexage a été validée sur des échantillons environnementaux complexes. La combinaison d'optimisations techniques et bioinformatiques aboutissent à la réduction des coûts et proposent une grande flexibilité tout en conservant une profondeur d'analyse suffisante pour les communautés environnementales souvent très complexes. Cette solution est adaptée pour l'étude de la structure des communautés microbiennes via l'étude de l'ADNr 16S, 18S et ITS, mais peut être également appliquée à l'étude de la fonction via l'étude de gènes fonctionnels.

Mots-Clés: Métagénomique, Diversité microbienne, Séquençage nouvelle génération, multiplexage, affiliation taxonomique

*Intervenant

†Auteur correspondant: stephanie.ferreira@genoscreen.fr

De la structure des communautés microbiennes, à l'expression des activités enzymatiques dans des sols soumis à différentes contraintes agronomiques

Wassila Riah-Anglet * ^{1,2}, Marie-Paule Norini ², Emilie Larcohe-Ajzenberg ², Isabelle Trinsoutrot-Gattin[†] ², Xavier Latour ³, Karine Laval ²

¹ Laboratoire de microbiologie, signaux et micro-environnement (LMSM) – Université de Rouen : EA4312 – université de Rouen, UFR science et technique, 76821 Mont Saint Aignan, France

² Unité Agroécologie des Territoires (Unité Agri'Terr) – Esitpa – 3 rue du tronquet CS 40118 76134 Mont Saint Aignan Cedex, France

³ Laboratoire de microbiologie, signaux et micro-environnement (LMSM) – Université de Rouen : EA4312 – Laboratoire de Microbiologie Signaux et Microenvironnement (LMSM EA 4312) Normandie Université - Université de Rouen - IUT Evreux, Evreux, France, France

De nombreux travaux soulignent qu'il est possible de décrire la structure et les fonctions des communautés microbiennes. Cependant, il n'existe que peu d'informations pouvant aider à la compréhension des relations structure/ fonctions. L'objectif de ce travail est de décrire les relations structure/ fonctions pour avancer dans la compréhension du rôle des communautés microbiennes dans le fonctionnement des sols. La stratégie globale de recherche développée pour l'étude des relations structure/ fonctions, repose sur des expérimentations in situ et en conditions contrôlées. Les expérimentations in situ ont été menées sur un site agricole présentant des parcelles avec des historiques différents. Ces expériences ont montré que le mode d'usage des sols semble être le premier facteur déterminant de la structure des communautés microbiennes et des activités enzymatiques. Les résultats montrent également un phénomène de résilience du profil fonctionnel, résultant de l'évolution de la structure sous l'introduction de prairies dans les rotations culturales. Parallèlement à cette approche in situ, des microcosmes ont été mis en place pour analyser la réponse des communautés microbiennes à des stress drastiques. Ces stress ont consisté à appliquer soit un choc thermique soit un fongicide à 1000 fois la dose agronomique, sur un sol de prairie permanente et un sol de grande culture. Les expérimentations en microcosmes confirment qu'un stress drastique modifie les communautés microbiennes et les fonctions enzymatiques dans les sols. Cependant, la réponse aux stress est dépendante de la structure initiale de la communauté microbienne et de la nature du stress appliqué.

Mots-Clés: structure/fonction, communautés microbiennes, mode d'usage des sols, rotations culturale, activités enzymatiques, stress

*Intervenant

[†]Auteur correspondant: igattin@esitpa.fr

Etude phylogénétique, moléculaire et phénotypique de nouveaux taxons extrêmophiles colonisant un lac salé situé dans une région saharienne en Algérie.

Nariman Addou ^{*† 1}, Peter Schumann ², Cathrin Spröer ², Wajdi Ben Hania ³, Hocine Hacene ¹, Amel Bouanane ¹, Guy Fauque ³, Jean-Luc Cayol ³, Marie-Laure Fardeau ^{* ‡ 3}

¹ Laboratoire de Biologie Cellulaire et Moléculaire. Equipe Microbiologie, Université des Sciences et de la Technologie Houari Boumediène – Bab Ezzouar, BP 32, El Alia 16111, Alger., Algérie

² Leibniz Institut DSMZ - Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH. (DSMZ) – Inhoffenstraße 7B, 38124 Braunschweig, Allemagne

³ Aix Marseille Université, IRD, Université de Toulon, CNRS, MIO UM 110, – Institut de recherche pour le développement [IRD] : UMR110 – 13288, Marseille, France

Les microorganismes colonisent une diversité infinie de niches écologiques. Ils ont été découverts dans les milieux les plus insolites sur la terre. De par sa position géographique, sa configuration physique et la diversité de son climat, l'Algérie dispose d'une importante richesse en divers habitats particuliers, tels que les lacs salés. Ces écosystèmes ont été longtemps considérés dépourvus de vie. La découverte des microorganismes bien adaptés qui y prolifèrent a brisé l'idée répandue selon laquelle le sel en forte concentration est létal pour cellule vivante. Ces microorganismes, les halophiles, ont été les premiers extrêmophiles découverts. Les extrêmophiles intrigants quant à leur capacité à prospérer dans des conditions hostiles présentent une importance scientifique énorme. Leur étude a permis d'aborder les questions relatives aux limites de la vie sur la terre. Ils suscitent un intérêt de plus en plus croissant chez les chercheurs désireux d'approfondir les connaissances sur la diversité du monde du vivant. En effet, les taxons qui représentent cette diversité nous aident à mieux appréhender les relations évolutives entre les microorganismes. Dans notre étude, qui a porté sur l'exploration du chott Melghir, situé dans une région saharienne en Algérie, nous avons isolé, décrit et caractérisé sur le plan phylogénétique, moléculaire et phénotypique trois nouveaux genres et espèces thermohalophiles. Il s'agit de *Melghirimyces Algeriensis*, *Melghirimyces thermohalophilus* et *Melghiribacillus thermohalophilus*. Cette étude, nous a permis d'élargir l'inventaire des bactéries polyextremophiles considérées jusqu'alors rares et d'enrichir nos connaissances sur la diversité taxonomique et physiologique que recèlent des environnements hypersalins.

Mots-Clés: lac salé, diversité, nouveaux taxons, extrêmophiles, thermohalophiles

*Intervenant

†Auteur correspondant: addou.nariman@gmail.com

‡Auteur correspondant: marie-laure.fardeau@univ-amu.fr

Les communautés microbiennes du lac Dziani Dzaha, analogue potentiel des océans précambriens

Hélène Agogue *¹, Cécile Bernard², Marc Bouvy³, Emmanuelle Gérard⁴, Pierre Cadeau⁴, Julie Mallet¹, Joao Gamma De Matos¹, Maria Cellamare², Charlotte Duval², Yannick Drelin², Eric Fouilland³, Patrice Got³, Didier Jézéquel⁴, Emilie Le Floch⁴, Gérard Sarazin⁴, Magali Ader⁴, Christophe Laboulangier³

¹ Littoral ENvironnement et Sociétés [La Rochelle] (LIENSs) – CNRS : UMR7266, Université de La Rochelle – Bâtiment Marie Curie Avenue Michel Crépeau 17 042 La Rochelle cx1 - Bâtiment ILE 2, rue Olympe de Gouges 17 000 La Rochelle, France

² UMR 7245 MCAM MNHN - CNRS (MNHN - CNRS) – Muséum National d'Histoire Naturelle (MNHN), CNRS : UMR7245 – 57 Rue Cuvier 75231 Paris Cedex 05, France

³ MARBEC – CNRS : UMR5119, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UR5119, Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer (IFREMER), Université de Montpellier – Place Eugène Bataillon 34095 MONTPELLIER, France

⁴ Institut de Physique du Globe de Paris (IPGP) – Université de la Réunion, Université Paris VII - Paris Diderot, IPG PARIS, INSU, CNRS : UMR7154 – IPGP, 1 rue Jussieu, 75238 Paris cedex 05 ; Université Paris Diderot, Bât. Lamarck A case postale 7011, 75205 Paris CEDEX 13, France

Le lac Dziani Dzaha est un lac volcanique de petite taille situé sur l'île de Petite Terre à Mayotte. Ce lac possède de nombreuses caractéristiques semblables à celle des océans primitifs du Précambrien. Comme le Dziani Dzaha, l'océan de cette ère était alors majoritairement peuplé de procaryotes, présentant une chaîne trophique réduite aux seuls producteurs primaires et décomposeurs microbiens. L'écosystème de ce lac est particulier : une eau sursalée par rapport à l'océan proche, particulièrement riche en carbone inorganique dissous et d'un pH constamment supérieur à 9. Dans ce lac, seul le premier mètre est oxygéné, les couches profondes restant en permanence anoxiques. Deux projets multidisciplinaires (ANR DZIANI & Fondation Total DZAHA) ont pour but d'étudier d'un point de vue géochimique et microbiologique cet écosystème unique. Les objectifs sont la caractérisation i) du cycle du carbone ; ii) des cycles de l'azote, du soufre et du fer et de leurs interactions avec le cycle du carbone iii) de la biodiversité et du rôle des microorganismes et finalement iv) des principales activités métaboliques présentes dans le lac. Les premières données issues des deux premières campagnes d'échantillonnage effectuées en 2014 ont mis en évidence une forte biomasse chlorophyllienne principalement constituée de cyanobactéries filamenteuses et de picoeucaryotes. Les procaryotes hétérotrophes sont également fortement abondants dans la colonne d'eau. Ces biomasses autotrophes et hétérotrophes entretiennent une activité métabolique intense. En dépit des alternances physicochimiques liées aux saisons sèche et humide, les différentes populations microbiennes restent très stables en biomasse, abondance et activité métabolique.

Mots-Clés: Diversité, lac, environnement extreme

*Intervenant

Nouvelles Firmicutes alcaliphiles de l'écosystème Hydrothermal de Prony, Nouvelle-Calédonie : de la culture aux génomes

Anne Postec ^{*† 1}, Marianne Quéméneur ¹, Méline Bes ¹, Nan Mei ¹, Fatma Benaïssa ¹, Claude Payri ², Bernard Pelletier ³, Bernard Ollivier ¹, Bénédicte Menez ⁴, Gaël Erauso ¹

¹ Institut méditerranéen d'océanologie (MIO) – CNRS : UMR7294, Université du Sud Toulon - Var, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UMR235, Aix Marseille Université – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Campus de Luminy Case 901 13288 MARSEILLE cedex 09, France

² Centre IRD – Nouméa, 101 Promenade Roger Laroque, Anse Vata – Nouvelle-Calédonie

³ Centre IRD de Nouméa – BP A5, 98848 Nouméa, Nouvelle-Calédonie

⁴ Institut de Physique du Globe de Paris (IPGP) – UMR7154 – 1 rue Jussieu, 75238 Paris Cedex 05, France

Les réactions géochimiques associées à la serpentinisation produisent d'importantes sources d'énergie et de carbone organique qui alimentent des écosystèmes microbiens basés sur la chimiosynthèse, dans des conditions analogues à celles qui auraient permis l'émergence des premières formes de vie sur Terre. Malgré l'intérêt croissant porté à la microbiologie de ces systèmes, la quasi-totalité des microorganismes associés reste pour l'heure incultivée. Dans l'écosystème hydrothermal hyper-alcalin et marin de Prony, influencé par la serpentinisation, des communautés bactériennes abondantes et diversifiées forment d'important biofilms au sein des cheminées carbonatées. Il s'agit principalement de Proteobacteria, de Chlorofexi et de Firmicutes dont nous avons réussi à cultiver plusieurs isolats alcaliphiles, les premiers décrits d'un écosystème marin serpentinisé. Ces souches ont fait l'objet d'études physiologiques détaillées et leur génome a été séquencé et annoté. Elles sont affiliées aux Clostridiales dans le phylum Firmicutes et représentent notamment 4 nouvelles espèces du genre *Alkaliphilus* ainsi qu'une nouvelle espèce du genre *Acetoanaerobium*. Ils sont capables de fermenter les sucres, des composés protéiques et des acides organiques. Leurs conditions de croissance optimales à pH 9, 30 à 37C, et 0,5% à 2% de NaCl (selon les souches) montrent leur adaptation à la vie à l'intérieur de la structure poreuse des cheminées, (mésothermiques, peu salé et alcalin). Le rôle de ces microorganismes dans les cycles biogéochimiques, du carbone et de l'hydrogène en particulier, sera évalué par analyse comparée de leur répertoire de gènes métaboliques.

Mots-Clés: Firmicutes, Alcaliphiles, *Alkaliphilus*, Serpentinisation, Génomes

*Intervenant

†Auteur correspondant: anne.postec@univ-amu.fr

Génomique comparée de trois nouvelles Thermotogales mésophiles du genre *Mesotoga*, *M. prima* PhosAC3, *M. prima* MesG1.Ag.4.2T et *M. infera* VN100

Wajdi Ben Hania ¹, Khaled Fadhlou ², Céline Brochier-Armanet ³, Cécile Persillon ⁴, Anne Postec ⁵, Moktar Hamdi ^{6,7}, Alain Dolla ⁸, Bernard Ollivier ⁵, Marie-Laure Fardeau ⁵, Jean Le Mer ⁵, Gaël Erauso ^{*† 5}

¹ Aix Marseille Université, IRD, Université de Toulon, CNRS, MIO UM 110, – Institut de recherche pour le développement [IRD] : UMR110 – 13288, Marseille, France

² Laboratoire d'Ecologie et de Technologie Microbienne, Institut National des Sciences Appliquées et de Technologie – Centre Urbain Nord, BP 676, 1080 Tunis, Faculté des Sciences de Carthage, Tunisie, Tunisie

³ Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive (LBBE) – CNRS : UMR5558, Université Claude Bernard - Lyon I, INRIA – 43 bd. du 11 Novembre 1918 69622 Villeurbanne Cedex, France

⁴ Protéus SA – PROTEUS – 70 Allée Graham Bell, 30035 Nîmes, France

⁵ Institut méditerranéen d'océanologie (MIO) – CNRS : UMR7294, Université du Sud Toulon - Var, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UMR235, Aix Marseille Université – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Campus de Luminy Case 901 13288 MARSEILLE cedex 09, France

⁶ Institut National des Sciences Appliquées et de Technologie (INSAT) – Centre Urbain Nord BP 676 - 1080 Tunis Cedex, Tunisie

⁷ Laboratoire d'Ecologie et de Technologie Microbienne, Institut National des Sciences Appliquées et de Technologie – Centre Urbain Nord, BP 676, 1080 Tunis, Faculté des Sciences de Carthage, Tunisie

⁸ Aix-Marseille Université, CNRS, LCB-UMR7283 – CNRS : UMR7283 – 13009 Marseille, France

Les Thermotogales, une des branches bactériennes basses de l'arbre phylogénétique du vivant, étaient connues pour ne comprendre uniquement que des représentants thermophiles. Bien que des études moléculaires aient émis l'hypothèse de l'existence de bactéries mésophiles appartenant à cet ordre dans divers environnements urbains ou industriels pollués (stations d'épuration, sédiments de port, etc.), ce n'est que récemment (2011-12) qu'elles ont pu être cultivées et caractérisées. Elles constituent de nouvelles espèces du genre *Mesotoga*. La première cultivée fût isolée dans notre laboratoire d'un digesteur traitant des déchets de phosphogypse en Tunisie. Peu après, la caractérisation complète d'une souche isolée de sédiments portuaires dont le génome a été séquencé, a été décrite par des équipes Norvégiennes et dénommée *M. prima* MesG1.Ag.4.2T. Enfin, nous avons caractérisé la deuxième espèce du genre *Mesotoga*, *M. infera* VN100. Ici nous présenterons l'analyse comparée des génomes des trois *Mesotoga* isolées à ce jour pour souligner leurs similitudes mais également les différences dans leur répertoire de gènes en regard de leur différence de métabolisme. Par exemple, les souches PhosAc3 et VN100 ne sont capables d'utiliser les substrats simples (sucres, peptides) qu'en présence de soufre élémentaire utilisé comme accepteur final d'électrons alors que la souche MesG1.Ag.4.2T peut utiliser ces substrats

*Intervenant

†Auteur correspondant:

par fermentation. Dans ce contexte, nous tiendrons compte du fait qu'une fraction importante des gènes des Mesotoga a été acquise par transfert latéral, en grande part depuis des Clostridiales avec lesquelles elles partagent le même habitat. Les implications en terme d'adaptation à des environnements mésothermiques pollués seront également présentées.

Mots-Clés: Thermotogales, Mesotoga, Génome, Evolution, Thermophilie

Impact de la domestication du maïs sur la coopération avec la rhizobactérie *Pseudomonas fluorescens* F113

Vincent Walker*¹, Sébastien Renoud¹, Jordan Vacheron¹, Yvan Moënne-Loccoz¹, Gilles Comte¹, Daniel Muller¹, Claire Prigent-Combaret^{†‡}¹

¹ Laboratoire d'Ecologie Microbienne (LEM) – Université Claude Bernard - Lyon I, CNRS : UMR5557 – Bâtiment Gregor Mendel, 4ème étage 43, Bd du 11 novembre 1918 69622 VILLEURBANNE, France

Au cours de la domestication du maïs, cette céréale s'est adaptée à différents types de sol et conditions climatiques à travers le monde, aboutissant à l'apparition d'une grande diversité de lignées de maïs, réparties au sein de cinq groupes génétiques principaux. Nous faisons l'hypothèse que la domestication du maïs a eu un impact sur le fonctionnement des interactions que cette plante partage avec des bactéries colonisant ses racines. En particulier, nous pensons que l'appartenance des lignées de maïs à l'un des 5 groupes génétiques va déterminer la composition de leurs exsudats racinaires. Les exsudats racinaires étant l'un des principaux facteurs contrôlant l'écologie des microorganismes dans la rhizosphère, la capacité de colonisation des racines et l'expression de gènes de phytostimulation par les bactéries symbiotiques associatives ou PGPR (Plant Growth-Promoting Rhizobacteria) serait en conséquence influencée par le groupe génétique auquel les lignées de maïs appartiennent. Nous avons donc analysé, en système simplifié gnotobiotique, l'interaction de 15 lignées de maïs représentatives de cette diversité avec la PGPR modèle *Pseudomonas fluorescens* F113. Un système expérimental permettant de cultiver en condition axénique les lignées de maïs et d'en récolter les exsudats en continu a été développé afin de caractériser leur composition métabolique et de tester leur impact sur l'expression des propriétés phytobénéfiques de la bactérie F113. Les résultats suggèrent que la structure génétique des lignées de maïs influencerait le fonctionnement de l'interaction avec des bactéries coopératives. Ces résultats seront ensuite validés par l'analyse de la réceptivité de différentes lignées aux effets phytostimulateurs de F113.

Mots-Clés: Coopération, PGPR, exsudats, maïs, domestication

*Auteur correspondant: walker.vincent.umr5557@gmail.com

†Intervenant

‡Auteur correspondant: claire.prigent-combaret@univ-lyon1.fr

Dynamique des communautés algales et bactériennes durant la colonisation de lagunes ouvertes : lien avec la communauté aéroportée.

Amandine Galès ^{*† 1}, Bruno Sialve ¹, Jérôme Hamelin ¹, Jean Philippe Steyer ¹, Nathalie Wery ¹

¹ Institut National de la Recherche Agronomique (INRA LBE) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UR0050, Institut national de la recherche agronomique (INRA) – avenue des étangs, 11100 Narbonne, France

Les microorganismes (bactéries, microalgues...) occupent différents habitats dont l'eau, le sol et la phyllosphère. L'agitation par le vent, la pluie ou lors de procédés industriels entraîne leur aérosolisation et un séjour dans l'air. La survie et la distance parcourue dépendent notamment des conditions météorologiques. Les microorganismes viables sont susceptibles de coloniser d'autres environnements. Ce travail est axé sur: i) la caractérisation (diversité et quantification) des microorganismes aéroportés et leur capacité de colonisation de l'eau et ii) sur la dynamique des communautés planctoniques implantées. La colonisation d'eaux résiduaires urbaines, d'eaux usées synthétiques et d'eaux claires est observée en récipients de 20L. Une seconde expérience consiste au suivi d'une lagune pilote. Les eaux usées ont été choisies afin de comprendre la colonisation et la dynamique lors de production de microalgues couplée à des procédés de dépollution. La diversité et la dynamique des communautés aéroportées et planctoniques sont suivies par analyses moléculaires (PCR-SSCP, séquençage, PCR quantitative) des échantillons d'air, de pluie et d'eau. La corrélation entre les communautés microbiennes sera dégagée afin de déterminer les paramètres favorisant leur implantation en milieu aquatique. Enfin, l'évolution des communautés planctoniques sera suivie dans le temps avec des répliques. La cytométrie de flux permettra de déterminer si le signal moléculaire correspond à des cellules entières. Le temps nécessaire à l'implantation, la diversité ainsi que l'impact des événements météorologiques et de la nature des milieux aquatiques sera évaluée.

Mots-Clés: colonisation des milieux aquatiques, microalgues et bactéries, bioaérosols

*Intervenant

†Auteur correspondant: amandine.gales@supagro.inra.fr

FROGS: Find Rapidly OTU with Galaxy Solution

Frederic Escudier ¹, Lucas Auer ², Maria Bernard ³, Laurent Cauquil * ⁴,
Katia Vidal ⁴, Sarah Maman ⁴, Mahendra Mariadassou ⁵, Guillermina
Hernandez-Raquet ², Géraldine Pascal ⁴

¹ Institut National de Recherche Agronomique - Centre de Toulouse (INRA TOULOUSE) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) – Chemin de Borde Rouge BP52627 31326 Castanet Tolosan Cedex, France

² Laboratoire d'Ingénierie des Systèmes Biologiques et des Procédés (LISBP) – Institut National des Sciences Appliquées (INSA), Institut National des Sciences Appliquées [INSA] – 135 Avenue de rangueil 31077 Toulouse cedex 04, France

³ Système d'Information des GENomes des Animaux d'Élevage (SIGENAE) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1313 – France

⁴ Institut National de Recherche Agronomique - Centre de Toulouse (INRA TOULOUSE) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1388 – Chemin de Borde Rouge BP52627 31326 Castanet Tolosan Cedex, France

⁵ Institut National de Recherche Agronomique - Centre de Jouy-en-Josas (Unité MaIAGE) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) – Domaine de Vilvert 78352 JOUY-EN-JOSAS CEDEX, France

Avec le séquençage haut-débit (454, MiSeq), les pipelines de traitements de séquençage d'ARNr 16S actuels produisent de gros jeu de données. Le calcul des tables d'abondances d'OTU et leur affiliation taxonomique peinent à s'exécuter et les solutions les plus efficaces sont souvent dédiées aux spécialistes. Dans ce contexte, nous avons développé le pipeline "FROGS" : "Find Rapidly OTU with Galaxy Solution". Développé sous environnement Galaxy, "FROGS" intègre un outil de prétraitement des données permettant le contigage de séquences, le nettoyage des données et la suppression des chimères. La déréplication des séquences se fait par un script python. L'étape de clusterisation s'effectue avec le logiciel SWARM. Un outil d'assignation retourne l'affiliation taxonomique de chaque OTU en utilisant à la fois l'algorithme RDPClassifier et NCBI blast+ sur la banque de données Silva SSU 119. Enfin, un outil de post-traitement permet aux utilisateurs de traiter la table d'abondance obtenue avec les filtres habituels, fournit des résultats statistiques et des illustrations graphiques. FROGS a été développé pour traiter de grandes quantités de données par l'utilisation d'outils innovants et une conception optimisée. De plus, il est portable sur toutes les plateformes Galaxy avec le minimum de dépendances informatiques et architecturales. FROGS a été testé sur plusieurs jeux de données simulées. L'outil se montre extrêmement rapide, robuste et hautement sensible pour la détection des OTU avec très peu de faux-positifs comparé aux autres pipelines largement utilisés par la communauté.

Mots-Clés: 16S, MiSeq, Galaxy, OTU

*Intervenant

La production de biolipides et de pigments de microalgues de milieux extrêmes sous stress thermique et lumineux

Lylia Hamel * ^{2,1}, Douadi Khelifi ³, Christophe Leboulanger ⁴, Eric Fouilland ⁴

² Laboratoire de Génétique Biochimie et Biotechnologie Végétale (GBBV) – Université Constantine 1, Algérie

¹ Biodiversité Marine, Exploitation et Conservation (MARBEC) – IRD, Ifremer, Université de Montpellier, CNRS – UMR 9190 MARBEC .OREME -Station Marine -Université de Montpellier -2 rue des Chantiers -34200 Sete., France

³ Laboratoire de Génétique Biochimie et Biotechnologie Végétale (GBBV) – Laboratoire de Génétique Biochimie et Biotechnologie Végétale .Université Constantine 1, Algérie

⁴ Biodiversité Marine, Exploitation et Conservation (MARBEC) (MARBEC) – IRD, Ifremer, Université de Montpellier, CNRS – UMR 9190 MARBEC .OREME -Station Marine -Université de Montpellier -2 rue des Chantiers -34200 Sete., France

Les microalgues possèdent de fortes potentialités en termes de production de molécules à forte valeur ajoutée. Cependant, seulement moins de 10% des espèces de microalgues connues sont caractérisées sur le plan biochimique, et restent très peu exploitées. La grande diversité de la flore microalgale du Sahara Algérien est jusqu'ici inexploitée. Afin d'évaluer le potentiel de cette ressource naturelle, des souches de microalgues ont été isolées de milieux tempérés (climat Méditerranéen sub humide), mais également extrêmes (climat désertique et aride) qui se caractérisent par une luminosité et rayonnement solaire intense à des températures très élevées pouvant dépasser 50°C et une forte évaporation, avec un grand écart thermique jour et nuit, et saisonnier. Nous émettons l'hypothèse que les conditions environnementales extrêmes auraient sélectionné des souches possédant des voies métaboliques efficaces pour s'adapter aux stress lumineux et thermiques en produisant rapidement des pigments photoprotecteurs, tels que les caroténoïdes secondaires, ou des lipides de réserves. Les prélèvements et les mises en culture effectuées dans dix stations, allant de 36° 45' 00.51" N à 22° 47' 11.00" N ont permis d'isoler de différents sites sahariens quatre souches de chlorophycées des genres *Scenedesmus*, *Chlamydomonas*, *Chlorella* et *Spirogyra* et quatre souches de cyanobactéries des genres *Anabaena*, *Nostoc*, *Chroococcus* et *Oscillatoria* et enfin une diatomée du genre *Navicula*. L'importance des conditions d'origine des souches isolées au regard de leur production de molécules d'intérêt sous stress de température et de lumière est discutée.

Mots-Clés: stress thermique, pigments, phylogénie, milieux extrêmes

*Intervenant

**Session 2 : Ecotoxicogénomique,
polluants émergents et fonctionnement
des écosystèmes**

Evaluation de l'impact des plantes sur l'identité, l'abondance et l'activité des bactéries impliquées dans la dégradation du phénanthrène par Stable Isotope Probing sur un sol contaminé

François Thomas ¹, Aurélie Cébron * ¹

¹ Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux - LIEC (Vandoeuvre-Les-Nancy, France) (LIEC) – CNRS : UMR7360, Université de Lorraine – UMR7360 CNRS, Université de Lorraine, Faculté des Sciences, Bd des Aiguillettes, BP70239, 54506 Vandoeuvre-les-Nancy., France

La rhizodégradation microbienne des hydrocarbures aromatiques polycycliques (HAPs) est une stratégie de remédiation prometteuse notamment pour les friches industrielles. Pourtant l'impact réel des plantes sur les taux de dissipation des HAPs, la diversité et l'activité des communautés microbiennes reste encore à éclaircir car les résultats sont souvent contrastés. Sur un sol contaminé provenant d'une ancienne cokerie, nous avons évalué l'impact de la présence de plantes grâce un dispositif à deux compartiments conçu pour mettre en contact les racines en pleine croissance (compartiment 1) avec le sol contaminé (compartiment 2). Pendant 10 jours, nous avons suivi le devenir du polluant (phénanthrène), de la communauté microbienne totale et active et des bactéries impliquées dans la biodégradation des HAPs. La concentration en phénanthrène était inférieure dans le microcosme sans plante, la végétation ralentissant donc la biodégradation du HAP. Des mesures de carbone organique dissous, d'acides organiques et de sucres ont confirmé l'apport d'exsudats racinaires préférentiellement consommés par les bactéries. En outre, la diversité bactérienne est différente (séquençage Illumina des gènes et transcrits d'ADNr 16S) et l'activité bien supérieure en présence de plantes (qPCR). Une expérience de Stable Isotope Probing, réalisée avec du phénanthrène entièrement marqué au ¹³C, a permis de révéler l'identité des populations ayant métabolisé le phénanthrène en présence (1 OTU affiliée aux Sphingobium) et absence de plante (3 OTUs affiliées aux Sphingomonas, Micrococcaceae et Alcaligenaceae). Le séquençage massif de l'ADN marqué au ¹³C va nous renseigner sur les capacités métaboliques de ces bactéries impliquées dans la dégradation du phénanthrène.

Mots-Clés: SIP, métagénomique, phénanthrène, sol pollué, plantes

*Intervenant

Evaluation de l'impact écotoxicologique du chlordécone sur la structure, l'abondance et l'activité de la communauté microbienne de sols agricoles.

Chloé Merlin ¹, Marion Devers-Lamrani ¹, Jérémie Beguet ¹, Baptiste Boggio ¹, Nadine Rouard ¹, Fabrice Martin-Laurent * ¹

¹ INRA (UMR Agroécologie) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1347 – INRA UMR 1347 Agroécologie 17 rue sully BP 86510 21065 Dijon Cedex, France

L'insecticide chlordécone appliqué pendant plusieurs décades dans les bananeraies contamine environ 20 000 hectares de sols arables dans les Antilles. Bien que l'impact de nombreux pesticides sur les microorganismes du sol ait été étudié, l'écotoxicité du chlordécone n'a jamais été évaluée. Afin d'y remédier, nous avons évalué son écotoxicité sur deux sols agricoles (l'un sableux et l'autre limoneux) exposés à différentes concentrations de chlordécone (D0, contrôle; D1 and D10, 1- et 10-fois la dose agronomique). Le devenir du chlordécone a été évalué en établissant le bilan de masse du ¹⁴C-chlordécone. L'impact écotoxicologique du chlordécone sur l'abondance (qPCR taxon spécifique), la structure (empreinte génétique A-RISA) et l'activité catabolique (radiorespirométrie) de la communauté bactérienne a été évalué. Dans les deux sols, les fractions minéralisée et soluble du ¹⁴C-chlordécone étaient les plus faibles représentant à elles deux moins de 5% de la quantité initiale de ¹⁴C-chlordécone. La plupart du chlordécone était dans la fraction extractible (75% de la quantité initiale de ¹⁴C), le restant formant des résidus liés. Toutes les mesures des paramètres microbiens ont permis de discriminer les deux sols. L'exposition au chlordécone n'a pas affecté la structure génétique de la communauté bactérienne, toutefois dans le sol sableux, elle a significativement modifié l'abondance de groupes bactériens (β -, -proteobacteries, Planctomycetes and Bacteroidetes) et l'activité catabolique (minéralisation du ¹⁴C- acétate de sodium) de la communauté bactérienne. Ces résultats montrent que l'exposition au chlordécone modifie l'abondance de groupes bactériens et l'activité catabolique de la communauté bactérienne, révélant la toxicité microbienne de cet organochloré.

Mots-Clés: chlordécone, écotoxicologie microbienne, sol

*Intervenant

Première description d'enzymes impliquées dans la biodégradation de l'herbicide mésotrione : les nitroréductases NfrA1 et NfrA2 de *Bacillus megaterium* Mes11

Louis Carles * ¹, Pascale Besse-Hoggan ², Muriel Joly ¹, Isabelle Batisson[†] ¹

¹ Laboratoire Microorganismes : génome et environnement (LMGE) – Université d'Auvergne - Clermont-Ferrand I, CNRS : UMR6023, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II – Université Blaise Pascal, Campus des Cézeaux, 24, avenue des Landais BP 80026 63 170 AUBIERE, France

² Institut de Chimie de Clermont-Ferrand (ICCF) – CNRS : UMR6296, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II, Ecole Nationale Supérieure de Chimie de Clermont-Ferrand – 24 Avenue des Landais, 63177 Aubière Cedex, France

La mésotrione est un herbicide de la famille des tricétones utilisé pour traiter les cultures de maïs depuis 2003. Ses voies de biodégradation sont partiellement décrites : plusieurs métabolites sont connus, mais les enzymes impliquées n'ont pas encore été identifiées. Nos travaux se sont portés sur la souche *Bacillus megaterium* Mes11, isolée à partir d'un sol agricole et capable de transformer la mésotrione. Le but était d'identifier les enzymes impliquées dans la biodégradation de cet herbicide, via : (i) la structure de trois des métabolites connus de la mésotrione, et (ii) une analyse de protéomique différentielle.

Ces études ont suggéré l'intervention d'une nitroréductase dans la première étape de la voie de biodégradation. La recherche des gènes codant les nitroréductases chez *B. megaterium* a permis d'en révéler 9 chez Mes11. Après clonage, les enzymes correspondantes ont été surexprimées et purifiées afin de tester leurs activités. Seules deux enzymes (NfrA1 et NfrA2) se sont avérées capables de réduire le groupement nitro de la mésotrione en groupement amino, via un intermédiaire hydroxylamine. Ce sont des nitroréductases de type I, appartenant au groupe des nitro FMN réductase. Leurs mécanismes réactionnels et leurs paramètres cinétiques ont été déterminés en détail.

Il s'agit de la première étude identifiant et caractérisant des enzymes impliquées dans la voie de dégradation de la mésotrione. Elles pourraient constituer des biomarqueurs efficaces afin de prédire la capacité des écosystèmes à transformer la mésotrione, et, in fine améliorer l'évaluation de la contamination de ces environnements par la molécule mère et/ou ses métabolites.

Mots-Clés: herbicide, mésotrione, métabolite, nitroréductase, biodégradation

*Intervenant

[†]Auteur correspondant: isabelle.batisson@univ-bpclermont.fr

Adaptation microbienne à la contamination métallique en milieu aquatique: Influence de la température sur la tolérance de communautés périphytiques au cuivre.

Anne-Sophie Lambert ¹, Aymeric Dabrin ¹, Soizic Morin ², Arnaud Foulquier ^{1,3}, Bernadette Volat ¹, Josiane Gahou ¹, Marina Coquery ¹, Stéphane Pesce ^{*† 1}

¹ Irstea UR Milieux Aquatiques, Ecologie et Pollutions (UR MALY) – Irstea – 5 rue de la Doua CS70077, 69626 Villeurbanne Cedex, France

² Irstea, UR Ecosystèmes aquatiques et changements globaux (UR EABX) – Irstea – 50 avenue de Verdun, 33612 Cestas Cedex, France

³ Laboratoire d'Écologie Alpine (UMR LECA) – Université Grenoble Alpes, CNRS : UMR5553 – BP 53, 38041 Grenoble Cedex 9, France

De nombreux écosystèmes aquatiques sont soumis à une contamination métallique. C'est le cas des cours d'eau en zone viticole, exposés à de fortes concentrations en cuivre qui est utilisé en viticulture conventionnelle et biologique. Cette pollution s'inscrit dans un contexte de changement global et ces rivières sont généralement soumises à des situations de stress multiples. Parmi ces stress, il est important de considérer la hausse des températures liée au changement climatique et à l'intensification des épisodes extrêmes.

En milieu lotique, l'activité microbienne est principalement assurée par les biofilms périphytiques qui peuvent être impactés par le cuivre, au niveau fonctionnel et structurel. Cet impact engendre généralement une sélection des populations les plus tolérantes, conduisant à une augmentation du niveau de tolérance des communautés au cuivre, conformément au concept PICT (Pollution Induced Community Tolerance). Peu de données existent concernant l'influence des variations thermiques sur la réponse des communautés microbiennes au cuivre.

Dans ce contexte, nous avons étudié en microcosmes l'influence de la température sur la réponse de biofilms naturels de rivière à différents niveaux d'exposition au cuivre, notamment dans le cadre d'approches PICT visant à évaluer l'adaptation des communautés suite à une exposition chronique à ce toxique. Les résultats obtenus démontrent qu'une hausse thermique peut fortement modifier les niveaux de tolérance des communautés au cuivre, mais cette influence est variable suivant le type de fonction microbienne ciblée (phototrophes ou hétérotrophes) et l'historique d'exposition des biofilms. Cela démontre l'importance de considérer le contexte de stress multiples dans les approches PICT.

Mots-Clés: Biofilms, Ecotoxicologie microbienne, Fonctions microbiennes, Multistress, PICT

*Intervenant

†Auteur correspondant: stephane.pesce@irstea.fr

Response of microbial communities to metal oxide- and carbon-based nanomaterials in a plant-soil-based system: common outcomes and modulation of impacts through nanomaterial design

Catherine Santaella ^{*† 1}, Mohamed Hamidat ¹, Mohamed Barakat ¹,
Philippe Ortet ¹, Wafa Achouak ¹

¹ Laboratoire d'Ecologie Microbienne de la Rhizosphère et d'Environnements extrêmes (LEMIRE) – Aix-Marseille Université - AMU, Centre de recherche du Commissariat à l'Energie Atomique - CEA Cadarache (Saint Paul-lez-Durance, France), CNRS UMR 7265 – CEA Cadarache, IBEB/SBVME/LEMIRE, Bat 161, 13108 Saint-Paul les Durance Cedex, France

Nanomaterials (NMs) are materials with at least one external dimension in the 1-100 nm size range. Several classes of MNMs are now globally manufactured in hundred to thousands of metric tons per year. The release of NMs through the production, use or disposal of nano-enabled products, raises concerns on human health and the environment. NMs are t emergent contaminants, with specific endpoints in soils and sediments.

We examined the impact of different NMs based on metal oxide, CeO₂ and TiO₂, and carbon based NMs (carbon nanotubes), on a simple-track terrestrial ecosystem based on a microbe-soil-plant network. Our issues were twofold: i) Can we modulate the impact of NMs by designing their properties through their physicochemical properties (particle size, shape, crystalline phase, coating...)? ii) Do NMs with very different chemistry and properties trigger common responses on a plant-sol-microbe system? The NMs were added to a soil at a concentration of 1 mg/kg, a concentration close to the current estimations of NMs concentration in soils. The plant selected was Canola. We examined the response of three different compartments of the system, the unplanted soil, the rhizosphere and the plant roots.

The presentation will focus on how NMs differentially alter microbial activities and/or microbial communities structure depending on the NMS physico-chemistry oand the compartment considered. We will provide some tracks to evaluate to what extent the design of the NMs can modulate the impact and some trends shared by NMs with different reactivity.

Fundings: MESONNET ANR-10-NANO-0006, SERENADE Excellence Laboratory, CNRS, CEA, and GDRi-iCEINT

Mots-Clés: nanomaterials, soil, rhizosphere, bacterial communities, bacterial activity, community structure

*Intervenant

†Auteur correspondant: catherine.santaella@cea.fr

Expression de gènes associés à la méthylation du mercure par la bactérie sulfato réductrice *Desulfovibrio dechloracetivorans* BerOc1

Marisol Goñi-Urriza ^{*† 1}, Mathilde Monperrus ², Claire Gassie ¹, Marine Albertelli ¹, Olivier Bouchez ³, Zoyne Pedrero ², Christophe Klopp ⁴, Rémy Guyoneaud ¹

¹ Equipe Environnement et Microbiologie (EEM-IPREM) – CNRS : UMR5254, Université de Pau et des Pays de l’Adour [UPPA] – IBEAS BP1155 64013 Pau cedex, France

² Laboratoire de Chimie Analytique Bio-Inorganique et Environnement (LCABIE-IPREM) – CNRS : UMR5254, Université de Pau et des Pays de l’Adour [UPPA] – IPREM UMR 5254, CNRS-UPPA, UFR Sciences et Techniques Allée du Parc Montaury, 64600 Anglet, France

³ GeT-PlaGe, Genotoul (GeT-PlaGe, Genotoul) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) – INRA Auzeville F31326, Castanet-Tolosan, France

⁴ Unité de Biométrie et Intelligence Artificielle de Toulouse [Castanet-Tolosan] (UBIA) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) – 24 Chemin de Borde Rouge BP 52627 - 31326 Castanet-Tolosan Cedex, France

Le méthylmercure est la forme la plus toxique du mercure ; la compréhension des processus cellulaires menant à sa formation est nécessaire pour identifier les facteurs de risques associés à la méthylation du mercure dans l’environnement. Les bactéries sulfato-réductrices sont des acteurs majeurs de la production de méthylmercure dans les environnements aquatiques. Le but de cette étude est de caractériser la réponse transcriptomique d’une souche de bactérie sulfato-réductrice, *Desulfovibrio dechloracetivorans* BerOc1, en présence de mercure inorganique. Après le séquençage de son génome, des expériences d’expression différentielle ont été réalisées. Le séquençage du transcriptome de BerOc1 a été réalisé en phase exponentielle de croissance avec ou sans mercure inorganique ou méthylmercure. Une cinquantaine de gènes surexprimés en présence de mercure inorganique ont pu être caractérisés. Parmi ces gènes, certains interviennent dans la réponse au stress ainsi qu’à la signalisation. Ainsi, l’expression d’une histidine-kinase associée à la réponse au Zn était augmentée. Un système d’efflux décrit actuellement comme spécifique au Zn a été également détecté surexprimé. L’inhibition de la méthylation du mercure en présence de Zn a été récemment mise en évidence, donnant des arguments complémentaires sur le rôle putatif de ces deux systèmes dans la méthylation du mercure. Deux autres gènes ont attiré particulièrement notre attention ; il s’agit de gènes codants pour des protéines inconnues mais présentant des motifs ou domaines de méthyl-transférases. La mutation de ces gènes permettra de déterminer leur rôle effectif dans la méthylation du mercure.

Mots-Clés: Mercure, méthylmercure, bactéries sulfato, réductrices, transcriptome, expression différentielle

*Intervenant

†Auteur correspondant: Marisol.Goni@univ-pau.fr

Dégradation bactérienne du chlorométhane : génomique comparative et fractionnement isotopique du carbone et de l'hydrogène.

Thierry Nadalig * ¹, Markus Greule ², Françoise Bringel ¹, Frank Keppler ²,
Stéphane Vuilleumier ¹

¹ Université de Strasbourg, CNRS (UMR 7156) – CNRS : UMR7156, université de Strasbourg –
Laboratoire de Génétique Moléculaire, Génomique, Microbiologie, 28 rue Goethe, 67083 Strasbourg,
France

² Biogeochemistry Group, Institute of Earth Sciences, University of Heidelberg – Im Neuenheimer Feld
234-236, D-69120 Heidelberg, Allemagne

Le chlorométhane (CH₃Cl) est un composé organique volatile, produit majoritairement par la végétation terrestre, en particulier la phyllosphère correspondant aux parties aériennes des plantes. Il joue un rôle majeur dans la dégradation de l'ozone stratosphérique. Ce composé est une source de carbone et d'énergie pour les bactéries méthylophiles comme *Methylobacterium extorquens* CM4. L'étude de cette souche bactérienne, dont le génome a été séquencé, a permis de mettre en évidence la seule voie de dégradation actuellement connue pour le chlorométhane. Des gènes essentiels à la croissance sur chlorométhane, appelés gènes *cmu* (pour chloromethane utilisation), ont été identifiés. Ces gènes sont retrouvés chez plusieurs bactéries utilisant le chlorométhane comme substrat de croissance et isolées d'environnements divers (terrestre, marin, eaux douces, phyllosphère ...). L'enzyme chlorométhane déshalogénase est constituée d'une méthyltransférase à corrinóide (*CmuA*) et d'une méthyltransférase à tétrahydrofolate (*CmuB*). Dans cette étude, nous avons réalisé une comparaison des génomes de bactéries possédant les gènes *cmu* ou dont la capacité à dégrader le chlorométhane a été démontrée. De plus, nous avons étudié le fractionnement isotopique du carbone (¹³C/¹²C) et de l'hydrogène (²H/¹H) lors de la dégradation du chlorométhane par *M. extorquens* CM4, portant les gènes *cmu* et par *Leisingera methylohalidovorans* qui est dépourvue de ces gènes. L'absence de fractionnement de l'hydrogène par *L. methylohalidovorans* confirme l'utilisation du chlorométhane par une voie métabolique différente de la voie *cmu*.

Mots-Clés: dégradation bactérienne, chlorométhane, génomique comparative, isotope stable

*Intervenant

IMPACT DES METAUX LOURDS SUR LES COMMUNAUTES MICROBIENNES DANS DES SEDIMENTS MARINS ET ESTUARIENS

Laurent Quillet * ¹, Jean-François Ghiglione[†] ², Baghdad Ouddane[‡] ³,
Valérie Mesnage ⁴, Ludovic Besaury ¹

¹ Laboratoire de Microbiologie Signaux et Microenvironnement (LMSM) – Université de Rouen :
EA4312 – France

² Laboratoire d’Océanographie Microbienne (LOMIC) – CNRS : UMR7621, Université Pierre et Marie
Curie (UPMC) - Paris VI – Observatoire Océanologique, Banyuls/mer, France

³ Equipe Chimie Analytique et Marine (ELICO) – CNRS : UMR8217 – France

⁴ laboratoire de Morphodynamique et Continentale et Cotière (M2C) – CNRS : UMR6143 – France

Nous avons étudié l’impact de concentrations faibles et fortes en métaux sur les communautés microbiennes présentes au sein de sédiments marins et estuariens. Nous nous sommes intéressés aux réponses à court et à long terme. Ainsi, en présence de fortes concentrations en cuivre (correspondant à une contamination ancienne), nous avons constaté une diminution de l’abondance et de la diversité des bactéries totales, mais aucun effet sur les archées. Les microorganismes présents ont développé des mécanismes de résistance tels que l’utilisation des gènes *copA* et *cusA* codant pour des protéines d’efflux. En présence de cuivre, les séquences de ces gènes, certainement transmis par transfert horizontal, sont fortement modifiées, permettant aux protéines correspondantes d’améliorer l’expulsion du cuivre vers le milieu extracellulaire. La présence des gènes de résistance *copA*, *cusA* et *pcoA* a été testée pour toutes les souches bactériennes isolées, et seul *copA* a été détecté dans certains isolats correspondant surtout à des bactéries sulfato-réductrices. Ce résultat suggère que d’autres mécanismes de résistance au cuivre sont également utilisés.

En présence de concentrations plus faible en cuivre correspondant à une contamination récente, nous avons observé une bonne conservation de l’abondance et la diversité des bactéries totales et sulfato-réductrices. De façon surprenante, les protéines d’efflux *CopA* et *CusA* évoluent également très rapidement en terme de séquences quand les concentrations en cuivre dépassent 110 ppm. Le gène *copA* est alors fortement exprimé.

Une très bonne tolérance aux métaux des bactéries totales et sulfato-réductrices a été également constatée dans un sédiment estuarien pluricontaminé (contamination ancienne).

Mots-Clés: sédiments marins et estuariens, métaux, microorganismes, adaptation, mécanismes de résistance et tolérance

*Intervenant

†Auteur correspondant:

‡Auteur correspondant:

Caractérisation des communautés microbiennes impliquées dans la dégradation des hydrocarbures à l'interface oxiq/anoxiq de sédiments marins côtiers

Cyril Noel * ¹, Fanny Terrisse ¹, Eléonore Attard ¹, Christine Cagnon ¹,
Robert Duran ¹, Cristiana Cravo-Laureau ¹

¹ Equipe Environnement et Microbiologie - IPREM UMR CNRS 5254 (EEM) – CNRS : UMR5254, Université de Pau et des Pays de l'Adour [UPPA] – IBEAS - UFR Sciences BP 1155 64013 PAU CEDEX, France

Les sédiments marins côtiers constituent des écosystèmes fonctionnels uniques constamment soumis à des alternances d'oxygénation (cycles de marées, activités de bioturbation de la macrofaune). En raison de leur localisation, ils sont particulièrement exposés à des pollutions telles que les déversements de pétrole. Les communautés microbiennes jouent un rôle essentiel dans les cycles biogéochimiques des sédiments marins. Il est donc essentiel de comprendre comment les oscillations oxiq/anoxiq affectent la diversité et l'assemblage de ces cohortes microbiennes clés pour la biodégradation des hydrocarbures et le fonctionnement global de l'écosystème. Un intérêt particulier a été porté à l'organisation des communautés microbiennes hydrocarbonoclastes des sédiments côtiers en fonction des régimes d'oxygénations. Récemment, nous avons montré que le remaniement des sédiments affectait les communautés bactériennes dégradant le pétrole (Stauffert et al., 2013). En effet, en appliquant diverses stratégies de remaniement des sédiments nous avons obtenu trois communautés microbiennes différentes ayant des capacités de dégradation similaires. Cette observation souligne la redondance fonctionnelle impliquée dans la dégradation des hydrocarbures. Nous proposons ici d'explorer l'organisation et le fonctionnement des communautés microbiennes impliquées dans la dégradation des hydrocarbures.

La dynamique structurale des trois communautés microbiennes a été suivie dans différents régimes d'oxygénation (oxiq, anoxiq et oscillant) en bioréacteur par analyses de séquençage haut débit des ARN ribosomiques bactériens et archéens. La comparaison des réseaux microbiens obtenus a permis de mettre en évidence les assemblages microbiens hydrocarbonoclastes en fonction des régimes d'oxygénation. Cette étude permet ainsi de décrire le fonctionnement global des communautés microbiennes des sédiments marins côtiers.

Mots-Clés: Oscillation oxiq/anoxiq, Sédiments côtiers, Dégradation des hydrocarbures, Réseaux microbiens, Communautés microbiennes

*Intervenant

Toxic effects of crude oil, dispersant and oil-dispersant on the marine microalgae *Ostreococcus tauri* assessed by a luminescent biosensor approach

Fabien Joux * ¹, Nicolas Chédri ², François-Yves Bouget ², Philippe Schatt ², Wade Jeffrey ³, Marc Tedetti ⁴, Catherine Guigue ⁵, Madeleine Goutx ⁵

¹ Laboratoire d'Océanographie Microbienne (LOMIC) – Université Pierre et Marie Curie [UPMC] - Paris VI, CNRS : UMR7621 – Observatoire Océanologique, Banyuls sur Mer, FRANCE, France

² Laboratoire d'Océanographie Microbienne (LOMIC) – Université Pierre et Marie Curie [UPMC] - Paris VI, CNRS : UMR7621 – Observatoire Océanologique de Banyuls, France

³ Center for Environmental Diagnostics and Bioremediation (CEDB) – University of West Florida, Pensacola, FL, États-Unis

⁴ Mediterranean Institute of Oceanography (MIO) – CNRS : UMR7294 – Aix Marseille Université, France

⁵ Mediterranean Institute of Oceanography (MIO) – CNRS : UMR7294 – Université Aix Marseille, France

The Deepwater Horizon oil spill released ~ 4.9 M barrels of crude oil into the Gulf of Mexico in July 2010. To mitigate the effect of the oil spill, accelerate natural dispersion, and enhance biodegradation, ~ 1.5 million gallons of a chemical dispersant, Corexit 9500, were sprayed onto the surface or applied at the source of leak. As primary producers, phytoplankton play a major role in marine ecosystem functioning and toxicity of crude oil can be attributed mainly to interferences with the photosynthetic apparatus. In contrast, the surfactants present in Corexit 9500 likely act on membranes. Toxic effects of crude oil, dispersant and oil-dispersant were investigated using a microalgae biosensor, *Ostreococcus tauri*, expressing luminescence proportionally to the gene expression of Cyclin-Dependent Kinase (CDKA), encoding for a protein involved in the cell cycle. Toxicity of water accommodated fraction (WAF) of MC252 was low (EC50 > 50,000 ppm). Corexit 9500 enhanced WAF (DEWAF, 1:20) increased the toxicity of Macondo (EC50 = 12,500 ppm). This higher toxicity can be due to increased bioavailable oil fractions such as alkyl compounds with dispersant. Corexit EC9500A alone had a highly inhibitory effect (EC50 = 20 ppm) sufficient to explain the toxicity observed in the DEWAF. This high toxicity of Corexit was also confirmed for natural phytoplankton community (EC50 = 10 ppm). Moreover, Corexit is not readily photodegradable. The *O. tauri* CDKA biosensor provides a high-throughput and sensitive method allowing the exploration of the interactive effects of crude oil and dispersant with other environmental factors or pollutants.

Mots-Clés: microbial biosensor, pollutants, oil, dispersant

*Intervenant

Pourquoi les nanoparticules de TiO₂ réduisent-elles la nitrification dans le sol ?

Marie Simonin ¹, Jean Martins ², Aude Calas ³, Gaëlle Uzu ⁴, Agnès Richaume * ⁵

- ¹ SIMONIN (Marie) – CNRS : UMR5557 – Ecologie Microbienne, UMR CNRS 5557, Université Lyon1, Université de Lyon, 43 Bd du 11 Novembre 1918, Lyon 1-69622 Villeurbanne cedex, France
- ² MARTINS (jean M.F.) – CNRS : UMR5564 – LTHE , UMR CNRS 5564, Université Grenoble 1-38041 Grenoble Cedex 9, France
- ³ CALAS (Aude) – CNRS : UMR5564 – LTHE , UMR CNRS 5564, Université Grenoble 1-38041 Grenoble Cedex 9, France
- ⁴ UZU (Gaelle) – CNRS : UMR5564 – LTHE , UMR CNRS 5564, Université Grenoble 1-38041 Grenoble Cedex 9, France
- ⁵ RICHAUME (Agnès) – CNRS : UMR5557 – Ecologie Microbienne, UMR CNRS 5557, Université Lyon1, Université de Lyon, 43 Bd du 11 Novembre 1918, Lyon 1-69622 Villeurbanne cedex, France

Les effets néfastes des nanoparticules (NPs) sur les microorganismes se traduisent par des diminutions de la respiration et de la diversité bactérienne ou la modification de la structure de la communauté bactérienne (1,2,3). Il est donc important de considérer la toxicité sur des communautés microbiennes essentielles pour des services clés comme la fertilité des sols. Pour cela, les communautés fonctionnelles impliquées dans le cycle de l'azote, particulièrement celles responsables de la nitrification, constituent de bons modèles. La toxicité des NPs sur ces communautés présentant une faible diversité et une faible redondance fonctionnelle pourrait en effet être préjudiciable au fonctionnement biologique du sol.

Nous avons évalué l'impact de huit concentrations en TiO₂-NPs sur l'activité nitrifiante et l'abondance des communautés oxydant l'ammonium (archaea : AOA et bactéries : AOB) et le nitrite (Nitrobacter et Nitrospira) en exposant des microcosmes de sol à des concentrations de 0.05 to 500 mg/kg pendant 90 jours .

Que l'on considère l'activité ou l'abondance des différentes communautés, aucune réponse proportionnelle à la concentration n'a été observée. Des path analysis ont permis de définir le meilleur scénario de cause à effet permettant d'expliquer l'influence de la concentration en TiO₂-NPs sur la nitrification.

Les résultats montrent que i) la toxicité des TiO₂-NPs observée à faible dose peut être attribuée à une forte activité oxydative, ii) les AOA ont un rôle fonctionnel prédominant dans ce sol et iii) les couplages entre les différents acteurs des deux étapes de la nitrification sont modifiés en fonction des concentrations en TiO₂-NPs.

Mots-Clés: communautés microbiennes, sol, nitrification, nanoparticules, écotoxicologie microbienne

*Intervenant

Bioprospection de bactéries sulfato-réductrices alcalophiles d'un lac alcalin mexicain en vue de la bioremédiation d'effluents industriels contaminés par des métaux/métalloïdes

María Fernanda Pérez Bernal *^{1,2,3}, Johanne Aubé², Maria Soledad Goni-Urriza², Bernard Ollivier¹, Germán Cuevas Rodríguez³, Elcia Margareth Souza Brito³, Agnès Hirschler-Réa^{†1}, Rémy Guyoneaud²

¹ Institut méditerranéen d'océanologie (MIO) – CNRS : UMR7294, Université du Sud Toulon - Var, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UMR235, Aix Marseille Université – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Campus de Luminy Case 901 13288 MARSEILLE cedex 09, France

² Institut Pluridisciplinaire de Recherche sur l'Environnement et les Matériaux (IPREM) – CNRS : UMR5254, Université de Pau et des Pays de l'Adour [UPPA] – Hélioparc Pau Pyrénées 2 av. P. Angot 64053 PAU CEDEX 9, France

³ Environmental Engineering Laboratory, Université de Guanajuato – Campus de Guanajuato, Mexique

Les effluents industriels contaminés par des métaux/métalloïdes posent de graves problèmes sociétaux. Grâce à des procédés biotechnologiques faisant intervenir notamment des microorganismes anaérobies, il est possible de les biore médier. La bioprospection de tels microorganismes est donc importante, notamment pour ce qui concerne les environnements présentant des conditions de pH extrêmes. Ce sont essentiellement les microorganismes intervenant dans la réduction des composés soufrés (bactéries sulfo- et sulfato-réductrices) qui sont avant tout recherchés dans la mesure où ils peuvent réduire directement ou indirectement (production de sulfures) la plupart des métaux/métalloïdes, diminuant ainsi leur toxicité. Ainsi dans le cadre du projet BIOMETAL1, la recherche de microorganismes sulfurogènes d'un lac alcalin (pH 11) au Mexique (Paranguero, Guanajuato) a été entreprise. Malgré le fait que les études moléculaires aient révélé une faible diversité des procaryotes (moins de mille OTU) où les microflore sulfurogènes, appartenant aux delta-Proteobacteria notamment n'étaient pas dominantes, il a été cependant possible d'isoler plusieurs microorganismes capables de réduire le sulfate. Ces microorganismes appartiennent tous aux delta-Proteobacteria (genres *Desulfonatronum* et *Desulfobotulus*) dont des représentants ont déjà été identifiés dans les lacs alcalins qui occupent la planète. Nous avons conduit des expériences pour (i) caractériser certains de ces isolats et (ii) évaluer leur aptitude à détoxifier les effluents industriels riches en métaux/métalloïdes afin de mettre en place un procédé biotechnologique adapté.

1 : Bioprospection de sulfato-réducteurs et métal-réducteurs de milieux acides et alcalins : applications biotechnologiques pour le traitement d'effluents contaminés par des métaux et métalloïdes (ANR-12-ISV7-0006-02)

Mots-Clés: bactéries sulfatoréductrices, alcalophilie, biodiversité, biorémédiation métaux/métalloïdes

*Intervenant

[†]Auteur correspondant: agnes.hirschler@univ-amu.fr

Silver nanoparticles impact phototrophic biofilm communities to a considerably higher degree than ionic silver

Jean-Luc Rols * ¹, Aridane Gonzalez ², Stéphane Mombo ¹, Joséphine Leflaive ¹, Oleg Pokrovsky ²

¹ Laboratoire Ecologie Fonctionnelle et Environnement (EcoLab) – CNRS : UMR5245, Observatoire Midi-Pyrénées, PRES Université de Toulouse, Université Paul Sabatier (UPS) - Toulouse III, Institut National Polytechnique de Toulouse - INPT – 118 Route de Narbonne 31062 Toulouse, France

² Géosciences Environnement Toulouse (GET) – Observatoire Midi-Pyrénées, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UMR239, Université Paul Sabatier [UPS] - Toulouse III, CNRS : UMR5563, Université Paul Sabatier (UPS) - Toulouse III – Observatoire Midi-Pyrénées 14 Avenue Edouard Belin 31400 Toulouse, France

The toxicity of silver in both ionic (Ag⁺) and nanoparticulate (AgNPs) form must be studied in order to understand their impact on natural ecosystems. A comparative study of the effect of AgNPs (coated with citrate) and Ag⁺ was conducted in a rotating annular bioreactor (RAB) operating under constant conditions. The concentration of dissolved silver in the inlet solution was progressively increased every 4 days of exposure, from 0.1 $\mu\text{g L}^{-1}$ to 100 $\mu\text{g L}^{-1}$. In the course of the 40-day experiment, biofilm samples were collected to determine the evolution of biomass, chlorophyll-a, as well as photosynthetic and heterotrophic enzymatic activities in response to silver addition. The accumulation capacity of the phototrophic biofilm with respect to Ag⁺ and the corresponding distribution coefficients were an order of magnitude higher than those of the phototrophic biofilm with respect to AgNPs. The presence of both AgNPs and Ag⁺ produced significant changes in the microbial community structure. Higher levels of AgNPs decreased the biomass from $8.6 \pm 0.2 \text{ mg cm}^{-2}$ for 0-10 $\mu\text{g L}^{-1}$ AgNPs to $6.0 \pm 0.1 \text{ mg cm}^{-2}$ for 100 $\mu\text{g L}^{-1}$ added AgNPs, whereas ionic silver did not have any toxic effect on the biofilm growth up to 100 $\mu\text{g L}^{-1}$ of added Ag⁺. At the same time, AgNPs did not significantly affect the photosynthetic activity of the biofilm surface communities compared to Ag⁺. The main mechanism to avoid the toxic effects is metal complexation with exopolysaccharides and accumulation within cell walls, especially pronounced under Ag⁺ stress.

Mots-Clés: Ecotoxicité microbienne, biofilm phototrophe, nanoparticules d'Ag, réponses structurale et fonctionnelle

*Intervenant

Microbial biofilms on marine plastic debris

Claire Dussud * ¹, Pascal Conan ¹, Mireille Pujo-Pay ¹, Olivier Crispi ¹,
Anne-Marie Delort ², Jacques Lemaire ³, Dominique Fromageot ³,
Maria-Luiza Pedrotti ⁴, Jean-François Ghiglione ¹

¹ Laboratoire d'Océanographie Microbienne (LOMIC) – CNRS : UMR7621, Université Pierre et Marie Curie (UPMC) - Paris VI – Observatoire Océanologique, Banyuls/mer, France

² Institut de Chimie de Clermont-Ferrand (ICCF) – CNRS : UMR6296, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II, Ecole Nationale Supérieure de Chimie de Clermont-Ferrand – 24 Avenue des Landais, 63177 Aubière Cedex, France

³ Centre National d'Evaluation de Photoprotection (CNEP) – Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II – Ensemble Universitaire des Cézeaux 24 avenue des Landais – B.P. 30234 63174 Aubière Cedex – France, France

⁴ Laboratoire d'océanographie de Villefranche (LOV) – INSU, CNRS : UMR7093, Université Pierre et Marie Curie (UPMC) - Paris VI – Observatoire Océanologique Station zoologique 181, chemin du lazaret BP 28 06230 VILLEFRANCHE SUR MER Cedex, France

Plastic litters have become the most common form of marine debris and present a major and growing global pollution concern. In marine waters, plastic fragments are rapidly colonized by microorganisms. They form a biofilm characterized by a very diverse community, called "plastisphere". The research on biodegradability of plastics began in the early 1980s and numerous papers provide culture-based evidence of various microorganisms able to degrade a variety of plastics under controlled conditions.

Our researches focus on the characterization of the biofilm formed at the surface of marine plastic litters. We evaluate abundance, activity and diversity of the biofilm using a wide range of techniques, including optic and electronic microscopy, flow cytometry, prokaryotic heterotrophic production, ectoenzymatic activity and metagenomic analysis. Beyond the vast diversity of microorganisms found in the biofilm, special focus is made on pathogens which may be spread by plastic dispersal along oceanic currents.

Among prokaryotes that form the biofilm, only a part constitutes the functional community able to degrade plastics. DNA-13C stable isotope probing coupled with pyrosequencing offer a direct approach to identify the prokaryotic communities able to degrade plastics in marine environments.

Our analysis are coupled with chemical characterization of plastics and focus on three classes that are the most dominant in marine waters (PP, PE, PET). Most of our samples were collected during the "Tara Méditerranée" expedition, which demonstrated that 100% of the Mediterranean Sea is contaminated by plastics.

Mots-Clés: microbial ecotoxicology, plastic biodegradation, stable isotope probing

*Intervenant

Influence des revêtements antifouling FRC sur les communautés microbiennes de biofilms marins en Méditerranée

Thomas Pollet * ¹, Christine Bressy ¹, Jean-François Ghiglione ²,
Jean-François Briand ¹

¹ MAPIEM – Université de Toulon – France

² LOMIC – Université Pierre et Marie Curie - Paris 6 – France

Toute surface immergée dans l'eau de mer est rapidement colonisée par une multitude d'organismes. Ce processus naturel appelé biofouling a toutefois des impacts indésirables particulièrement pour l'industrie navale. Depuis les années 1960, des revêtements antifouling (AF) ont été développés pour limiter l'adhésion de ces organismes. Les premiers, appelés SPC, ont montré une efficacité durable mais sont riches en biocides dont les effets toxiques sur des espèces non ciblées ont été mis en évidence. Un autre type de revêtement AF, non toxique, a donc été développé, les FRC qui ne contiennent pas de biocides mais dont l'efficacité reste encore à démontrer. Alors que les communautés microbiennes sont les organismes pionniers formant la structure initiale du biofilm, peu d'études décrivent l'influence des AF sur ces communautés. Dans le cadre du programme DRACONS, notre objectif est donc d'estimer l'effet spécifique des FRC sur les communautés microbiennes de biofilms marins par comparaison aux SPC. Pour cela, une série d'expérimentation sera réalisée pour tester l'effet des revêtements à la fois en conditions statique et dynamique simulant ainsi la présence de bateaux à l'arrêt ou naviguant. Au cours de cette expérience et ce pour les deux types de conditions, la cinétique de formation du biofilm microbien sera décrite. Les immersions seront réalisées dans deux sites d'études aux caractéristiques physico-chimiques et hydrodynamiques différentes, la rade de Toulon et au large de Banyuls-sur-Mer. La diversité, la composition et la fonction des communautés microbiennes formant les biofilms seront évaluées en couplant des analyses métagénomiques et métatranscriptomiques.

Mots-Clés: antifouling, biofilms marins, bactéries, archaea, diversité, fonction

*Intervenant

Influence des biodépôts de moules sur les communautés bactériennes: un cas d'étude pour mieux appréhender l'effet des différents régimes de perturbation sur les communautés naturelles.

Thomas Pollet * ^{1,2}, Olivier Cloutier ², Christian Nozais ³, Christopher Mc Kindsey ⁴, Philippe Archambault ²

¹ MAPEIM – Université de Toulon – France

² ISMER-UQAR – Canada

³ UQAR – Canada

⁴ MPO, Institut Maurice Lamontagne – Canada

Les perturbations (naturelles ou anthropiques) jouent un rôle clé dans la dynamique des communautés et affectent le fonctionnement des écosystèmes. Dotées d'un taux de croissance rapide et d'une grande diversité, les communautés bactériennes sont des outils biologiques très utiles pour mieux appréhender les grandes questions d'écologie des perturbations. Parmi les nombreux facteurs régissant la dynamique des communautés bactériennes, l'apport de matière organique (MO) représente l'un des plus importants. Ce type de perturbation s'observe notamment dans l'élevage des bivalves comme les moules. Ces organismes filtreurs rejettent en effet d'importantes quantités de MO à la surface des sédiments et peuvent perturber fortement cet écosystème. En utilisant l'apport de biodepôts de moules comme perturbation organique, nous avons estimé l'influence de l'intensité et de la fréquence de ce type de perturbation sur les bactéries benthiques. Nous avons réalisé une expérience en microcosmes, exposé les communautés bactériennes benthiques à différentes quantités de biodépôts et évalué leurs réponses. Les communautés bactériennes semblent résistantes à ce type de perturbation et présentent une forte plasticité phénotypique. Au-delà d'un certain seuil, l'apport de MO augmente leur activité métabolique et leur diversité fonctionnelle. La fréquence et l'intensité instantanée de la perturbation n'influence pas significativement les bactéries. En revanche, l'intensité cumulée (quantité totale de perturbation à laquelle les bactéries sont soumises), jusqu'ici ignorée dans les modèles théoriques, semble influencer les réponses des communautés bactériennes. Ces résultats informent de la nécessité de considérer l'intensité cumulée des perturbations dans les futures modèles pour mieux comprendre l'impact des perturbations environnementales sur les communautés naturelles.

Mots-Clés: bactéries benthiques, enrichissement organique, composition, diversité métabolique, écologie des perturbations

*Intervenant

Chlordécone et biofilms épilithiques : font-ils bon ménage ?

Théo Risser * ¹, Dominique Monti[†] ², Alex Haouïsse ², Nathalie Tapie ³,
Hélène Budzinski ³, Robert Duran[‡] ¹, Beatrice Lauga[§] ¹

¹ Equipe Environnement et Microbiologie - IPREM UMR CNRS 5254 (EEM) – CNRS : UMR5254, Université de Pau et des Pays de l'Adour [UPPA] – IBEAS - UFR Sciences BP 1155 64013 PAU CEDEX, France

² UMR BOREA, équipe DYNECAR – Université des Antilles et de la Guyane, lab. biologie marine, campus de Fouillole, 97159 Pointe-à-Pitre cedex, Guadeloupe

³ UMR 5805 EPOC-LPTC – Université de Bordeaux (Bordeaux, France), CNRS : UMR5805 – 351 cours de la libération 33405 Talence Cedex, France

La chlordécone est un insecticide organochloré utilisé dans les Antilles Françaises entre les années 1970 et 1993 pour lutter contre le charançon noir du bananier *Cosmopolites sordidus*. Classée au sein des Polluant Organiques Persistants (POP), cette molécule est présente dans les sources d'eau potable, les rivières et les sols. La plupart des études sur la chlordécone se focalisent principalement sur les sols, et aucune d'entre elles ne s'est intéressée à la composition microbienne dans les systèmes lotiques qui sont pourtant les récepteurs ultimes des polluants terrestres. Les biofilms épilithiques assurent dans ces milieux des fonctions importantes à leur équilibre. Ils sont aussi susceptibles de fournir une information concernant la qualité du milieu. Nous avons donc choisi de nous intéresser à ces communautés afin d'évaluer l'impact de la chlordécone sur la composition microbienne et sur la capacité des biofilms épilithiques à révéler une contamination à cette molécule. Des biofilms âgés de 10 jours provenant de deux rivières différentes, une très contaminée en chlordécone et l'autre non, ont été exposés en conditions contrôlées à 4µg/L de chlordécone pendant 14 jours. Ceci a permis de simuler l'adaptation d'une communauté considérée comme non-adaptée au polluant et de visualiser le devenir d'une communauté considérée comme déjà adaptée. Les communautés microbiennes totales et actives des biofilms ont été caractérisées en ciblant par séquençage haut-débit l'ADN et l'ARNr 16S et leur dynamique suivie au cours du temps. Leur réponse dans le contexte de la contamination par la chlordécone est mise en exergue grâce à cette expérimentation.

Mots-Clés: Chlordécone, biofilms épilithiques, adaptation, microcosmes, séquençage haut débit, Guadeloupe

*Intervenant

[†]Auteur correspondant: dominique.monti@univ-ag.fr

[‡]Auteur correspondant: robert.duran@univ-pau.fr

[§]Auteur correspondant: Beatrice.Lauga@univ-pau.fr

Interactions entre biofilms bactériens et nanoparticules réactives (NanoFer 25S) dans le cadre de procédés de nanoremédiation

Jennifer Hellal ^{*† 1}, Louis Jolly ¹, Caroline Michel ¹, Christophe Mouvet ¹,
Guillaume Wille ¹, Patrick Ollivier ¹

¹ Equipe de biogéochimie de l'environnement et qualité de l'eau (BRGM) – Bureau de Recherches Géologiques et Minières (BRGM) – 3, Av Claude Guillemin BP36009, 45060 Orléans Cedex 2, France

Les approches de remédiation disponibles pour le traitement de contaminants récalcitrants (e.g. solvants chlorés) dans les eaux souterraines sont souvent difficiles à mettre en œuvre, extrêmement coûteuses ou peu efficaces. Les nanoparticules (NP) de fer zéro valent, de par leur forte réactivité, ont démontré en laboratoire leur efficacité à dégrader ces contaminants. Cependant plusieurs verrous scientifique, technique, économique et sociétal persistants freinent l'utilisation in situ des NPs. Le projet européen NANOREM (Taking Nanotechnological Remediation Processes from Lab Scale to End User Applications for the Restoration of a Clean Environment; EU FP7/2007-2013) a pour finalité d'évaluer la faisabilité de l'utilisation des NP pour la remédiation in situ. L'efficacité des NP pour la remédiation dépend de leur réactivité vis-à-vis des contaminants mais également de leur mobilité pour atteindre ces contaminants, et notamment de leur(s) interaction(s) avec les solides (minéraux ou organiques (e.g. communautés microbiennes)). Ces interactions peuvent être minimisées en ajoutant des modificateurs d'aquifères dans le milieu naturel. L'étude de laboratoire présentée ici traite des interactions entre les biofilms développés à partir d'eau d'un aquifère contaminé et des NP de fer zéro valent, l'impact de ces interactions sur la mobilité des NP, mais également l'impact des NP et de modificateurs d'aquifère sur la formation des biofilms, leur activité et leur diversité. Ces questions ont été abordées par des approches en petits réacteurs (20 à 100 mL) et en colonnes en suivant des paramètres microbiologiques (activité de dénitrification, biomasse, diversité, formation de biofilms...) et physicochimiques (concentration en NP, pH, Eh...).

Mots-Clés: nanoparticules, biofilms, nanoremédiation, écotoxicologie, environnement

*Intervenant

†Auteur correspondant: j.hellal@brgm.fr

Variations spatio-temporelles des communautés de diatomées dans les biofilms colonisant des revêtements antifouling en méditerranée et dans l’Océan Atlantique

Jean-François Briand *¹, Cédric Garnier², Christophe Le Poupon², Félix Urvois¹, Karine Rehel³, Christine Bressy¹

¹ MAPIEM-EA 4223 (MAPIEM) – Université de Toulon – Avenue George Pompidou, B.P. 56 83162 La Valette-du-Var Cedex, France

² PROTEE-EA 3819 – Université de Toulon – Avenue de L’université, La Garde, France

³ LBCM-EA 3883 – Université de Bretagne Sud – Université de Bretagne Sud, Lorient, France

Tout substrat immergé en milieu aquatique est rapidement colonisé par de nombreux organismes. Ce processus de biofouling a des conséquences économiques préjudiciables dans le cas des structures artificielles en milieu marin comme les coques de navires.

L’objectif de cette étude était de déterminer l’impact sur les communautés de diatomées, micro-phytobenthos ” exclusif ” constituant les biofilms sur des revêtements antifouling (AF) dans les rades de Toulon (Méditerranée) et Lorient (Atlantique). A chaque saison et sur les deux sites, l’effet de 3 revêtements AF incluant 3 biocides seuls (Pyrrithione cuivre [C], zinc [Z] et Zineb® [I]) a été étudié par comparaison à un revêtement de référence [R] ainsi que la peinture sans biocide [M].

Les densités sont globalement six fois plus abondantes à Lorient (entre 20000 et 150000 cellules/cm²) qu’à Toulon (< 20000cellules/cm²) avec une dynamique saisonnière marquée par des valeurs plus faibles en hiver. Une ACC montre que les communautés sont associées à de fortes valeurs de température, salinité et plomb à Toulon, et de nutriments à Lorient. Les communautés présentent des profils différents avec des taxa spécifiques (*Cylindrotheca closterium* et *Limnophora gracilis* à Toulon, *Achnantes brevipes* et *Amphora* sp. à Lorient). Contrairement à I, C et Z diminuent la densité mais aussi la diversité des diatomées. A Lorient, l’effet n’est cependant significatif qu’en termes de biovolumes avec la sélection de petites cellules. Une analyse multidimensionnelle surprenante indique que le facteur principal de clusterisation est le type de revêtement (R-M-I vs C-Z, $r=0,572$, $p=0,001$), avant le site (T vs L, $r=0,264$, $p= 0,002$).

Mots-Clés: Biofilm, diatomées, antifouling, écologie aquatique marine

*Intervenant

Quelles communautés bactériennes à proximité d'un ancien site minier d'Uranium?

Claire Sergeant * ¹, Marie-Hélène Vesvres ², Clarisse Mallet ³, Hervé Guégan ⁴, Patrick Chardon ⁵, Vincent Breton ⁶

¹ Centre d'Etudes Nucléaires de Bordeaux Gradignan (CENBG) – CNRS : UMR5797, IN2P3, Université de Bordeaux (Bordeaux, France) – Chemin du Solarium - BP 120 - 33175 Gradignan Cedex, France

² Centre d'Etudes Nucléaires de Bordeaux Gradignan (CENBG) – Centre national de la recherche scientifique - CNRS (France), Université de Bordeaux (Bordeaux, France) – France

³ Laboratoire Microorganismes: Génome et Environnement (LMGE) – Centre national de la recherche scientifique - CNRS (France), Université de Clermont-Ferrand – France

⁴ PRISNA-Prestations – ADERA – France

⁵ Laboratoire de Physique Subatomique et des Technologies Associées (Subatech) – Centre national de la recherche scientifique - CNRS (France), Université de Nantes, Ecole des Mines de Nantes – France

⁶ Laboratoire de Physique Corpusculaire de Clermont (LPC) – Centre national de la recherche scientifique - CNRS (France), Université de Clermont-Ferrand – France

Dans le cadre de la récemment créée zone-atelier (CNRS INEE) ” Territoires uranifères dans l'Arc Hercynien ”, nous avons pu avoir accès au site AREVA de Rophin dans le Puy de Dôme. Sur ce site a été exploitée une des premières mines d'Uranium françaises jusqu'en 1954 et reste encore sur place un stockage de 30 000 tonnes de résidus de traitement de minerais (0,31 TBq en 226Ra).

Différents prélèvements d'eau en sortie du tuyau de drainage de la mine et de sol à ce niveau et en différents points plus éloignés dans le fossé, ont été effectués.

Cette étude analyse la structure de la communauté bactérienne présente dans ces échantillons, en parallèle de la caractérisation des radioéléments par spectrométrie gamma.

Une collection d'isolats bactériens cultivables aérobies et anaérobies a ainsi été constituée. L'analyse phylogénétique (par le séquençage de l'ADNr 16S) des 90 premiers isolats aérobies hétérotrophes montre la présence de trois phyla principaux: Actinobacteria, Gammaproteobacteria, et Firmicutes, ces derniers étant largement dominants, notamment dans les échantillons les plus proches de la sortie d'eau de l'exhaure.

Afin d'avoir une vision plus exhaustive des communautés bactériennes présentes dans ces milieux, l'analyse par pyroséquençage de l'ADN des échantillons de sol est en cours.

Mots-Clés: Uranium, bactéries cultivables, sol, eau, pyroséquençage

*Intervenant

Impact de l'irrigation par des eaux usées traitées sur la structure et l'activité de la communauté microbienne endogène du sol (Tunisie)

Caroline Michel * ¹, Olfa Mahjoub ², L Lalande ³, Anne Berrehouc ⁴,
Laurence Amalric ⁵, Aourel Mauffret *

6

¹ Michel – BRGM – France

² Mahjoub – Tunisie

³ Lalande – BRGM – France

⁴ Berrehouc – BRGM – France

⁵ Amalric – BRGM – France

⁶ Mauffret – BRGM – France

Dans les zones (semi)arides, l'activité agricole est dépendante de la disponibilité en eau. Pour ces raisons, des pays comme la Tunisie encouragent l'utilisation d'eaux traitées pour l'irrigation de certaines cultures en complément de l'eau souterraine. L'impact de cette pratique sur la contamination des eaux souterraines et des sols par des polluants organiques, inorganiques ou des organismes pathogènes a été abordé depuis de longues années. Toutefois, l'impact sur la structure et l'activité de la communauté microbienne autochtone du sol a été moins abordée. Trois parcelles agricoles d'agrumes ont été sélectionnées en Tunisie, la première est irriguée avec de l'eau de puit, la deuxième avec de l'eau usées traitées, et la dernière avec un mélange eau usées traitées / eau de puit. Cinq campagnes de prélèvement des sols et des eaux sont menées avant, pendant (période d'irrigation) et après la saison sèche. La communauté microbiologique du sol est caractérisé par des approches enzymatique (incorporation de la 3H-leucine, taux de minéralisation (Biolog)) et moléculaire (gènes impliqués dans le cycle de l'azote (qPCR)), biomasse bactérienne, biodiversité (SSCP). Un screening qualitatif non ciblé est effectué par LC-TOF sur les eaux d'irrigation et couplé avec une quantification des produits pharmaceutiques et émergents par LC-MS/MS. Enfin, les caractéristiques physico-chimiques du sol sont déterminées (granulométrie, TOC, anions/cations, métaux). L'ensemble des résultats et les périodes d'échantillonnage permettent ainsi de déterminer l'effet de l'irrigation sur les populations microbiennes, leur capacité d'adaptation, de tolérance et de résilience face aux cocktails de pollutions contenu dans les eaux d'irrigation.

Mots-Clés: Ecotoxicologie microbienne, Diversité fonctionnelle, Irrigation, Sols, Eaux usées, Pratiques agricoles, pharmaceutiques, émergents

*Intervenant

Dissémination de plasmides de résistance dans l'Environnement

Mathilde Camiade ^{*† 1}, Naouel Chaftar ^{* ‡ 1}, Sylvaine Buquet ^{* § 1}, Wassila Riah-Anglet ^{* ¶ 1}, Barbara Pawlak ^{* || 1}

¹ Laboratoire de Microbiologie Signaux et Micro-Environnement (LMSM - EA 4312) – Université de Rouen : EA4312 – Université de Rouen UFR des Sciences et Techniques 76821 Mont-Saint-Aignan cedex, France

La réponse génétique des communautés microbiennes à 70 ans d'utilisation massive des antibiotiques a été rapide, efficace et globale. Elle constitue à présent un danger sanitaire réel et l'apparition de bactéries toto-résistantes en milieu hospitalier témoigne d'une forte circulation des gènes d'antibio-résistance. Le microbiote intestinal étant directement soumis à la pression de sélection des traitements antibiotiques, les rejets fécaux d'origine humaine ou animale dans l'Environnement alimentent la dissémination et impliquent le compartiment environnemental. La plupart des souches de *Escherichia coli* multi-résistantes émises dans l'Environnement via les rejets fécaux d'origine humaine portent de grands plasmides de résistance. A partir de certaines de ces souches, nous avons isolé 22 plasmides par transformation dans la souche *E. coli* DH5 α MCR. Ils portent jusqu'à 7 résistances et la majorité sont conjugatifs (75%), certains étant même capables de se transférer chez *Pseudomonas*, bactérie très présente dans l'Environnement. Leur groupe d'incompatibilité, leur taille, ainsi que la présence d'intégrons de classe 1 ou 2 ont été déterminés. L'ensemble de ces caractères montre une variabilité importante de ces structures. La stabilité plasmidique a également été étudiée (hors pression de sélection). Ainsi, le maintien est très important chez *E. coli* (> 400 générations), mais semble beaucoup plus précaire chez *Pseudomonas* (< 70 générations). Nous avons enfin tenté d'isoler des plasmides de résistance semblables chez des souches de *Pseudomonas* isolées de rejets fécaux dans l'Environnement et présentant un profil d'antibio-résistance atypique, afin de mettre en évidence d'éventuels transferts horizontaux entre la population entérique *E. coli* et la population environnementale *Pseudomonas*.

Mots-Clés: Antibiotiques, Résistance, Plasmides, *Escherichia coli*, *Pseudomonas*, Rejets fécaux, Environnement

*Intervenant

†Auteur correspondant: mathilde.camiade@gmail.com

‡Auteur correspondant: naouel.chaftar@univ-rouen.fr

§Auteur correspondant: sylvaine.buquet@univ-rouen.fr

¶Auteur correspondant: w.riah@esitpa.fr

||Auteur correspondant: barbara.pawlak@univ-rouen.fr

Impact des contaminants chimiques et organiques sur la diversité des communautés microbiennes d'une carotte sédimentaire d'un estuaire anthropisé

Assia Kaci-Benaïcha ¹, Fabienne Petit ¹, Matthieu Fournier ¹, Sébastien Cecillon ², Dominique Boust ³, Patrick Lesueur ¹, Thierry Berthe * ⁴

¹ Laboratoire Morphodynamique Continentale et Côtière – CNRS : UMR6143 – France

² Environmental Microbial Genomics Group Laboratoire Ampère – CNRS : UMR5005 – France

³ Laboratoire de radioécologie de Cherbourg-Octeville (LRC) – Institut de Radioprotection et de Sécurité Nucléaire (IRSN) – France

⁴ Laboratoire Morphodynamique Continentale et Côtière – CNRS : UMR6143 – France

L'estuaire de la Seine est un des estuaires européens les plus contaminés par les métaux traces, les hydrocarbures aromatiques polycycliques (HAP) et les polychlorobiphényles (PCB). Dans cet environnement, les vasières estuariennes sont des zones de dépôt des particules fines et des contaminants chimiques associés. Une étude de la diversité des communautés microbiennes a été effectuée le long d'une carotte sédimentaire, de 442 cm de long correspondant à une période de 45 années, au regard des concentrations en métaux traces, HAP et PCB qui augmentent en fonction de la profondeur. La caractérisation de la diversité réalisée avec des puces à ADN (Phylochips) indique que les communautés microbiennes totales et métaboliquement actives sont dominées par des Proteobacteria, Actinobacteria et Firmicutes dans tous les sédiments. Parmi les Proteobacteria, les alpha-Proteobacteria sont majoritaires au sein des communautés totales et métaboliquement actives et représentées par des bactéries appartenant à l'ordre des Rhizobiales, Rhodobacter, Caulobacterales et Sphingomonadales. Une analyse en co-inertie montre une correspondance entre la présence de phylums spécifiques et la contamination des sédiments en HAP, polychlorobiphényles et zinc dans les sédiments les plus anciens et plus contaminés (1970 à 1975), suggérant qu'une exposition à long terme à ces contaminants a structuré/façonné/modifié la communauté microbienne. Par ailleurs, le gène *czcA* (système Heavy-Metal-Efflux RND conférant la résistance au zinc, cadmium et cobalt) est détecté le long de la carotte et sa diversité est moins importante dans les sédiments les plus anciens suggérant une sélection de genres bactériens qui peut être consécutive à la contamination chimique.

Mots-Clés: diversité microbienne, estuaire anthropisé, Phylochip, carotte sédimentaire

*Intervenant

Capture par hybridation de grands fragments d'ADN pour la reconstruction ciblée de génomes microbiens

Cyrielle Gasc *[†] ¹, Céline Ribière ¹, Nicolas Parisot ², Réjane Beugnot ¹,
Clémence Defois ¹, Eric Peyretailade ¹, Pierre Peyret * [‡] ¹

¹ Conception, Ingénierie et Développement de l'Aliment et du Médicament (CIDAM) – Université d'Auvergne - Clermont-Ferrand I – Facultés de Médecine et de Pharmacie CBRV - RdC et 5ème étage
BP 38 28, Place Henri-Dunant 63001 Clermont-Ferrand +33 4 73 17 79 52, France

² Biologie Fonctionnelle, Insectes et Interactions (BF2I) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UR0203, Institut National des Sciences Appliquées [INSA] - Lyon – INSA Bat. L. Pasteur 20
avenue Albert Einstein 69621 Villeurbanne cedex, France

Les méthodes moléculaires indépendantes de la culture ciblant le gène exprimant l'ARNr 16S a révélé l'extraordinaire diversité microbienne. Les approches de barcoding largement utilisées dans ce cadre d'études ne permettent cependant pas d'établir le lien entre la structure des communautés microbiennes et les fonctions réalisées. Le séquençage massif direct d'échantillons métagénomiques a permis de nouvelles avancées en assurant principalement la reconstruction de génomes complets des micro-organismes dominants. Cependant, cette approche présente des limites liées aux difficultés d'assemblage des séquences, compromettant l'obtention de l'ensemble des génomes. Enfin, les stratégies de réduction de complexité basées sur les approches de la cellule isolée lèvent certains de ces verrous mais demeurent à ce jour difficiles à mettre en œuvre. Pour dépasser les limites énoncées précédemment, nous avons développé une approche innovante de capture de grands fragments d'ADN par hybridation permettant la reconstruction de larges régions géniques et de génomes complets de micro-organismes. Cette technique a été appliquée sur échantillons métagénomiques en ciblant le gène *linA* codant une deshydrochlorinase impliquée dans la dégradation du lindane, un insecticide chloré posant de sévères problèmes environnementaux. Les résultats montrent qu'il est ainsi possible de capturer des fragments d'ADN de plusieurs kpb à plusieurs dizaines de kpb, rendant possible la reconstruction des génomes portant la fonction métabolique recherchée.

La capture de grands fragments d'ADN par hybridation représente donc une approche prometteuse pour l'exploration ciblée des communautés microbiennes contribuant à une meilleure compréhension du rôle des micro-organismes au sein des écosystèmes.

Mots-Clés: Capture de gènes par hybridation, Reconstruction de génomes, Métagénomique, Lindane

*Intervenant

[†]Auteur correspondant: cyrielle.gasc@udamail.fr

[‡]Auteur correspondant: pierre.peyret@udamail.fr

Oil removal and effects of spilled oil on active microbial communities in a Mediterranean hypersaline lake

Yanick Corselis ¹, Marc Krasovec ², Léa Sylvi ¹, Patricia Bonin * ¹, Philippe Cuny ¹, Cécile Militon ¹

¹ Institut méditerranéen d'océanologie (MIO) – CNRS : UMR7294, Université du Sud Toulon - Var, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UMR235, Aix Marseille Université – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Campus de Luminy Case 901 13288 MARSEILLE cedex 09, France

² Observatoire océanologique de Banyuls (OOB) – CNRS : UMS2348, Université Pierre et Marie Curie (UPMC) - Paris VI – LABORATOIRE ARAGO BP 44 66651 BANYULS SUR MER CEDEX, France

The abiotic and biotic processes associated with the degradation of a light petroleum in hypersaline water (salinity > 30‰) and its impact on native microbial communities were followed by chemical measurements associated with a 16S rRNA DGGE approach during an incubation of 30 days. To assess the potential effect of labile organic matter (LOM) supply on hydrocarbon fate, a treatment with a mix of sodium citrate and casaminoacids was also performed. After one month of incubation, no hydrocarbon biodegradation was observed in field-simulating microcosms. Microbial communities significantly shifted after 30 days of incubation with petroleum with the selection of *Salinibacter ruber* and the disappearance of *Haloquadium walsbyi*. In presence of LOM, 12.8% of the crude oil was biodegraded after one month by autochthonous microbial and phylotypes related to *Salinibacter*, *Haloarcula*, *Haloterrigena* and *Halorhabdus* were selected. Nine hydrocarbon-utilizing strains were isolated, from which four were affiliated to *Haloarcula*. Interestingly, the dominant phylotypes observed in the DGGE fingerprints during the last stage of incubation in organic enriched microcosms, period during which petroleum biodegradation occurred, were also affiliated to this genus. This study demonstrates that short-term oil biodegradation is possible in this kind of environment but only if it is enriched with labile organic compounds.

Mots-Clés: oil spill, hypersaline lake, microbial community

*Intervenant

Impact écotoxicologique de la leptospermone, un herbicide β -tricétone naturel, sur l'abondance et la diversité de la communauté bactérienne du sol

Sana Romdhane *¹, Marion Devers-Lamrani², Cédric Bertrand³,
Christophe Calvayrac⁴, Jean-François Cooper³, Franck Dayan⁵, Lise
Barthelmebs⁶, Fabrice Martin-Laurent⁷

¹ Univ. Perpignan (UP) – Univ. Perpignan – Univ. Perpignan Via Domitia, Biocapteurs Analyse
Environnement, F-66860, Perpignan, France., France

² INRA (UMR Agroécologie) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1347 –
INRA UMR Agroécologie 17 rue sully BP86510 21065 Dijon Cedex, France

³ Univ. Perpignan (UP) – CNRS : USR3278 – Univ. Perpignan Via Domitia, Laboratoire de Chimie
des Biomolécules et de l'Environnement – CRIOBE – USR 3278 CNRS EPHE, F-66860, Perpignan,
France, France

⁴ Univ. Perpignan (UP) – CNRS : UMR3278 – Univ. Perpignan Via Domitia, Laboratoire de Chimie
des Biomolécules et de l'Environnement – CRIOBE – USR 3278 CNRS EPHE, F-66860, Perpignan,
France, France

⁵ United States Department of Agriculture (USDA) – Agricultural Research Service US Arid Land
Agricultural Research Center, Maricopa, AZ, USA, États-Unis

⁶ Univ. Perpignan (UP) – Université de Perpignan – Univ. Perpignan Via Domitia, Biocapteurs
Analyse Environnement, F-66860, Perpignan, France., France

⁷ INRA (UMR Agroécologie) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1347 –
INRA UMR 1347 Agroécologie 17 rue sully BP 86510 21065 Dijon Cedex, France

L'utilisation quasi-généralisée des produits phytopharmaceutiques a altéré la santé de l'environnement et de l'homme. Actuellement, l'un des enjeux essentiels de l'agriculture est l'intensification écologique visant à satisfaire la demande croissante en produits agricoles tout en respectant l'environnement et la santé humaine. Dans ce contexte, une nouvelle génération de molécules telle que les biopesticides paraît prometteuse pour remplacer les pesticides de synthèse. Etant d'origine naturelle, ces nouvelles molécules sont supposées être facilement biodégradables et plus respectueuses de l'environnement. Dans ce contexte, le projet ANR TRICETOX vise à décrire le devenir environnemental d'herbicides de synthèse (sulcotrione et mesotrione) et naturels (leptospermone et myrigalone) de la famille chimique β -tricétone et à estimer leur impact écotoxicologique sur la communauté bactérienne de sols agricoles. Dans cette présentation, nous rapportons l'évaluation de l'impact écotoxicologique de la leptospermone, un composé allélochimique synthétisé par des myrtacées telles que *Callistemon citrinus*, présentant une activité herbicide. Pour ce faire, nous avons établi dans des microcosmes de sol incubés dans des conditions contrôlées au laboratoire, des cinétiques de dissipation de la leptospermone, dans deux types de sol afin d'évaluer sa dégradation biologique et sa persistance dans les sols, pour définir le scénario d'exposition de la communauté bactérienne. L'impact écotoxicologique de la leptospermone a

*Intervenant

été estimée en appliquant des outils moléculaires afin de (i) mesurer par qPCR ciblant l'ARNr 16S l'abondance de 11 groupes microbiens et (ii) évaluer la diversité génétique de la communauté bactérienne par une approche de séquençage de nouvelle génération d'amplicons d'ARNr 16S.

Mots-Clés: β , tricétones, leptospermone, écotoxicologie, pyroséquençage, communauté bactérienne

Devenir et impacts d'un " cocktail " d'herbicides sur des groupes fonctionnels microbiens: élaboration de bioindicateurs de perturbations.

Clarisse Mallet *¹, Frédérique Bonnemoy¹, Pierre Joly¹, Pascale Besse-Hoggan², Bertrand Legeret², Olivier Couzet³

¹ Microorganismes : génome et environnement (LMGE) – Université d'Auvergne - Clermont-Ferrand I, CNRS : UMR6023, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II – Université Blaise Pascal, Campus des Cézeaux, 24, avenue des Landais BP 80026 63 170 AUBIERE, France

² Institut de Chimie de Clermont-Ferrand (ICCF) – CNRS : UMR6296, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II, Ecole Nationale Supérieure de Chimie de Clermont-Ferrand – 24 Avenue des Landais, 63177 Aubière Cedex, France

³ Physico-chimie et Ecotoxicologie des SolS d'Agrosystèmes Contaminés – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UR251 PESSAC – 78026 Versailles cedex, France

Les enjeux en écotoxicologie terrestre soulèvent des questions relatives à l'exposition (biodisponibilité) et aux effets (directs et indirects) de faibles doses de produits phytosanitaires présents en mélanges (diverses molécules mères et produits de transformation) sur les organismes et les processus qu'ils réalisent. Dans ce contexte, une étude en microcosmes a été réalisée sur deux types de sols (limoneux et argilo-sableux) et trois formulations d'herbicides : Dual Gold Safeneur® (S-métolachlore), Callisto® (mésotrione) et Milagro® (nicosulfuron) utilisées en mélange aux doses agronomiques.

Le type de sol influe sur le comportement des molécules et sur leurs cinétiques de biodégradation qui diffèrent également en fonction des traitements, seuls ou en mélanges. L'évaluation de la toxicité des herbicides (Microtox®) ne montre aucun effet additif ou antagoniste des mélanges, bien que certains soient très toxiques. Au niveau des descripteurs structuraux et fonctionnels des communautés microbiennes (bactéries et champignons), seuls de faibles effets ont été observés sur le sol argilo-sableux. Par contre, des effets transitoires significatifs, différents selon le type de sol, ont été mis en évidence sur des communautés sensibles, telles que les phototrophes (microalgues et cyanobactéries) ou les nitrifiants et dénitrifiants (bactéries et archées). Des répercussions sur le fonctionnement du cycle de l'azote ont été observées.

Cette étude permet d'améliorer les connaissances sur l'écotoxicité des cocktails vis-à-vis du fonctionnement microbien des sols, et de tester la pertinence d'indicateurs microbiens " d'impact " à associer à des indicateurs physico-chimiques " d'exposition ".

Mots-Clés: sols, herbicides, mélanges, devenir, impacts, microalgues, communautés nitrifiantes

*Intervenant

Diversité contrastée des bactéries dégradant le phénanthrène dans le sol et faible impact de l'ajout de rhamnolipide

Marc Crampon ^{1,2}, Aurélie Cébron ³, Florence Portet-Koltalo ², Franck Le Derf ², Josselin Bodilis ^{*† 1,4}

¹ Laboratoire de Microbiologie Signaux et Microenvironnement (LMSM EA 4312) – Université de Rouen – 27000 Evreux, France

² Laboratoire de chimie organique et analytique (COBRA UMR 6014) – Université de Rouen – IUT d'Evreux, Evreux, France, France

³ Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux - LIEC (Vandoeuvre-Les-Nancy, France) (LIEC) – CNRS : UMR7360, Université de Lorraine – UMR7360 CNRS, Université de Lorraine, Faculté des Sciences, Bd des Aiguillettes, BP70239, 54506 Vandoeuvre-les-Nancy., France

⁴ Laboratoire d'Ecologie Microbienne (ECOMIC UMR 5557) – Université Claude Bernard - Lyon I – 69622 Villeurbanne, France

Les hydrocarbures aromatiques polycycliques (HAP) sont des contaminants organiques cancérogènes issus majoritairement de la combustion incomplète de matières organiques. La biodégradation des HAP dans le sol est fortement dépendante de la diversité des populations microbiennes dégradantes mais également de la biodisponibilité de ces contaminants hydrophobes qui tendent à s'adsorber plus ou moins fortement dans le sol. Parmi les méthodes actuellement à l'étude pour améliorer la bioremédiation des HAP, l'utilisation de biosurfactants (agents tensioactifs d'origine biologique) permettrait d'augmenter la biodisponibilité de ces contaminants.

L'objectif de cette étude était d'évaluer l'impact de l'ajout de rhamnolipide, un biosurfactant, sur (i) la biodisponibilité du phénanthrène (un HAP léger), (ii) la cinétique de dégradation du phénanthrène et (iii) la diversité des microorganismes dégradant le phénanthrène dans deux sols de Normandie (sol PPY et sol Pv).

(i) Des isothermes d'adsorption ont montré que l'ajout de rhamnolipide entraîne une désorption significative du phénanthrène, de manière plus prononcée pour un des sols testés (sol PPY).

(ii) Des cinétiques de dégradation réalisées en microcosmes ont montré une biodégradation beaucoup plus rapide du phénanthrène dans le sol Pv (DT50 de 8 jours) par rapport au sol PPY (DT50 de 30 jours). Toutefois, l'ajout de rhamnolipide ne modifie pas significativement les vitesses de biodégradation.

(iii) La diversité des bactéries dégradant le phénanthrène a été étudiée par DNA-SIP couplée à un pyroséquençage 454. Tandis que le sol PPY montre une très grande diversité de dégradeurs peu efficaces, le sol Pv présente seulement quelques "superdégraders" appartenant à un nouveau genre bactérien.

Mots-Clés: Biodégradation, biosurfactant, sol, biodisponibilité, PAH, phénanthrène, DNA, SIP

*Intervenant

†Auteur correspondant: josselin.bodilis@univ-rouen.fr

Impact écotoxicologique de mélanges de pesticides sur des fonctions microbiennes des sols : apport d'une prise en compte écologique dans l'évaluation des risques

Olivier Crouzet ^{*† 1}, Marion Devers ², Nadine Rouard ², Nathalie Cheviron ¹, Virginie Grondin ¹, Fabrice Martin-Laurent ²

¹ UMR Ecosys (INRA) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR107 – INRA Versailles UMR Ecosys 78026 Versailles, France

² INRA (UMR Agroécologie) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1347 – INRA UMR 1347 Agroécologie 17 rue sully BP 86510 21065 Dijon Cedex, France

L'utilisation de pesticides permet d'assurer la qualité de la production végétale mais elle contribue à la contamination des sols et des eaux et produit des effets sur des organismes non-cibles. L'évaluation des risques requièrent actuellement une meilleure prise en compte des effets des pesticides sur le fonctionnement des écosystèmes. Or, les démarches et indicateurs classiques manquent de représentativité écologique. La fonction microbienne de biodégradation des pesticides est essentielle car elle limite des leur persistance dans les sols. Pourtant l'impact écotoxicologique de contaminations avec de multiples pesticides sur la biodégradation microbienne des pesticides et d'autres activités microbiennes des cycles du carbone et de l'azote n'est pas documenté. Dans le but d'explorer ces questions, une expérimentation en microcosmes a été mise en place sur 3 types de sols (sableux, limoneux et argileux) traités ou non (contrôle) avec soit du glyphosate, du tebuconazole, du dimetomorphe ou soit un mélange des trois pesticides (aux doses agronomiques). Des analyses ont été réalisées pour décrire le devenir des pesticides et définir le scénario d'exposition des communautés microbiennes. D'autres ont été conduites pour évaluer l'impact de la contamination par ces pesticides sur i) l'abondance (qPCR) et l'activité de biodégradation microbienne (radiorespirométrie); ii) des activités enzymatiques extracellulaires (AEE), et iii) l'activité de nitrification potentielle et l'abondance de la communauté nitrifiante (qPCR). Les principaux résultats de cette étude seront présentés lors de cette conférence.

Mots-Clés: écotoxicologie microbienne, pesticides, biodégradation, cycle de l'azote

*Intervenant

†Auteur correspondant: olivier.crouzet@versailles.inra.fr

Réponses des cyanobactéries et micro-algues des sols agricoles, aux stress pesticides.

Olivier Crouzet ^{*† 1}, Clarisse Mallet ², Christelle Marraud ³, Sylvie Néliu ⁴, Pierre-Alain Maron ^{5,6}, Frédéric Rimet ⁷, Annette Bérard ⁸

¹ ECOSYS, UMR INRA 1402 (INRA - EcoSys) – Institut national de la recherche agronomique (INRA), AgroParisTech – 78026 Versailles cedex, France

² CNRS, UMR 6023 LMGE – Centre National de la Recherche Scientifique - CNRS, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II – Campus universitaire des Cèzeaux Avenue des Landais 63622 AUBIERE cedex, France

³ ECOSYS, UMR INRA 1402 – Institut National de la Recherche Agronomique - INRA, AgroParisTech – France

⁴ ECOSYS, UMR INRA 1402 – Institut National de la Recherche Agronomique - INRA, AgroParisTech – 78026 Versailles cedex, France

⁵ Agroécologie - Equipe BIOCOM – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1347, Agrosup Dijon, Université de Bourgogne – France

⁶ Plateforme GenoSol – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1347, Agrosup Dijon, Université de Bourgogne – BP 86510, F-21000 Dijon, France

⁷ INRA (UMR CARRETEL) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) – 75 avenue de Corzent 74200 Thonon-les-bains, France

⁸ INRA/UAPV - UMR 1114 EMMAH – Institut National de la Recherche Agronomique - INRA – 84914 Avignon, France

Les pouvoirs publics européens et nationaux ont instauré des plans d'action devant améliorer l'évaluation des risques environnementaux associés aux usages de produits phytosanitaires (Règlement CE - 1107/2009, Directive cadre 2009/128/EC, Plan EcoPhyto). Les indicateurs microbiens utilisés pour évaluer les impacts des pratiques agricoles, manquent de sensibilité et de généralité vis-à-vis des stress phytosanitaires. Les microorganismes phototrophes édaphiques (cyanobactéries et microalgues) constituent un modèle innovant à promouvoir. Néanmoins, les connaissances disponibles dans les sols (biodiversité, fonctions, influence des facteurs pédoclimatiques) sont très limitées. Les enjeux actuels sont donc de développer des outils analytiques et expérimentaux (bio-essais, cosmes) permettant de caractériser les réponses des communautés au stress herbicides, afin de proposer par la suite des outils de bioindication et les impacts fonctionnels sur les sols. Les résultats d'approches aux champs couplées à des approches dose-effet en microcosmes, démontrent des effets dès la dose agronomique, pour certains herbicides. Les micro-algues et cyanobactéries semblent donc plus sensibles et plus directement impactés par les herbicides, que les bactéries et champignons qui sont pourtant le plus souvent étudiés. La caractérisation de la diversité génétique des communautés microalgales et cyanobactériennes (séquençage), démontre des compositions taxonomiques drastiquement différentes selon les systèmes de cultures (biologique vs. conventionnel). La comparaison des réponses des communautés issues de ces systèmes de culture à un nouveau stress herbicide, a permis de révéler l'acquisition

*Intervenant

†Auteur correspondant: ocrouzet@versailles.inra.fr

de capacités de tolérance aux herbicides inhibiteurs du photosystème II, en fonction d'une pré-exposition au champ (PCT). L'identification des signatures structurales associées aux aspects fonctionnels de tolérance/sensibilité est en cours.

Mots-Clés: Sols, microalgues et cyanobactéries, herbicides, diversité taxonomique, tolérance

Impacts à long-terme des éléments traces métalliques sur la biodiversité microbienne de sols amendés par des rejets de STEP: quels indicateurs de biodisponibilité et d'effets des contaminants ?

Marine Albertelli ¹, Isabelle Lamy ², Olivier Crouzet * ³

¹ ECOSYS, UMR INRA 1402 – Institut National de la Recherche Agronomique - INRA – 78026 Versailles Cedex, France

² ECOSYS, UMR INRA 1402 – Institut National de la Recherche Agronomique - INRA, AgroParisTech – 78026 Versailles cedex, France

³ ECOSYS, UMR INRA 1402 (INRA - EcoSys) – Institut national de la recherche agronomique (INRA), AgroParisTech – 78026 Versailles cedex, France

L'épandage d'eaux usées et de boues de STEP sur les sols agricoles permet leur valorisation en tant que fertilisants. Mais, selon la récurrence des apports, cela peut induire une multi-contamination des sols (i.e. métaux et antibiotiques), dont l'accumulation peut conduire à des concentrations à risque pour le fonctionnement biologique des sols. L'enjeu majeur en évaluation du risque réside dans la caractérisation des relations exposition – impacts à long-terme. Cependant, les notions de biodisponibilité des contaminants et d'adaptation des microorganismes ne sont pas suffisamment considérées. Dans le cadre de ce travail, l'horizon de labour d'un sol agricole irrigué pendant près d'un siècle avec des eaux usées, a été échantillonné suivant des transects intégrant des gradients de contamination en ETM. Les résultats démontrent une corrélation positive entre les teneurs totales en ETM (Zn, Cu, Cd, Pb) et celles en Corg (et autres nutriments), du fait d'apports simultanés par les amendements. Les fractions extractibles (CaCl₂, EDTA) sont corrélées aux teneurs totales. Les activités microbiennes (respiration, activités enzymatiques extracellulaires, nitrification) sont dans l'ensemble positivement corrélées aux teneurs en nutriments (C et N) et aux ETM. L'augmentation des teneurs en Corg et nutriments le long des gradients en ETM, pourrait limiter la biodisponibilité des formes d'ETM impactantes, tout en favorisant l'activité microbienne. De plus, une approche PICT (Pollution Induced Community Tolerance), révèlent l'acquisition de tolérance fonctionnelle dépendant des teneurs en ETM. L'analyse de la diversité des communautés microbiennes du sol pourrait permettre d'associer des signatures taxonomiques à cette évolution de la tolérance induite.

Mots-Clés: sol, écotoxicologie microbienne, effet à long, terme, PICT, biodisponibilité

*Intervenant

Résistome environnemental urbain : impact d'un centre hospitalier (Montpellier – France)

Thibault Guillou¹, Ayad Almakki¹, Christian Salles¹, Jean-Louis Perrin¹, Marie-Georges Tournoud¹, Thomas Mosser¹, Agnès Masnou¹, Patrick Monfort^{* 1}, Estelle Jumas-Bilak^{*}

¹, Patricia Licznar-Fajardo^{† 1}

¹ Hydrosociences Montpellier (HSM) – Institut de recherche pour le développement [IRD], CNRS : UMR5569, Université Montpellier II - Sciences et techniques – Univ. Montpellier II - Case MSE Place Eugène Bataillon 34095 MONTPELLIER CEDEX 5, France

Différentes composantes du cycle urbain de l'eau transitent par une combinaison de réseaux (réseau hydrographique, réseau d'eaux pluviales, réseau d'alimentation en eau potable, réseau d'assainissement, ...) qui constitue un environnement privilégié pour les interactions microbiennes. Il est aujourd'hui clairement établi que les pressions anthropiques exercées sur les écosystèmes aquatiques en modifient le fonctionnement et impactent la dynamique des micro-organismes qui les composent. Ces écosystèmes deviennent alors des lieux d'évolution rapide des communautés microbiennes pouvant permettre l'émergence et la dissémination de bactéries résistantes aux antibiotiques, préoccupation actuelle majeure de santé publique. Le contrôle de ces pathologies infectieuses passe par une meilleure connaissance des réservoirs de communautés microbiennes résistantes, notamment des écosystèmes proches de l'homme.

Différentes composantes du cycle urbain de l'eau transitent par une combinaison de réseaux (réseau hydrographique, réseau d'eaux pluviales, réseau d'alimentation en eau potable, réseau d'assainissement, ...) qui constitue un environnement privilégié pour les interactions microbiennes. Il est aujourd'hui clairement établi que les pressions anthropiques exercées sur les écosystèmes aquatiques en modifient le fonctionnement et impactent la dynamique des micro-organismes qui les composent. Ces écosystèmes deviennent alors des lieux d'évolution rapide des communautés microbiennes pouvant permettre l'émergence et la dissémination de bactéries résistantes aux antibiotiques, préoccupation actuelle majeure de santé publique. Le contrôle de ces pathologies infectieuses passe par une meilleure connaissance des réservoirs de communautés microbiennes résistantes, notamment des écosystèmes proches de l'homme.

Mots-Clés: antibiorésistance, milieux aquatiques, urbain

*Intervenant

†Auteur correspondant: patricia.licznar-fajardo@univ-montp1.fr

Réponse adaptative des communautés microbiennes pélagiques à une contamination complexe

Hélène Moussard ^{*† 1,2}, Marisol Goñi Urriza ^{‡ 1}, Marc Bouvy ², Céline Lafabrie ³, Catherine Gonzalez ⁴, Chrystelle Bancon-Montigny ⁵, Olivier Pringault ²

¹ Equipe Environnement et Microbiologie, UMR CNRS-IPREM 5254 (IPREM-EEM) – CNRS : UMR5254 – Université de Pau et des Pays de l’Adour, bat IBEAS, 64000 Pau, France, France

² MARBEC – CNRS : UMR5119, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UR5119, Institut Français de Recherche pour l’Exploitation de la Mer (IFREMER), Université de Montpellier – Place Eugène Bataillon 34095 MONTPELLIER, France

³ Ecosystèmes Insulaires Océaniques, Université de la Polynésie Française – Polynésie française

⁴ ARMINES LGEI ARMINES Centre de Recherche LGEI de l’Ecole des Mines d’Alès – Ecole des Mines d’Alès – France

⁵ Hydrosociences Montpellier (HSM) – Institut de recherche pour le développement [IRD], CNRS : UMR5569, Université Montpellier II - Sciences et techniques – Univ. Montpellier II - Case MSE Place Eugène Bataillon 34095 MONTPELLIER CEDEX 5, France

Le projet RISCO (ANR) vise à comprendre les conséquences d’une pollution par des sédiments contaminés sur la diversité et la fonction des communautés microbiennes d’écosystèmes marins peu profonds. Des communautés microbiennes pélagiques du bassin méditerranéen (Bizerte, Tunisie) ont été exposées à des polluants dans des conditions reflétant celles observées in situ lors d’une remise en suspension de sédiments contaminés. Cette étude a été menée sur deux types de communautés: l’une échantillonnée au centre de la lagune de Bizerte (écosystème modérément impacté par la pollution anthropique) et l’autre échantillonnée au large des côtes de la lagune (zone non impactée). Ces communautés microbiennes ont été incubées in situ pendant 5 jours en présence de deux types de contamination: une ” naturelle ”, utilisant comme contaminant l’élutriat de sédiments fortement pollués et une ” artificielle ”, constituée d’un mélange de polluants organiques et métalliques choisis d’après la composition chimique de l’élutriat utilisé pour la contamination naturelle. La réponse adaptative est dépendante de l’historique de la communauté microbienne étudiée ainsi que du type de traitement. La contamination naturelle induit une forte modification d’activité et fonction dans la communauté sans historique de contamination, les effets toxiques des polluants pouvant être modifiés par la présence des nutriments dans l’élutriat. L’effet d’une contamination naturelle est donc beaucoup plus complexe que celle générée par le seul apport des polluants présents. Une meilleure compréhension de la réponse adaptative des microorganismes face aux polluants passe donc par la prise en compte de la complexité des conditions d’exposition observées in situ.

Mots-Clés: Réponse fonctionnelle, contamination naturelle, historique de contamination, diversité

*Intervenant

†Auteur correspondant: helene.moussard@univ-pau.fr

‡Auteur correspondant: marisol.goni@univ-pau.fr

Interaction entre l'uranium et 4 isolats de *Microbacterium* issues d'environnement riches en uranium et radionucléides.

Virginie Chapon ^{*† 1}, Theodorakopoulos Nicolas ^{1,2}, Laurie Piette ¹, Mohamed Barakat ³, Philippe Ortet ³, Séverine Zirah ⁴, Adrienne Kish ⁵, Laureline Fevrier ⁶, Catherine Berthomieu ¹

¹ Laboratoire des Interactions Protéine-Métal (LIPM) – CEA, CNRS : UMR7265, Aix-Marseille Université - AMU – CEA/DSV/IBEB/SBVME/LIPM - CNRS/UMR 7265, F-13108 Saint-Paul-lez-Durance, France, France

² Laboratoire d'écotoxicologie des radionucléides (PRP-ENV/SERIS/LECO) – Institut de Radioprotection et de Sécurité Nucléaire (IRSN) – IRSN/PRP-ENV/SERIS Laboratoire d'écotoxicologie des radionucléides Centre d'Études Nucléaires de Cadarache Bâtiment 186, BP 3 13115 Saint-Paul-Lez-Durance Cedex, France

³ Laboratoire d'Écologie Microbienne de la Rhizosphère et des environnements extrêmes (LEMIRE) – CNRS : UMR7265, CEA, Aix-Marseille Université - AMU – DEVM Centre de Cadarache 13108 Saint-Paul les Durance Cedex, France

⁴ Molécules de Communication et Adaptation des Micro-Organismes (MCAM) – Muséum National d'Histoire Naturelle (MNHN), CNRS : UMR7245 – CP 54, 57 rue Cuvier, 75005 Paris, France

⁵ Molécules de Communication et Adaptation des Micro-Organismes (MCAM) – CNRS : UMR7245, Muséum National d'Histoire Naturelle (MNHN) – 57 rue Cuvier 75005 Paris, France

⁶ Laboratoire de Biogéochimie, Biodisponibilité et Transfert des radionucléides (L2BT) – Institut de Radioprotection et de Sécurité Nucléaire (IRSN) – IRSN/PRP-ENV/SERIS/L2BT-bat183 B.P.3 13 115 Saint Paul-lez-Durance Cedex, France

Quatre souches de *Microbacterium* ont été isolées de sols riches en radionucléides (sol contaminé de Tchernobyl) ou en uranium (sol uranifère du Limousin). Ces souches montrent des niveaux de tolérance à l'uranium contrastés : 2 sont très tolérantes, une est très sensible et la quatrième a un phénotype intermédiaire. Pour cette dernière, nous avons mis en évidence grâce à un protocole d'exposition original, plusieurs mécanismes de détoxification impliqués dans la tolérance à l'uranium. Nous avons démontré qu'après une étape de relargage d'uranium et de phosphate via un mécanisme actif d'efflux, la bactérie est capable de biominéraliser le métal avec la formation d'aiguilles d'autunite dans le cytoplasme (1). Les 4 souches de *Microbacterium* ont été comparées avec ce protocole d'exposition. Alors qu'elles sont toutes capables de biominéraliser l'uranium, le mécanisme actif d'efflux n'est observé que chez les 3 souches les plus tolérantes et pas chez la souche sensible. Afin d'identifier les mécanismes moléculaires impliqués dans l'efflux et la biominéralisation de l'uranium, le génome des 4 souches de *Microbacterium* a été séquencé. Les analyses de génomiques révèlent une corrélation positive entre le niveau de tolérance à l'uranium et le nombre de gènes codant potentiellement pour des transporteurs de métaux, en particulier ceux de la famille des PIB-ATPases. - (1) Theodorakopoulos N. et al. (2015) *J Hazard Mater.* 285: 285-93.

*Intervenant

†Auteur correspondant: virginie.chapon@cea.fr

Mots-Clés: uranium, microbacterium, efflux, biominéralisation, Tchernobyl, Sols uranifères

La combinaison d'outils de géostatistiques et d'écologie microbienne montre un impact des plantes, à l'échelle centimétrique, sur la biodégradation des HAP et la diversité bactérienne dans un sol industriel

Amélia Bourceret ¹, Corinne Leyval ¹, François Thomas ¹, Chantal De Fouquet ², Aurélie Cébron * ³

¹ Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux (LIEC) – CNRS : UMR7360, Université de Lorraine – France

² Ecole des Mines – AgroParisTech – France

³ Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux (LIEC) – CNRS : UMR7360, Université de Lorraine – France

Les hydrocarbures aromatiques polycycliques (HAPs), polluants organiques d'origine industrielle sont faiblement disponibles dans les sols de friches industrielles, et faiblement biodégradables. Bien que les plantes pourraient dans certains cas augmenter la biodégradation des HAPs, nous avons également observé son inhibition. Ces efficacités contrastées sont probablement dues aux variations spatio-temporelles des processus rendant l'effet rhizosphère très complexe. Notre objectif était d'évaluer la variabilité spatiale à l'échelle centimétrique des HAP et de la diversité microbienne dans deux rhizosphères. Nous avons combiné des outils de géostatistiques, des quantifications de gènes fonctionnels et des données de diversité (séquençage haut-débit d'amplicons d'ADNr 16S). La rhizosphère de la luzerne et du ray-grass ont été comparées en rhizotrons. Les plantes ont été 37 jours cultivées sur un sol de friche industriel recontaminé. Un échantillonnage du sol a été réalisé par carottage selon une grille normalisée (8 échantillons à 7 hauteurs).

La cartographie géostatistique (krigeage) des données a révélé que la concentration totale en HAP, bien qu'ayant diminuée au cours des 37 jours, présentait une répartition aléatoire sans structuration spatiale. En revanche, la communauté bactérienne dégradant les HAP a vu son abondance fortement augmenter, et présente un gradient de densité avec la profondeur. Les deux gradients racinaires en profondeur sont très contrastés et influencent différemment la diversité bactérienne. Alors que plusieurs OTU affiliées aux Alphaproteobacteries sont favorisées par les 2 plantes, d'autres OTU ne sont favorisées que dans la rhizosphère de la luzerne (Actinobacteria et Gammaproteobacteria) ou celle du ray-grass (Betaproteobacteria).

Mots-Clés: sol, rhizosphère, HAP, rhizotron, géostatistique, diversité bactérienne

*Intervenant

Measuring reductive dechlorination rates at environmental relevant PCB concentration

Nathalie Lombard * ¹, Upal Ghosh ², Birthe Kjellerup ³, Kevin Sowers† ¹

¹ Institute of Marine and Environmental Technology (IMET) – 701 East Pratt Street Baltimore, Maryland 21202 USA, États-Unis

² University of Maryland Baltimore County (UMBC) – 1000 Hilltop Circle, Baltimore, MD 21250, États-Unis

³ Goucher College – États-Unis

Knowledge of dechlorination rate by anaerobic reductive dechlorinator is essential to predict the time required for a PCB-contaminated site to recover. Many studies attempted to measure reductive dechlorination rates in sediments but were conducted with PCB concentrations above relevant environmental ranges and did not take into account the PCB bioavailability difference caused by PCB association to different organic matter types. A more relevant approach would be to measure dechlorination rates in the porewater phase within a range of PCB concentration typically observed in the environment. To this aim, we developed a method that utilizes a polymer, polyoxymethylene, which has a known partitioning coefficient, to serve concurrently as a PCB substrate delivery system and as a passive dosing system to monitor the PCB dechlorination product over time. This approach allowed us to estimate PCB dechlorination rates in the porewater phase at PCB substrate concentration ranging between 1.15 to 493ng.L-1.

Mots-Clés: PCBs, déchlorination, anaérobie, cinétique

*Intervenant

†Auteur correspondant: sowers@umbc.edu

Influence of chemical multicontamination on the structure of ultraphytoplankton community in Toulon Bay (NW Mediterranean, France)

Floriane Delpy ¹, Cédric Garnier ², Christophe Le Poupon ³, Dominique Jamet ¹, Jingwei Yang ¹, Gaël Durrieu ², Duc Huy Dang ², Benjamin Misson ^{*† 2}

¹ PROcessus de Transfert et d'Echanges dans l'Environnement (PROTEE) – Université de Toulon : EA3819 – Université de Toulon - BP 20132 83957 La Garde cedex, France

² Laboratoire PROTEE (PROTEE) – Université du Sud - Toulon - Var : EA3819 – BP20132 83957 La Garde, France

³ PROTEE-EA 3819 – Université de Toulon – Avenue de L'université, La Garde, France

Toulon Bay is an ecotone between a very urbanized terrestrial environment and the Mediterranean Sea. This coastal marine ecosystem is submitted to an important anthropogenic pressure, leading to multiple inputs of inorganic and organic pollutants. A biological and physico-chemical mapping, realized by sampling 42 sites of the bay, highlighted important spatial gradients of ultraphytoplankton community structure, as well as of inorganic contamination by NO₃⁻, Cd, Cu, Pb and Zn. Analysis by flow cytometry showed that photosynthetic picoeukaryotes may be particularly resistant to the multicontamination of the bay. Indeed, their abundance and relative proportion (up to 80 %) were maximal in the most contaminated areas. Even though they represented a low proportion (< 10 %) of total ultraphytoplankton abundance, Prochlorococcus-like picocyanobacteria presented a similar distribution pattern showing their resistance to this potential chemical stress. Conversely, Synechococcus-like picocyanobacteria appeared to be particularly sensitive to multicontamination gradients. Their abundance and their relative proportion (up to 86 %) were maximal in the least contaminated areas, whereas they dropped in the most contaminated ones. These biological spatial shifts were strongly correlated to the inorganic contamination gradient of the bay. The metallic pollution seemed to be the main abiotic structuring factor, explaining statistically 55 % of the observed biological variability, whereas the contribution of nutritional resources (NO₃⁻, PO₄³⁻ and DOC) did not exceed 9 %. Among the four measured trace metals, Pb was the most structuring for the ultraphytoplankton community, followed by Cd, Zn and Cu.

Mots-Clés: Ecotoxicologie microbienne, phytoplancton, métaux trace, environnement marin côtier, cytométrie en flux

*Intervenant

†Auteur correspondant: misson@univ-tln.fr

Links between chemical composition and prokaryotic diversity in the sediment of an anthropized marine coastal environment

Benjamin Misson ^{*† 1}, Cédric Garnier ², Béatrice Lauga ³, Jean-François Ghiglione ⁴, Robert Duran ³, Olivier Pringault ^{5,6}

¹ Laboratoire PROTEE (PROTEE) – Université du Sud - Toulon - Var : EA3819 – BP20132 83957 La Garde, France

² PROTEE-EA 3819 – Université de Toulon – Avenue de L’université, La Garde, France

³ Equipe Environnement et Microbiologie - IPREM UMR CNRS 5254 (EEM) – CNRS : UMR5254, Université de Pau et des Pays de l’Adour [UPPA] – IBEAS - UFR Sciences BP 1155 64013 PAU CEDEX, France

⁴ LOMIC – Université Pierre et Marie Curie - Paris 6 – France

⁵ MARine Biodiversity, Exploitation and Conservation (MARBEC) – UMR 9190 MARBEC CNRS-UM-IFREMER-IRD, Tunisie

⁶ Institut de Recherche pour le Développement (IRD) – Représentation IRD Tunisie BP 434, 2 rue des sports 1004 El Menzah I Tunis, Tunisia, Tunisia

Ecotone between a very urbanized continental area and the Mediterranean Sea, Toulon bay is a marine coastal ecosystem facing an important anthropogenic pressure resulting in multiple inputs of organic and inorganic pollutants. Because of their toxicity, these multiple pollutants can affect the diversity of benthic microorganisms. However, investigating the synergic influence of multiple contaminations on microbial communities requires a precise physico-chemical characterization of the environment in order to decipher the respective influences of resources, geochemical background and anthropogenic inputs. By using the data of a detailed physico-chemical mapping of surface sediments (0-5cm) of Toulon bay, the synergistic influence of metals/metalloids (As, Cd, Cr, Cu, Hg, Ni, Pb, Sn, Zn), organometals (MMHg, SBT) and organic contaminants (PCB, PAH) on the genetic structure and richness of bacterial and archaeal benthic communities was evaluated. The genetic structure of both microbial communities appeared to be strongly linked to the chemical signature of the sediments, contaminants explaining up to 54% of the biological variability measured whereas sediment type contributed only up to 29%. Moreover, local bacterial diversity was positively correlated to the chemical contamination of the sediment. Since the most enriched pollutant in the sediment of Toulon bay are historical contaminants that are present in excess for several decades¹, and since microbial communities are well known for their huge adaptability to such stresses through horizontal gene transfer, the strong multicontamination in sediment of the North-Ouest part of Toulon bay could represent an intermediate disturbance level promoting higher diversity for adapted bacterial and archaeal communities.

Mots-Clés: Ecotoxicologie microbienne, procaryotes hétérotrophes, multicontamination, sédiments marins, T, RFLP

*Intervenant

†Auteur correspondant: misson@univ-tln.fr

Session 3 : Cycles biogéochimiques et interactions microbiennes

Couplage cycle de l'azote, cycle du manganèse : de l'écosystème au gène.

Axel Aigle ¹, Patricia Bonin ^{*† 1}, Sophie Guasco ², Valérie Michotey ^{*}

1,3

¹ MIO – Aix-Marseille Université - AMU – Campus de Luminy bat Oceanomed Marseille, France

² MIO – Aix-Marseille Université - AMU, CNRS : UMR7294 – Campus de Luminy bat Oceanomed Marseille, France

³ Institut méditerranéen d'océanologie (MIO) – CNRS : UMR7294, Université du Sud Toulon - Var, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UMR235, Aix Marseille Université – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Campus de Luminy Case 901 13288 MARSEILLE cedex 09, France

Un pic de nitrate, observé dans la zone anaérobie de certains écosystèmes, soulève la question de l'existence d'un nouveau processus potentiel d'oxydation anaérobie de l'ammonium. Des approches thermodynamiques et biogéochimiques suggèrent que ce phénomène pourrait provenir de l'oxydation de l'ammonium en anaérobiose, couplé à la réduction des oxydes de manganèse. Malgré les controverses, la relation entre les cycles de l'azote et du manganèse pourrait être à l'origine de 90% du N₂ formé en zone littorale et être impliquée dans une production accrue de N₂O. Les microorganismes à l'origine de cette accumulation ne sont pas identifiés. *Shewanella* algae C6G3 a été isolée des sédiments intertidaux du Bassin d'Arcachon pour son aptitude à réduire les nitrates et les oxydes de manganèse (Mn(III/IV)) en anaérobiose, ainsi que pour son potentiel à oxyder l'ammonium en anaérobiose en présence d'oxyde de manganèse. En effet, un suivi de croissance en anaérobiose et présence de Mn(III/IV) comme accepteur terminal d'électrons a permis de mettre en évidence une accumulation temporaire de nitrite (NO₂⁻). Une approche de transcriptomique (RNA-seq) a été utilisée pour tenter d'élucider le(s) mécanisme(s) de production anaérobie de NO₂⁻ en présence de Mn(III/IV) et mieux comprendre le(s) mécanisme(s) de réduction anaérobie des Mn(III/IV) afin de mettre en évidence un ou plusieurs gène(s) marqueur(s) de cette activité. Les données obtenues après croissance en présence de Mn(III/IV) ou NO₃⁻ ont mis en évidence 164 gènes différentiellement exprimés. La reconstruction des voies métaboliques a révélé une expression différentielle de plusieurs modules complets ainsi que de plusieurs voies métaboliques.

Mots-Clés: Anaérobiose, oxyde de manganèse, nitrate, nitrite, RNA, seq

*Intervenant

†Auteur correspondant: patricia.bonin@mio.osupytheas.fr

DIVERSITE FONCTIONNELLE DES PROCARYOTES BENTHIQUES LIES AU CYCLE DE L'AZOTE DANS UN ECOSYSTEME VASEUX : INFLUENCE DU CYCLE DIURNE ET DU CYCLE TIDAL

Céline Lavergne * ¹, Christine Dupuy ¹, Hélène Agogué ¹

¹ Littoral ENvironnement et Sociétés [La Rochelle] (LIENSs) – CNRS : UMR7266, Université de La Rochelle – Bâtiment Marie Curie Avenue Michel Crépeau 17 042 La Rochelle cx1 - Bâtiment ILE 2, rue Olympe de Gouges 17 000 La Rochelle, France

Dans les vasières intertidales, à marée basse, un biofilm photosynthétique peut se développer. Au sein ce complexe, des interactions fortes existent entre chaque compartiment biologique (diatomées, procaryotes) et leurs activités vont avoir un impact sur : les concentrations, profils, flux et les processus de minéralisation dans le sédiment ; et le profil vertical des concentrations d'oxygène dans le sédiment provoquant des modifications des processus biogéochimiques, notamment celui de l'azote.

Un dispositif expérimental a été conçu au laboratoire afin de simplifier l'écosystème de la vasière qui subit une intense variabilité environnementale. Ainsi, la température et la luminosité ont été maintenues constantes, la macrofaune benthique a été retirée et les cycles tidaux et diurnes contrôlés artificiellement. L'expression de gènes impliqués dans le cycle de l'azote (nitrification, dénitrification, anammox) chez les procaryotes a été quantifiée dans le mésocosme sous différentes conditions : alternance marée haute/marée basse et jour/nuit.

A marée basse, l'expression des gènes, particulièrement liés nitrification, semblent inhibés par rapport à une condition immergée. Dès le début de l'émersion, la colonne sédimentaire est rapidement anoxique, en atteste la pénétration de l'oxygène ne dépassant pas 1 mm sous la surface. Ainsi, il semblerait qu'à marée haute l'expression des gènes liés au cycle de l'azote soit stimulée par l'arrivée d'eau riche en nutriments. Le développement d'un mésocosme expérimental a ainsi permis d'étudier finement les processus liés à ce cycle biogéochimique primordial dans les sédiments. Cette étude permet donc de mieux comprendre le rôle fonctionnel des procaryotes dans le cycle de l'azote en milieu marin benthique côtier.

Mots-Clés: cycle de l'azote, vasières, procaryotes, écologie microbienne, biologie moléculaire

*Intervenant

The effect of plant nutritional strategy on the investment into exudation, and the consequences on denitrifying community.

Julien Guyonnet * ¹, Amélie Cantarel ¹, Laurent Simon ², Audrey Dubost ¹,
Feth El Zahar Haichar[†] ¹

¹ Laboratoire d'Ecologie Microbienne (LEM) – Université Claude Bernard - Lyon I (UCBL), CNRS :
UMR5557 – France

² Laboratoire d'écologie des hydrosystèmes naturels et anthropisés (LEHNA) – Université Claude
Bernard - Lyon I (UCBL), CNRS : UMR5023, École Nationale des Travaux Publics de l'État [ENTPE]
– France

Root exudation impact microbial community functioning and especially those involved in nitrogen cycling (Haichar et al, 2012). Root exudation is related to plant physiology, which can be measured via functional traits which are used to classify plant species according to their performance. Indeed, fast-growing plant species with higher photosynthetic capacity and rapid rates of N acquisition are called competitive species, in contrast to slower-growing conservative species with lower biomass N concentrations (Aerts & Chapin, 2000).

The aim of this study was to determine the impact of plant strategy on denitrifiers activity and diversity through root exudation. To do this, we grown in the same soil under 13CO₂ during one week 2 conservatives, 2 intermediates and 2 competitiveness grasses. This labelling allows to estimate the rate of root exudation for each plant and to apply DNA-SIP (stable isotope probing) to identify bacterial community involved in root exudates assimilation and in soil organic matter (SOM) degradation. In addition, we measured denitrification activity to determine the impact of root exudates on denitrifiers.

We have demonstrated that root exudation was linked to plant strategy. The rate of exudation is most important for competitiveness and intermediates plants than for conservatives ones. In addition, microbial denitrification activity is correlated with exudation rate. The structure and the diversity of bacterial community involved in root exudates assimilation and those involved in SOM degradation analysed by denaturing gradient gel electrophoresis coupled with 16SrDNA sequencing revealed differences according to plant strategy.

Mots-Clés: Stratégie de gestion des ressources des plantes, exsudation racinaire, dénitrification, traits fonctionnels, traçage par isotope stable, communauté dénitrifiante active

*Intervenant

†Auteur correspondant: zahar.haichar@univ-lyon1.fr

Importance of diatom life strategies for carbon and biominerals export in naturally fertilized areas of the Southern Ocean

Mathieu Rembauville * ¹, Ian Salter ^{1,2}, Stephane Blain ¹

¹ Laboratoire d'Océanographie Microbienne (LOMIC) – CNRS : UMR7621, Université Pierre et Marie Curie (UPMC) - Paris VI – Observatoire Océanologique, Banyuls/mer, France

² Alfred Wegener Institute for Polar and Marine Research - AWI (GERMANY) (AWI) – Allemagne

We report the chemical (particulate organic carbon and biogenic silica) and biological (diatoms and fecal pellets) composition of the material exported in moored sediment traps located in two naturally fertilized areas of the Southern Ocean: the Kerguelen islands and the South Georgia islands. At Kerguelen, the area exported annually a low amount of organic carbon (98 mmol m⁻²) but trapped biogenic silica (114 mmol m⁻²). *Chaetoceros* *Hyalochaete* and *Thalassiosira antarctica* resting spores accounted for more than 60% of the annual POC export and were mainly exported in two short export events (< 14 days). The high abundance of empty frustules and the low contribution of fecal pellet to POC flux (36%) suggest efficient carbon retention in, or at the basis, of the mixed layer. At South Georgia, the annual carbon export was also low (40.6 mmol m⁻² d⁻¹). Diatom fluxes at the productive site were one order of magnitude higher than at the control site, and the difference was mainly due to the short and intense export of *Chaetoceros* *Hyalochaete* and *Thalassiosira antarctica* resting spores in end summer (January). We propose that in these High Biomass, Low Export (HBLE) environments, small, highly silicified, carbon-rich and fast sinking resting spores are able to bypass the grazing pressure responsible for the low fluxes annually observed. Finally, we provide a precise description of the link between diatoms traits succession and the preferential export of carbon or silicon.

Mots-Clés: Southern Ocean, Diatoms, Resting spores, Carbon export

*Intervenant

Impact of nutrient availability on the structure of the forest bacterial communities : Insights from the Montiers soil succession

Oceane Nicolitch * ^{1,2}, Yannick Colin ¹, Marie-Pierre Turpault ², Stephane Uroz ^{1,2}

¹ INRA, IAM “Interactions Arbres Micro-organismes”, Centre INRA de Nancy, Champenoux, France – UMR1136 – France

² INRA, BEF “Biogéochimie des Ecosystèmes Forestiers”, Centre INRA de Nancy, Champenoux, France – UMR1138 – France

Temperate forest ecosystems are often developed on nutrient poor non-fertilized and acidic soils. In this context, understanding the relative role of microbial communities in the releasing of nutrients from soil minerals and consequently their ability to help trees to access to these nutrients, in relation to soil nutrient availability, becomes essential. To answer such questioning, we studied the impact of the availability of inorganic nutrients on the functional and taxonomic structure of forest bacterial communities. Particularly we have focused on the rhizosphere compartment to determine if the trees recruit specific communities and functions in relation with nutrient availability compared to the bulk soil. We test this hypothesis on the experimental site of Montiers, which is characterized by a homogeneous landcover of beech developed along a soil succession with different nutritive potentials. Bacterial communities have been studied through global (metabolic tests), cultivation-dependent (functional screening) and -independent (metagenomics) approaches related to soil types. Our first results showed an impact of the soil characteristics on the functional structuration of bacterial communities, particularly in the rhizosphere. The weathering function appeared to be significantly more frequent and more effective in the rhizosphere compared to the bulk soil in the poorest soils. These results suggest that the soil conditions impact the structure of the soil bacterial communities and in a strong way the structure of the rhizospheric microbial communities. We hypothesize that the enrichment of effective weathering bacterial communities in rhizosphere may facilitate the trees to access limiting nutrient.

Mots-Clés: soil fertility, mineral weathering, forest soils, bacterial communities, beech

*Intervenant

Impact du tassement des sols forestiers sur les communautés microbiennes impliquées dans les flux de méthane

Frédérique Changey *¹, Ghozlane Aissaoui¹, Anne Pando¹, Agnès Gigon¹, Bernd Zeller², Daniel Epron³, Thomas Lerch¹

¹ Institut d'Ecologie et des Sciences Environnementales de Paris (IEES-Paris) – CNRS : UMR7618 – France

² Biogéochimie des Ecosystèmes Forestiers (BEF) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UR1138 – France

³ Ecologie et Ecophysiologie Forestières (EEF) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1137 – France

L'intensification de la sylviculture entraîne une dégradation de la qualité des sols, physique d'abord puis par voie de conséquence, biologique et chimique. Le tassement conduit généralement à une hypoxie voire à une anoxie, ainsi qu'à des phases d'engorgement plus ou moins longues, affectant potentiellement tout le fonctionnement du sol, en particulier celui des communautés microbiennes qui produisent ou consomment du CH₄ (méthanogenèse et méthanotrophie). Le projet EMEFOR (ADEME) repose sur le site pilote instrumenté d'Azerailles (54), mis en place en 2007 par l'INRA. Sur ce site, la compaction liée à la circulation d'un porteur forestier a entraîné une diminution de l'adsorption nette de CH₄ mesurée en continue sur le terrain. L'objectif de nos recherches était de mettre en relation l'évolution de ces flux, les caractéristiques physiques et du sol et les communautés microbiennes associées. Durant toute la saison 2014-2015, des échantillons issus des parcelles tassées ou non (témoin) ont été prélevés jusqu'à une profondeur de 30 cm. Outre la caractérisation globale des communautés microbiennes (bactéries, archées et champignons), les communautés méthanogènes et méthanotrophes ont été étudiées en T-RFLP et qPCR en ciblant les gènes des sous-unités α de la méthyle coenzyme réductase (*mcrA*) et de la méthane monooxygénase (*pmoA*), respectivement. Les résultats montrent un impact plus ou moins fort du tassement des sols sur l'abondance et la structure des communautés microbiennes impliquées dans les flux de méthane selon la saison et la profondeur étudiée.

Mots-Clés: Sols forestiers, tassement, méthane, communautés microbiennes, T, RFLP, qPCR

*Intervenant

Arbuscular Mycorrhizal Fungi (AMF) and rhizobia improve *Acacia senegal* (L.) Willd. and *Prosopis juliflora* (Swartz) DC tolerance to salinity in greenhouse conditions

Dioumacor Fall ¹, Niokhor Bakhom * ², Fatoumata Fall ², Fatou Diouf ²,
Valérie Hocher ³, Diégane Diouf ⁴

¹ Institut Sénégalais de Recherches Agricoles/ Centre National de Recherches Forestières /LCM-Laboratoire Commun de Microbiologie IRD/ISRA/UCAD, (ISRA/CNRF/LCM) – Route des Hydrocarbures, Centre de Recherche de Bel-Air, BP 1386, Dakar-Sénégal, Sénégal

² LCM-Laboratoire Commun de Microbiologie IRD/ISRA/UCAD, (LCM) – Route des Hydrocarbures, Centre de Recherche de Bel-Air, BP 1386, Dakar-Sénégal, Sénégal

³ Institut de Recherche pour le Développement/Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes (IRD/LSTM) – Institut de recherche pour le développement [IRD] : UR135 – TA A-82/J, Campus International de Baillarguet 34398 Montpellier, France, France

⁴ Université Cheikh Anta DIOP/Faculté des Sciences et Techniques/Département de Biologie Végétale/Laboratoire Commun de Microbiologie IRD/ISRA/UCAD (UCAD/FST/BV/LCM) – Route des Hydrocarbures, Centre de Recherche de Bel-Air, BP 1386, Dakar-Sénégal, Sénégal

In Senegal, 44% of agricultural lands are affected by salinity, which leads to decrease of crops yield and the degradation of forest ecosystems. Salty soils reclamation can be achieved with biological methods, such as afforestation with salt tolerant plants. Our study aimed to assess in greenhouse conditions, the effect of microbial inoculation on salt tolerance of *Acacia senegal* and *Prosopis juliflora*. *A. senegal* and *P. juliflora* seedlings were individually cultivated in plastic bags containing non sterile sandy soil. Seedlings were inoculated at transplantation with 5 ml of bacterial preculture of a mixture of 2 rhizobial strains (ORS 3574, ORS 3593 for *A. senegal*; Pj 34, Pj 36 for *P. juliflora*), and 20 g of a cocktail of three AMF strains (*Glomus aggregatum*, *G. fasciculatum*, *Rhizophagus irregularis*). After one month, plants were gradually watered with four saline solutions (0, 86, 171, 257 mM NaCl) during 4 months. A significant effect was obtained on shoot dry biomass (SDB) of *A. senegal* plants at 0 and 257 mM with all inoculation treatments, and on seedlings height at 171 and 257 mM with only dual inoculation. Any significant effect of inoculation was noted on root dry biomass (RDB), relative water content (RWC) and leaf water potential (LWP). Similarly, microbial inoculation increased significantly SDB and height of *P. juliflora* plants at 86, 171 and 527 mM. However, the highest growth was obtained with mycorrhizal and dual inoculation treatments. Any significant effect of inoculation was observed on RDB and RWC; nevertheless LWP was significantly decreased.

Mots-Clés: Mycorrhiza, rhizobia, *A. senegal*, *P. juliflora*, growth, Salinity tolerance, Biotechnologies.

*Intervenant

La signalisation GABA de la plante hôte réprime le quorum-sensing et le transfert horizontal du plasmide de virulence chez *Agrobacterium tumefaciens*

Gonzalez Mula Almudena ^{*† 1}, Julien Lang ¹, Fabienne Pierre ¹, Denis Faure ¹

¹ Institut des sciences du végétal (ISV) – CNRS : UPR2355 – Bat. 23 av. de la terrasse 91198 GIF SUR YVETTE CEDEX, France

Chez le phytopathogène *Agrobacterium tumefaciens*, le quorum-sensing (QS) contrôle la conjugaison du plasmide Ti. In vitro, ce pathogène exprime aussi une lactonase AttM qui dégrade des signaux QS, donc potentiellement peut interrompre le transfert horizontal du plasmide Ti. L'expression du gène attM est induite en présence d'acide γ -aminobutyrique (GABA) qui est un acide aminé non-protéique. Deux questions sont posées : Quelle est la voie signalisation qui contrôle l'expression d'attM en présence de GABA chez *A. tumefaciens*? Est-ce qu'une variation du niveau de GABA chez la plante hôte affecte l'expression d'attM et le transfert horizontal du plasmide Ti ? Pour répondre à ces questions une étude de génétique fonctionnelle chez le pathogène et la plante hôte *Arabidopsis thaliana* a été réalisée. Une analyse transcriptomique en présence de GABA a permis de révéler les acteurs clé de la signalisation GABA chez *A. tumefaciens*. Ainsi, nous avons identifié deux GABA-transaminases qui permettent la conversion du GABA en semialdéhyde succinique qui est l'effecteur du facteur transcriptionnel contrôlant l'expression d'attM. Cette étude permet de proposer une cascade complète de la signalisation GABA lors de l'interaction hôte-pathogène. En outre, nous avons infecté par *Agrobacterium* des plantes hôtes qui accumulent différents niveaux du GABA. Les résultats montrent que les variations du contenu en GABA affectent l'expression de la lactonase AttM dans les tumeurs ainsi que la propagation du plasmide Ti. Ce résultats constituent la première preuve directe de la capacité de l'hôte à induire une fonction de quorum-quenching chez un pathogène.

Mots-Clés: GABA, quorum, sensing, lactonase, attM, *Agrobacterium tumefaciens*, phytopathogène, tumeur

*Intervenant

†Auteur correspondant: almudena.gonzalez-mula@isv.cnrs-gif.fr

Diversité des médiateurs du quorum-sensing dans les milieux marins

Margot Doberva ¹, Didier Stien ², Lea Girard ¹, Elodie Blanchet ¹, Yoan Ferandin ³, Nicole Batailler ³, Veronique Eparvier ⁴, Raphaël Lami * ⁵

¹ LBBM Banyuls – Université Pierre et Marie Curie [UPMC] - Paris VI – France

² LBBM Banyuls – CNRS – France

³ LBBM Banyuls – CNRS : UMR3579 – France

⁴ ICSN Gif/Yvette – CNRS : UPR2301 – France

⁵ Laboratoire de Biodiversité et Biotechnologies Microbiennes - Banyuls sur Mer (LBBM) – Université Pierre et Marie Curie [UPMC] - Paris VI – France

Le quorum-sensing est un mécanisme qui permet aux cellules microbiennes d'évaluer leur densité de population et de coordonner leurs activités physiologiques. Avec environ 5×10^5 cellules par millilitre d'eau de mer, la densité des cellules procaryotes marines est généralement considérée comme insuffisante pour permettre à ces dernières de communiquer par quorum-sensing. Pourtant, quelques études pionnières et récentes ont montré l'existence de gènes et de molécules impliqués dans cette communication chimique chez les bactéries marines. Notre approche est basée sur une étude des métagénomés marins, le criblage d'une souchothèque d'environ 2000 isolats (issus de lagunes méditerranéennes, endophytes foliaires, colonne d'eau, et bien d'autres), couplés à l'analyse de profils métaboliques (LC/MS/MS et UHPLC/HRMS) pour identifier les médiateurs impliqués. Nous avons pu mettre en évidence une large diversité de gènes impliqués dans le quorum-sensing en mer. Les profils chimiques ont révélé l'existence de plusieurs genres et espèces de bactéries marines qui n'étaient pas connus pour communiquer par quorum-sensing. Une large diversité d'acyl-homosérines lactones (les molécules médiatrices du quorum-sensing) a aussi été mise en évidence. Certaines d'entre elles semblent être inédites. L'ensemble de ces données montre l'importance des processus de communication chimique en écologie microbienne marine, et ouvre la voie à une exploration fonctionnelle du rôle de cette communication. Nous débutons l'exploration de ces problématiques en particulier par la coculture de souches d'intérêt et des approches de RNAseq.

Mots-Clés: quorum, sensing, interactions microbiennes, métagénomique, chimie des substances naturelles, environnements marins

*Intervenant

La communauté microbienne nitrifiante est dominée par les bactéries oxydant les nitrites dans la colonne d'eau de la Seine

Céline Roose-Amsaleg ^{*† 1,2}, Anniet Laverman ^{‡ 1,3}, Thibaut Cazier ²,
Mélanie Raimonet ², Vincent Rocher ⁴, Josette Garnier ^{1,2}

¹ CNRS – Sorbonne Universités – France

² Milieux Environnementaux, Transferts et Interactions dans les hydrosystèmes et les Sols (METIS) – École Pratique des Hautes Études [EPHE], CNRS : UMR7619, Université Pierre et Marie Curie (UPMC) - Paris VI – UPMC, Case courrier 105, 4 place Jussieu, 75005 Paris, France

³ Ecosystèmes, biodiversité, évolution (ECOBIO) – INEE, Université de Rennes 1, CNRS : UMR6553, Observatoire des Sciences de l'Univers de Rennes – Bâtiment 14 - Université de Rennes 1 - Campus de Beaulieu - CS 74205 - 35042 Rennes Cedex - France, France

⁴ SIAAP – SIAAP – France

Les nitrites dépassent la norme européenne (6.5 μM vs. 1 μM) en basse Seine, conséquence d'importants rejets des stations d'épuration d'eaux usées (STEP). Pendant la nitrification en colonne d'eau oxygène, le nitrite est produit et consommé par les micro-organismes oxydant l'ammonium et les bactéries oxydant le nitrite (NOB), respectivement. En dépit d'une activité potentielle d'oxydation du nitrite supérieure à celle de l'ammonium, des nitrites persistent en Seine (Raimonet et al, submitted). C'est cette différence entre potentiel et efficacité qui a été investiguée en quantifiant les micro-organismes nitrifiants par qPCR. Les NOB surpassent les micro-organismes oxydant l'ammonium tout le long de la basse Seine, *Nitrobacter* spp dominant la colonne d'eau, *Nitrospira* spp les rejets de STEP. Parmi les micro-organismes oxydant l'ammonium, les Archaea dominent en rivière, les bactéries (AOB) en rejets de STEP. Les fortes teneurs en nitrite concomitantes aux fortes densités de NOB suggèrent un métabolisme mixotrophique pour ces dernières, favorisé par le carbone organique dissout. La dominance de *Nitrospira* spp et des AOB dans les rejets de STEP est en accord avec un procédé de nitrification efficace dans les bassins de STEP.

Mots-Clés: Nitrites, processus, colonne d'eau, Seine

*Intervenant

†Auteur correspondant: celine.amsaleg@upmc.fr

‡Auteur correspondant: anniet.laverman@univ-rennes1.fr

Quelles communautés microbiennes benthiques impliquées dans la dynamique des nitrites en Seine ?

Céline Roose-Amsaleg * ¹, Thibaut Cazier ², Mélanie Raimonet ³, Vincent Rocher ⁴, Eric Viollier ⁵, Hames Mejri ⁶, Fanny Quénette ⁶, Anniët Laverman ⁷

¹ CNRS – Sorbonne Universités – France

² Université Pierre et Marie Curie - Paris 6 (UPMC) – Université Pierre et Marie Curie [UPMC] - Paris VI, Université Pierre et Marie Curie (UPMC) - Paris VI – 4 place Jussieu - 75005 Paris, France

³ Université de Bretagne Occidentale [Brest] (UBO) – Université de Bretagne Occidentale (UBO) – 3 rue des Archives - CS 93837 - F29238 Brest cedex 3, France

⁴ SIAAP – SIAAP – France

⁵ Laboratoire de Géochimie des Eaux, Université Paris Diderot, CNRS and IPGP – Université Paris VII - Paris Diderot, Laboratoire de Géochimie des Eaux – 35 rue Helene Brion 75232 Cedex 13, France

⁶ Milieux Environnementaux, Transferts et Interactions dans les hydrosystèmes et les Sols (METIS) – École Pratique des Hautes Études [EPHE], CNRS : UMR7619, Université Pierre et Marie Curie (UPMC) - Paris VI – UPMC, Case courrier 105, 4 place Jussieu, 75005 Paris, France

⁷ Écosystèmes, biodiversité, évolution (ECOBIO) – INEE, Université de Rennes 1, CNRS : UMR6553, Observatoire des Sciences de l'Univers de Rennes – Bâtiment 14 - Université de Rennes 1 - Campus de Beaulieu - CS 74205 - 35042 Rennes Cedex - France, France

La Seine subit d'importantes pollutions azotées découlant de l'agriculture intensive via les engrais et la forte densité de population générant beaucoup d'eaux usées. Depuis 2007, grâce à la modernisation de la plus grande station d'épuration des eaux usées (STEP) de l'agglomération parisienne (Seine-Aval, SAV), nitrates et ammonium ne sont plus inquiétants ; demeurent au contraire les nitrites. Le nitrite (NO₂⁻) est un composé hautement toxique, intermédiaire de nombreuses réactions microbiennes du cycle de l'azote : nitrification, dénitrification, réduction dissimulatrice des nitrates en ammonium (DNRA : Dissimilatory Nitrate Reduction to Amonium) et anammox (oxydation anaérobie de l'ammonium). Cette étude, s'intéressait au sédiment, écosystème riche et complexe, formé à partir des particules en suspension de l'eau de Seine. Deux sites, en amont et en aval de la STEP SAV ont été échantillonnés. Les sédiments ont été investigués pour leurs teneurs en oxygène, formes de l'azote, taux de production et d'élimination des nitrites ainsi qu'abondances en micro-organismes métabolisant les nitrites déterminées par PCR quantitative. Les sédiments des deux sites se sont révélés être des sources de nitrites avec des taux de production de nitrite similaires. L'objectif de ces travaux était de contribuer à une meilleure compréhension des communautés microbiennes impliquées dans cette production de nitrites et venait compléter l'étude de la colonne d'eau (voir autre résumé soumis).

Mots-Clés: Communautés microbiennes benthiques sédiments nitrites

*Intervenant

Production de sidérophores dans l'eau de nuage et impact potentiel sur la chimie du fer

Virginie Vinatier * ¹, Nolwenn Wirgot ¹, Muriel Joly ^{1,2}, Martine Sancelme ¹, Magali Abrantes ¹, Laurent Deguillaume ^{2,3}, Anne-Marie Delort ¹

¹ Institut de Chimie de Clermont-Ferrand (ICCF) – CNRS : UMR6296, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II, Ecole Nationale Supérieure de Chimie de Clermont-Ferrand – 24 Avenue des Landais, 63177 Aubière Cedex, France

² Laboratoire de météorologie physique (LaMP) – INSU, CNRS : UMR6016, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II – bat. Physique 5 - 3ème étg 24 Av des landais 63177 AUBIERE CEDEX, France

³ Observatoire de physique du globe de Clermont-Ferrand (OPGCF) – CNRS : UMS833, INSU, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II – Campus des Cézeaux 24, Av des landais 63177 AUBIERE CEDEX, France

La phase aqueuse du nuage abrite de nombreux microorganismes métaboliquement actifs malgré les nombreux stress auxquels ils sont soumis (basses températures, dessiccation, espèces oxydantes, rayonnement ultraviolet, pH acide...). Leur activité métabolique pourrait agir sur la dégradation de la matière organique dans des nuages chauds (17C) et pourrait même être le principal processus intervenant pendant la nuit. Avant cette mise en évidence seule la chimie radicalaire, notamment la photochimie était considérée. Celle-ci fait principalement intervenir le radical hydroxyle dont la production dépend fortement de la spéciation du fer. Cet élément joue également un rôle essentiel dans le métabolisme bactérien. La production de sidérophores est un moyen de palier à la faible biodisponibilité du fer dans l'environnement. En contrepartie la complexation du fer par un sidérophore va influencer sur la réactivité du fer et donc sur la chimie du nuage.

Une banque de 458 souches isolées à partir d'eau de nuage prélevée au sommet du Puy de Dôme a été criblée pour la production de sidérophores. Pour cela la méthode traditionnelle au CAS a été miniaturisée au format plaque à 96 puits et adaptée pour pouvoir caractériser dans la même mesure les fonctions chimiques présentes dans les sidérophores grâce aux bandes d'absorbances des complexes de fer nouvellement formés. 40% des souches ont produit des sidérophores. La production de sidérophore ainsi que la répartition des différentes fonctions chimiques impliquées a été analysée en fonction des différentes classes et espèces de microorganismes observés dans le nuage.

Mots-Clés: fer, sidérophore, nuage, eau

*Intervenant

Recently identified microbial guild mediates soil N₂O sink capacity

Laurent Philippot * ¹

¹ UMR1347 Agroécologie – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1347 – 17 rue Sully 21065 Dijon, France

Nitrous oxide (N₂O) is the predominant ozone-depleting substance and contributes approximately 6% to overall global warming. Terrestrial ecosystems account for nearly 70% of total global N₂O atmospheric loading, of which at least 45% can be attributed to microbial cycling of nitrogen in agriculture. The reduction of N₂O to nitrogen gas by microorganisms is critical for mitigating its emissions from terrestrial ecosystems, yet the determinants of a soil's capacity to act as a source or sink for N₂O remain uncertain. To address whether the composition and structure of the N₂O reducing communities matters for N₂O consumption in soil, we analyzed the diversity of this guild amongst the different European soils by pyrosequencing. We demonstrated using structural equation modeling that the soil N₂O sink capacity is mostly explained by the abundance and phylogenetic diversity of a newly described N₂O reducing microbial group, which mediate the influence of edaphic factors. Analyses of interactions and niche preference similarities suggest niche differentiation or even competitive interactions between organisms with the two types of N₂O reductase. Using co-occurrence analysis, we further identified several recurring communities comprised of co-occurring N₂O reducing bacterial genotypes that were significant indicators of the soil N₂O sink capacity across different European soils.

Mots-Clés: N₂O, greenhouse gas emission, denitrification, microbial diversity, structural equation modelling, co, occurrence analysis

*Intervenant

N₂O production, a widespread trait in fungi

Laurent Philippot * ¹

¹ UMR1347 Agroécologie – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1347 – 17 rue Sully 21065 Dijon, France

N₂O is a powerful greenhouse gas contributing both to global warming and ozone depletion. While fungi have been identified as a putative source of N₂O, little is known about their production of this greenhouse gas. Here we investigated the N₂O-producing ability of a collection of 207 fungal isolates. Seventy strains producing N₂O in pure culture were identified. They were mostly species from the order Hypocreales order-particularly *Fusarium oxysporum* and *Trichoderma* spp.-and to a lesser extent species from the orders Eurotiales, Sordariales, and Chaetosphaeriales. The N₂O ¹⁵N site preference (SP) values of the fungal strains ranged from 15.8‰ to 36.7‰, and we observed a significant taxa effect, with *Penicillium* strains displaying lower SP values than the other fungal genera. Inoculation of 15 N₂O-producing strains into pre-sterilized arable, forest and grassland soils confirmed the ability of the strains to produce N₂O in soil with a significant strain-by-soil effect. The copper-containing nitrite reductase gene (*nirK*) was amplified from 45 N₂O-producing strains, and its genetic variability showed a strong congruence with the ITS phylogeny, indicating vertical inheritance of this trait. Taken together, this comprehensive set of findings should enhance our knowledge of fungi as a source of N₂O in the environment.

Mots-Clés: N₂O, greenhouse gas, fungi, soil

*Intervenant

Effets de l'introduction et du positionnement de la féverole dans les rotations de culture sur les communautés microbiennes du sol et la biodisponibilité de l'azote

Amira Aschi ^{*† 1,2}, Caroline Dubois ², Michaël Aubert ¹, Isabelle Trinsoutrot-Gattin ²

¹ Etude et Compréhension de la biodiversité (ECODIV) – Université de Rouen : EA1293 – Place Emile Blondel F-76821 Mont Saint-Aignan Cedex, France

² Unité Agroécologie des Territoires (Unité Agri'Terr) – Esitpa – 3 rue du tronquet CS 40118 76134 Mont Saint Aignan Cedex, France

La gestion des successions culturales est l'une des clés de la réussite du système de production agricole. L'intégration de légumineuses telles que la féverole dans les rotations offre de nombreux services agro-écologiques dont l'opportunité d'apporter naturellement de l'azote dans les agrosystèmes [1]. De nombreuses études ont démontré l'effet positif de la féverole en tant que précédent cultural, néanmoins peu de recherches montrent ses effets à moyen terme sur les communautés microbiennes du sol et la résultante en termes de biodisponibilité de l'azote.

L'objectif du projet est d'évaluer l'effet de l'implantation de féverole de printemps sur la structure de la communauté microbienne et l'impact sur les fonctions biologiques dans le sol sur trois systèmes céréaliers semés en blé (précédent féverole, féverole trois ans avant le semis et une rotation de culture sans féverole) ayant deux modes de travail du sol (travail superficiel- labour profond).

Les 36 parcelles échantillonnées (printemps 2014) ne présentent pas de différences significatives du point de vue de leurs caractéristiques physico-chimiques. La présence de la féverole affecte de manière significative la biomasse microbienne totale, l'abondance des bactéries et champignons dans le sol et les activités enzymatiques impliquées dans le cycle de l'azote et du carbone. Ces derniers résultats doivent être confirmés par la quantification des flux de minéralisation et de nitrification dans les sols. De futures analyses sur la composition des assemblages biotiques nous fourniront des indications plus précises quant à la réponse à moyen terme du compartiment sol à l'introduction de féverole.

Mots-Clés: Rotation de culture, féverole, travail du sol, diversité et abondance microbienne, cycle de l'azote

*Intervenant

†Auteur correspondant: aaschi@esitpa.fr

AupA et AupB sont des protéines membranaires impliquées dans l'absorption d'alcane chez *Marinobacter hydrocarbonoclasticus* SP17

Régis Grimaud * ¹, Priscilla Branchu ², Julie Mounier ¹, Florence Hakil ¹, Muriel Naïtali ², Philippe Goulas ¹, Pierre Sivadon *

1

¹ Institut des sciences analytiques et de physico-chimie pour l'environnement et les matériaux (IPREM) – CNRS : UMR5254, Université de Pau et des Pays de l'Adour [UPPA] – Hélioparc Pau Pyrénées 2 av. P. Angot 64053 PAU CEDEX 9, France

² MICrobiologie de l'ALImentation au Service de la Santé humaine (MICALIS) – AgroParisTech, Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1319 – F-78350 JOUY-EN-JOSAS, France

En raison de comportements adaptatifs remarquables, comme la production de biosurfactants et la formation de biofilms à l'interface eau-hydrocarbures, les bactéries hydrocarbonoclastes (HCB) marines sont capables d'assimiler rapidement les hydrocarbures. Cependant, les mécanismes moléculaires de ces processus restent largement inconnus. Nous avons entrepris la caractérisation fonctionnelle de deux protéines de *Marinobacter hydrocarbonoclasticus*, AupA et AupB, qui sont nécessaires à la croissance sur les alcanes. Les gènes *aupA* et *aupB* forment un opéron dont l'expression est augmentée lors de la formation de biofilm sur l'hexadécane. AupA est localisée dans membrane externe alors que AupB est une protéine de la membrane interne. Ces deux protéines sont capables d'interagir physiquement. Des mutations dans *aupA* et/ou *aupB* altèrent la croissance uniquement sur les alcanes. L'ampleur de la déficience de croissance des mutants dépend de la phase dans laquelle l'alcane est fourni. La croissance sur hexadécane en phase gazeuse n'est pas affectée tandis que la croissance sur hexadécane solubilisé dans des micelles de Brij 58 est complètement abolie. Ceci indique que AupA et AupB sont impliquées dans l'absorption des alcanes et pas dans le métabolisme. La distribution phylogénétique de l'opéron *aupAB* révèle qu'il est très répandu chez les bactéries marines hydrocarbonoclastes des ordres Oceanospirillales et Alteromonadales et qu'il est présent en plusieurs copies (jusqu'à six) dans certaines souches d'*Alcanivorax*. Ces caractéristiques suggèrent que *aupAB* confère aux HCB marines un avantage qui leur permettrait de proliférer dans l'eau de mer contaminée.

Mots-Clés: biofilm, *Marinobacter*, hydrocarbure, transport, surfactant

*Intervenant

Nitrogen cycling in Arcachon Bay : impact of *Zostera* spp. meadows

Patricia Bonin ^{*†} ¹, Sheryl Fernandes ¹, Imen Zaghmouri ², Sophie Guasco ², Guillaume Bernard ³, Bruno Deflandre ⁴, Pierre Anschutz ⁴, Valérie Michotey ^{*}

1

¹ Institut méditerranéen d'océanologie (MIO) – CNRS : UMR7294, Université du Sud Toulon - Var, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UMR235, Aix Marseille Université – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Campus de Luminy Case 901 13288 MARSEILLE cedex 09, France

² MIO – Aix-Marseille Université - AMU, CNRS : UMR7294 – Campus de Luminy bat Oceanomed Marseille, France

³ Groupement d'intérêt public pour la réhabilitation de l'étang de Berre (GIPREB) – GIPREB – Cours Mirabeau - 13130 Berre-l'étang, France

⁴ UMR 5805 EPOC - Université de Bordeaux (EPOC: Environnement et Paléoenvironnement Océaniques et Continentaux) – Université de Bordeaux – Avenue des Facultés 33405 Talence Cedex, France

Nitrogen (N) removal processes were studied in Intertidal sediments of Arcachon Bay (France) including seagrass beds that constitute a fundamental biological component in the region. The capacity for seagrasses to oxygenate the upper sediment layers through release by rhizomes and roots could play a potential ecological role in N cycling. Stable N isotopes $^{15}\text{NH}_4$ or $^{15}\text{NO}_3$ were used to measure ammonium oxidation into $\text{NO}_3/2$ and its subsequent reduction to N_2 via denitrification and anammox. In unvegetated sediments, N- fluxes varied between 100 and 1000 $\mu\text{mol L}^{-1}\text{D}^{-1}$ with denitrification prevailing over anammox. Nevertheless, detection of "Candidatus Scalindua" supported the occurrence of anammox in these sediments. Nitrification; denitrification/anammox coupling were also observed providing evidence towards the central role of nitrification in generation of $\text{NO}_3/2$ and functioning of N cycle in the area. In vegetated sediments with *Zostera* spp., processes were examined during summer (July) and fall (October). During summer, nitrification rates were almost 25x higher than denitrification. At fall, a decrease in nitrification and denitrification activities was observed to a maximum of 0.2 and 0.35 $\text{mmol m}^{-2}\text{D}^{-1}$ with little influence of light. The nitrogen cycle community contained higher abundance of denitrifier by up to two orders over nitrifiers. The down core variation of amoA gene revealed that nitrifying organisms were more numerous in the surface sediments than in the rhizosphere with a predominance of bacterial counterpart Nitrification, denitrification rates and , abundance and biodiversity of organisms mediating these processes seem more influenced by the season than by vegetation cover

Mots-Clés: cycle de l'azote, interaction bacterie, rhizosphère, milieu inter tidal

*Intervenant

†Auteur correspondant: patricia.bonin@mio.osupytheas.fr

Nécromasse fongique forestière : qui mange qui ?

Emila Akroume ¹, Cyrille Bach ¹, Christian Hossan ², Claude Brechet ², Bernd Zeller ³, Nicolas Angeli ², Laurent Saint-André ³, Marc Buée ^{*† 1}

¹ UMR 1136 IAM – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1136 – INRA, UMR1136 Interactions Arbres-Microorganismes, F-54280 Champenoux, France

² UMR 1137 EEF – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1137 – INRA, UMR 1137 Ecologie et Ecophysiologie Forestières, Centre INRA de Nancy, Champenoux, France

³ UR BEF 1138 – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UR1138 – INRA UR 1138 Biogéochimie des Ecosystèmes Forestiers, Centre INRA de Nancy, Champenoux, France

L'intensification des prélèvements des menus-bois et des rémanents d'exploitation en forêt peut conduire à une réduction de la fertilité des sols. Mais le bois mort offre aussi une diversité d'habitats pour de nombreux organismes, en particulier les champignons lignivores. De manière intéressante, il a été aussi rapporté que les champignons ectomycorhiziens sont capables de coloniser ce substrat, en particulier au cours des stades tardifs de la dégradation du bois, où ils se substituent aux pourritures brunes et blanches. Des auteurs ont ainsi suggéré que ces espèces mycorhiziennes pouvaient participer à la dégradation de la nécromasse des champignons décomposeurs (Buée et al. 2007). Pour tester cette hypothèse, nous avons étudié en conditions axéniques le comportement saprotrophique de ces champignons symbiotiques vis à vis de la matière organique d'origine fongique (lignivores). Par traçage isotopique, les transferts de carbone et d'azote ont été mesurés dans le mycelium et les apex ectomycorhiziens du champignon *Paxillus involutus*. Enfin, nous avons vérifié l'hypothèse selon laquelle l'arbre hôte pourrait acquérir des nutriments issus de cette matière organique, par le biais de ce réseau trophique. De manière originale, nos résultats démontrent que le champignon ectomycorhizien *P. involutus* est capable de mobiliser de l'azote et du carbone à partir de cette nécromasse. Par ailleurs, il régule le transfert de ces deux éléments à son partenaire végétal. L'ensemble de ces résultats sera discuté au regard d'études complémentaires réalisées in situ et en conditions contrôlées. Buée et al. 2007. SBB 39 : 1947-1955.

Mots-Clés: champignons ectomycorhiziens, champignons lignivores, bois mort, symbiose, necromasse, isotopie

*Intervenant

†Auteur correspondant: buee@nancy.inra.fr

Plant root exudates shape the diversity of denitrifying bacteria and stimulate their activity

Feth El Zahar Haichar ^{*† 1}, Julien Guyonnet ¹, Jinane Lotfi ¹, Laurent Simon ², Mohamed Barakat ³, Philippe Ortet ³, Wafa Achouak ³

¹ Laboratoire d'Ecologie Microbienne (LEM) – Université Claude Bernard - Lyon I (UCBL), CNRS : UMR5557 – France

² Laboratoire d'Ecologie des Hydrosystèmes Naturels et Anthropisés (LEHNA) – CNRS : UMR5023, École Nationale des Travaux Publics de l'État [ENTPE], Université Claude Bernard - Lyon I (UCBL) – Université de Lyon 69518 Vaux-en-Velin Cedex, France

³ Laboratoire d'Ecologie Microbienne de la Rhizosphère (LEMIR) – CNRS : UMR163, CEA – DEVM Centre de Cadarache 13108 Saint-Paul les Durance Cedex, France

The major factors regulating denitrification are modified in the rhizosphere as nitrate concentration and oxygen partial pressure are decreased via N assimilation by plants and root respiration respectively, whereas C availability is generally increased via rhizodeposition. The impact of the rhizosphere on denitrifying activity has been previously reported. However, little is known about how the nature of carbon source released through root exudation regulates denitrification in the rhizosphere. Hence, understanding the role of organic carbon in the production of N₂O and in shaping denitrifiers is of global importance and offers the opportunity for managing N₂O emission from soils.

We question whether root exudates from wheat, rape, barrel clover, and *Arabidopsis thaliana* cultivated in the same soil, may have an impact on the structure and function of denitrifying bacteria by targeting the expression of rrs & nitrite reductase genes by high throughput sequencing technics and by measuring denitrification activity in the root tissue and in the root adhering soil (RS).

We provide evidence that each plant species shapes differently the structure and the diversity of denitrifiers. The N₂O production rates measured by adding nitrate only, revealed a higher denitrifying activity on plant roots where root exudation is more important than in the RS for all studied plants. This study demonstrated that denitrification was significantly activated in the roots compartment.

Mots-Clés: denitrification, active denitrifying bacteria, root exudates, nitrite reductase genes, root system, root, adhering soil, RNA.

*Intervenant

†Auteur correspondant: zahar.haichar@univ-lyon1.fr

Fixation à l'échelle nanométrique de carbone et d'azote par les bactéries pourpres anoxygéniques et implications pour le cycle du carbone

Cédric Hubas * ¹, Dominique Boeuf ², Tarik Meziane ¹, Bruno Jesus ^{3,4}, Najet Thiney ¹, Christian Jeanthon ²

¹ Biologie des Organismes et Ecosystèmes Aquatiques (BOREA) – Muséum National d'Histoire Naturelle (MNHN), Université Pierre et Marie Curie (UPMC) - Paris VI, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UR207, CNRS : UMR7208, Université de Caen Basse-Normandie – 7, rue Cuvier, CP 32, 75231 Paris Cedex 05, France

² UMR 7144 Adaptation et Diversité en Milieu Marin (AD2M) – Université Pierre et Marie Curie [UPMC] - Paris VI : EA937, CNRS : UMR7144 – France

³ Mer, molécules et santé (LUNAM) – Université de Nantes : EA2160 – UFR sciences pharmaceutiques et biologiques 9 rue BIAS BP 53508 44035 Nantes cedex 1, France

⁴ Faculdade de Ciências [Lisboa] (BioFig) – Universidade de Lisboa, Campo Grande, Edifício CS, 7749-076 Lisboa, Portugal

En milieu côtier, l'impact des proliférations massives de bactéries phototrophes anoxygéniques sur la diversité et la fonctionnalité des sédiments intertidaux a été étudié. La diversité des espèces et la phylogénie de ces tapis microbiens ont été élucidés à l'aide de marqueurs moléculaires et biochimiques (acides gras, pigments). Une expérience de marquage isotopique a ensuite été menée par couplage entre spectrométrie de masse isotopique à ionisation secondaire (NanoSIMS) et l'analyse des compositions isotopiques des acides gras (CSIA-FAME) afin d'estimer le taux de fixation du carbone et de l'azote à l'échelle nanométrique. La combinaison de différentes techniques de chimie analytique, d'écologie moléculaire et d'imagerie NanoSIMS a permis de mettre en lumière l'importance insoupçonnée des bactéries pourpres anoxygéniques dans le cycle du carbone.

Mots-Clés: microbial mats, Chromatiaceae, stable isotope probing (SIP), NanoSIMS, compound specific isotope analysis (CSIA), fatty acid methyl ester (FAME)

*Intervenant

Implication de protéines extracellulaires dans la formation de biofilms oléolytiques de *Marinobacter hydrocarbonoclasticus*

Habiba Ennouri * ^{1,2}, Paul D'abzac ^{1,3}, Maryse Simon ¹, Alexis Canette ⁴, Murielle Naïtali ⁴, Anne-Marie Lomenech ⁵, Ridha Oueslati ², Jacques Desbrières ³, Pierre Sivadon ¹, Régis Grimaud ¹

¹ Equipe Environnement et Microbiologie (EEM), IPREM UMR CNRS 5254, – Université de Pau et des Pays de l'Adour - UPPA (FRANCE) – France

² Unité Immunologie Microbiologie Environnementale et Cancérogenèse(IMEC), Faculté des Sciences de Bizerte, Université de Carthage, Tunisie – Tunisie

³ Equipe de Physique et Chimie des Polymères (EPCP), IPREM UMR CNRS 5254, – Université de Pau et des Pays de l'Adour - UPPA (FRANCE) – France

⁴ Equipe B2HM, UMR 1319 MICALIS, – INRA AgroParisTech, Massy, France – France

⁵ Plateforme Protéome, Centre Génomique Fonctionnelle Bordeaux, – Université Bordeaux Segalen, France – France

Les composés organiques hydrophobes (lipides et hydrocarbures) représentent une part substantielle du carbone organique dans de nombreux écosystèmes. Ils sont le plus souvent associés à la matière organique particulaire et donc pratiquement absents de la phase aqueuse. L'assimilation par les bactéries de ces substrats non dissous impose une adaptation spécifique, comme la formation d'un biofilm à l'interface substrat-eau, qui permet d'améliorer le taux de transfert de masse des substrats hydrophobes vers la surface cellulaire. La bactérie marine *Marinobacter hydrocarbonoclasticus* SP17 (MhSP17) est utilisée comme modèle d'étude de ces biofilms. Elle forme des biofilms oléolytiques sur les alcanes et les lipides qu'elle utilise comme substrats. Un de nos objectifs est d'appréhender le rôle de la matrice extracellulaire dans la formation des biofilms oléolytiques et dans l'assimilation de substrats hydrophobes. Nos analyses ont révélé que les protéines sont des constituants majeurs de la matrice extracellulaire de biofilm sur hexadécane. Le rôle essentiel des protéines extracellulaires dans la formation de biofilm et l'assimilation de composés hydrophobes a été démontré par leur inactivation par la protéinase K et en utilisant un mutant du système de sécrétion de protéine de type II (mutant gspG). L'identification de protéines de la matrice extracellulaire de biofilm sur hexadécane indique qu'il s'agit de protéines ayant des fonctions cytoplasmiques (facteur de traduction, chaperon, enzyme...). D'autre part, la caractéristique du mutant gspG montre que l'assimilation d'alcanes requiert une ou plusieurs exo-protéines sécrétées par la voie de type II. Ces travaux révèlent l'importance des protéines extracellulaires dans l'assimilation des composés hydrophobes.

Mots-Clés: Biofilm, Matrice extracellulaire, Exo, protéines, *Marinobacter hydrocarbonoclasticus*, hydrocarbures lipides

*Intervenant

Structure métabolique et métabolisme actif d'un tapis microbien contaminé par des hydrocarbures

Johanne Aubé * ¹, Pavel Senin ^{1,2}, Céline Jeziorski ³, Olivier Bouchez ³,
Christophe Klopp ², Marisol Goñi-Urriza[†] ¹

¹ Equipe Environnement et Microbiologie (EEM-IPREM) – CNRS : UMR5254, Université de Pau et des Pays de l'Adour [UPPA] – IBEAS BP1155 64013 Pau cedex, France

² Unité de Biométrie et Intelligence Artificielle de Toulouse [Castanet-Tolosan] (UBIA) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) – 24 Chemin de Borde Rouge BP 52627 - 31326 Castanet-Tolosan Cedex, France

³ GeT-PlaGe, Genotoul (GeT-PlaGe, Genotoul) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) – INRA Auzeville F31326, Castanet-Tolosan, France

Les tapis microbiens photosynthétiques, caractérisés par une forte interaction entre leurs différents groupes fonctionnels, constituent des structures robustes, pilotées par l'énergie lumineuse. Ils se développent dans des écosystèmes très variés, dont des environnements contaminés par des hydrocarbures. L'objectif de cette étude est de déterminer l'impact de la contamination par des hydrocarbures sur la structure métabolique et le métabolisme actif d'un tapis microbien. Deux tapis de l'Étang de Berre présentant des caractéristiques physico-chimiques proches ont été étudiés. L'un des tapis reçoit depuis une soixantaine d'années des effluents contaminés en hydrocarbures d'une usine pétrochimique, l'autre, localisé dans une réserve ornithologique, sert de référence. Le métagénome et le métatranscriptome des deux tapis ont été étudiés par séquençage haut-débit. La structure métabolique est très similaire entre les deux tapis et pour les différentes campagnes de prélèvement. Le métabolisme énergétique représente moins de 6% du métagénome, mais est dominant dans le métatranscriptome: les transcrits associés à la photosynthèse représentent, à eux seuls, plus de 20% du métatranscriptome. Les gènes associés à la dégradation d'hydrocarbures ou au métabolisme des xénobiotiques représentent moins de 1% du métagénome, quel que soit le tapis ou la campagne de prélèvement. Néanmoins, leur expression est plus importante dans le tapis contaminé. La contamination chronique et ancienne aux hydrocarbures n'impacte pas de manière importante la structure métabolique du tapis, mais va induire l'expression des gènes de dégradation. La dégradation de xénobiotiques ne constitue qu'un métabolisme mineur du tapis.

Mots-Clés: Tapis microbiens, Hydrocarbures, Métagénome, Métatranscriptome

*Intervenant

[†]Auteur correspondant: Marisol.Goni@univ-pau.fr

TiO₂ nanoparticles alter iron homeostasis in *Pseudomonas brassicacearum* as revealed by PrrF sRNA modulation

Wei Liu ¹, Marie Bertrand ¹, Corinne Chaneac ², Catherine Santaella ¹,
Wafa Achouak ^{*† 1}

¹ Laboratoire d'Ecologie Microbienne de la Rhizosphère et d'Environnements extrêmes (LEMIRE) – CNRS : UMR7265, CEA, Aix-Marseille Université - AMU – LBVME Centre de Cadarache 13108 Saint-Paul les Durance Cedex, France

² Sorbonne Universités, UPMC Univ Paris 06, CNRS, Collège de France, Laboratoire de Chimie de la Matière Condensée de Paris (UPMC) – Université Pierre et Marie Curie [UPMC] - Paris VI – 11 place Marcelin Berthelot, 75005 Paris, France., France

We investigated whether TiO₂ nanoparticles (NPs) with different size ranges and crystalline forms could affect iron homeostasis in *Pseudomonas brassicacearum*. In *Pseudomonas* species, regulation of iron homeostasis involves two (or more) sRNAs known as PrrF. The sRNAs prrF1 and prrF2 have already been identified in the *P. brassicacearum* genome. To investigate the cytotoxicity of TiO₂ NPs, we prepared two shapes of anatase titania particles for physico-chemical characterization before and after in vitro use. We determined their biological activity by analyzing the TiO₂ NP-bacterial interaction with hyperspectral microscopy, as well as their impact on intracellular iron content. Overall, our results demonstrate that TiO₂ NPs do not have any impact on bacterial growth, although they did induce an oxidant stress in addition to altering iron homeostasis. Furthermore, bacterial iron content significantly decreased whereas adsorption of TiO₂ NPs on to bacterial cells increased. Although we used two different crystalline forms that differ in size and shape, the two forms displayed nearly identical mechanisms of toxicity towards bacteria. Finally, we found that the expression of prrF sRNA represents a good indicator of intracellular iron status, yielding new insights into the mechanism underlying TiO₂ NP toxicity towards bacteria.

Mots-Clés: : *P. brassicacearum*, PrrF sRNAs, TiO₂ nanoparticles, iron homeostasis, HSI, oxidant stress

*Intervenant

†Auteur correspondant: wafa.achouak@cea.fr

Génomique fonctionnelle de la formation du biofilm oléolytique de *Marinobacter hydrocarbonoclasticus* SP17 impliqué dans le recyclage du carbone organique hydrophobe marin

Pierre Sivadon ^{*† 1}, Florence Hakil ¹, Julie Mounier ¹, Arantxa Camus ¹, Habiba Ennouri ¹, Régis Grimaud ¹

¹ Institut Pluridisciplinaire de Recherche sur l'Environnement et les Matériaux (IPREM-EEM) – CNRS : UMR5254, Université de Pau et des Pays de l'Adour [UPPA] – Université de Pau et des Pays de l'Adour, Avenue de l'Université, IBEAS, BP1155, 64013 PAU cedex, France

Le phyto- et zoo-plancton marins produisent des quantités considérables de lipides (triacylglycérols, cires, phospholipides, terpénoïdes) qui servent au stockage de l'énergie ou comme constituants cellulaires. Ces lipides se retrouvent ensuite dans la matière organique particulaire, pour environ 15% du carbone organique marin. A ceux-ci s'ajoutent les hydrocarbures d'origine naturelle ou anthropique, l'ensemble formant les composés organiques hydrophobes (HOCs). De par leur hydrophobicité, les HOCs sont adsorbés sur des particules ou regroupés dans des phases solides ou liquides non aqueuses. Ils sont donc réputés être non disponibles puisque non solubilisés dans l'eau. Les bactéries hydrocarbonoclastes accèdent à ces HOCs en adhérant et/ou en formant un biofilm à l'interface eau-HOCs. L'accession aux HOCs représente certainement un avantage dans les environnements où les sources de carbone et d'énergie sont rares et inégalement réparties à l'échelle microscopique.

Un exemple type de biofilm oléolytique est celui formé par la bactérie marine *Marinobacter hydrocarbonoclasticus*. Une stratégie de génomique fonctionnelle a été initiée afin d'identifier les gènes impliqués dans les étapes précoces de reconnaissance et d'adhésion aux interfaces eau-HOCs. Une liste de gènes candidats exprimés lors de l'adhésion sur lipides ou hydrocarbures a été établie à partir d'approches omiques. Des clusters de gènes présents uniquement chez les bactéries hydrocarbonoclastes et exprimés en conditions de biofilms ont été mis en évidence. Les études fonctionnelles réalisées au moyen d'outils génétiques développés chez cet organisme ont révélé l'importance des protéines extracellulaires, des pili de type IV et de transporteurs spécifiques dans l'acquisition de substrats non dissous dans la phase aqueuse.

Mots-Clés: cycle du carbone, biofilm oléolytique, génomique fonctionnelle

*Intervenant

†Auteur correspondant: pierre.sivadon@univ-pau.fr

Bactéries sulfato-réductrices cultivables à pH acides à partir de sédiments du site minier de Carnoulès

Fabienne Battaglia-Brunet ¹, Corinne Casiot ², Catherine Joulian ^{*† 1}

¹ Unité Biogéochimie environnementale et qualité de l'eau – Bureau de Recherches Géologiques et Minières (BRGM) – 3 avenue Claude Guillemin BP 36009 45060 ORLEANS Cedex 2, France

² Hydrosiences Montpellier (HSM) – Institut de recherche pour le développement [IRD], CNRS : UMR5569, Université Montpellier II - Sciences et techniques – Université de Montpellier, CC 57, 163 rue Auguste Broussonnet, 34090 Montpellier, France, France

L'ancien site minier de Carnoulès (Gard) a généré un tas d'environ 1,5 MT de déchets riches en minerais sulfurés, métaux et arsenic. Drainé continuellement à sa base, ce tas génère un drainage minier acide (DMA) au niveau de la source d'un cours d'eau, le Reigous. Cette eau est très acide (pH 2-3), riche en sulfate (1-7 g.L⁻¹), fer dissous (0,5-1 g.L⁻¹) et arsenic (50-350 mg.L⁻¹) majoritairement réduit. La concentration en arsenic à la source du Reigous est l'une des plus élevées pour un DMA. Dans le cadre du projet IngECOST-DMA (ANR-13-ECOT-0009), des sédiments ont été collectés au niveau de l'émergence du DMA près du tas de déchets et 30 m et 50 m en aval de la source du Reigous. Les sédiments ont servi d'inoculum pour cultiver des bactéries sulfato-réductrices (BSR) endogènes actives à pH acides et en présence de zinc et d'arsenic. Des cultures précipitant des sulfures de zinc (ZnS) et d'arsenic (As₂S₃) ont été obtenues à différents pH. Un inventaire des gènes *dsrAB* codant une enzyme clé de la réduction des sulfates et marqueur des BSR, a démontré la présence d'espèces du genre *Desulfosporosinus* : l'une enrichie à pH 3 et portant des gènes *dsrAB* proches de ceux d'une espèce isolée d'un environnement acide, l'autre enrichie à pH 3,5, portant des gènes *dsrAB* distants et représentant probablement une nouvelle espèce du genre *Desulfosporosinus*. Ces cultures sont actuellement testées pour optimiser un procédé de traitement passif en bioréacteur pour précipiter sélectivement les métaux et l'arsenic présents dans les DMA.

Mots-Clés: Bactérie sulfato, réductrices, *Desulfosporosinus*, pH acide, arsenic, drainage minier acide

*Intervenant

†Auteur correspondant: c.joulian@brgm.fr

Structure et activité biogéochimique des communautés microbiennes d'un aquifère contaminé par des pesticides

Aourell Mauffret * ¹, Nicole Baran ², Mickael Charron ³, Catherine Joulian ⁴

¹ Mauffret – BRGM – France

² Baran – BRGM – France

³ Charron – BRGM – France

⁴ Joulian – BRGM – France

Notre objectif est d'évaluer l'effet des pesticides sur les communautés microbiennes et plus spécifiquement les bactéries impliquées dans le cycle de l'azote. Nous avons combiné deux approches : sur site, au niveau de la plaine alluviale de l'Ariège, et en microcosmes, dopés avec de l'atrazine (ATZ), du déséthyl-atrazine (DEA) et un mélange ATZ+DEA (0, 1 et 10 $\mu\text{g/L}$) dans deux eaux présentant des concentrations contrastées en pesticides. L'abondance du marqueur universel (16S rRNA) et de marqueurs de bactéries réduisant le nitrate (narG et napA) et réduisant l'ammonium (amoA) furent déterminées par PCR en temps réel. La diversité est analysée par CE-SSCP (Capillary Electrophoresis-Single Strand Conformational Polymorphism). Un cocktail de 57 pesticides est analysé par LC-MS/MS. Dans les microcosmes, le temps d'incubation et la concentration en pesticides ont eu un effet sur la communauté mais pas le type de molécule (ANOVA à 3 facteurs avec interaction). Dans l'eau sans historique de contamination, l'abondance des gènes étudiés et la diversité furent impactés, alors que, dans l'eau avec un historique de contamination, seul l'abondance fut modifiée, suggérant une tolérance de la communauté induite par une contamination historique en pesticides. Par contre, n'ayant pas mis en évidence de dégradation en ATZ et DEA, il semble que l'exposition des bactéries aux pesticides historique ou en microcosmes, n'a pas induit une adaptation à l'ATZ et au DEA. Sur site, les résultats suggèrent avec une faible significativité une augmentation de la biomasse totale et des bactéries réduisant les nitrates au niveau de sites contaminés en pesticides.

Mots-Clés: diversité microbienne, cycle de l'azote, pesticides, qualité des aquifères

*Intervenant

Communautés microbiennes et cycle biogéochimique du mercure dans les sols de Guyanne.

Yannick Colin ¹, Emmanuel Tessier ², Mathilde Monperrus ², Maria Soledad Goni ¹, David Amouroux ², Stéphane Guedron ³, Rémy Guyoneaud * ¹

¹ Equipe Environnement et Microbiologie (EEM - UMR IPREM5254) – CNRS : UMR5254 – Université de Pau et des Pays de l'Adour Batiment IBEAS BP1155 64013 PAU Cedex, France

² Laboratoire de Chimie Analytique Bio-Inorganique et Environnement (LCABIE) – CNRS : UMR5254, Université de Pau et des Pays de l'Adour [UPPA] – HELIOPARC - 2 Avenue du Président Angot 64000 PAU, France

³ Géochimie 4D (UMR ISTERRE 5559) – IRD – IRD/University Joseph Fournier/CNRS, Grenoble, France

La composition des communautés microbiennes et les processus de méthylation et déméthylation du mercure ont été étudiés dans les sols de Guyanne, au niveau du bassin versant de la crique Combat (5223'W, 435'N). Les communautés microbiennes ont été comparées à l'aide d'empreintes moléculaires (T-RFLP) qui ont permis de séparer les différents types de sols (oxysols supérieurs, sols intermédiaires et sols hydromorphes inondés). Ces résultats ont permis de sélectionner certains échantillons afin d'analyser en détail la composition des communautés microbiennes par séquençage haut débit. Ces résultats sont mis en relation avec la mesure des activités de méthylation et déméthylation du mercure, déterminées en utilisant des isotopes stables du mercure. Ces activités ont également été mesurées après addition de sulfate, fer oxydé ou propionate afin d'identifier les acteurs potentiels de la méthylation du mercure dans ces sols. Les activités de méthylation du mercure sont globalement faibles dans ces sols (moins de 1%) et l'ajout d'accepteurs d'électrons disponibles (sulfate et/ou fer) augmente considérablement cette activité. La composition des communautés microbiennes laisse apparaître une forte proportion de Deltaproteobactéries, dominées par des organismes phylogénétiquement proches de bactéries syntrophes, de Geobacteraceae, et d'organismes non cultivés (BPC076 Deltaproteobacterial group). Les séquences liées aux sulfato-réducteurs sont en nombre réduit et bien plus abondants au niveau des sols hydromorphes. L'ensemble des résultats permet de comprendre comment le mercure peut être mobilisé au niveau d'un bassin versant, méthylé par les communautés microbiennes puis relargué depuis les eaux interstitielles jusqu'aux eaux de surface.

Mots-Clés: Sol, guyanne, mercure, méthylation

*Intervenant

Activité et diversité des procaryotes planctoniques dans la dynamique de dégradation de macroalgues

Dominique Lamy ^{*† 1}, Cédric Hubas ², Jean-Michel Mortillaro ², Najet Thiney ², Victorien Point ², Antoine Lacassagne ², Jocelyne Caparros ³, Ingrid Obernosterer ³

¹ Biologie des Organismes et Ecosystèmes Aquatiques (BOREA) – Université Pierre et Marie Curie (UPMC) - Paris VI : EA00, Muséum National d’Histoire Naturelle (MNHN), CNRS : UMR7208, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UR207, Université de Caen : EA00 – 61, rue Buffon, CP 53, 75231 Paris Cedex 05, France

² Biologie des Organismes et Ecosystèmes Aquatiques (BOREA) – Muséum National d’Histoire Naturelle (MNHN), Université Pierre et Marie Curie (UPMC) - Paris VI : EA00, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UR207, CNRS : UMR7208, Université de Caen Basse-Normandie : EA00 – 61, rue Buffon, CP 53, 75231 Paris Cedex 05, France

³ Laboratoire d’Océanographie Microbienne (LOMIC) – CNRS : UMR7621, Université Pierre et Marie Curie (UPMC) - Paris VI : EA00 – Observatoire Océanologique, Avenue du Fontaulé, 66650 Banyuls/mer, France

L’activité et la diversité des procaryotes planctoniques dans la dynamique de dégradation de deux espèces de macroalgues ont été suivies en microcosmes et comparées à des expériences sans macroalgue. Les macroalgues contribuent significativement à la formation du pool de matière organique (MO) des écosystèmes marins côtiers et sont donc susceptibles de constituer une ressource majeure dans les réseaux trophiques pélagiques. Les objectifs étaient de déterminer (i) si la dégradation des macroalgues conduit à des apports de MO de quantité et qualité différentes pour les procaryotes et (ii) dans quelle mesure ces différents apports de MO conduisent à des assemblages et des métabolismes différents des communautés procaryotiques. Les analyses des acides gras et des sucres de la MO particulière (MOP) montre des différences significatives de la qualité et de la quantité de MOP entre les traitements. La MOP générée dans les microcosmes avec macroalgues a conduit à un développement bactérien plus important que dans les microcosmes contrôle et une forte stimulation des activités enzymatiques de dégradation. Les procaryotes dégradent activement la MOP apportée au milieu par les macroalgues et la transforment en carbone organique dissous (COD), à priori non totalement labile puisque la concentration en COD augmente dans les traitements avec macroalgues alors qu’elle reste faible et constante dans les contrôles. Les différences d’activités enzymatiques pourraient s’expliquer par des communautés bactériennes de structures différentes entre les traitements. Ces résultats montrent que la nature et la qualité de la MO sont des facteurs structurants pour les assemblages procaryotiques et leurs capacités métaboliques.

Mots-Clés: activités enzymatiques, diversité bactérienne, MOP

*Intervenant

†Auteur correspondant: dominique.lamy@upmc.fr

Nouvelles amorces pour la quantification du gène *pceA* impliqué dans la dégradation bactérienne du tétrachloroéthylène

Louis Hermon * ^{2,1}, Jennifer Hellal ¹, Stéphane Vuilleumier ², Catherine Joulian ¹

² Génétique moléculaire, génomique, microbiologie (GMGM) – CNRS : UMR7156, université de Strasbourg – 28 Rue Goethe 67083 STRASBOURG CEDEX, France

¹ Bureau de recherches géologiques et minières (BRGM) – Bureau de Recherches Géologiques et Minières (BRGM) – France

Le tétrachloroéthylène (ou perchloréthylène, PCE) est un polluant récalcitrant retrouvé dans les aquifères de nombreux sites pollués. L'étude de sa biodégradation par déhalorespiration a fait l'objet de nombreuses études, notamment sur le gène *pceA* codant la tétrachloroéthène déshalogénase, l'enzyme-clé de ce métabolisme, avec la description de différentes paires d'amorces pour la détection par PCR dans différentes sous-familles de ce gène. Ici, de nouvelles amorces PCR dégénérées ont été dessinées pour non seulement détecter mais aussi quantifier par qPCR un fragment du gène *pceA* pour un large spectre de souches le possédant, dans la perspective du développement de nouveaux outils de bioindication pour orienter les diagnostics et les stratégies de remédiation. Trois motifs d'acides aminés conservés issus de l'alignement de dix séquences protéiques PceA divergentes ont été identifiés par différents outils bioinformatiques. A partir de ces motifs, 23 amorces, contenant chacune une partie 5' consensus et une partie 3' dégénérée, ont été dessinées avec le programme CODEHOP. 27 couples d'amorces ont été testés *in silico* pour leur capacité à s'hybrider sur les sites ciblés des séquences *pceA* et à former des produits de taille adéquate en qPCR. Trois paires d'amorces ont été sélectionnées et testées sur des souches pures possédant le gène *pceA* pour confirmer leur spécificité. L'évaluation par ce biais du gène *pceA* comme biomarqueur de l'abondance des bactéries dégradant le PCE, naturellement présentes sur sites pollués, pour évaluer un potentiel de dégradation du PCE est en cours, et les derniers résultats obtenus au laboratoire et *in situ* seront présentés.

Mots-Clés: Biomarqueurs, gène *pceA*, Biodégradation, Perchloréthylène, Sites pollués

*Intervenant

Rôle des communautés microbiennes des écosystèmes aquatiques dulçaquicoles tempérés dans la production de méthylmercure : étude du lac de Cazaux-Sanguinet (Landes).

Elisabeth Carlier * ¹, Stéphane Davail[†] ², Mathilde Monperrus[‡] ³,
Emmanuel Tessier[§] ³, Rémy Guyoneaud[¶] ¹

¹ Equipe Environnement et Microbiologie - IPREM UMR CNRS 5254 (EEM) – CNRS : UMR5254, Université de Pau et des Pays de l'Adour [UPPA] – IBEAS - UFR Sciences BP 1155 64013 PAU CEDEX, France

² IUT des Pays de l'Adour (IUT) – Institut universitaire de Technologie Mont-de-Marsan – IUT Mont-de-Marsan 371, rue du Ruisseau - BP 201 - 40004 MONT DE MARSAN CEDEX, France

³ Laboratoire de Chimie Analytique Bio-Inorganique et Environnement (LCABIE) – CNRS : UMR5254, Université de Pau et des Pays de l'Adour [UPPA] – HELIOPARC - 2 Avenue du Président Angot 64000 PAU, France

Certains microorganismes transforment le mercure inorganique en méthylmercure qui s'accumule dans les tissus biologiques et est bioamplifié le long de la chaîne trophique. Cette étude a pour objectif d'approfondir nos connaissances sur le rôle des microorganismes colonisant les racines de plantes aquatiques (périphyton et rhizosphère) dans la production de méthylmercure dans les écosystèmes aquatiques. Des échantillons d'eau, de sédiment, et de racines de plantes (*Phragmites Australis*, *Scirpus Pungens*, *Ludwigia Grandiflora*) ont été prélevés en Mai et Septembre 2014 dans le lac de Cazaux-Sanguinet (Landes, France). Les concentrations en mercure sont faibles ; toutefois il se concentre au niveau du périphyton colonisant les racines flottantes de la jussie (*Ludwigia Grandiflora*). L'utilisation de traceurs isotopiques stables du mercure révèle une activité de méthylation plus importante au niveau de ce périphyton qu'au niveau du sédiment colonisé par le réseau racinaire. Ce potentiel de méthylation est plus important à la fin de l'été suggérant une influence des paramètres environnementaux et/ou une évolution de la composition et du fonctionnement des communautés microbiennes colonisant cette rhizoplane. L'analyse de la diversité microbienne du biofilm périphytique confirme la présence de microorganismes connus pour méthyler le mercure avec une augmentation de la proportion de ceux-ci en été (e.g. 4.02% à 8.20% pour les deltaprotéobactéries). Ainsi l'étude révèle que la présence de racine épigée de jussie dans la colonne d'eau favorise la production de mercure en réunissant des conditions favorables à cette biotransformation (accumulation de mercure, respiration et exsudation racinaire et présence d'une communauté microbienne importante capable de méthyler le mercure).

Mots-Clés: méthylmercure, périphyton, rhizoplane, potentiel de méthylation, diversité microbienne.

*Intervenant

[†] Auteur correspondant: stephane.davail@univ-pau.fr

[‡] Auteur correspondant: mathilde.monperrus@univ-pau.fr

[§] Auteur correspondant: emmanuel.tessier@univ-pau.fr

[¶] Auteur correspondant: remy.guyoneaud@univ-pau.fr

Potential impact of microbial activity on the oxidant capacity and organic carbon budget in clouds

Mickaël Vaïtilingom ¹, Laurent Deguillaume ^{2,3}, Virginie Vinatier ^{* 4},
Martine Sancelme ⁵, Pierre Amato ^{*}

¹, Nadine Chaumerliac ³, Anne-Marie Delort^{† 4}

¹ Institut de Chimie de Clermont-Ferrand (ICCF) – CNRS : UMR6296, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II, Ecole Nationale Supérieure de Chimie de Clermont-Ferrand – 24 Avenue des Landais, 63177 Aubière Cedex, France

² Observatoire de physique du globe de Clermont-Ferrand (OPGCF) – CNRS : UMS833, INSU, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II – Campus des Cézeaux 24, Av des landais 63177 AUBIERE CEDEX, France

³ Laboratoire de météorologie physique (LaMP) – INSU, CNRS : UMR6016, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II – bat. Physique 5 - 3ème étg 24 Av des landais 63177 AUBIERE CEDEX, France

⁴ Institut de Chimie de Clermont-Ferrand (ICCF) – CNRS : UMR6296, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II, Ecole Nationale Supérieure de Chimie de Clermont-Ferrand – 24 Avenue des Landais, 63177 Aubière Cedex, France

⁵ Institut de Chimie de Clermont-Ferrand, (ICCF-UMR 6296) – Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II, CNRS : UMR6296 – 1Clermont Université, Université Blaise Pascal, Institut de Chimie de Clermont-Ferrand, BP 10448, F-63000 CLERMONT-FERRAND, France

L'eau de nuage contient des microorganismes métaboliquement actifs susceptibles de participer à la chimie atmosphérique. La capacité oxydante du nuage dépend principalement des espèces actives oxygénées. Celles-ci peuvent générer un stress oxydant chez les microorganismes et sont donc des substrats des enzymes de défense antioxydantes. Afin d'observer les interactions entre les ERO et les microorganismes dans de l'eau de nuage prélevée au sommet du Puy de Dôme nous avons réalisé des expériences sur 3 échantillons d'origine et de composition différentes représentatifs des différents types de nuage rencontrés. Ceux-ci ont été incubés dans le noir ou soumis à un rayonnement ultraviolet dans des photobioréacteurs conçus spécifiquement. La composition du milieu ainsi que le ratio ATP/ADP ont été suivis au cours du temps. Les microorganismes sont restés métaboliquement actifs en présence de radicaux hydroxyles produits par photolyse de l'eau oxygénée. Celle-ci ainsi que les principaux composés organiques ont été biodégradés.

Ces résultats font envisager un double rôle des microorganismes dans la chimie atmosphérique. Ils peuvent d'une part dégrader directement la matière organique et d'autre part influencer sur les ERO responsables de sa dégradation chimique.

Mots-Clés: nuage, stress oxydant

*Intervenant

†Auteur correspondant: a-marie.delort@univ-bpclermont.fr

Impact de la restauration écologique d'anciens sites miniers guyanais sur les cycles biogéochimiques dans les sols

Ewan Couic ^{1,2}, Vanessa Alphonse ^{1,2}, Clarisse Balland-Bolou- Bi ^{1,2},
Stéphanie Giusti-Miller ^{1,2}, Rachid Barhdadi ^{1,2}, Evelyne Garnier Zarli ^{1,2},
Michel Grimaldi ³, Nouredine Bousserhine * ^{1,2}

¹ Institut d'écologie et des sciences de l'environnement de Paris (IEES (IEES Paris) – Université Paris Est (UPE) – France

² Université Paris Est Créteil (UPEC) – Université Paris Est (UPE) – France

³ Institut pour la recherche et développement – Institut de Recherche pour le Développement - IRD (FRANCE) – France

L'exploitation aurifère en Amazonie, couplée à l'utilisation de composés toxiques (mercure) et de moyens mécaniques entraîne de lourds désordres environnementaux. Parmi les différents moyens de lutte contre cette pression écologique, la réhabilitation présente des avantages considérables pour restaurer les écosystèmes anthropisés. Cependant, cette restauration n'est pas normée et aucune étude ne s'est intéressée au déroulement des cycles biogéochimiques au cours du processus de restauration. L'objectif de cette étude est d'évaluer les performances de protocoles de revégétalisation en s'intéressant à certains paramètres biologiques et au fonctionnement biogéochimique des sols étudiés. Pour cela, des échantillons de sols prélevés sur 3 parcelles différentes ont été incubés en conditions contrôlées et des prélèvements ont été réalisés tout au long de cette incubation. Les mesures ont été menées pour estimer les qualités physico-chimiques des sols, la spéciation des éléments traces toxiques et sur la diversité des communautés microbiennes, à travers des mesures de minéralisation de la matière organique, d'activités enzymatiques indicatrices des cycles des éléments nutritifs et de la diversité catabolique. Nos résultats montrent de fortes différences entre les modalités de restauration indiquant un effet positif de la revégétalisation sur les fonctionnalités des cycles biogéochimiques. Si ces résultats ne permettent pas encore de caractériser pleinement la performance de chacun des procédés de revégétalisation, des résultats en cours d'obtention (activités enzymatiques, mesures de physique du sol, diversité génétique) nous permettront de donner des conclusions plus pertinentes. L'objectif étant d'identifier des indicateurs biologiques et biogéochimiques permettant d'apprécier l'état de santé des sols réhabilités en milieu tropical.

Mots-Clés: Restauration écologique, cycles biogéochimiques, bioindicateurs, sol, Guyane

*Intervenant

Impact du mercure sur la diversité microbienne dans les sols Guyanais

Samir Abbad * ¹, Vanessa Alphonse * † ¹, Clarisse Balland-Bolou-Bi *

¹, Alexandre Livet *

¹, Nouredine Bousserrhine * ‡ ¹

¹ iEES-Paris, Dépt SoléO, Université Paris Est Créteil (IEES Paris) – Université Paris Est (UPE) – 61 avenue général De Gaulle 94010 Créteil Cedex, France

D'origine naturelle ou anthropique, le mercure fait l'objet de beaucoup d'études de part son cycle biogéochimique très complexe. Retrouvé en tant qu'élément trace métallique dans les sols, il a des effets néfastes sur l'environnement et notamment sur les microorganismes du sol en affectant leur diversité et leur activité.

Dans ce contexte s'inscrivent les principales parties de cette étude au cours de laquelle nous avons procédé à une comparaison entre l'intensité de l'activité minéralisatrice de la matière organique par les microorganismes des sols Guyanais dopés et non dopés au mercure. Suite à cela un dénombrement des bactéries cultivables et résistantes a été effectué. Enfin, la diversité fonctionnelle des communautés bactériennes a été évaluée.

Afin de répondre à cette problématique, des sols naturels provenant d'une toposéquence proche d'un site orpaillé, situé dans les environs du village de Cacao en Guyane Française, ont été utilisés.

Les résultats ont montré que la minéralisation du carbone au cours du temps varie en fonction du type de sol et de la saison. La densité microbienne dans les sols étudiés varie le long de la toposéquence et la diversité fonctionnelle est plus élevée dans les sols hydromorphes (bas fond) que dans les oxisols (haut de la toposéquence). Cependant, les résultats obtenus n'ont pas montré de corrélation entre la diversité fonctionnelle et le nombre de microorganismes présents dans ces sols.

Ces résultats confirment que le mercure a un impact sur la diversité des microorganismes ainsi que leur fonctionnement mais cela dépend de sa teneur dans le milieu et sa biodisponibilité.

Mots-Clés: Mercure, Diversité microbienne, Microorganismes des sols, Guyane Française

*Intervenant

†Auteur correspondant: vanessa.alphonse@u-pec.fr

‡Auteur correspondant: bousserrhine@u-pec.fr

Session 4 : Ecotechnologie des procédés microbiens

Élimination de l'hydrogène sulfuré par les bactéries sulfo-oxydantes chimiolithotrophes isolées d'un digesteur de méthanisation

Abdelaziz Elhouari *¹, Lahcen Idouhammou¹, Rhizlane Bennisse¹, Elisabeth Carlier², Rémy Guyoneaud², Radia Bouterfas¹, Abdel-Allah Qatibi^{† 1}

¹ Anaerobic Microbiology Team (E02B26) – Sciences and Techniques Faculty, Cadi Ayyad University
PO Box 549, 40 000 Marrakech, Morocco., Maroc

² Equipe Environnement et Microbiologie (EEM - UMR IPREM5254) – Université de Pau et des Pays
de l'Adour [UPPA] – Batiment IBEAS - BP1155 - 64013 Pau cedex, France

L'hydrogène sulfuré est un produit de l'activité anaérobie néfaste dans le cadre d'un procédé de traitement des boues de station d'épuration par méthanisation. Cet hydrogène sulfuré se retrouve au niveau du biogaz produit ce qui engendre des soucis liés à la corrosion et à la toxicité de ce composé. Les procédés physico chimiques utilisés pour son élimination ont un coût (énergie et consommables) élevé. Des procédés biologiques alternatifs (biofiltres) existent et utilisent des micro-organismes sulfo-oxydants du genre Thiobacillus dont les besoins nutritionnels sont compatibles avec un procédé de traitement. Dans le cadre d'un projet visant à éliminer l'hydrogène sulfuré au sein même du réacteur de méthanisation, les communautés de sulfato-réducteurs et de de sulfo oxydants ont été étudiés par séquençage des gènes dsr, et sox. Neuf souches de bactéries anaérobies facultatives neutrophiles sulfo-oxydantes ont été isolées. Ces isolats diffèrent par de nombreux aspects d'isolats proches du genre Thiobacillus ou de sulfo-oxydants filamenteux. Ils sont chimiolithoautotrophes même si l'élimination de l'hydrogène sulfuré (4-5 mM) est plus efficace en présence d'acétate (croissance mixotrophe). Des tests réalisés en coculture avec des microorganismes sulfato-réducteurs [Desulfovibrio sp strain DZ, isolé du réacteur de méthanisation, D.marrakechensis (DSM 19337T) D.alcoholivorans (DSM 5433T) et D.¶fructosivorans (DSM 3604T)], en présence de lactate (10 mM) et de sulfate (20 mM) et en conditions micro-oxygènes montrent une élimination totale des sulfures produits par sulfato réduction. Ces microorganismes constituent une alternative aux biofiltres permettant l'élimination de l'hydrogène sulfuré au sein même d'un réacteur de méthanisation.

Mots-Clés: méthanisation, hydrogène sulfuré, sulfooxydation, procédé

*Intervenant

†Auteur correspondant:

Ecologie microbienne d'un réacteur traitant le phosphogypse en condition anaérobie

Wajdi Ben Hania *^{1,2,3}, Anne Postec^{† 2}, Khaled Fadhlouï^{3,4}, Hassib Bouallagui³, Moktar Hamdi³, Bernard Ollivier², Marie-Laure Fardeau², Gaël Erauso²

¹ Aix Marseille Université, IRD, Université de Toulon, CNRS, MIO UM 110, – Institut de recherche pour le développement [IRD] : UMR110 – 13288, Marseille, France

² MIO – Aix Marseille Université : EA2 – France

³ LETMi – Tunisie

⁴ MIO – Aix-Marseille Université - AMU : EA3 – France

Le traitement du phosphogypse, déchet industriel résultant de la production d'acide phosphorique, représente un défi majeur dans le monde dans la mesure où il contient, à côté du sulfate, de grandes quantités de métaux lourds et métalloïdes qui peuvent contaminer les environnements terrestres et marins. La Tunisie fait partie des grands pays exportateurs d'acide phosphorique générant chaque année 8 millions de Tonnes de phosphogypse.

Un bioréacteur mésothermique (CSTR) traitant le phosphogypse et utilisant le lactosérum comme source de carbone et d'énergie a été mis en place. Les performances de ce réacteur et la diversité microbienne impliquée dans la bioremédiation du phosphogypse ont été étudiées. Grâce à la présence du sulfate provenant du phosphogypse, nous avons pu obtenir un abattement de 55% de la demande chimique en oxygène.

Les approches moléculaires (gènes codant l'ARNr 16S) ont montré une faible diversité d'archées, toutes étant affiliées aux Methanosarcinales. Parmi les bactéries, une grande diversité a été observée, avec notamment des représentants des Proteobacteria (Alphaproteobacteria et Deltaproteobacteria), des Firmicutes (Clostridiales de groupe I, XI, XII et XIV; Bacillales), des Chloroflexi, des Actinobacteria, des Bacteroidetes, des Planctomycetales et des Thermotogales. Des approches culturales ont été entreprises à 37 et 55 C. Les bactéries que nous avons isolées appartiennent essentiellement à l'ordre des Clostridiales, à celui des Bacillales, des Enterobacterales, des Desulfovibrionales, des Planctomycetales et enfin des Thermotogales. Concernant les Thermotogales, nous avons pu isoler la première bactérie mésophile (souche PhosAc3) (Ben Hania et al., 2011), d'un ordre qui n'était représenté alors que par des thermophiles.

Mots-Clés: bioreacteur, phosphogypse, écologie

*Intervenant

[†] Auteur correspondant:

Les communautés microbiennes des sédiments du lac hyperalcalin de Paranguero : Diversité et fonctionnement pour la bioprospection d'organismes intervenant dans l'élimination des métaux.

Johanne Aubé * ¹, María Fernanda Pérez Bernal ^{1,2,3}, Manon Bartoli ², Marisol Goñi-Urriza ¹, Germán Cuevas Rodríguez ³, Bernard Ollivier ², Elcia Margareth Souza Brito ³, Agnès Hirschler-Réa ², Rémy Guyoneaud^{† 1}

¹ Equipe Environnement et Microbiologie (EEM-IPREM) – CNRS : UMR5254, Université de Pau et des Pays de l'Adour [UPPA] – IBEAS BP1155 64013 Pau cedex, France

² Institut méditerranéen d'océanologie (MIO) – CNRS : UMR7294, Université du Sud Toulon - Var, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UMR235, Aix Marseille Université – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Campus de Luminy Case 901 13288 MARSEILLE cedex 09, France

³ Environmental Engineering Laboratory, Université de Guanajuato – Campus de Guanajuato, Mexique

De par la caractéristique très alcaline de nombreux effluents contaminés par des métaux, le projet Biometal se concentre sur la bioprospection de microorganismes alcaliphiles utilisables dans le cadre du traitement ou de la bioremédiation des métaux et métalloïdes. Dans cette optique, un site remarquable, le lac hyperalcalin de Paranguero au Mexique (Valle de Santiago), a été étudié du point de vue de la composition des communautés microbiennes. Ce lac se caractérise par des dépôts de carbonates qui se traduisent par des valeurs de pH dans les eaux comprises entre 12 et 13.5 selon les saisons. Quatre prélèvements au cours des quatre dernières années ont été pris en compte pour le suivi des communautés microbiennes dont la caractérisation a été réalisée par séquençage haut débit de l'ARNr16S. Nos résultats montrent une faible diversité bactérienne avec moins de 500 OTUs par échantillons et une dominance des classes des Alphaproteobacteria et Clostridia. La communauté semble adaptée au pH alcalin de par la dominance de nombreux OTU caractéristiques de milieux basiques tels qu'Alkalibacterium, Alkaliphilus, Rhodobaca, Rhodonellum et Anaerobacillus. Les capacités fonctionnelles de ces communautés sont examinées au travers de leur composition taxonomique ainsi que par une approche de séquençage massif. Ces approches couplées permettront de mieux comprendre le fonctionnement de ces écosystèmes et d'identifier des microorganismes d'intérêts, potentiellement utilisables dans des procédés de traitement et de bioremédiation, de par leurs capacités de biotransformation des métaux et métalloïdes. Leur identification permettra de sélectionner et cultiver les microorganismes d'intérêt pour des procédés de traitements.

Mots-Clés: Bioprospection, Métaux, Environnement hyperalcalin, Capacités fonctionnelles, Diversité

*Intervenant

[†]Auteur correspondant: remy.guyoneaud@univ-pau.fr

Ecologie des biofilms électrochimiquement actifs de l'étang de Berre

Oulfat Amin Ali ^{*† 1}, Nicolas Chabert ¹, Wafa Achouak^{‡ 1}

¹ Laboratoire d'Ecologie Microbienne de la Rhizosphère et d'Environnements extrêmes (LEMIRE) – CNRS : UMR7265, CEA, Aix-Marseille Université - AMU – LBVME Centre de Cadarache 13108 Saint-Paul les Durance Cedex, France

De nos jours, la raréfaction de l'énergie fossile et l'augmentation du taux de pollution représentent une sérieuse menace pour l'Homme et son environnement. De ce fait, les piles à combustible microbiennes (PACM) sont des systèmes électrochimiques considérés comme une technologie très prometteuse pour palier à cette crise de grande envergure.

Les PACMs, constituées de deux électrodes (l'anode et la cathode), convertissent la matière organique en électricité via la catalyse des microorganismes. En effet, ces derniers oxydent cette matière organique contenue dans le compartiment anodique et accélèrent ainsi le processus de transfert d'électrons vers la cathode où l'oxygène est réduit.

Notre projet consiste à étudier la production d'électricité et l'écologie microbienne associée, à partir de divers échantillons recensés d'environnements naturels. Nous cherchons à isoler les microorganismes d'intérêt et mieux comprendre les mécanismes de transfert des électrons impliqués. Pour ce faire, par des approches électrochimiques, nous nous intéressons à l'étude de l'oxydation anaérobie de la matière organique à l'anode dans des échantillons obtenus de site pollués de l'étang de Berre et l'étang de Bolmont (France). D'autre part, cette technique permet de sélectionner les microorganismes électrogènes en plus de l'analyse des processus d'oxydo-réduction mis en jeu.

En collaboration avec la direction de recherche technologique (CEA, Grenoble), ces travaux permettront d'implanter des PACMs in situ dans des zones pauvres en électricité. Ces PACMs permettront d'alimenter des nœuds de capteurs de mesures de paramètres physico-chimiques (température, pH, salinité, oxygène...) et les rendre autonomes.

Mots-Clés: PACM, biofilms électrochimiquement actifs, étang de Berre, bioanode

*Intervenant

†Auteur correspondant: oulfat.aminali@cea.fr

‡Auteur correspondant: wafa.achouak@cea.fr

Building biocathodes by electrogenic acidophilic bacteria from the phosphogypsum

Nicolas Chabert ^{*† 1}, Violaine Bonnefoy ², Wafa Achouak^{‡ 1}

¹ Laboratoire d'Ecologie Microbienne de la Rhizosphère et d'Environnements extrême (LEMIRE) – CNRS : UMR7265, CEA, Aix-Marseille Université - AMU – LBVME Centre de Cadarache 13108 Saint-Paul les Durance Cedex, France

² Laboratoire de chimie bactérienne (LCB) – CNRS : UPR9043 – 31 Chemin Joseph Aiguier 13402 MARSEILLE CEDEX 20, France

The natural property of extracellular electron transfer by bacteria and their ability to adopt a sedentary lifestyle in communities, known as biofilms, are exploited for current production with microbial fuel cells (MFCs). MFCs are devices where bacteria oxidize organic matter and transfer electrons to the anode, or take electrons from the cathode, and where metal catalysts are not required. MFCs are thus based on a wide microbial diversity able to convert a large array of organic matter components, into sustainable and renewable energy. In the present study, we describe the ability of phosphogypsum (PG) to host electrogenic bacteria that are able to catalyse the oxygen reduction at the cathode forming a biocathode. We characterised the microbial community structure from the reservoir PG and that enriched on the cathode. Electrochemical activity was determined by chronoamperometry and cyclic voltammetry. As the pH of PG was around 3, we used specific media for acidophilic bacteria to measure the electroactivity of the PG and to isolate electrogenic bacteria from the electroactive biofilm formed on the cathode. Electrochemical activity of the PG, electrogenic isolates and a strain of *Acidithiobacillus ferrooxidans* ATCC 33020 were compared and analysed as well as the architecture of their biofilms to decipher the mechanism underlying bacterial electron transfer to the electrode.

Mots-Clés: MFC, Biocathode, Phosphogypsum, Acidophilic Bacteria

*Intervenant

†Auteur correspondant: nicolas.chabert@cea.fr

‡Auteur correspondant: wafa.achouak@cea.fr

Optimisation expérimentale de bioprocédés de biodégradation d'hydrocarbures pétroliers de boues résiduelles d'une raffinerie de pétrole

Olfa Ben Said * ^{1,2}, Meriem Ben Khelil ³, Faten Rezgui ⁴, Ichrak Ben Hriz ⁴, Marouen Ben Haj Yahya ⁵, Hamouda Beyrem ³, Frédéric Coulon ⁶, Robert Duran ²

¹ Laboratoire de Biosurveillance de l'Environnement (LBE) – Faculté des Sciences de Bizerte 7021, Zarzouna, Tunisie

² Equipe Environnement et Microbiologie (EEM) – Université de Pau et des Pays de l'Adour [UPPA] – UMR CNRS IPREM 5254 IBEAS Université de Pau et des Pays de l'Adour, France

³ Laboratoire biosurveillance de l'Environnement (LBE) – Université de Carthage, Faculté des Sciences de Bizerte 7021 Zarzouna, Bizerte, Tunisie, Tunisie

⁴ Société Tunisienne des Industries de Raffinage de Pétrole STIR de Bizerte (STIR) – Zarzouna 7021-Bizerte, Tunisie

⁵ Centre Technique de la chimie (CTC) – 4 rue de l'artisanat ZI Charguia 2-Tunis, Tunisie

⁶ School of Applied Sciences – Department of Environmental Science and Technology, Cranfield University, Building 56b, Cranfield, Royaume-Uni

Les raffineries de pétrole produisent des boues résiduelles particulièrement toxiques pour l'environnement qu'il est nécessaire de traiter. Les traitements microbiologiques, apparaissent comme une alternative économiquement prometteuse par rapport aux traitements chimiques. Le bio-traitement de boues résiduelles issues d'une raffinerie tunisienne a été entrepris. Les boues résiduelles étaient caractérisées par des teneurs élevées en métaux totaux et en hydrocarbures totaux. De plus, elles présentaient un pH basique, des teneurs extrêmes en azote total Kjeldahl et soufre total. Le dénombrement des bactéries a révélé un nombre de bactéries hydrocarbonoclastes faible. Afin d'optimiser le bio-traitement, différents paramètres abiotique (humidité, oxygénation, nutriments) et biotique (apport de différents consortia de souches bactériennes précédemment isolées des boues contaminées) ont été testés sur une période de 180 jours. Durant l'incubation différents cocktails de souches bactériennes ont été ajoutées à différents temps. A t₀, les boues résiduelles ont étéensemencées avec deux cocktails bactériens C1 ou C1' ; A 32 jours le cocktail C2 a été ajouté. Le cocktail C3 a été ajouté à 107, 123 et 151 jours d'incubation. L'apport d'oxygène, d'humidité et de nutriments (C:N:P = 100:10:1) est critique et permet d'atteindre 40% de dégradation en 90 jours et 70% en 180 jours. Les traitements avec les cocktails C1+C2+C3 ou C1'+C2+C3 apparaissent, à 90 jours, moins efficaces avec 23% et 10% de dégradation respectivement mais permettent d'atteindre 80% de dégradation à 180 jours. La dégradation maximale (90% à 180 jours) est obtenue en combinant l'apport de nutriments avec le cocktail C1'+C2+C3.

Mots-Clés: Hydrocarbures, bio, traitement, bioprocédés, bactéries hydrocarbonoclastes

*Intervenant

Capacité des bactéries autochtones à dégrader les solvants chlorés le long d'un panache de pollution

Aourell Mauffret *¹, Louis Hermon², Jennifer Hellal³, Mickael Charron⁴, Stefan Clombano⁵, David Cazaux⁶, Stephane Vuillemier⁷, Catherine Jouliau⁸

¹ Mauffret – BRGM – France

² Hermon – BRGM – France

³ Hellal – BRGM – France

⁴ Charron – BRGM – France

⁵ Colombano – BRGM – France

⁶ Cazaux – Solvay (France) – France

⁷ Vuillemier – Université Louis Pasteur - Strasbourg I – France

⁸ Jouliau – BRGM – France

L'objectif de l'étude est i) de comparer la biodégradabilité des solvants chlorés et la présence de gènes fonctionnels impliqués dans la dégradation des solvants chlorés, au niveau du panache de pollution d'un aquifère, et ii) d'identifier un substrat permettant de stimuler la biodégradation de ces polluants en vue d'une bioremédiation sur site. Trois points de prélèvement ont été sélectionnés à différentes distances de la Phase Liquide Non Aqueuse (DNAPL) et présentant des concentrations contrastées en différents chloroéthènes, perchloroéthylène (PCE), trichloroéthylène (TCE) dichloroéthylène (DCE) et chlorure de vinyle (VC). L'addition de lactate, d'acétate, d'huile de soja ou de mélasse comme donneur d'électron pour stimuler la déhalogénéation reductrice des solvants chlorés a été mesurée en batchs sacrificiels sur ces trois eaux par CPG. De plus, l'abondance microbienne totale a été évaluée dans les eaux brutes et dans les batchs par qPCR ainsi que celle des gènes codant des déhalogénases reductrices impliquées dans la dégradation microbienne des chloroéthènes (*pceA*, *tceA*, *vcrA*, *bvcA*). Les résultats préliminaires montrent que dans l'eau la plus proche de la zone DNAPL i) des bactéries capables de dégrader les différents solvants chlorés sont présentes naturellement in situ, ii) le lactate semble stimuler leur activité in situ et iii) en présence de lactate, les gènes impliqués dans la déhalogénéation du PCE (*pceA*), du DCE (*vcrA*), du VC (*vcrA*, *bvcA*) sont détectés.

Mots-Clés: biodégradation, solvants chlorés, panache, bioremédiation, donneur d'électrons

*Intervenant

Session 5 : Microbiotes, pathogènes et environnement

Effluents hospitaliers : source d'antibiotiques micropolluants et de biofilms générateurs de bactéries multirésistantes ?

Jérôme Ory * ¹, Geneviève Bricheux ¹, Jean-Louis Bonnet ¹, Anne Togola ²,
Christiane Forestier ¹, Ousmane Traore ¹

¹ Microorganismes : génome et environnement (LMGE) – Université d'Auvergne - Clermont-Ferrand I, CNRS : UMR6023, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II – Université Blaise Pascal, Campus des Cézeaux, 24, avenue des Landais BP 80026 63 170 AUBIERE, France

² Bureau de recherches géologiques et minières (BRGM) – Bureau de Recherches Géologiques et Minières (BRGM) – France

L'anthropisation médicamenteuse croissante des eaux usées favorise l'émergence et la diffusion dans l'environnement de microorganismes résistants aux antibiotiques. Les effluents hospitaliers participent à cette anthropisation et la conception de traitements spécifiques, si elle s'avère indispensable à terme, nécessite au préalable la description intégrée des risques associés. Le présent projet vise à caractériser un effluent hospitalier en terme de présence d'agents anti-infectieux et de bactéries antibiorésistantes.

Les concentrations en Fluoroquinolones et Carbapénèmes ont été mesurées dans les effluents (LC-MS après collecte via un échantillonneur passif), puis comparées aux données de consommation par les patients hospitalisés durant une même période. L'écotoxicité des molécules et de l'effluent hospitalier a été évaluée à l'aide du cilié *Tetrahymena pyriformis* (CI20effluent=0,30).

En parallèle, nous avons isolé par culture sur milieux sélectifs des souches bactériennes résistantes à ces mêmes antibiotiques, à partir de suspensions bactériennes provenant de biofilms naturellement constitués dans ces effluents. La caractérisation phénotypique de ces 115 isolats (identification et antibiogramme), et l'analyse génotypique a mis en évidence une prédominance des bacilles à Gram négatif, notamment *Aeromonas* et *Klebsiella*.

Les bactéries résistantes isolées chez les patients hospitalisés pendant cette période et appartenant aux mêmes genres que ceux retrouvés au niveau de l'effluent (51 souches) ont été recueillies, et leur génome comparé à ceux des souches environnementales par électrophorèse en champs pulsé. Aucune clonalité des souches n'a été démontrée. L'analyse du contenu plasmidique des isolats cliniques a cependant montré une richesse importante en plasmides et leur éventuelle transmission aux bactéries environnementales reste à démontrer.

Mots-Clés: Effluent hospitalier, antibiotiques, biofilms, résistances, écotoxicologie, plasmide

*Intervenant

Dynamique des pathogènes lors du stockage de digestats issus de la méthanisation

Géraldine Maynaud ^{*† 1}, Christine Ziebal ^{2,3}, Céline Druilhe ^{2,3},
Anne-Marie Pourcher ^{2,3}, Nathalie Wéry ¹

¹ Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement (LBE) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UR0050 – Avenue des Etangs - 11100 Narbonne, France

² Gestion environnementale et traitement biologique des déchets (UR GERE) – Irstea – 17 avenue de Cucillé - CS 64427, F-35044 Rennes, France

³ Université européenne de Bretagne (UEB) – PRES Université Européenne de Bretagne (UEB) – 5 Boulevard Laënnec 35000 Rennes, France

La méthanisation est une voie de transformation des déchets organiques en digestat (matière fertilisante) et biogaz utilisable à des fins énergétiques. Bien que la filière de méthanisation représente un atout environnemental majeur, le digestat peut présenter un risque sanitaire à cause d'éventuelle présence de microorganismes pathogènes apportés par les intrants d'origine urbaine ou agricole. La méthanisation étant relativement peu hygiénisante, des phénomènes de recroissance de bactéries pathogènes lors du stockage ont été décrits dans la littérature. De ce fait, la présence potentielle de pathogènes dans les digestats complique leur valorisation en tant que matière fertilisante lors d'un retour au sol.

Dans un contexte de valorisation des digestats, l'objectif de cette étude est d'analyser les paramètres abiotiques et biotiques qui conditionnent la survie des pathogènes lors du stockage des digestats.

Neuf digestats ont été collectés en sortie de méthaniseurs agricoles, représentatifs de la filière française. Les digestats ont été inoculés avec trois bactéries pathogènes présentes dans les effluents d'élevage (*Salmonella* Derby, *Listeria monocytogenes* et *Campylobacter coli*) dont les teneurs ont été suivies par culture et qPCR, en microcosmes dans des conditions simulant le stockage. La survie en microcosme a été analysée au regard de la biodisponibilité de la matière organique et l'activité microbienne des digestats.

Les résultats obtenus montrent que l'accessibilité au substrat et l'activité de la microflore semblent affecter la survie des pathogènes dans nos conditions expérimentales. Les résultats obtenus permettent de caractériser les facteurs propres à chaque digestat conduisant à un environnement favorable à la réduction des risques microbiologiques.

Mots-Clés: Digestion anaérobie, bactéries pathogènes, digestat, microcosme

*Intervenant

†Auteur correspondant: geraldine.maynaud@supagro.inra.fr

LES AMIBES DU SOL : RESERVOIR D'ESPECES BACTERIENNES PATHOGENES MULTIRESISTANTES AUX ANTIBIOTIQUES ?

Elodie Denet * ^{1,2}, Bénédicte Coupat-Goutaland ¹, Sylvie Nazaret ², Michel Pelandakis ¹, Sabine Favre-Bonté^{† 2}

¹ Laboratoire de Microbiologie, Adaptation et Pathogénie (UMR CNRS 5240) – Université Claude Bernard-Lyon I - UCBL (FRANCE), CNRS : UMR5240 – France

² UMR CNRS 5557 Ecologie Microbienne – Université Claude Bernard - Lyon I (UCBL) – France

La prévalence de bactéries possédant un phénotype de multirésistance aux antibiotiques (MDR) en milieu hospitalier est liée à l'usage intensif d'antibiotiques thérapeutiques. Ce phénotype est fréquent chez les espèces pathogènes opportunistes. Dans l'environnement, le rôle que jouerait la micro- ou macro-faune en tant que réservoir d'espèces bactériennes pathogènes et les propriétés de résistance de celles-ci sont encore méconnus. Ainsi si les amibes libres sont connues pour leur rôle prédateur de bactéries, elles peuvent également phagocyter des pathogènes capables de résister à cette prédation. Par exemple *Legionella pneumophila* résiste à la lyse par *Acanthamoeba*. Récemment, l'analyse de la diversité amibienne de l'eau et des bactéries associées par approche métagénomique a mis en évidence de nombreuses espèces pathogènes appartenant aux genres *Stenotrophomonas*, *Pseudomonas*, ou *Acinetobacter*. A ce jour aucune donnée n'est disponible sur le rôle joué par les amibes des sols. L'objectif de ce travail a été d'évaluer la prévalence de bactéries pathogènes dans des amibes isolées de sols différemment anthropisés (miniers et agricoles) et d'origines géographiques diverses (France, Burkina-Faso, Vietnam). Après optimisation de l'extraction des amibes du sol, la microflore cultivable a été caractérisée. L'abondance et la diversité taxonomique varient selon les amibes et leur site d'isolement. Des pathogènes comme *S. maltophilia*, ou *P. aeruginosa* ont été identifiés et certains possèdent un phénotype MDR. Ces données ont été mises en regard des caractéristiques physico-chimiques des sols et de la diversité amibienne. Ces résultats soulignent le potentiel risque sanitaire lié à l'existence de réservoirs de bactéries pathogènes MDR de certains sites anthropisés.

Mots-Clés: amibes du sol, bactéries pathogènes opportunistes, résistance aux antibiotiques

*Intervenant

†Auteur correspondant: sabine.favre-bonte@univ-lyon1.fr

Etude des microorganismes pathogènes et potentiellement protecteurs qui colonisent le bois de ceps de vigne atteints ou non par une maladie du bois, l'esca

Emilie Bruez *¹, Jessica Vallance¹, Jonathan Gerbore², Pascal Lecomte³,
Lucia Guerin-Dubrana⁴, Patrice Rey⁴

¹ UMR SAVE – Institut National de la Recherche Agronomique - INRA, Bordeaux Science Agro – France

² Biovitis –, ... – France

³ UMR SAVE – Institut National de la Recherche Agronomique - INRA – France

⁴ UMR SAVE – Institut National de la Recherche Agronomique - INRA, Bordeaux Sciences Agro – France

L'esca est la principale maladie du bois de la vigne, elle rend improductif environ 13% du vignoble français et toutes les régions viticoles du monde sont touchées par ce phénomène conduisant au dépérissement des ceps. Les communautés fongiques et bactériennes qui colonisent le bois de vigne atteints ou non par l'esca ont été caractérisées et comparées. Il a été observé qu'en fonction du type de tissu, nécrosé ou non, les communautés microbiennes différaient. Une évolution de ces communautés en fonction des saisons a aussi été mise en évidence par la technique d'empreinte moléculaire Single Strand Conformation Polymorphism. Par pyroséquençage 454, il a été montré qu'une diversité très importante des genres fongiques (515 OTUs) et bactériens (222 OTUs) existait dans les tissus non-nécrosés, elle était nettement plus réduite chez ceux nécrosés (pour les champignons). De nombreux champignons d'intérêts comme les *Trichoderma* spp. ou bactéries, comme *Bacillus* spp. et *Pantoea agglomerans* ont été isolées dans les tissus sains. D'autres champignons, connus pour être impliqués dans les maladies du bois, e.g. *Botryopsheria* spp., *Phaeomoniella chlamydospora* ont également été isolés de ces tissus. Les questions suivantes seront abordées lors de la présentation des résultats : (i) Quelles sont les interactions entre les champignons et les bactéries dans les tissus non-nécrosés ? (ii) Quels sont les facteurs abiotiques qui exercent une influence significative sur les communautés et créent un déséquilibre chez celles-ci ? Pourquoi certains microorganismes développent à un moment donné un processus conduisant à la formation de nécroses dans le bois ?

Mots-Clés: communautés microbiennes, vigne, esca, empreinte moléculaire, pyroséquençage 454

*Intervenant

Compartimentalisation de la communauté bactérienne le long des racines dans la rhizosphère du maïs

Daniel Muller * ¹, Céline Gaullier ¹, Danis Abrouk ¹, Geneviève Grundmann ¹

¹ Laboratoire d'Ecologie Microbienne (LEM) – Université Claude Bernard - Lyon I, CNRS : UMR5557 – Bâtiment Gregor Mendel, 4ème étage 43, Bd du 11 novembre 1918 69622 VILLEURBANNE, France

Au sein de la rhizosphère, les plantes, par l'intermédiaire de leurs exsudats racinaires, façonnent le rhizo-microbiome et son activité. Généralement, la rhizosphère est analysée dans sa globalité. Or, le long des racines de maïs une différence de structure du sol est observée ; formant soit des rhizo-agrégats ou/ soit un manchon de sol adhérent autour de la racine. Cette compartimentation du sol rhizosphérique suggère un façonnage spécifique de la communauté bactérienne et de son activité. Pour tester cette hypothèse, la diversité des bactéries et l'abondance des fixateurs d'azote ont été analysées pour les différents compartiments sur deux lignées de maïs cultivé dans deux sols distincts. L'analyse des données met en évidence d'une part, que l'abondance des bactéries serait similaire entre les compartiments (données de PCR quantitative) testés, mais la richesse des espèces au sein des rhizo-agrégats est supérieure à celle des manchons (données de séquences Miseq des communautés bactériennes sur rrn 16S)). D'autre part, l'abondance du groupe fonctionnel des fixateurs d'azote, analysée par PCR quantitative (nifH), montre que le compartiment des rhizo-agrégats abrite un groupe plus abondant que le manchon et le sol nu. En conclusion, la comparaison des compartiments de la rhizosphère semble être un facteur influençant la distribution des microorganismes mais aussi leur potentiel phytobénéfique (groupe fonctionnel). En conclusion, la compartimentalisation de la rhizosphère semble être un facteur influençant la distribution des microorganismes et particulièrement les phytobénéfiques (groupe fonctionnel).

Mots-Clés: rhizosphere, microbiote, groupe fonctionnel bacterien

*Intervenant

Microbiote intestinal de la truite arc-en-ciel : déterminismes génétique et alimentaire

Marion Borey * ¹, Christine Burel[†] ², Anne Carbon[‡] ³, Beatrice Lauga[§] ³

¹ Equipe Environnement et Microbiologie (IPREM - EEM) – Université de Pau et des Pays de l'Adour - UPPA (FRANCE) – Pau, France

² INRA Nutrition Métabolisme Aquaculture (Numéa) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) – Saint Pee sur Nivelle, France

³ Equipe Environnement et Microbiologie (IPREM - EEM) – Université de Pau et des Pays de l'Adour [UPPA] – Pau, France

La croissance de l'aquaculture mondiale et la nécessaire préservation des ressources naturelles marine impose de faire évoluer la composition des aliments pour les poissons carnivores d'élevage vers des formules enrichies en végétaux. Cette substitution est cependant limitée par les capacités d'adaptation physiologiques des poissons carnivores à de tels régimes. De nouvelles stratégies de sélection de poissons d'élevage s'imposent donc. Chez les mammifères comme chez les poissons, le microbiote intestinal est garant d'un développement harmonieux car il assure une bonne maturation intestinale. Tout facteur susceptible de modifier sa composition est un frein à la croissance de l'individu. Chez la truite arc-en-ciel l'alimentation alternative est connue pour modifier le microbiote (enrichissement en Protéobacteries et appauvrissement en Firmicutes). Afin de mieux comprendre les relations entre capacités physiologiques, croissance de l'hôte, microbiote intestinal et régime alimentaire chez cette espèce nous avons choisi de considérer l'effet de deux régimes alimentaires (végétal ou marin) sur le microbiote intestinal de trois lignées isogéniques identifiées comme divergentes dans leur réponse à l'alimentation végétale. L'utilisation de lignées minimise les variations inter-individus, source de facteurs confondants dans les analyses et permet d'évaluer l'importance du background génétique. In fine, un déterminisme génétique de l'hôte sur la nature du microbiote se traduirait, pour chaque régime donné, par une faible variation intra-lignée, et par une forte variation inter-lignée. L'étude concerne le microbiote autochtone de l'intestin postérieur de truites juvéniles, élevées depuis leur premier repas avec l'un des deux régimes. La composition des communautés bactériennes a été établie par séquençage (Miseq) ciblant l'ADNr 16S.

Mots-Clés: truite, lignées isogénique, alimentation, microbiote

*Intervenant

[†]Auteur correspondant: cburel@st-pee.inra.fr

[‡]Auteur correspondant: anne.carbon@univ-pau.fr

[§]Auteur correspondant: Beatrice.Lauga@univ-pau.fr

Identification simultanée d'insectes et de leurs microorganismes associés grâce aux nouvelles technologies de séquençage

Perrine Cruaud * ¹, Astrid Cruaud ¹, Jean-Yves Rasplus ¹

¹ CBGP, SPE – Institut National de la Recherche Agronomique - INRA – France

Les insectes jouent un rôle capital dans le fonctionnement des écosystèmes en tant que pollinisateurs, prédateurs, parasitoïdes ou détritivores. Ils peuvent aussi avoir un impact significatif sur les activités agricoles (ravageurs des cultures) ou la santé humaine (vecteurs de maladies infectieuses). Leur physiologie et leur écologie sont intimement liées aux microorganismes qui leur sont associés. Alors que certaines associations peuvent être bénéfiques pour l'hôte, en contribuant à sa survie ou en conférant une résistance contre d'éventuels pathogènes, d'autres peuvent être néfastes, pour la reproduction de l'hôte ou pour l'environnement. La plupart des recherches sur les associations insectes/microorganismes se focalisent sur l'étude d'un unique ordre d'insecte. Peu d'études couvrent différents taxons, ce qui rend difficile l'identification des facteurs généraux gouvernant ces associations. Nous présenterons une méthode haut-débit (NGS) que nous avons adaptée et utilisée pour séquencer plusieurs gènes de l'insecte et de son microbiome sur plusieurs centaines d'échantillons multiplexés. Cette approche permet d'identifier de façon simultanée de nombreuses espèces d'insectes de familles et d'ordres différents ainsi que les microorganismes qui leur sont associés. L'utilisation des NGS permet d'obtenir suffisamment de séquences pour détecter à la fois les symbiontes principaux, qui comptent pour la majorité voir la totalité des séquences dans les méthodes de basse résolution, mais aussi les microorganismes non prédominants. Cette approche devrait ainsi permettre d'étudier le microbiome de nombreux insectes, de faciliter le dépistage d'agents microbiens infectieux et d'identifier des règles générales gouvernant ces associations.

Mots-Clés: Insectes, associations insectes/microorganismes, MiSeq, séquençage haut, débit, multi-génomique

*Intervenant

Evaluation du champignon entomopathogène, *Metarhizium anisopliae*, à titre d'agent de lutte biologique contre les moustiques

Ilhem Mihoubi ^{*† 1}, Ouafa Benserradj ¹

¹ Laboratoire de Mycologie, Biotechnologie et de l'Activité Microbienne – Université des Frères Mentouri - Route d'Ain El Bey- Constantine, Algérie

Dans la recherche de méthode alternative à la lutte chimique, l'utilisation des biopesticides est de plus en plus développée contre les moustiques vecteurs de maladies. Les souches des champignons sont les plus prometteuses dans cette nouvelle perspective. Pour apporter notre contribution, nous nous sommes intéressés à la réalisation d'un bio essai microbiologique en utilisant des souches, de champignons entomopathogènes, locales isolées à partir de différents sols agricoles de Constantine contre les larves de moustiques (*Culex pipiens*). L'identification des souches fongiques isolées était basée sur les caractéristiques morphologiques et l'analyse du gène de l'ARNr 18S. Quatre souches ont été isolées et identifiées comme appartenant à l'espèce entomopathogène *Metarhizium anisopliae*.

La sensibilité des larves de *Culex pipiens* à *Metarhizium anisopliae* a été examinée dans des conditions de laboratoire. Cinq doses ont été utilisées: D1= 105 spores/ml, D2= 106 spores/ml, D3= 107 spores/ml, D4= 108 spores/ml et D5= 109 spores/ml. Nous avons comparé l'efficacité des quatre souches de *M. anisopliae* sur la DL50 et le TL50 des larves de *Culex pipiens*. D'après nos résultats nous avons constaté que la mortalité des larves évolue avec les doses appliquées et la durée de traitement. Les différentes souches ont été révélées très agressives à l'égard des larves traitées. A partir des quatre souches de *Metarhizium anisopliae*, douze molécules ont été purifiées et identifiées par le biais de plusieurs techniques chromatographiques (HPLC) et spectroscopiques (LC/MS et LC/MS/MS), il s'agit des toxines (Destruxines). Ces molécules ont présenté des activités insecticides intéressantes vis à vis des larves de *Culex pipiens*.

Mots-Clés: *Metarhizium anisopliae*, Champignon entomopathogène, Moustiques, *Culex pipiens*, Activité larvicide, Destruxines.

*Intervenant

†Auteur correspondant: mihoubi97@gmail.com

Impact du génotype de *Staphylococcus aureus* et du microbiote vaginal sur le développement du choc toxique staphylococcique d'origine menstruelle

Isaline Jacquemond *^{1,2,3}, Anaëlle Muggeo^{2,3}, Anne Tristan^{2,3}, Jean Thioulouse⁴, Jean-Phillipe Rasigade^{3,5}, Claire Prigent-Combaret¹, Daniel Muller¹, Gérard Lina^{2,3}

¹ Laboratoire d'Ecologie Microbienne (LEM) – Université Claude Bernard - Lyon I, CNRS : UMR5557 – Bâtiment Gregor Mendel, 4ème étage 43, Bd du 11 novembre 1918 69622 VILLEURBANNE, France

² Centre International de Recherche en Infectiologie (CIRI) – École Normale Supérieure (ENS) - Lyon, Université Claude Bernard - Lyon I (UCBL), CNRS : UMR5308, Inserm : U1111 – 21 avenue Tony Garnier 69365 Lyon Cedex 07, France

³ Centre National de Reference des Staphylocoques – PRES Université de Lyon – 103 Grande Rue de la Croix Rousse 69317 Lyon Cedex 04, France

⁴ Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive (LBBE) – CNRS : UMR5558, Université Claude Bernard - Lyon I (UCBL), INRIA – 43 Bld du 11 Novembre 1918 69622 VILLEURBANNE CEDEX, France

⁵ Centre International de Recherche en Infectiologie (CIRI) – École Normale Supérieure (ENS) - Lyon, Université Claude Bernard - Lyon I (UCBL), CNRS : UMR5308, Inserm : U1111 – 21 avenue Tony Garnier 69365 Lyon Cedex 07, France

Le choc toxique staphylococcique d'origine menstruelle (CTSm) est une maladie aiguë rare, induite par *Staphylococcus aureus* chez des jeunes femmes en bonne santé, utilisant des tampons pendant leurs menstruations. 70% des femmes utilisent des tampons, 1 à 4% présentent une colonisation vaginale par une souche de *S. aureus* productrice de la toxine TSST-1, mais seule une faible proportion d'entre-elles développent un CTSm suggérant l'implication d'autres facteurs. L'hypothèse de cette étude est que les clones de *S. aureus* TSST-1+ responsables de CTSm partagent des caractéristiques génétiques déterminant leur virulence et que le microbiote vaginal influence l'écologie et la virulence de *S. aureus* TSST-1+ en contrôlant sa croissance et/ou la production de TSST-1. 13 souches TSST-1+ responsables de CTSm et 13 souches TSST-1+ non responsables de CTSm issues de la collection du CNR des Staphylocoques ont été sélectionnées pour un séquençage complet du génome. L'analyse par génomique comparative est en cours. Une collecte de tampons en conditions normales d'utilisation a été mise en place. À partir de chacun de ces prélèvements, un dépistage de *S. aureus* a été réalisé et le microbiote vaginal a été étudié par une approche de culturomique. Les premiers résultats montrent que 20% des femmes présentent une colonisation vaginale par *S. aureus*. La composition du microbiote vaginal est significativement différente entre les femmes qui portent ou non du *S. aureus* ce qui suggère un rôle du microbiote dans le portage vaginal de *S. aureus*, la première étape dans le développement du CTSm.

Mots-Clés: *Staphylococcus aureus*, Choc toxique menstruel, Microbiote vaginal

*Intervenant

Impact d'amendements organiques urbains sur la prévalence de bactéries pathogènes de l'homme et de gènes de résistance aux antibiotiques dans des sols agricoles subsahéliens au Burkina Faso

Salomon Bouda *¹, Benjamin Youenou², Elisabeth Brothier², Edmond Hien¹, Sabine Favre-Bonté², Sylvie Nazaret²

¹ IRD-Université de Ouagadougou – Burkina Faso

² UMR CNRS 5557 Ecologie Microbienne – Université Claude Bernard - Lyon I (UCBL) – France

Enrichir les sols en matière organique via l'épandage de déchets d'origine urbaine est une pratique commune des agriculteurs dans les zones d'Afrique subsahélienne. Cependant ces déchets sont très souvent utilisés sans sélection ou pré-tri pouvant ainsi constituer un risque pour la santé humaine. Notre étude a porté sur l'impact à long terme de ces pratiques sur 3 sites de la périphérie de Ouagadougou, Burkina Faso. La mesure des propriétés physico-chimiques a révélé sur chaque site une augmentation du pH, de la CEC, des teneurs en matière organique et en métaux sur les parcelles amendées par rapport aux parcelles témoins. L'étude de la prévalence de pathogènes opportunistes au cours de 3 campagnes (2008, 2011 et 2013) a révélé i) la présence sporadique de *Pseudomonas aeruginosa* et de diverses espèces du complexe "cepacia" de *Burkholderia* dans certaines parcelles amendées, et ii) la présence de *Stenotrophomonas maltophilia* dans les parcelles amendées des 3 sites aux 3 campagnes d'échantillonnage et sa présence occasionnelle dans certaines parcelles témoins. Si les isolats de *P. aeruginosa* et du complexe "cepacia" présentent tous un phénotype sauvage de résistance aux antibiotiques ceux de *S. maltophilia* sont tous multi-résistants. La recherche de gènes de résistance aux beta-lactamines, sulfonamides et quinolones n'a pas permis de détecter certains gènes bla et qnr ni dans les amendements ni dans les sols amendés. A l'inverse les gènes sul, blaOXA et blaSHV ont été détectés à des niveaux de 105 à 107 copies.g-1 d'échantillon dans les amendements et les parcelles amendées.

Mots-Clés: épandage de déchets, sol, pathogènes, résistance aux antibiotiques

*Intervenant

Devenir des antibiotiques et des populations d'*E. coli* et d'*Enterococcus* antibiorésistantes le long des continuums hospitalier et agricole.

Fabienne Petit *¹, Thierry Berthe¹, Kenny Oberlé¹, Hélène Budzinski², Marion- Justine Capdeville², Erick Denamur³, Olivier Clermont³, Roland Leclercq⁴, Vincent Cattoir⁴

¹ Morphodynamique continentale et côtière (M2C) – CNRS : UMR6143, Université de Caen Basse-Normandie – IRESE Université de Rouen, France

² Environnements et Paléoenvironnements OCéaniques (EPOC) – École Pratique des Hautes Études [EPHE], Université Sciences et Technologies - Bordeaux I, Observatoire Aquitain des Sciences de l'Univers – Avenue des Facultés - 33405 TALENCE CEDEX, France

³ Infection, Antimicrobiens, Modélisation, Evolution (IAME) – Université Paris XIII - Paris Nord – Faculté de médecine Paris Diderot Paris 7 - site Bichat - 16 rue Henri Huchard 75890 Paris Cedex 18, France

⁴ CHU Caen – CHU Caen – 14074 Caen, France

Un des enjeux majeurs des prochaines décennies sera l'évaluation de la vulnérabilité et de la résilience des eaux à la contamination par des germes fécaux qui, dans les pays industrialisés, s'accompagne d'une contamination par des molécules médicamenteuses dont les antibiotiques. L'objectif du projet multidisciplinaire Flash (GIP Seine – aval, EC2CO CNRS) était d'étudier la relation entre la prescription en antibiotiques, et l'occurrence de bactéries antibiorésistantes et de molécules antibiotiques dans l'eau et les sédiments, à l'échelle d'un continuum rural et d'un continuum hospitalier. Les antibiotiques les plus fréquemment détectés sont les molécules les plus persistantes (fluoroquinolones, sulfamides, macrolides) mais leurs concentrations restent trop faibles (de l'ordre du ng.L-1) pour exercer une pression de sélection sur les microorganismes. L'occurrence de souches d'*E. coli* et d'*Enterococcus* antibiorésistantes dans l'eau résulte de la pression de sélection exercée lors des traitements médicamenteux chez l'homme et des pratiques d'élevages. Des rejets hospitaliers jusqu'à la rivière, la contamination diminue alors que le long du continuum agricole, l'évolution quantitative et qualitative de la contamination, le gradient d'anthropisation (densité humaine et bovine). Le nombre de souches hospitalières porteuses de supports génétiques impliqués dans l'antibiorésistance (intégrons, gène *erm*) décroît le long du continuum hospitalier au profit de souches mieux adaptées à l'environnement. Références : Oberlé K., et al., 2012. *Env. Sci. Technol* , Leclercq R., et al., *AEM*.2013 , Berthe T.,et al., *AEM* 2013.

Mots-Clés: Antibiorésistance bactérienne, eau, antibiotiques, *Escherichia coli*, Enterocoques

*Intervenant

Influence de l'agent de biocontrôle, *Pythium oligandrum*, sur les communautés microbiennes indigènes colonisant les ceps de vigne

Amira Yacoub * ^{1,2}, Jonathan Gerbore ³, Antonin Douillet ⁴, Daniele Candido Da Costa ³, Rémy Guyoneaud ¹, Patrice Rey ⁵

¹ Equipe Environnement et Microbiologie (EEM - UMR IPREM5254) – CNRS : UMR5254 – Université de Pau et des Pays de l'Adour Batiment IBEAS BP1155 64013 PAU Cedex, France

² UMR1065 Santé et Agroécologie du Vignoble (SAVE) – Institut National de la Recherche Agronomique - INRA (FRANCE), BordeauxSciencesAgro – 71 Ave E. BOURLAUX, CS 20032 33882 Villenave d'Ornon, France

³ Biovitis –, ... – France

⁴ UMR1065 Santé et Agroécologie du Vignoble (SAVE) – Institut National de la Recherche Agronomique - INRA (FRANCE), Bordeaux Sciences Aro – 71 Ave E. BOURLAUX, CS 20032 33882 Villenave d'Ornon, France

⁵ UMR1065 Santé et Agroécologie du Vignoble (SAVE) – Institut National de la Recherche Agronomique - INRA (FRANCE), BordeauxSciencesgro – 71 Ave E. BOURLAUX, CS 20032 33882 Villenave d'Ornon, France

Les micro-organismes utilisés comme agents de biocontrôle représentent une voie alternative à l'utilisation des pesticides chimiques. Cependant, pour exercer une protection efficace du végétal un agent de biocontrôle doit s'implanter et persister sur celui-ci, si possible sans perturber la microflore indigène non-pathogène déjà établie. Lors de cette étude, un oomycète isolé à partir de la rhizosphère de la vigne, *Pythium oligandrum*, a été utilisé pour protéger cette plante contre l'esca, une maladie du bois qui rend actuellement 13% du vignoble français improductif. La rhizosphère de portes greffes (SO4, 3309 et 101-14) greffés ou non sur des cépages (Cabernet Sauvignon et Sauvignon Blanc) a été inoculée par *P. oligandrum*. L'estimation par méthode culturale et par qPCR de la colonisation de *P. oligandrum* au niveau des systèmes racinaires a montré que l'oomycète est présent sur les racines, mais en proportion variable selon les associations cépage/porte-greffe utilisées. Chaque porte-greffe présente un taux de colonisation des racines par *P. oligandrum* différent selon l'association ou non avec le Sauvignon Blanc et le Cabernet Sauvignon. Les analyses par empreintes moléculaires (Single Strand Conformation Polymorphism) ont montré que des microflores fongiques et bactériennes complexes et diversifiées colonisaient les feuilles et les racines. La spécificité des communautés selon les organes végétaux a été confirmée. L'introduction de *P. oligandrum* dans la rhizosphère n'a pas induit de bouleversements notables chez les microflores indigènes. Les perspectives d'utilisation de cet oomycète au vignoble seront présentées.

Mots-Clés: oomycète, vignoble, PCR quantitative, empreinte moléculaire

*Intervenant

Occurrence des intégrons dans des sédiments estuariens anthropisés (Seine, France)

Cynthia Oliveira * ^{1,2}, Christine Cagnon ², Thierry Berthe ³, Olivier Barraud ⁴, Marie-Cécile Ploy ⁴, Robert Duran ², Fabienne Petit ³

¹ Morphodynamique continentale et côtière / SFR SCALE (M2C) – CNRS : UMR6143, Université de Rouen – Université de Rouen IRESE B, place Emile Blondel 76821 Mont Saint Aignan cedex, France

² Institut Pluridisciplinaire de Recherche sur l'Environnement et les Matériaux, Equipe Environnement et Microbiologie, groupe MELODY (IPREM - EEM) – CNRS : UMR5254, Université de Pau et des Pays de l'Adour [UPPA] – IBEAS - UFR Sciences BP 1155 64013 PAU CEDEX, France

³ Morphodynamique continentale et côtière / SFR SCALE (M2C) – CNRS : UMR6143, Université de Rouen – Université de Rouen IRESE B, place Emile Blondel 76821 Mont Saint Aignan cedex, France

⁴ Centre de Biologie et de Recherche en Santé (CBRS) – Inserm : UMRS1092, Université de Limoges – 2, Rue Docteur Raymond Marcland Université de Limoges 87025 Limoges, France

Dans les estuaires, les vasières sont des zones de dépôt et stockage de particules auxquelles sont associés les contaminants microbiologiques et chimiques issus du bassin versant. Ces habitats sont favorables à la création d'un résistome (ensemble des gènes de résistance d'un réservoir donné). Ces gènes peuvent être disséminés à l'aide de structures génétiques mobiles telles que les plasmides et les transposons. Les intégrons sont souvent présents sur ces éléments mobiles et sont responsables de la multirésistance aux antibiotiques (intégrons cliniques) et pourraient être aussi impliqués dans la résistance aux contaminants métalliques et organiques (intégrons environnementaux). L'objectif de ce travail était d'étudier l'occurrence des intégrons dans des sédiments prélevés le long d'un continuum " rivière – station d'épuration – Seine " et dans une carotte sédimentaire prélevée en estuaire de Seine. Le suivi des intégrons d'origine clinique a été réalisé via la détection des gènes intI1, intI2 et intI3. Une méthode a été développée pour étudier la diversité des intégrons environnementaux qui ont été détectés dans l'ensemble des échantillons analysés. Ce travail a été réalisé dans le cadre des projets DYNAPAT (GIP – Seine Aval) et DIVINT (EC2CO).

Mots-Clés: intégron, résistome, sédiment, estuaire

*Intervenant

Incidence des organisations urbaines sur le microbiote des eaux de ruissellement et la dissémination de formes pathogènes

Romain Marti * ¹, Jérôme Michalon ², Jean-Yves Toussaint ², Gislain Lipeme Kouyi ³, Laurence Marjolet ¹, Audrey Gleizal ¹, Claire Bernardin ⁴, Didier Blaha ⁴, Sylvie Barraud ⁵, Sébastien Ribun ⁶, Jean-Baptiste Aubin ⁵, Sylvie Vareilles ², Benoit Cournoyer[†] ¹

¹ Laboratoire d'Ecologie Microbienne (LEM) – Université Claude Bernard - Lyon I, CNRS : UMR5557, VetAgro Sup – Ecologie Microbienne, UMR 5557 VetAgro Sup 69280 Marcy l'Etoile, France

² Environnement Ville Société (EVS) – École Normale Supérieure (ENS) - Lyon, Institut National des Sciences Appliquées [INSA] : - LYON, École Nationale des Travaux Publics de l'État [ENTPE], Université Jean Monnet - Saint-Etienne, Université Lumière - Lyon II, Université Jean Moulin - Lyon III, CNRS : UMR5600, École Nationale Supérieure des Mines - Saint-Étienne – 18 Rue Chevreul 69362 LYON CEDEX 07, France

³ Laboratoire de Génie Civil et d'Ingénierie Environnementale (LGCIE) – Institut National des Sciences Appliquées [INSA], Université Claude Bernard - Lyon I (UCBL) : EA4126, Institut National des Sciences Appliquées [INSA], Institut National des Sciences Appliquées [INSA] - Lyon – 20, avenue Albert Einstein - 69621 Villeurbanne cedex, France

⁴ Laboratoire d'Ecologie Microbienne (LEM) – Université Claude Bernard - Lyon I, CNRS : UMR5557 – France

⁵ Laboratoire de génie civil et d'ingénierie environnementale (LGCIE) – Institut National des Sciences Appliquées Lyon – France

⁶ Laboratoire d'Ecologie Microbienne (LEM) – Université Claude Bernard - Lyon I, CNRS : UMR5557, VetAgro Sup – Ecologie Microbienne, UMR 5557 VetAgro Sup 69280 Marcy l'Etoile, France

La ville constitue un écosystème dont les aménagements, les pratiques et usages peuvent conduire à l'introduction de contaminants chimiques et microbiens. Cette étude a pour objectif de définir l'incidence des organisations/activités d'un bassin versant industriel (BVI ; 185 ha) sur le microbiote urbain et la dissémination de bactéries pathogènes. Pour étudier ces relations, le BVI modèle a été divisé en 20 secteurs reflétant ses principales zones d'activités et de ruissellement. Pour chaque secteur, une enquête des pratiques/usages a été réalisée. Les eaux de ruissellement ont été échantillonnées, et les analyses suivantes effectuées: i) dénombrements des indicateurs fécaux bactériens (FIB), et de *Pseudomonas aeruginosa*, ii) classification méta-taxogénomique d'ADNr 16S, iii) PCR quantitative (q) des marqueurs de l'origine de la contamination fécale, iv) PCRq des int des intégrons de classe 1, 2 et 3, et v) mesure de paramètres physico-chimiques. Ces analyses ont permis d'observer une contamination fécale d'origine animale élevée, atteignant des niveaux similaires à ceux rencontrés en zones agricoles. *P. aeruginosa* a montré une prévalence de 40% avec des concentrations similaires à celles rencontrées dans les eaux usées. Certains secteurs ont présenté une contamination fécale humaine associée à la présence d'intégrons de type 1 qui peuvent être impliqués dans la dissémination de résistances aux antibiotiques. Les intégrons 2 et

*Intervenant

†Auteur correspondant: benoit.cournoyer@univ-lyon1.fr

3 ont montré une forte occurrence. Les données de méta-taxogénomique sont en cours d'analyse et seront décrites lors de la présentation. Ces travaux suggèrent une relation entre pratiques urbaines et structure des microbiotes.

Mots-Clés: Ecologie urbaine, microbiotes, pathogènes, environnement

Exploration du microbiote cultivable des fluides circulatoires d'invertébrés marins présentant une activité anti-microbienne

Clément Offret * ¹

¹ Laboratoire Universitaire de Biodiversité et d'Ecologie Microbienne (LUBEM EA 3882) – Université de Brest – Institut Universitaire de Technologie de Quimper, Bâtiment G, 2 rue de l'Université, 29000 Quimper., France

Bien que les invertébrés marins et particulièrement les cnidaires soient à l'origine du concept d'hologénome, peu d'études ont été menées chez les arthropodes, mollusques et échinodermes. Après avoir quantifié les microbiotes cultivables des fluides circulatoires de mollusques (hémomicrobiote cultivable (h-mc) de moules et ormeaux) et d'échinodermes (coelomicrobiote (c-mc) d'oursins et holothuries), nous avons exploré leur potentiel rôle de bouclier microbien. Ainsi, les c-mc des échinodermes et les h-mc des mollusques (n=15) collectés pendant l'hiver et l'été 2014 dans l'archipel des Glénan ont été dénombrés sur Marine agar et PDA. L'activité anti-microbienne de 2172 isolats a ensuite été évaluée.

Une importante variabilité inter-individuelle a été détectée dans les h-mc des mollusques collectés à l'hiver 2014 ([h-mc]Moule = $3,66 \pm 1,14 \log_{10} \text{ UFC.mL}^{-1}$; [h-mc]Ormeau = $2,26 \pm 1,68 \log_{10} \text{ UFC.mL}^{-1}$) et inter-classe dans les c-mc ([c-mc]Holothuries = $4,76 \log_{10} \text{ UFC.mL}^{-1} \pm 0,44$; [c-mc]Oursin

Pendant l'été 2014, les concentrations bactériennes des c-mc et h-mc ne variaient pas tandis que le nombre de souches bioactives avait diminué de 60%. Il apparaît donc que l'hôte mais également la saison influence la concentration et la diversité des bactéries présentant des activités anti-microbiennes chez les invertébrés marins étudiés. L'utilisation d'une approche métagénomique est envisagée afin de décrire de manière exhaustive la diversité du microbiote associé à ces invertébrés.

Mots-Clés: invertébrés marins, microbiote, hologénome, fluide circulatoire, hémolymphe, liquide coelomique, activité anti, microbienne

*Intervenant

Isolement de ‘Methanomethylophilus alvus’ gen. nov., sp. nov., archée méthanogène appartenant au cluster digestif de l’ordre des Methanomassiliicoccales apparentée aux Thermoplasmatales et proposition de Methanomethylophilaceae, fam. nov.

Nadia Gaci *¹, Wajdi Ben Hania², Guillaume Borrel^{1,3}, Prem Prashant Chaudhary¹, Marie-Laure Fardeau², William Tottey¹, Monique Alric¹, Paul W. O’toole³, Bernard Ollivier², Jean-François Brugere¹

¹ EA 4678 CIDAM, CRNH Auvergne – Université d’Auvergne - Clermont-Ferrand I – Clermont Ferrand, France

² MEB, Institut Méditerranéen d’Océanographie – Aix-Marseille Université - AMU – Marseille, France

³ Alimentary Pharmabiotic Centre – University College Cork, Cork, Irlande

Nous rapportons l’isolement de ‘Methanomethylophilus alvus’ gen. nov, sp. nov, une archée méthanogène issue du microbiote fécal humain. Cette archée appartient à l’ordre des Methanomassiliicoccales, seul ordre méthanogène récemment décrit appartenant à la super-classe Diaforarchaea. Elle utilise l’hydrogène comme donneur d’électrons et le méthanol comme accepteur final d’électrons pour produire du méthane. ‘Methanomethylophilus alvus’ et ‘Methanomassiliicoccus luminyensis’ (Dridi et al, 2012) sont les seuls représentants actuellement isolés de cet ordre. Alors que ‘M. luminyensis’ appartient à un clade où les incultivés ont des origines environnementales diverses (tubes digestifs, mais également environnements terrestres et marins), ‘M. alvus’ appartient à un clade où la plupart des incultivés sont originaires d’environnements digestifs et présente au niveau génomique des signatures d’adaptation à cet environnement. La prise en compte également de la faible identité de séquence de l’ARNr 16S amène à la proposition de la famille ‘Methanomethylophilaceae’. L’isolement de cette méthanogène représente une étape importante dans la mesure où il permettra de mieux comprendre (i) le rôle écologique joué par les Methanomassiliicoccales dans la nature, y compris le tractus digestif, que ce soit chez le termite, l’Homme ou les ruminants et (ii) l’évolution plus particulièrement de la méthanogenèse et de l’utilisation du 22ème acide aminé Pyrrolysine. Enfin, cet isolement permettra d’évaluer leur potentiel comme probiotiques d’origine archéenne (‘archaeobiotics’) préventifs de pathologies humaines telles que la triméthylaminurie ou l’athérosclérose du fait de leurs propriétés métaboliques uniques au sein du tractus digestif de l’Homme.

Mots-Clés: Methanomethylophilus alvus, Methanomassiliicoccales, Diaforarchaea, Archaea, méthanogène, microbiote intestinal.

*Intervenant

Ecologie de *Vibrio* spp. en Manche-Mer du nord : distribution, abondance et diversité de souches potentiellement pathogènes pour l'homme et les animaux dans des conditions environnementales contrastées

Dominique Hervio-Heath ^{*† 1}, Amadou Tall ¹, Joelle Cozien ¹, Solen Lozach ¹, Elvire Antajan ², Regis Delesmont ³, Aurelie Touron-Bodilis ⁴

¹ IFREMER – Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique, Ministère de l'Ecologie, du Développement durable et du Transport – ZI Pointe du Diable BP 70 29280 PLOUZANE, France

² IFREMER – Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique, Ministère de l'Ecologie, du Développement durable et du Transport – 150 quai Gambetta 62200 Boulogne Sur Mer, France

³ Eurofins IPL Environnement – Néant – Route du Grand Colombier/Port 8961 59820 GRAVELINES, France

⁴ EDF - CIDEN Environnement (centre d'ingénierie déconstruction et environnement) – Néant – 154 avenue Thiers CS60018 69458 LYON Cedex 06, France

Les *Vibrio* spp. potentiellement pathogènes pour l'homme sont présents dans les eaux côtières françaises. Les cas d'infections humaines reportés chaque année sont peu nombreux (134 recensés en France entre 1995 et 2009, Quilici et al., 2011) mais le risque pourrait s'accroître en raison de la consommation de produits de la mer crus, de l'impact des activités anthropiques et du réchauffement climatique sur le milieu marin. Une meilleure compréhension de l'écologie de ces bactéries est un pré-requis à la mise en place d'une surveillance environnementale. C'est dans ce contexte qu'une étude comprenant 1) dénombrement et isolement de souches *Vibrio* spp. et 2) mesure in situ de paramètres environnementaux, a été conduite en Manche-Mer du Nord entre mai 2009 et septembre 2011 (Projet VibrioManche).

Environ 4000 souches *Vibrio* spp. ont été isolées sur TCBS à 22C et 37C et identifiées par qPCR et/ou séquençage des gènes *pyrH* et *toxR* (Tall et al., 2012, 2013). A 37C, 17 espèces ont été recensées (9 campagnes), *V. alginolyticus* (> 55%) et *V. harveyi* (> 10%) étant les plus représentées, les pathogènes humains étant rares. Parmi les 23 espèces isolées à 22C (2 campagnes), *V. splendidus* est dominante en hiver et *V. celticus* en été. Les abondances des vibrions cultivables à 37C et à 22C présentent des dynamiques saisonnières distinctes.

Cette étude met en évidence les modifications importantes de la structure et de l'abondance des populations de *Vibrio* cultivables à 37C et à 22C et potentiellement pathogènes pour l'homme et les animaux marins, dans des conditions environnementales contrastées.

Mots-Clés: *Vibrio* spp cultivables, écologie, biodiversité, milieu marin, qPCR, gènes *pyrH* et *toxR*

*Intervenant

†Auteur correspondant: Dominique.Hervio.Heath@ifremer.fr

Liste des auteurs

Abbad, Samir, 108
Abrantes, Magali, 87
Abrouk, Danis, 122
ACHOUAK, Wafa, 38, 98, 113
Achouak, Wafa, 94, 114
ADDOU, Nariman, 24
Ader, Magali, 25
Agogu , H l ne, 77
AGOGUE, H l ne, 25
Aigle, Axel, 76
AISSAOUI, Ghozlane, 81
Akroume, Emila, 3, 93
Alain, Karine, 10
Albertelli, Marine, 39, 66
Almakki, Ayad, 67
Almudena, Gonzalez Mula, 83
Alphonse, Vanessa, 107, 108
ALRIC, Monique, 134
Alsop, Eric, 6
Amalric, Laurence, 54
Amato, Pierre, 8, 106
amin ali, oulfat, 113
Amouroux, David, 102
Amziane, Meriam, 13
Angeli, Nicolas, 93
Anschutz, Pierre, 92
ANTAJAN, ELVIRE, 135
Archambault, Philippe, 49
ARROUA, Boussad, 12
ARROUAYS, Dominique, 18
aschi, amira, 90
Attard, El onore, 42
Aub , Johanne, 15, 45, 97, 112
Aubert, Micha l, 90
Aubin, Jean-Baptiste, 131
Auer, Lucas, 31
Auguet, Jean-Christophe, 20

B rard, Annette, 11, 64
Bach, Cyrille, 93
BAKHOUM, Niokhor, 82
Balland-Bolou- Bi, Clarisse, 107
Balland-Bolou-Bi, Clarisse, 108
Bancon-Montigny, Chrystelle, 68
BARAKAT, Mohamed, 38
Barakat, Mohamed, 69, 94
Baran, Nicole, 101
Barhdadi, Rachid, 107
Barnard, Romain, 4
Barraud, Olivier, 130

Bartoli, Manon, 15, 112
BATAILLER, Nicole, 84
Batisson, Isabelle, 36
Battaglia-Brunet, Fabienne, 100
Beguet, J r mie, 35
Ben Haj Yahiya, Marouen, 115
BEN HANIA, Wajdi, 134
Ben Hania, Wajdi, 24, 27, 111
Ben Hriz, Ichrak, 115
Ben Khelil, Meriem, 115
Ben Maamar, Sarah, 10
Ben Said, Olfa, 115
Bena ssa, Fatma, 26
Bennisse, Rhizlane, 110
BENSERRADJ, Ouafa, 125
Bernard, C cile, 25
Bernard, Guillaume, 92
Bernard, Maria, 31
Bernardin, Claire, 131
Berrehouc, Anne, 54
Berthe, Thierry, 56, 128, 130
Berthomieu, Catherine, 69
Bertrand, C dric, 59
BERTRAND, Marie, 98
BES, M line, 7
Bes, M line, 26
Besaury, Ludovic, 41
Besse-Hoggan, Pascale, 36, 61
Beugnot, R jane, 57
Beyrem, Hamouda, 115
Bizouard, Florian, 4
Blaha, Didier, 131
BLAIN, Stephane, 79
BLANCHET, Elodie, 84
Blin, Pauline, 2
Bodilis, Josselin, 62
Boeuf, Dominique, 95
Boggio, Baptiste, 35
BONIN, Patricia, 58
Bonin, Patricia, 76, 92
Bonnefoy, Violaine, 114
Bonnemoy, Fr d rique, 61
bonnet, jean-louis, 118
BOREY, Marion, 123

BORREL, Guillaume, 134
 Bouacem, Khelifa, 14
 Bouallagui, Hassib, 111
 Bouanane, Amel, 24
 Bouanane-Darenfed, AMEL, 14
 Bouchez, Olivier, 39, 97
 Bouda, Salomon, 127
 Bouget, François-Yves, 9, 43
 BOURCERET, Amélia, 71
 Bouriat, Patrick, 12
 Bousserrhine, Noureddine, 107, 108
 Boust, Dominique, 56
 Bouterfas, Radia, 110
 Bouvy, Marc, 25, 68
 Branchu, Priscilla, 91
 Brechet, Claude, 93
 Bressy, Christine, 48, 52
 Breton, Vincent, 53
 Breuil, Marie-Christine, 4
 Breuker, Anja, 10
 Briand, Jean-François, 48, 52
 bricheux, geneviève, 118
 Bringel, Françoise, 40
 Brochier-Armanet, Céline, 27
 Brothier, Elisabeth, 127
 Bru, David, 4
 Bruez, Emilie, 121
 BRUGERE, Jean-François, 134
 Buée, Marc, 3, 93
 Budzinski, Hélène, 50, 128
 Buquet, Sylvaine, 55
 BUREL, Christine, 123
 Burgaud, Gaetan, 10

 Cébron, Aurélie, 34, 62, 71
 Cadeau, Pierre, 25
 Cagnon, Christine, 42, 130
 CALAS, Aude, 44
 Calderon, Kadiya, 4
 Calvayrac, Christophe, 59
 Camiade, Mathilde, 55
 CAMUS, Arantxa, 99
 Candido da Costa, Daniele, 129
 Canette, Alexis, 96
 Cantarel, Amélie, 78
 Cao Van Tuat, Lise, 15
 Caparros, Jocelyne, 103
 Capdeville, marion-justine, 128
 Capowiez, Line, 11
 CARBON, Anne, 123
 Carles, Louis, 36
 CARLIER, Elisabeth, 105

 Carlier, Elisabeth, 110
 Casiot, Corinne, 100
 Cattoir, Vincent, 128
 Cauquil, Laurent, 31
 Cayol, jean-luc, 14
 CAYOL, Jean-Luc, 13
 Cayol, Jean-Luc, 24
 Cazaux, David, 116
 Cazier, Thibaut, 85, 86
 Cecillon, Sébastien, 56
 Cellamare, Maria, 25
 Chédri, Nicolas, 43
 Chabert, Nicolas, 113, 114
 Chaftar, Naouel, 55
 CHANEAC, Corinne, 98
 Chang, Kok-Gan, 2
 Changey, Frédérique, 81
 Chapon, Virginie, 69
 Chardon, Patrick, 53
 Charron, Mickael, 101, 116
 CHAUDHARY, Prem Prashant, 134
 Chaumerliac, Nadine, 106
 CHEMIDLIN PREVOST-BOURE, Nicolas, 18
 Cheviron, Nathalie, 63
 Chong, Teik-Min, 2
 Ciobanu, Maria-Cristina, 10
 Clermont, Olivier, 128
 Clombano, Stefan, 116
 Cloutier, Olivier, 49
 Colin, Yannick, 80, 102
 Comte, Gilles, 29
 Conan, Pascal, 9, 47
 Cooper, Jean-François, 59
 Coquery, Marina, 37
 Coronel, Anaïs, 11
 Corselis, Yanick, 58
 Couic, Ewan, 107
 Coulon, Frédéric, 115
 COUPAT-GOUTALAND, Bénédicte, 120
 Cournoyer, Benoit, 131
 COZIEN, JOELLE, 135
 Crampon, Marc, 62
 Cravo-Laureau, Cristiana, 15, 42
 Crispi, Olivier, 9, 47
 Crouzet, Olivier, 63
 crouzet, olivier, 61, 64, 66
 CRUAUD, Astrid, 124
 CRUAUD, Corinne, 18
 Cruaud, Perrine, 124
 Cuny, Philippe, 58
 Czarnes, Sonia, 11

d'Abzac, Paul, 96
 Dabrin, Aymeric, 37
 DANG, Duc Huy, 73
 Darenfend Bouanane, Amel, 13
 Davail, Stéphane, 105
 Dayan, Franck, 59
 de Fouquet, Chantal, 71
 Debroas, Didier, 8
 Deflandre, Bruno, 92
 Defois, Clémence, 57
 Deguillaume, Laurent, 8, 87, 106
 DELESMONT, REGIS, 135
 DELORT, Anne Marie, 8
 Delort, Anne-Marie, 47, 87, 106
 Delpy, Floriane, 73
 Denamur, Erick, 128
 DENET, Elodie, 120
 Denonfoux, Jérémie, 22
 Dequiedt, Samuel, 17, 18
 Desbrières, Jacques, 96
 Devers, Marion, 63
 Devers-Lamrani, Marion, 35, 59
 DIOUF, Diégane, 82
 DIOUF, Fatou, 82
 DOBERVA, Margot, 84
 Dolla, Alain, 27
 Douillet, Antonin, 129
 Doussan, Claude, 11
 Drelin, Yannick, 25
 Druilhe, Céline, 119
 Dubois, Caroline, 90
 Dubost, Audrey, 78
 Dufresne, Alexis, 10
 Dupuy, Christine, 77
 Duran, Robert, 5, 42, 50, 74, 115, 130
 Durrieu, Gaël, 73
 DUSSUD, Claire, 47
 Duval, Charlotte, 25

 Elhouari, Abdelaziz, 110
 ENNOURI, Habiba, 99
 Ennouri, Habiba, 96
 EPARVIER, Veronique, 84
 EPRON, Daniel, 81
 ERAUSO, Gaël, 27
 Erauso, Gaël, 7, 21, 26, 111
 Escudier, Frederic, 31

 Fadhlaoui, Khaled, 27, 111
 FALL, Dioumacor, 82
 FALL, Fatoumata, 82
 FARDEAU, Marie-Laure, 24, 134
 Fardeau, Marie-Laure, 13, 14, 27, 111
 Fauque, Guy, 24
 Faure, Denis, 2, 83
 Favre-Bonté, Sabine, 120, 127
 FERANDIN, Yoan, 84
 Fernandes, Sheryl, 92
 Ferreira, Stéphanie, 22
 Fevrier, laureline, 69
 Flachet, Margot, 20
 forestier, christiane, 118
 Fouilland, Eric, 25
 fouilland, eric, 32
 Foulquier, Arnaud, 37
 Fournier, Matthieu, 56
 Fromageot, Dominique, 47
 Fuduche, Maxime, 16

 Gérard, Emmanuelle, 25
 Gaboyer, Frédéric, 10
 gaci, nadia, 134
 Gahou, Josiane, 37
 Galès, Amandine, 30
 Gamma de Matos, Joao, 25
 Garnier Zarli, Evelyne, 107
 Garnier, Cédric, 52, 73, 74
 Garnier, Josette, 85
 GASC, Cyrielle, 57
 Gassie, Claire, 39
 Gaudin, Philippe, 5
 Gaullier, Céline, 122
 Gerbore, Jonathan, 121, 129
 Ghiglione, Jean-François, 41, 47, 48, 74
 Ghosh, Upal, 72
 GIGON, Agnès, 81
 GIRARD, Lea, 84
 Giusti-Miller, Stéphanie, 107
 Gleizal, Audrey, 131
 Goñi Urriza, Marisol, 68
 Goñi-Urriza, Marisol, 39, 97, 112
 Goni, Maria Soledad, 102
 Goni-Urriza, Maria Soledad, 15, 45
 Gonzalez, Aridane, 46
 Gonzalez, Catherine, 68
 Got, Patrice, 25
 Goulas, Philippe, 91
 Goutx, Madeleine, 43
 Greule, Markus, 40
 Grimaldi, michel, 107
 GRIMAUD, Régis, 99
 Grimaud, Régis, 12, 91, 96
 Grondin, Virginie, 63
 Grundmann, Geneviève, 122

Guégan, Hervé, 53
 Guasco, Sophie, 76, 92
 Guedron, Stéphane, 102
 Guerin-Dubrana, Lucia, 121
 Gueux, Aurore, 9
 Guigue, Catherine, 43
 Guillou, Thibault, 67
 Guyoneaud, Rémy, 5, 15, 39, 45, 102, 105, 110, 112, 129
 Guyonnet, Julien, 78, 94

 Hélias, Valérie, 2
 Hacene, Hocine, 24
 Haichar, Feth el Zahar, 78, 94
 HAKIL, Florence, 99
 Hakil, Florence, 91
 Hamdi, Moktar, 27, 111
 HAMEL, LYLIA, 32
 Hamelin, Jérôme, 30
 Hamidat, Mohamed, 38
 Haouïsse, Alex, 50
 Head, Ian, 6
 Hellal, Jennifer, 51, 104, 116
 HERMON, Louis, 104
 Hermon, Louis, 116
 Hernandez-Raquet, Guillermina, 31
 HERVIO-HEATH, DOMINIQUE, 135
 Hien, Edmond, 127
 Hirschler-Réa, Agnès, 15, 45, 112
 HOCHER, Valérie, 82
 HORRIGUE, Walid, 18
 Hossan, Christian, 93
 Houot, Sabine, 17
 Hubas, Cédric, 95, 103

 Idouhammou, Lahcen, 110

 Jézéquel, Didier, 25
 JACQUEMOND, Isaline, 126
 Jamet, Dominique, 73
 Jeanthon, Christian, 95
 Jeffrey, Wade, 43
 Jesus, Bruno, 95
 Jeziorski, Céline, 97
 JOLIVET, Claudy, 18
 Jolly, Louis, 51
 Joly, Muriel, 36, 87
 Joly, Pierre, 61
 Joulian, Catherine, 100, 101, 104, 116
 Joux, Fabien, 43
 Jumas-Bilak, Estelle, 67

 Kaci-Benaïcha, Assia, 56

 Keppler, Frank, 40
 Khayi, Slimane, 2
 khelifi, douadi, 32
 Kish, adrienne, 69
 Kjellerup, Birthe, 72
 Klopp, Christophe, 39, 97
 Krasovec, Marc, 58

 Laboulanger, Christophe, 25
 Lacassagne, Antoine, 103
 Lafabrie, Céline, 68
 Lalande, L, 54
 Lambert, Anne-Sophie, 37
 Lambert, Stefan, 9
 LAMI, Raphaël, 84
 Lamy, Dominique, 103
 Lamy, Isabelle, 66
 Lang, Julien, 83
 Larcohe-Ajzenberg, Emilie, 23
 Latour, Xavier, 23
 Lauga, Béatrice, 5, 74
 LAUGA, Beatrice, 50, 123
 Laurent, Yannick, 22
 Laval, Karine, 23
 Lavergne, Céline, 77
 Laverman, Annet, 85, 86
 Lazorthes, Laure, 20
 Le Derf, Franck, 62
 Le Floc'h, Emilie, 25
 Le Mer, Jean, 27
 Le Poupon, Christophe, 52, 73
 Leboulanger, Christophe, 32
 Leclercq, Roland, 128
 Lecomte, Pascal, 121
 Leflaive, Joséphine, 46
 Legendre, Laurent, 11
 Legeret, Bertrand, 61
 LELIEVRE, Mélanie, 18
 Lemaire, Jacques, 47
 LERCH, Thomas, 81
 Lesueur, Patrick, 56
 LEYVAL, Corinne, 71
 Licznar-Fajardo, Patricia, 67
 LINA, Gérard, 126
 Lipeme Kouyi, Gislain, 131
 LIU, Wei, 98
 Livet, Alexandre, 108
 Lombard, Nathalie, 72
 Lomenech, Anne-Marie, 96
 Lotfi, Jinane, 94
 LOZACH, SOLEN, 135

 Magot, Michel, 20

Mahjoub, Olfa, 54
 Mallet, Clarisse, 53, 64
 Mallet, clarisse, 61
 Mallet, Julie, 25
 Maman, Sarah, 31
 Maria, Eric, 9
 Mariadassou, Mahendra, 31
 Marjolet, Laurence, 131
 Maron, Pierre Alain, 17, 18
 MARON, Pierre-Alain, 64
 Marraud, Christelle, 64
 Marsal, François, 20
 Marti, Romain, 131
 Martin-Laurent, Fabrice, 35, 59, 63
 MARTINS, Jean, 44
 Mary, Isabelle, 8
 Masnou, Agnès, 67
 Mauffret, Aourel, 54, 101, 116
 Maynaud, Géraldine, 119
 Mc Kindsey, Christopher, 49
 MEI, Nan, 7, 21, 26
 Mejri, Hames, 86
 Menez, Bénédicte, 26
 Mercier, Vincent, 17
 Merlin, Chloé, 35
 Mesnage, Valérie, 41
 Meziane, Tarik, 95
 Michalon, Jérôme, 131
 Michel, Caroline, 51, 54
 Michotey, Valérie, 76, 92
 MIHOUBI, ILHEM, 125
 Militon, Cécile, 58
 Misson, Benjamin, 73, 74
 Moënné-Loccoz, Yvan, 29
 Mombo, Stéphane, 46
 Mone, Anne, 8
 Monfort, Patrick, 67
 Monperrus, Mathilde, 39, 102, 105
 Montenach, Denis, 17
 MONTI, Dominique, 50
 Morin, Soizic, 37
 Mortillaro, Jean-Michel, 103
 Mosser, Thomas, 67
 Moumni, Mohieddine, 2
 MOUNIER, Julie, 99
 Mounier, Julie, 91
 Moussard, Hélène, 68
 Mouvet, Christophe, 51
 MUGGEO, Anaëlle, 126
 MULLER, Daniel, 29, 122, 126
 Nélieu, Sylvie, 64
 Naïtali, Muriel, 91
 Naïtali, Murielle, 96
 Nadalig, Thierry, 40
 NATECHE, FARIDA, 13
 Nateche, Farida, 14
 Nazaret, Sylvie, 120, 127
 Nicolas, Theodorakopoulos, 69
 Nicolitch, Oceane, 80
 Noel, Cyril, 42
 Norini, Marie-Paule, 23
 Nowak, Virginie, 17
 Nozais, Christian, 49
 O'TOOLE, Paul W., 134
 Oberlé, Kenny, 128
 Obernosterer, Ingrid, 103
 Offret, Clément, 133
 Oliveira, Cynthia, 130
 OLLIVIER, Bernard, 7, 21, 26, 134
 Ollivier, Bernard, 15, 16, 27, 45, 111, 112
 Ollivier, Patrick, 51
 ORTET, Philippe, 38
 Ortet, Philippe, 69, 94
 ory, jérôme, 118
 Oudart, Anne, 8
 Ouddane, Baghdad, 41
 Oueslati, Ridha, 96
 Pédrón, Jacques, 2
 Pérez Bernal, María Fernanda, 15, 45, 112
 Pando, Anne, 81
 Parisot, Nicolas, 57
 Pascal, Géraldine, 31
 Pawlak, Barbara, 55
 Payri, Claude, 7, 21, 26
 Pedrero, Zoyne, 39
 Pedrotti, Maria-Luiza, 47
 PELANDAKIS, Michel, 120
 PELLETIER, Bernard, 7, 21
 pelletier, bernard, 26
 Perrin, Jean-Louis, 67
 Persillon, Cécile, 27
 Pesce, Stéphane, 37
 Petit, Fabienne, 56, 128, 130
 Peyret, Pierre, 57
 Peyretailade, Eric, 57
 Philippot, Laurent, 4, 88, 89
 Pierre, Fabienne, 83
 Piette, Laurie, 69
 Ploy, Marie-Cécile, 130
 Point, Victorien, 103
 Pokrovsky, Oleg, 46

Pollet, Thomas, 48, 49
 Portet-Koltalo, Florence, 62
 Postec, anne, 111
 postec, anne, 7, 21, 26, 27
 Pourcher, Anne-Marie, 119
 Pradel, Nathalie, 16
 PRIGENT-COMBARET, Claire, 29, 126
 PRINGAULT, Olivier, 68, 74
 Pujo-Pay, Mireille, 47

 Qatibi, Abdel-Allah, 110
 quémeneur, marianne, 7, 21, 26
 Quénette, Fanny, 86
 Quillet, Laurent, 41

 Rédou, Vanessa, 10
 Raimonet, Mélanie, 85, 86
 Ranchou-Peyruse, Anthony, 12
 RANJARD, Lionel, 18
 Raoul des Essarts, Yannick, 2
 RASIGADE, Jean-phillipe, 126
 RASPLUS, Jean-Yves, 124
 Rehel, Karine, 52
 Rembauville, Mathieu, 79
 Renoud, Sébastien, 29
 Rey, Patrice, 121, 129
 Rezgui, Faten, 115
 Riah-Anglet, Wassila, 23, 55
 Ribière, Céline, 57
 Ribun, Sébastien, 131
 RICHAUME, Agnès, 44
 Rimet, Frédéric, 64
 Risser, Théo, 50
 Rocher, Vincent, 85, 86
 Rodríguez, Germán Cuevas, 15, 45, 112
 Rols, Jean-Luc, 46
 Romdhane, Sana, 59
 Roose-Amsaleg, Céline, 85, 86
 Rouard, Nadine, 35, 63
 Rouaud, Vanessa, 5
 Royer, Pierrick, 3
 Ruy, Stéphane, 11

 SABY, Nicolas P. A., 18
 Sadet-Bourgeteau, Sophie, 17
 Saint-André, Laurent, 3, 93
 Salles, Christian, 67
 Salter, Ian, 79
 Sancelme, Martine, 87, 106
 Santaella, Catherine, 38, 98
 Sarazin, Gérard, 25
 Schatt, Philippe, 9, 43
 Schippers, Axel, 10

 Schumann, Peter, 24
 Senin, Pavel, 97
 Sergeant, Claire, 53
 Sialve, Bruno, 30
 SIMON, Laurent, 94
 Simon, Laurent, 78
 Simon, Maryse, 96
 SIMONIN, Marie, 44
 SIVADON, Pierre, 99
 Sivadon, Pierre, 91, 96
 Souza Brito, Elcia Margareth, 15, 45, 112
 Sowers, Kevin, 72
 Spor, Aymé, 4
 Spröer, Cathrin, 24
 Steyer, Jean Philippe, 30
 STIEN, Didier, 84
 Susperregui, Nicolas, 5
 Sylvi, Léa, 58

 Taib, Najwa, 8
 TALL, AMADOU, 135
 Tapie, Nathalie, 50
 Tardy, Vincent, 17
 Tedetti, Marc, 43
 Terrat, Sébastien, 17
 TERRAT, Sebastien, 18
 Terrisse, Fanny, 42
 Tessier, Emmanuel, 102, 105
 Texier, Frédéric, 22
 Thiney, Najet, 95, 103
 THIOULOUSE, Jean, 126
 THOMAS, François, 71
 Thomas, François, 34
 togola, anne, 118
 TOTTEY, William, 134
 Tournoud, Marie-Georges, 67
 TOURON-BODILIS, AURELIE, 135
 Toussaint, Bruce, 11
 Toussaint, Jean-Yves, 131
 traore, ousmane, 118
 Trinsoutrot-Gattin, isabelle, 23, 90
 TRISTAN, Anne, 126
 Tsesmetzis, Nicolas, 6
 Turpault, Marie-Pierre, 80

 Urios, Laurent, 12, 20
 Uroz, Stephane, 80
 Urvois, Félix, 52
 UZU, Gaëlle, 44

 Vaïtilingom, Mickaël, 106
 Vacheron, Jordan, 29
 Vallance, Jessica, 121

Van Gijsegem, Frédérique, 2
Vandenkoornhuyse, Philippe, 10
Vareilles, Sylvie, 131
Vesvres, Marie-Hélène, 53
Vidal, Katia, 31
Vigneron, Adrien, 6
Vinatier, Virginie, 87, 106
Violle, Cyrille, 4
Viollier, Eric, 86
Volat, Bernadette, 37
Vuillemier, Stephane, 116
Vuilleumier, Stéphane, 40, 104

Wéry, Nathalie, 119
Wahl, Céline, 22
Walker, Vincent, 29
Wery, Nathalie, 30
Wille, Guillaume, 51
WINCKER, Patrick, 18
Wirgot, Nolwenn, 87

Yacoub, Amira, 129
Yang, Jingwei, 73
Youenou, Benjamin, 127

Zaghmouri, Imen, 92
Zeller, Bernd, 3, 81, 93
zhonglin, li, 21
Ziebal, Christine, 119
Zirah, Séverine, 69

