



# 11<sup>e</sup> congrès de l'Association Francophone d'Écologie Microbienne

🕒 Mardi 17 - Vendredi 20 octobre 2023

📍 Carqueiranne, Var

MERCREDI 18 OCTOBRE 2023

## « Interactions biotiques »

- 8h30** Ouverture du colloque par le président de l'Université de Toulon Pr **Xavier Leroux** et par le vice-président de l'AFEM Pr **Rémy Guyoneaud**
- 9h00** **Conférence invitée** : **Pierre Galand**, LECOB, Banyuls  
Microorganismes associés aux coraux dans l'océan Pacifique, des communautés aux génomes
- 9h40** **Jeanne Naudet**, MARBEC, Montpellier  
Caractérisation du pathobiome associé au macroplastique et de ses antibiorésistances dans une ferme aquacole tropicale
- 10h00** **Gaëlle Bednarek**, EBI, Poitiers  
Les amibes, vecteurs de bactéries pathogènes dans les eaux côtières ?
- 10h20** **Thibault Meyer**, LEM, Lyon  
Antibiorésistance environnementale : rôle de l'interaction bactéries - amibes
- 10h40** Pause café
- 11h10** **Nicolas Gallois**, LIEC, Nancy  
Devenir du phénanthrène dans l'holobionte peuplier-microorganismes révélé par ADN-SIP.
- 11h30** **Liam Laurent-Webb**, ISEB, MNHN Paris  
Graine ou sol : recherche aux sources primaires du mycobiote
- 11h50** **Cécile Monard**, ECOBIO, Rennes  
Mise en évidence d'une nouvelle voie de communication inter-règles entre les plantes et leur microbiote rhizosphérique
- 12h10** **Rana Haidar**, IPREM, Pau  
Interactions 'champignon-bactérie' : Conséquences sur la dégradation du bois de la vigne
- 12h30** Déjeuner

## « Écologie fonctionnelle & biogéochimie »

- 14h00** **Conférence invitée : Cécile Gubry-Rangin**, University of Aberdeen (Ecosse)  
Démêler les mécanismes de l'adaptation écologique et évolutive des archées
- 14h40** **Matéo Léger-Pigout**, MIO, Marseille  
Marées brunes dans les Caraïbes et prolifération des sargasses pélagiques dans The Great Atlantic Sargassum Belt: les protéobactéries diazotrophes des algues du biofilm, des acteurs importants du cycle de l'azote
- 15h00** **Marc Lacombe**, CARTELE, Thonon-les-Bains  
La Paléo-microbiologie un outil pour l'étude de la trajectoire écologique des lacs: l'ADN et l'ARN sédimentaire
- 15h20** **Dimitri Kalenitchenko**, LIENSS, La Rochelle  
Les suintements terrestres Arctiques: un puits de méthane microbien négligé ?
- 15h40** Pause café
- 16h10** **Mélissa Garry**, ECOBIO, Rennes  
Effets de l'oxygène sur la formation des hotspots géochimiques et le développement des bactéries ferro-oxydantes dans les écosystèmes souterrains
- 16h30** **Laura Kergoat**, INRAE RiverLy, Villeurbanne  
Le cuivre modifie les réponses microbiennes à l'assèchement dans les sédiments de rivière
- 16h50** **Stéphanie Bouletreau**, LEFE, Toulouse  
L'histoire thermique influence la stabilité de biofilms de rivières intermittentes face à une contamination agricole
- 17h10** **Clara Dignan**, MIO, Toulon  
Démêler le contrôle majeur des molécules inorganiques et organiques azotées dans la labilité des DOM pour les procaryotes hétérotrophes dans un environnement côtier méditerranéen
- 17h30** Pause
- 18h30** Session Posters accompagnée de dégustation de vins
- 20h30** Dîner

JEUDI 19 OCTOBRE 2023

## « Ecophysiologie & Écologie chimique »

- 8h30** **Conférence invitée : Christophe Six**, ADMM, Roscoff  
Physiologie adaptative des picocyanobactéries marines du genre *Synechococcus* au gradient latitudinal de température
- 9h10** **Caroline Doose**, BOREA, MNHN Concarneau  
Adaptation comportementale et métabolique des biofilms micro-phyto-benthiques à l'irradiance
- 9h30** **Clémentin Bouquet**, LMGE, Clermont-Ferrand  
Les métabolismes extracellulaires oxydatifs : un concept émergent
- 9h50** **Rabja Popall**, MIO, Marseille  
Fixation du carbone dans les communautés microbiennes hydrogénotrophes du système hydrothermal serpentinisé de la Baie de Prony, Nouvelle-Calédonie
- 10h10** Pause café & Session Posters
- 11h00** **Louis Delecourt**, BIP, Marseille  
Base moléculaire des interactions métaboliques au sein d'un consortium synthétique dédié à la production de bio-H<sub>2</sub>
- 11h20** **Valérie Barbe**, Génoscope, Évry  
Identification d'une nouvelle espèce d'*Alteromonas* capable de dégrader du PHBV en milieu marin
- 11h40** **Chloé Gapp**, LIBio ENSAIA, Nancy  
Dynamique et propriétés d'acidification des communautés bactériennes du lait cru lors des fermentations en série
- 12h00** **Benoît Paix**, Naturalis Biodiversity Center, Leiden (Pays-Bas)  
Effets des conditions rariphotiques sur le métabolome et le microbiome des éponges holobiontes caribéennes (*Hexactinellida* et *Demospongiae*).
- 12h30** Déjeuner

## « Adaptation, évolution, écologie théorique et modélisation »

- 14h00** **Conférence invitée : Tom Delmont**, CNRS, Genoscope, Évry  
À la découverte des génomes du plancton avec TARA Océans
- 14h40** **Gaspard Rihm**, ISEB, SU Paris  
Mixotrophe ou pas ? Comment la modélisation de niche peut aider à aborder les stratégies trophiques des dinoflagellés dans les écosystèmes marins
- 15h00** **Hugo Doré**, BEEP, IFREMER Plouzané  
Diversité intraspécifique des bactéries côtières en rade de Brest : des dynamiques évolutives contrastées
- 15h20** **Oumayma Chkili**, BOREA, Caen  
Étude de l'état de santé des écosystèmes côtiers sud méditerranéens anthropisés à partir du fonctionnement du réseau trophique planctonique : modélisation des indicateurs écologiques en situation de contamination chronique ou pulsée
- 15h40** Pause café
- 16h10** **Françoise Bringel**, GMGM, Strasbourg  
Approches de génomique fonctionnelle et de génétique pour la caractérisation des bases moléculaires de l'adaptation à la dégradation d'un polluant, le dichlorométhane
- 16h30** **Yvan Moenne-Loccoz**, LEM, Lyon  
Métabarcodes et métagénomique des taches noires microbiennes sur les parois de la grotte paléolithique de Lascaux
- 16h50** **Benoît Perez-Lamarque**, ENS, Paris  
Sur l'érosion de la biodiversité microbienne
- 17h10** **Sébastien Duperron**, MCAM, MNHN Paris  
L'écologie microbienne est-elle une science expérimentale ?
- 19h00** Assemblée Générale de l'AFEM
- 20h00** Cocktail & Dîner de gala

VENDREDI 20 OCTOBRE 2023

## « Ecotoxicologie microbienne & Pressions anthropiques »

- 8h30** **Conférence invitée : Andrea Bravo**, ICM-CSIC, Barcelone (Espagne)  
Mise en lumière des microorganismes dégradant le méthylmercure dans l'obscurité de l'océan
- 9h10** **Clemence Thiour Mauprivez**, Agroécologie, Dijon  
MINAGRIS: impact des micro- et nanoplastiques sur les communautés microbiennes des sols agricoles
- 9h30** **Sarah Gourgues**, IPREM, Pau  
Effets du cobalt sur les biofilms de rivière: impact sur la cinétique de colonisation, la diversité et les fonctions des communautés procaryotes
- 9h50** **Jean Martins**, IGE, Grenoble  
Rôle du transfert de bactéries dans la biolixiviation de métaux en milieux poreux: expérience et modélisation.
- 10h10** Pause café
- 10h40** **Abel Barré**, MAPIEM, Toulon  
Dynamique de la colonisation de microplastiques par les diatomées et accumulation de métaux sur les côtes de l'Atlantique Nord et du Nord-Ouest de la Méditerranée.
- 11h00** **Frédérique Changey**, LCPME, Nancy  
Relation entre la diversité microbienne et la susceptibilité à l'invasion par la résistance aux antibiotiques dans les biofilms épilithiques
- 11h20** **Concepcion Sanchez-Cid**, EMG, École Centrale de Lyon  
Des polluants d'origine anthropogénique augmentent la mobilisation des gènes de résistance aux antibiotiques dans l'environnement
- 11h40** **Hélène Rogue**, INRAE RiverLy, Villeurbanne  
L'approche PICT pour évaluer in situ l'adaptation et la résilience de biofilms périphytiques aux substances pharmaceutiques: expérience de translocation dans un cours d'eau contaminé
- 12h00** Remise des prix. Clôture du colloque.
- 12h30** Déjeuner

# Interactions biotiques

(communications orales)

# Caractérisation du pathobiome associé au macroplastique et de ses antibiorésistances dans une ferme aquacole tropicale

Jeanne Naudet \* <sup>1</sup>, Emmanuelle Roque D'orbcastel , Thierry Bouvier ,  
Sylvain Godreuil , Sabrina Dyall , Fabien Rieuvilleneuve , Claudia  
Restrepo-Ortiz , Yvan Bettarel , Jean-Christophe Auguet

<sup>1</sup> MARine Biodiversity Exploitation and Conservation – Institut de Recherche pour le Développement,  
Institut français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer, Centre National de la Recherche  
Scientifique, Université de Montpellier – UMR Marbec 93 Place Eugène Bataillon 34000 Montpellier,  
France

Les macroplastiques sont omniprésents en aquaculture, aussi bien sous la forme de déchets issus de la pollution marine qu'en tant que composants des infrastructures aquacoles (bouées, filets...). Ces plastiques sont connus pour être le support de biofilm bactérien, pouvant contenir des bactéries potentiellement pathogènes ainsi que des bactéries résistantes aux antibiotiques. Des communautés bactériennes associées à des macroplastiques, à des tubes digestifs de poissons, à de l'eau et à du sédiment ont été échantillonnées dans une ferme de poissons (*Sciaenops ocellatus*) située dans un lagon de l'Île Maurice, ainsi que dans deux sites situés aux alentours de la ferme : un estuaire et une passe du lagon. Les échantillons ont été comparés à l'aide d'analyses de métabarcoding et de cultures bactériennes, et des antibiogrammes ont été réalisés sur des isolats faits sur tous les échantillons. Nos résultats montrent que les communautés bactériennes associées aux plastiques sont enrichies en bactéries potentiellement pathogènes par rapport aux communautés environnementales de l'eau et du sédiment, avec une dominance de la famille des *Vibrionaceae* (57% des bactéries potentiellement pathogènes des plastiques aquacoles). De plus, les isolats bactériens provenant de plastiques aquacoles montrent plus de résistances que les autres échantillons non-plastiques (d'eau, de sédiment ou de tube digestif de poisson). Nos résultats suggèrent que les macroplastiques en aquaculture pourraient jouer le rôle de réservoir et de vecteur de bactéries potentiellement pathogènes et/ou résistantes, et pourraient présenter un risque sanitaire aussi bien pour les espèces élevées que pour les consommateurs, qu'il conviendra d'évaluer dans de futures recherches.

**Mots-Clés:** Plastisphère, Aquaculture, Pathogène, Antibiorésistance

---

\*Intervenant



# Les amibes, vecteurs de bactéries pathogènes dans les eaux côtières ?

Gaëlle Bednarek <sup>\*† 1</sup>, Yann Héchard<sup>‡ 1</sup>, Vincent Delafont<sup>§ 1</sup>, Hélène Agogue<sup>¶ 2</sup>, Arno Bringer<sup>3</sup>, Tony Agion<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Ecologie et biologie des interactions – Université de Poitiers, Centre National de la Recherche Scientifique – 3 Rue Jacques Fort, TSA 51106, 86073 POITIERS Cedex 9, France., France

<sup>2</sup> Littoral ENvironnement et Sociétés – La Rochelle Université, Centre National de la Recherche Scientifique – Bâtiment Marie Curie Avenue Michel Crépeau 17 042 La Rochelle cx1 - Bâtiment ILE 2, rue Olympe de Gouges 17 000 La Rochelle, France

<sup>3</sup> qualyse – QUALYSE – Laboratoire d’analyses, 5 Allée de l’Océan, 17000 LA ROCHELLE, France, France

Les amibes sont des protozoaires phagotrophes, se nourrissant notamment de bactéries et sont retrouvées dans tous les environnements. Certaines bactéries peuvent résister à cette digestion et plusieurs études montrent que certaines amibes peuvent augmenter la pathogénicité des bactéries.

Notre étude vise à déterminer si les amibes marines, très peu décrites à l’heure actuelle, sont des vecteurs de bactéries pathogènes dans les eaux côtières, et à évaluer l’impact des paramètres environnementaux dans l’interaction amibes-bactéries. En particulier, nous recherchons des bactéries des genres *Vibrio*, *Mycobacterium*, *Legionella* et *Pseudomonas*, qui abritent des agents pathogènes pour l’homme ou l’animal.

Des échantillons d’eau ont été prélevés mensuellement le long d’un gradient de salinité depuis la Charente, jusqu’aux Pertuis Charentais (côte Atlantique). Divers paramètres physico-chimiques ont été mesurés (tels que la température, la salinité et le pH) et les échantillons ont été filtrés pour : 1) cultiver les souches d’amibes, 2) extraire l’ADN total de l’eau.

Des cultures d’amibes se sont développées pour la majorité des échantillons et une douzaine d’amibes ont été isolées. Le séquençage du gène codant l’ARNr 18S a permis d’identifier différents genres tels que *Neovalkampfia* et *Vannella*. La recherche de bactéries pathogènes par PCR quantitative est en cours. Cette analyse permettra de rechercher la présence des microorganismes cibles dans nos échantillons et dans les fronts de migrations des cultures amibiennes. En conclusion, des amibes sont retrouvées dans presque tous les échantillons d’eau, leur identification est en cours ainsi que la recherche de bactéries pathogènes associées potentiellement à ces amibes.

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: [gaelle.bednarek@univ-poitiers.fr](mailto:gaelle.bednarek@univ-poitiers.fr)

‡Auteur correspondant: [yann.hechard@univ-poitiers.fr](mailto:yann.hechard@univ-poitiers.fr)

§Auteur correspondant: [vincent.delafond@univ-poitiers.fr](mailto:vincent.delafond@univ-poitiers.fr)

¶Auteur correspondant: [helene.agogue@univ-lr.fr](mailto:helene.agogue@univ-lr.fr)

# Antibiorésistance environnementale : rôle de l'interaction bactéries – amibes

Camille Maurin <sup>1</sup>, Amandine Chauviat <sup>1</sup>, Sabine Favre-Bonté <sup>1</sup>, Thibault Meyer <sup>\*† 1</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire d'Ecologie Microbienne – Université de Lyon, Université Lyon 1, CNRS : UMR5557, UMR INRAe 1418, VetAgro Sup – 43 Boulevard du 11 Novembre 1918, 69622 Villeurbanne, France

La bactérie *Stenotrophomonas maltophilia* est un modèle pour l'étude de l'antibiorésistance par une approche One Health considérant de manière intégrative, les enjeux liés à la santé humaine, animale et de l'environnement. Cette bactérie est en effet ubiquitaire dans l'environnement mais aussi connue comme un pathogène opportuniste problématique en milieu clinique à cause de son phénotype de MultiDrug Resistance (MDR) résultant majoritairement de l'expression de pompes à efflux. Des études antérieures ont identifié que des souches de *S. maltophilia* présentant un phénotype MDR, similaire à celui exprimé par des souches cliniques, pouvaient être isolées d'amibes libres environnementales (protozoaires se nourrissant de bactérie) et que l'expression de deux pompes à efflux (SmeYZ et SmeDEF) était induite par des molécules produites lors de l'interaction bactérie-amibe. Ces pompes étant régulées par un système à deux composants (SmeRySy), nous émettons l'hypothèse que les molécules produites lors de l'interaction interagissent avec ce système ce qui contribuerait i) à la survie de *S. maltophilia* au sein de l'amibe *Acanthamoeba castellanii* et ii) *in fine* à l'expression du phénotype MDR. Via l'utilisation combinée d'un mutant  $\Delta$ *smeRySy* et de l'analyse de transcrits par RT-qPCR, nous avons démontré que ce système était majoritairement responsable de l'induction uniquement de *smeYZ* durant l'interaction. En cohérence avec l'expression précoce de *smeYZ* *in amoeba*, des tests de compétition ont révélé que SmeRySy conférait un avantage compétitif dans les stades précoces d'interaction. Enfin, SmeRySy jouerait un rôle pléiotropique dans la résistance à des molécules antimicrobiennes contribuant ainsi à l'expression du phénotype MDR dans l'environnement.

**Mots-Clés:** Antibiorésistance environnementale, *Stenotrophomonas maltophilia*, amibe, interaction, pompe à efflux RND, régulation.

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: thibault.meyer@univ-lyon1.fr

# Devenir du phénanthrène dans l'holobionte peuplier-microorganismes révélé par ADN-SIP.

Nicolas Gallois <sup>\*† 1</sup>, Damien Blaudez <sup>1</sup>, David Billet <sup>1</sup>, Dimitri Heintz <sup>2</sup>,  
Claire Vilette <sup>2</sup>, Aurélie Cebron <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Université de Lorraine, CNRS, LIEC – Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements  
Continentaux LIEC UMR7360 CNRS Université de Lorraine, Nancy – France

<sup>2</sup> Institut de biologie moléculaire des plantes – université de Strasbourg, Centre National de la  
Recherche Scientifique – IBMP - CNRS 12 Rue du général Zimmer 67084 STRASBOURG CEDEX,  
France

Les hydrocarbures aromatiques polycycliques (HAPs) sont des polluants courants dans les sols anthropisés, créant des problèmes environnementaux et sanitaires à l'échelle mondiale. Les études sur la dissipation des HAPs dans les systèmes sol-plante se sont principalement concentrées sur les micro-organismes rhizosphériques. Toutefois, certains HAPs peuvent être absorbés et transportés dans les tissus végétaux. Dans ce contexte, le rôle des endophytes dans le devenir des HAP *in planta* est peu connu. Le marquage isotopique stable (SIP) permet de répondre à une question fondamentale en écologie microbienne : " Qui fait quoi ? ". Tous les micro-organismes qui utilisent le substrat marqué au <sup>13</sup>C pour leur croissance peuvent être identifiés en examinant les acides nucléiques " lourds " enrichis en <sup>13</sup>C. La combinaison de l'ADN-SIP et d'une approche métabolomique permet d'identifier les bactéries et champignons actifs dans la dégradation du phénanthrène et les produits de dégradation. *Populus canadensis* a été exposé au <sup>12</sup>C- ou <sup>13</sup>C-phénanthrène (un HAP modèle). Des échantillons de sols et de racines ont été prélevés après 8, 16 et 24 jours. Les communautés bactériennes et fongiques actives, des fractions d'ADN dites "lourdes", présentent une différenciation entre les sols et les racines et entre échantillons <sup>12</sup>C et <sup>13</sup>C, permettant ainsi d'identifier les microorganismes impliqués dans la dégradation du phénanthrène dans le sol rhizosphérique et endophytes des racines. Enfin, l'intégration de ces données nous permet de proposer des scénarios concernant le devenir des HAPs (analyses métabolomiques qualitative et quantitative du phénanthrène et sous-produits), des mécanismes moléculaires (RNA-SIP) et des acteurs microbiens dans les systèmes sol-plante.

**Mots-Clés:** HAP, peuplier, SIP, diversité microbienne, communauté active

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: galloisnicolas.ng@gmail.com

# Graines ou sol : aux sources primaires du mycobiote

Liam Laurent-Webb \*<sup>1</sup>, Kenji Maurice<sup>2</sup>, Benoit Perez-Lamarque<sup>3</sup>, Amélia Bourceret<sup>4</sup>, Marc Ducouso<sup>2</sup>, Marc-André Selosse<sup>4,5</sup>

<sup>1</sup> Institut de Systématique, Evolution, Biodiversité – Museum National d’Histoire Naturelle, Ecole Pratique des Hautes Etudes, Sorbonne Université, Centre National de la Recherche Scientifique, Université des Antilles, Centre National de la Recherche Scientifique : UMR7205 – 57 rue Cuvier - CP 50 - 75005 Paris, France

<sup>2</sup> Laboratoire des symbioses tropicales et méditerranéennes – Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement, Institut de Recherche pour le Développement, Institut National de Recherche pour l’Agriculture, l’Alimentation et l’Environnement, Institut Agro Montpellier, Université de Montpellier – TA A82/J - Campus international de Baillarguet 34398 Montpellier Cedex 5, France, France

<sup>3</sup> Institut de Biologie de l’ENS Paris – Institut de biologie de l’ENS Paris – 46 rue d’Ulm 75005 Paris, France

<sup>4</sup> Institut de Systématique, Evolution, Biodiversité – Museum National d’Histoire Naturelle, Ecole Pratique des Hautes Etudes, Sorbonne Université, Centre National de la Recherche Scientifique, Université des Antilles, Centre National de la Recherche Scientifique : UMR7205 – 57 rue Cuvier - CP 50 - 75005 Paris, France

<sup>5</sup> University of Gdańsk – Wita Stwosza 57, 80952 Gdańsk, Pologne

Les plantes abritent, à leur surface et au sein de leurs compartiments, une communauté diverse de micro-organisme dont les champignons, collectivement appelés mycobiote. Les interactions entre les plantes et ses champignons jouent des rôles fondamentaux dans le développement de la plante car elles varient du parasitisme au mutualisme (certains champignons sont par exemple impliqués dans la nutrition et la résistance au stress). Les processus d’assemblages du mycobiote sont pourtant peu connus. Ici, nous essayons de quantifier la transmission horizontale et verticale du mycobiote en combinant des approches in situ et in vitro chez un arbuste désertique, *Haloxylon salicornicum*.

Nous avons comparé le mycobiote de sol sans végétation, de rhizosphère, de racines, de feuilles et de graines prélevées sur des individus in situ. In vitro, nous avons germé des graines dans du sol non- et autoclavé afin de comparer le mycobiote foliaire et racinaire au stade deux feuilles. Nous avons également quantifié la contribution des graines et du sol comme sources du mycobiote en utilisant un algorithme de suivi des sources.

Nous montrons qu’au stade deux feuilles, le mycobiote des racines et des feuilles est indifférencié, et qu’il n’est pas impacté par le traitement du sol étant donné que les graines sont la source principale. In situ, le mycobiote des racines et de la rhizosphère ne sont expliqués quasiment que par le sol, suggérant un recrutement secondaire depuis le sol. Nous observons un résultat plus nuancé pour les feuilles, avec une contribution des graines toutefois prédominante. Ce travail souligne que le mycobiote est transmis horizontalement et verticalement selon le compartiment et le stade de développement. Comprendre la contribution de ces deux voies de transmission au

---

\*Intervenant

mycobiote des plantes est fondamental afin de comprendre les potentiels processus co-évolutifs entre plantes et champignons et afin d'identifier les principaux réservoirs de champignons mutualistes.

**Mots-Clés:** Mycobiota, plants, transmission, desert, haloxylon salicronicum

# Mise en évidence d'une nouvelle voie de communication inter-règnes entre les plantes et leur microbiote rhizosphérique

Harriet Middleton , Cécile Monard \* <sup>1</sup>, Virginie Daburon , Emmanuel Clostres , Jessica Dozois , Julien Tremblay , Etienne Yergeau , Abdelhak El Amrani

<sup>1</sup> ECOBIO - Ecosystèmes, biodiversité, évolution – UMR 6553 CNRS – Bâtiment 14A - Université de Rennes - Campus de Beaulieu - CS 74205 - 35042 Rennes Cedex - France, France

Les microARN (miARN) sont de petits ARN non codants contrôlant l'expression des gènes qu'ils ciblent. Leurs rôles chez les plantes varient de la régulation des processus de développement à la réponse aux stress abiotiques et biotiques. Récemment, il a été démontré que ces petits ARNs jouaient un rôle important dans la communication inter-règnes, il a notamment été mis en évidence que les miARNs végétaux régulaient l'expression des gènes du microbiote intestinal. Nous avons émis l'hypothèse que le même processus se produisait dans la rhizosphère, afin que les plantes modulent leurs communautés microbiennes associées. Nous avons effectué un séquençage de petits ARNs à la recherche de miARN dans la rhizosphère de plantes phylogénétiquement distantes, *Arabidopsis thaliana* et *Brachypodium distachyon*. Cela a révélé la présence de miARN végétaux rhizosphériques à la fois spécifiques et partagés. Un sous-ensemble de ces miARN a également été détecté à l'intérieur de bactéries rhizosphériques, mais pas dans des bactéries de sols nus. Pour examiner la fonction de ces miARN, des mutants d'*A. thaliana*, affectés dans leur biosynthèse des miARN, ont été cultivés. Leurs communautés microbiennes rhizosphériques ont été significativement perturbées par rapport aux plantes sauvages. De plus, la confrontation de miARN rhizosphériques synthétiques avec des cultures bactériennes a entraîné une modulation de l'expression de certains gènes, suggérant un rôle fonctionnel des miARN végétaux dans la régulation de l'activité microbienne dans la rhizosphère. Ce travail apporte une contribution importante au domaine des interactions plantes-microbes rhizosphériques et sur le potentiel des miARN végétaux pour l'ingénierie du microbiote.

**Mots-Clés:** miARN, rhizobiome, communication inter, règne

---

\*Intervenant

# Interactions ‘champignon-bactérie’ : Conséquences sur la dégradation du bois de la vigne

Rana Haidar \*<sup>1</sup>, Amira Yacoub<sup>1</sup>, Stéphane Compant<sup>2</sup>, Livio Antonielli<sup>2</sup>,  
Antoine Loquet<sup>3</sup>, Eléonore Attard<sup>1</sup>, Rémy Guyoneaud<sup>1</sup>, Patrice Rey<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Université de Pau et des Pays de l’Adour/E2S UPPA/ CNRS, Institut des Sciences Analytiques et de Physicochimie pour l’Environnement et les Matériaux - UMR 5254, IBEAS – Université de Pau et des Pays de l’Adour, Université de Pau et des Pays de l’Adour – Avenue de l’Université, Pau, 64013, France

<sup>2</sup> AIT Austrian Institute of Technology GmbH, Bioresources Unit, Konrad-Lorenz-Straße 24 – Tulln 3430, Autriche

<sup>3</sup> Institut de Chimie et Biologie des Membranes et des Nanoobjets, CNRS, Université de Bordeaux – Université de Bordeaux (Bordeaux, France) – 33077 Bordeaux, France

Les maladies du bois de la vigne (MDB) *i.e.* principalement l’Esca, les dépérissements à *Botryosphaeria* et l’Eutypiose, sont en extension notables en France et dans les principaux pays viticoles mondiaux. Les champignons ont été décrits comme les agents responsables des MDB, cependant la diversité bactérienne est très élevée dans le bois de la vigne et leurs fonctions sont relativement méconnues. Nos recherches ont montré que certaines souches bactériennes ont des potentialités d’agents de biocontrôle de trois champignons pathogènes majeurs des MDB, *i.e.* *Fomitiporia mediterranea* (Fm), *Neofusicoccum parvum* (Np) et *Phaeomoniella chlamydospora* (Pch), alors qu’à l’inverse d’autres bactéries seraient impliquées dans les processus de la dégradation des structures du bois. Concernant l’activité biocontrôle, le criblage des bactéries isolées du bois a montré que plusieurs d’entre elles inhibent la croissance de Np, Pch et Fm, réduisaient la longueur des nécroses du bois causées par Np et Pch et induisaient les systèmes de défense chez de jeunes vignes. A l’opposé, certaines souches bactériennes déstructurent les composants du bois de vigne (*i.e.* la cellulose, l’hémicellulose et la lignine), et des relations synergiques entre ces bactéries et Np ou Fm ont été observées. Dans ce dernier cas, lorsque qu’il existe une interaction champignon-bactérie, la capacité des agents fongiques à dégrader les structures du bois est fortement augmentée. Ces résultats mettent en évidence la diversité fonctionnelle qu’il existe au sein des communautés bactériennes colonisant le bois de vigne, ainsi que leur implication, directe ou indirecte, dans les MDB.

**Mots-Clés:** vigne, bois, bactéries, champignons

**Mots-Clés:** amibes marines, eaux côtières, bactéries pathogènes, interaction, environnemental



# Ecologie fonctionnelle et biogéochimie

(communications orales)

# Suintements terrestres arctiques : un puits de méthane microbien négligé ?

Dimitri Kalenitchenko <sup>\*† 1,2</sup>, Lisa-Marie Delpech<sup>‡</sup>, Tilman Schmider, Pernille Fåne, Franziska Nagel, Anne Mol, Mette Marianne Svenning, Andrew Hodson, Alexander Tveit

<sup>1</sup> Littoral ENvironnement et Sociétés - UMR 7266 – Université de La Rochelle, Centre National de la Recherche Scientifique : UMR7266, Centre National de la Recherche Scientifique : UMR7266 – France

<sup>2</sup> University of Tromsø – The Arctic University of Norway, PO Box 6050, Langnes 9037 Tromsø, Norvège

Les pingos hydrauliques sont des sources terrestres de méthane répandues dans l'Arctique. Grâce à l'écoulement des eaux souterraines, ces systèmes établissent un lien direct entre le méthane piégé sous le pergélisol et l'atmosphère. Un tel transport d'eaux souterraines enrichies en méthane vers la surface pourrait amorcer le développement d'un puits biologique de méthane au point d'infiltration. Nous avons étudié les micro-organismes méthanotrophes associés aux rejets d'eau de ces systèmes de pingos hydrauliques arctiques pendant l'été, lorsque le système est libre de glace. En l'absence de glace, l'oxygène peut pénétrer dans le système et augmenter l'efficacité du filtre biologique à méthane. Le gradient horizontal d'oxygène qui se forme à partir du point d'infiltration jusqu'à un mètre de celui-ci divise les communautés microbiennes en une dominée par les bactéries oxydant le méthane (MOB) et l'autre dominée par des microorganismes anaérobies oxydant le méthane (AOM). Nous avons analysé 206 bibliothèques d'amplicons et identifié une communauté de surface de sédiment dominée par deux nouveaux MOB qui forment des groupes spécifiques de *Méthyllobacter*. Les AOM sont des archées ANME, proches du principal point d'infiltration des branches phylogénétiques généralement observées dans les écosystèmes marins et terrestres profonds. Cependant, malgré la présence de ces microbes, nous avons révélé en cartographiant les flux de méthane à la limite eau-atmosphère que le filtre microbien à méthane, à l'échelle du site, n'utilisait pas tout le méthane sortant du système. Nos résultats démontrent qu'en été, la communauté microbienne n'atténue pas les rejets de méthane dans l'atmosphère et soulèvent des questions quant à l'impact de la saison sans glace croissante observée au cours de la dernière décennie.

**Mots-Clés:** AOM, Methane, Arctic, cold, seeps

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: dimitri.kalenitchenko@univ-lr.fr

‡Auteur correspondant: lisa-marie.delpech@ens-lyon.fr

# Marées brunes dans les Caraïbes et prolifération des sargasses pélagiques dans The Great Atlantic Sargassum Belt : les protéobactéries diazotrophes des algues du biofilm, des acteurs importants du cycle de l'azote

Matéo Léger-Pigout <sup>\*† 1</sup>, Elisabeth Navarro <sup>1</sup>, Frédéric Ménard <sup>1</sup>, Sandrine Ruitton <sup>1</sup>, François Le Loc'h <sup>2</sup>, Sophie Guasco <sup>1</sup>, Jean-Marie Munaron <sup>2</sup>, Delphine Thibault <sup>1</sup>, Thomas Changeux <sup>1</sup>, Solène Connan <sup>2</sup>, Valérie Stiger-Pouvreau <sup>2</sup>, Thierry Thibaut <sup>1</sup>, Valérie Michotey<sup>‡ 1</sup>

<sup>1</sup> Institut méditerranéen d'océanologie – Institut de Recherche pour le Développement, Aix Marseille Université, Institut National des Sciences de l'Univers, Université de Toulon, Centre National de la Recherche Scientifique – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Bâtiment Méditerranée163 Avenue de Luminy13288 Marseille, France

<sup>2</sup> Laboratoire des Sciences de l'Environnement Marin (LEMAR) – Institut de Recherche pour le Développement, Institut français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer, Université de Brest, Institut Universitaire Européen de la Mer, Centre National de la Recherche Scientifique – IUEM Technopôle Brest-Iroise - rue Dumont d'Urville - 29280 Plouzané - FRANCE, France

Depuis 2011, des efflorescences de sargasses holopélagiques ont été observées dans l'Océan Atlantique Nord Tropical, causant d'importants échouages le long des côtes Caribéennes et Africaines. Les principaux contributeurs microbiens du cycle de l'azote ont été étudiés dans le biofilm holopélagique ou benthiques des sargasses et dans les eaux adjacentes afin de comprendre leur contribution relative à la croissance des algues dans *The Great Atlantic Sargassum Belt* (GASB) et dans les zones côtières des Caraïbes. Dans le biofilm des sargasses du GASB, la proportion des diazotrophes (composés de 76 % de séquences de *nifH* non-cyanobactériennes) prédomine et diminue dans les échantillons côtiers. Les homologues dénitrifiants et nitrifiants montrent une tendance opposée. Les diazotrophes du biofilm sont également plus abondants que ceux présents dans les eaux adjacentes, tandis que les nitrifiants et les dénitrifiants présentent les mêmes tendances dans les deux types d'échantillons. Le biofilm des sargasses benthiques montre des valeurs inférieures pour toutes les communautés étudiées. La diversité des diazotrophes a montré des différences significatives suivant les différents microbiomes, notamment au niveau de la proportion d'autotrophes et d'hétérotrophes. La valeur moyenne du  $\delta^{15}\text{N}$  des algues du GASB est très faible (-2,05‰) et augmente dans les échantillons côtiers (-1,36‰), tandis que des valeurs plus élevées ont été enregistrées pour les sargasses benthiques (0,03‰) ou la POM

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: mateo.leger-pigout@mio.osupytheas.fr

‡Auteur correspondant: valerie.michotey@mio.osupytheas.fr

(1,73-5,06‰). Ces résultats mettent en évidence l'origine atmosphérique de l'azote utilisé pendant la croissance des sargasses pélagiques dans le GASB et étendent le rôle des diazotrophes du biofilm à des espèces autres que les cyanobactéries.

**Mots-Clés:** Sargasses, Holobionte, Diazotrophes, Azote, Marées brunes, NCDs

# La Paléo-microbiologie un outil pour l'étude de la trajectoire écologique des lacs : l'ADN et l'ARN sédimentaire

Marc Lacombe <sup>\*† 1</sup>, David Etienne <sup>1</sup>, Emilie Lyautey <sup>1</sup>, Isabelle Domaizon <sup>1</sup>

<sup>1</sup> UMR CARRTEL – INRAE, Université Savoie Mont Blanc, Université Savoie Mont Blanc – 75 bis avenue de Corzent CS 50511 74203 THONON LES BAINS cedex, France

L'étude des archives sédimentaires lacustres offre une opportunité de comprendre les trajectoires à long-terme de ces écosystèmes face aux changements locaux et globaux. Le séquençage haut débit de l'ADN sédimentaire permet de décrire les réponses des micro-organismes face à ces pressions, toutefois ce type de reconstitution a été principalement appliqué aux communautés micro-eucaryotes, et rarement à l'ensemble de la communauté microbienne. L'une des principales difficultés de ces reconstitutions réside dans la distinction des signaux moléculaires provenant des micro-organismes actifs et des micro-organismes reliques.

Notre objectif est de valider une approche permettant de mieux discriminer les communautés microbiennes actives et reliques. Sur la base d'une meilleure caractérisation des communautés passées (pélagiques et benthiques), l'objectif est de produire des informations plus robustes concernant les dynamiques à long-terme de ces communautés, mais aussi d'explorer les dynamiques temporelles de leurs fonctions (potentielles).

Pour ceci, nous avons comparé des inventaires microbiens obtenus à partir de l'ADN et de l'ARN sédimentaires, pour un enregistrement sédimentaire couvrant 200 ans.

Nos résultats montrent, pour les trois domaines (Archées, Bactéries et Micro-eucaryotes), des différences significatives d'indices de diversité alpha entre les inventaires ADN et ARN, avec une plus grande richesse taxonomique détectée par l'ADN. Les micro-organismes reliques ont été discriminés en s'appuyant (i) sur la connaissance de leur écologie (ex. connus comme actifs dans les sédiments), (ii) sur les ratio ARN/ADN calculés pour les taxa inventoriés. L'étape suivante est d'inférer les fonctions potentielles de ces communautés et ainsi étudier la dynamique de ces fonctions face aux pressions environnementales.

**Mots-Clés:** paleolimnology, sed\_DNA, Sed\_RNA, Archaea, Bacteria, micro\_Eukaryote

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: marc.lacombe@inrae.fr

# Effets de l'oxygène sur la formation des hotspots géochimiques et le développement des bactéries ferro-oxydantes dans les écosystèmes souterrains.

Mélissa Garry \* <sup>1</sup>, Camille Bouchez <sup>1</sup>, Achim Quaiser <sup>2</sup>, Ivan Osorio <sup>1</sup>, Eliot Chatton <sup>1</sup>, Nicolas Lavenant <sup>1</sup>, Julien Farasin <sup>1</sup>, Tanguy Le Borgne <sup>1</sup>, Alexis Dufresne <sup>2</sup>

<sup>1</sup> Géosciences Rennes – UMR-CNRS 6118, Université de Rennes 1, France, Observatoire des Sciences de l'Univers de Rennes – France

<sup>2</sup> Ecosystèmes, biodiversité, évolution [Rennes] – Université de Rennes 1, UMR Ecobio, Observatoire des Sciences de l'Univers de Rennes – France

Les communautés microbiennes de la subsurface tirent leur énergie des réactions redox entretenues par le déséquilibre entre les fluides et les roches. Les écoulements météoriques maintiennent ce déséquilibre en transportant des nutriments vers la subsurface. En empruntant des voies d'écoulement préférentielles, les eaux oxygénées se mélangent aux eaux riches en composés réduits, créant ainsi des zones réactives appelées " hotspots ". Le mélange d'eaux enrichies en oxygène et en fer favorise le développement de bactéries Fe-oxydantes (FeOB), appartenant à la famille des Gallionellaceae. Ces bactéries sont chimiolithoautotrophes et jouent un rôle important dans les autres cycles biogéochimiques. Pour comprendre comment la réaction d'oxydation du Fe et la communauté souterraine des FeOB répondent aux changements des circulations d'eau et des flux géochimiques, une expérience de terrain a été menée en octobre 2020. Des traceurs réactif (oxygène) et conservatif (fluorescéine) ont été injectés dans une fracture profonde et réductrice. Lors de cette perturbation, une augmentation de la réactivité et un changement de la communauté microbienne ont été observés. Le hotspot a été caractérisé par un suivi des paramètres géochimiques couplé à une étude métatranscriptomique. Les premiers résultats ont montré que l'oxygène et le fer ferreux ont été consommés et pourraient expliquer l'accroissement d'activité des FeOB microaérophiles. Suite à la perturbation et à la modification des conditions biogéochimiques, des bactéries anaérobies hétérotrophes se sont développées. Acquérir des connaissances sur les producteurs primaires des écosystèmes souterrains et les conditions environnementales qui favorisent leur croissance peut être un tremplin pour comprendre le fonctionnement des cycles biogéochimiques.

**Mots-Clés:** Fe cycling, deep biomass

---

\*Intervenant

# Le cuivre modifie les réponses microbiennes à l'assèchement dans les sédiments de rivière

Laura Kergoat <sup>\*† 1</sup>, Aymeric Dabrin <sup>1</sup>, Matthieu Masson <sup>1</sup>, Bernadette Volat <sup>1</sup>, Christophe Rosy <sup>1</sup>, Bernard Motte <sup>1</sup>, Abdelkader Azougui <sup>1</sup>, Thibault Datry <sup>1</sup>, Chloé Bonnineau <sup>\*</sup>

1,2

<sup>1</sup> INRAE, UR RiverLy, Villeurbanne – INRAE – 5 rue de la Doua, CS 20244, 69625 Villeurbanne Cedex, France

<sup>2</sup> Ecosystèmes aquatiques et changements globaux – Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – 50 avenue de Verdun - Gazinet, F-33612 Cestas, France

Les sédiments du lit de la rivière constituent un point chaud d'activité microbienne assurant notamment le recyclage des nutriments et la minéralisation de la matière organique. Cette interface est exposée à des stress chimiques, liées à la contamination anthropique ainsi qu'à des stress physiques comme l'assèchement. Dans ce contexte, l'objectif de cette étude était de comprendre comment un stress chimique, la contamination au cuivre, pouvait moduler les réponses fonctionnelle et structurelle des communautés microbiennes du sédiment à un stress physique, l'assèchement. Pour cela, des mésocosmes sous forme de colonnes de sédiments ont été utilisés pour reproduire les conditions de la zone hyporhéique et comparer les réponses du traitement référence à celles des colonnes exposées à un assèchement pendant 4 semaines et/ou une contamination au cuivre à 70 mg/kg. Les réponses fonctionnelles (activités exo-enzymatiques, respiration, dénitrification) des communautés microbiennes à ces stress combinés ont été évaluées à différents moments clés au cours des 8 semaines d'expérimentation. Les principaux résultats ont montré (i) une persistance des effets du cuivre sur les fonctions microbiennes pendant les 8 semaines de l'expérience tandis que les effets de l'assèchement étaient transitoires, (ii) que les effets du cuivre et de l'assèchement combinés ne s'additionnaient pas, (iii) des interactions antagonistes entre les deux stress uniquement à la profondeur intermédiaire pour les activités exo-enzymatiques, (iv) une diminution de la résilience des fonctions microbiennes après remise en eau dans les traitements exposés à l'assèchement et au cuivre.

**Mots-Clés:** combinaison de stress, zone hyporhéique, fonction microbienne, biodiversité, résilience

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: [laura.kergoat@inrae.fr](mailto:laura.kergoat@inrae.fr)

# L’histoire thermique influence la stabilité de biofilms de rivières intermittentes face à une contamination agricole

Stéphanie Boulêtreau <sup>\*† 1</sup>, Josephine Leflaive <sup>\*</sup>

, Camille Courcoul <sup>\*</sup>

, Jessica Ferriol , Anne-Sophie Benoiston

<sup>1</sup> Laboratoire Ecologie Fonctionnelle et Environnement – Institut Ecologie et Environnement, Centre National de la Recherche Scientifique, Université Toulouse III - Paul Sabatier, Observatoire Midi-Pyrénées, Institut National Polytechnique (Toulouse) – 118 Route de Narbonne 31062 Toulouse, France

L’effet historique (*legacy effect*) des conditions environnementales sur la réponse de communautés à des perturbations a surtout été largement étudié chez certains macroorganismes mais demeure encore bien mal connu chez les microorganismes. Il s’agit pourtant d’une question cruciale, le maintien des fonctions écosystémiques assurées par les communautés microbiennes dépendant largement de leur capacité à résister ou à résilier lorsqu’elles sont exposées à des perturbations.

Dans les rivières intermittentes ou soumises à des fluctuations hydriques et thermiques, les biofilms phototrophes sont exposés à de nombreuses perturbations. Notre objectif était de tester l’hypothèse que l’histoire thermique des biofilms durant une séquence d’intermittence détermine leur capacité de résistance et résilience à une nouvelle perturbation de nature différente.

Pour cela, des biofilms phototrophes ont subi une séquence d’intermittence (arrêt de l’écoulement puis assèchement) à deux températures contrastées (22 et 32°C) avant d’être exposés ou non lors de la remise en eau à une nouvelle perturbation, i.e. un contaminant multiple mimant un lessivat agricole (à 22°C). La structure (pigments, composition élémentaire, exopolymères), composition spécifique (procaryotes, eucaryotes) et fonctionnement (respiration, photosynthèse, diversité fonctionnelle) des biofilms ont été mesurés à la fin de la contamination puis après 1 et 3 semaines de récupération sans contaminant.

L’augmentation de la température entraîne une modification transitoire de la structure et du fonctionnement du biofilm et une augmentation significative de l’impact du contaminant pour les concentrations les plus élevées. Ces résultats démontrent que l’histoire thermique induit un effet ‘silencieux’ qui ne se manifeste que lors de l’exposition à une nouvelle perturbation.

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: stephanie.bouletreau@univ-tlse3.fr



**Mots-Clés:** biofilms phototrophes, stress hydrique, lessivat agricole, perturbations séquentielles

# Mise en évidence du contrôle de la labilité de la matière organique dissoute pour les procaryotes hétérotrophe par l'azote organique et inorganique dans un environnement côtier méditerranéen

Clara Dignan \* <sup>1</sup>, Véronique Lenoble , Chiara Santinelli , Giancarlo Bachi ,  
Duc Huy Dang , Nicole Garcia , Benjamin Misson

<sup>1</sup> Institut méditerranéen d'océanologie – Université de Toulon – France

La matière organique dissoute (DOM) et les procaryotes hétérotrophes (HP) sont reconnus comme étant des composants importants du cycle du carbone dans les océans. L'utilisation de la DOM par les HP est dépendante de sa labilité. Plusieurs facteurs de contrôle de la labilité sont connus, la hiérarchie de leurs influences respectives est largement débattue. Deux sites côtiers méditerranéens contrastés en termes de substances dissoutes et de communautés ont été choisis : un port (H) et un site ouvert (O). Des expériences de dilution ont été réalisées pour exposer les communautés de HP de chaque site aux substances dissoutes de H et O pendant 3 semaines. La consommation de carbone organique dissous (DOC) s'est avérée similaire quelle que soit l'origine des HP et des substances dissoutes. La croissance des HP était toujours supérieure avec les substances dissoutes de H, suggérant une utilisation différente de la DOM consommée en fonction de déterminants abiotiques. Une meilleure assimilation a été observée avec des disponibilités accrues en azote inorganique et phosphore organique. La composition de la DOM extraite sur phase solide et analysée par Orbitrap a permis d'associer la présence et la consommation de protéines, amino-sucres et carbohydrates à une meilleure croissance et assimilation par les HP. La structure de la communauté bactérienne est apparue comme un contrôle secondaire de la labilité, grâce aux capacités de certaines espèces à utiliser rapidement des composés particuliers en conditions défavorables à la croissance dans lesquelles la DOM était davantage respirée (substances dissoutes de O).

**Mots-Clés:** Coastal ecosystem, Mediterranean Sea, dissolved organic matter, biological lability, heterotrophic prokaryotes

---

\*Intervenant

# Ecophysiologie et écologie chimique

(communications orales)

# Adaptation comportementale et métabolique des biofilms micro-phyto-benthiques à l'irradiance

Caroline Doose <sup>\*† 1,2</sup>, Camille Oger<sup>‡ 3</sup>, Claire Vigor<sup>§ 3</sup>, Cédric Hubas <sup>\*</sup>

4,5

<sup>1</sup> Muséum National d'Histoire Naturelle – Muséum National d'Histoire Naturelle (MNHN) – 57, rue Cuvier - 75231 Paris Cedex 05, France

<sup>2</sup> Biologie des Organismes et Ecosystèmes Aquatiques – Université de Caen Normandie, Museum National d'Histoire Naturelle, Institut de Recherche pour le Développement, Sorbonne Université, Centre National de la Recherche Scientifique, Université des Antilles – Muséum national d'Histoire naturelle - 7, rue Cuvier - CP 32 - 75231 Paris Cedex 05, France

<sup>3</sup> Institut des Biomolécules Max Mousseron [Pôle Chimie Balard] – Institut de Chimie du CNRS, Centre National de la Recherche Scientifique, Université de Montpellier, Ecole Nationale Supérieure de Chimie de Montpellier – CNRS - 1919 Route de Mende 34293 Montpellier cedex 5, France

<sup>4</sup> Biologie des Organismes et Ecosystèmes Aquatiques – Université de Caen Normandie, Museum National d'Histoire Naturelle, Institut de Recherche pour le Développement, Sorbonne Université, Centre National de la Recherche Scientifique, Université des Antilles – Muséum national d'Histoire naturelle - 7, rue Cuvier - CP 32 - 75231 Paris Cedex 05, France

<sup>5</sup> Station de Biologie Marine de Concarneau – Direction générale déléguée à la Recherche, à l'Expertise, à la Valorisation et à l'Enseignement-Formation – Station de Biologie Marine - BP 225 Place de la Croix - 29182 Concarneau Cedex, France

Les biofilms microphytobenthiques sont capables de développer une multitude de mécanismes physiologiques et comportementaux afin de maintenir une homéostasie adaptée à leur habitat et de prévenir les dommages cellulaires liés à l'irradiance. Parmi ces mécanismes, on peut citer le cycle des xanthophylles, les migrations verticales, ainsi que les sécrétions d'exopolymères. Dans cette étude, nous examinerons les différentes stratégies utilisées par le microphytobenthos pour réguler le flux de photons et limiter le stress oxydant. Nous nous intéresserons également à un biofilm migratoire et étudierons les adaptations métaboliques nécessaires pour faire face à une irradiance excessive, en mettant l'accent sur le métabolisme lipidique et les oxylipines.

**Mots-Clés:** microphytobenthos, biofilms, acides gras, oxylipines, irradiance, stress oxydant.

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: caroline.doose@mnhn.fr

‡Auteur correspondant: camille.oger@univ-montp1.fr

§Auteur correspondant: claire.vigor@umontpellier.fr

# Les métabolismes extracellulaires oxydatifs : un concept émergent

Clémentin Bouquet \* <sup>1</sup>, Benoit Keraval <sup>1</sup>, Gael Alvarez <sup>2</sup>, Mounir Traikia <sup>3</sup>,  
Sandrine Revaillet <sup>2</sup>, Fanny Perrière <sup>1</sup>, Jonathan Colombet <sup>1</sup>, Anne-Hélène  
Le Jeune <sup>1</sup>, Hermine Billard <sup>1</sup>, Sébastien Fontaine<sup>†</sup> <sup>2</sup>, Anne-Catherine  
Lehours<sup>‡</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire Microorganismes : Génome et Environnement – Centre National de la Recherche Scientifique, Université Clermont Auvergne – Campus Universitaire des Cézeaux, TSA 60026, 1 Impasse Amélie Murat, 63178 Aubière, France

<sup>2</sup> Unité Mixte de Recherche sur l'Ecosystème Prairial - UMR – VetAgro Sup - Institut national d'enseignement supérieur et de recherche en alimentation, santé animale, sciences agronomiques et de l'environnement, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – UREP - INRA Site de Crouel 5, Chemin de Beaulieu 63039 CLERMONT FERRAND cedex 2, France

<sup>3</sup> Institut de Chimie de Clermont-Ferrand – Institut de Chimie du CNRS, Centre National de la Recherche Scientifique, Université Clermont Auvergne, Institut national polytechnique Clermont Auvergne – Campus universitaire des Cézeaux, TSA 60026 - CS 60026, 24 avenue Blaise Pascal, 63178 Aubière, France

Face à l'extraordinaire complexité de la machinerie respiratoire, il est communément admis que les métabolismes oxydatifs qui la constitue sont strictement cellulaires, conférant ainsi à la cellule la qualité de structure minimale pour la réalisation de ces cascades chimiques. Néanmoins, ce paradigme est remis en question par de récurrentes observations d'émissions persistantes de CO<sub>2</sub> dans des microcosmes de sols stérilisés de manière drastique (e.g.  $\gamma$ -irradiations, autoclavage) dans lesquels l'activité microbienne n'est plus détectable. A partir de ce constat, nous avons proposé le concept d'EXOMETs (Metabolismes Oxydatifs Extracellulaires) qui explore l'hypothèse que des processus non cellulaires impliquant une cascade de réactions conduisent à l'oxydation complète de la matière organique. D'après nos premières estimations les EXOMETs pourraient ainsi représenter entre 16 et 48% des flux de CO<sub>2</sub> émanant de sols stérilisés. Notre concept s'appuie sur un faisceau d'éléments associant, dans des sols stérilisés, la persistance d'émissions de CO<sub>2</sub> durant plusieurs années, une signature isotopique identifiable, des transferts électroniques, et le suivi et l'identification par résonance magnétique nucléaire de la dynamique des molécules du métabolome après ajout ou non de citrate ou glucose.

V. Maire et al. 2013. An unknown oxidative metabolism substantially contributes to soil CO<sub>2</sub> emissions *Biogeosciences*, 10, 1155–1167, 2013

B. Keraval et al. 2016. Soil carbon dioxide emissions controlled by an extracellular oxidative metabolism identifiable by its isotope signature *Biogeosciences*, 13, 6353–6362, 2016

C. Bouquet et al. 2023, in prep Non-living respiration : The other breath of soils

---

\*Intervenant

<sup>†</sup>Auteur correspondant: sebastien.fontaine@inrae.fr

<sup>‡</sup>Auteur correspondant: a-catherine.lehours@uca.fr

**Mots-Clés:** métabolisme, cycles biogéochimiques, métabolome, RMN, chimie, CO<sub>2</sub>, matière organique

# Fixation du carbone dans les communautés microbiennes hydrogénotrophes du système hydrothermal serpentinisé de la Baie de Prony, Nouvelle-Calédonie

Rabja Popall \* <sup>1</sup>, Aurélien Lecoivre <sup>1</sup>, Anne Postec <sup>1</sup>, Gaël Erauso<sup>†</sup> <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut méditerranéen d'océanologie – Institut de Recherche pour le Développement, Aix Marseille Université, Institut National des Sciences de l'Univers, Université de Toulon, Centre National de la Recherche Scientifique – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Bâtiment Méditerranée163 Avenue de Luminy13288 Marseille, France

Les systèmes hydrothermaux serpentinisés comptent parmi les environnements les plus hostiles pour la vie sur Terre. La serpentinisation, altération géochimique des roches du manteau, génère des fluides hyperalcalins enrichis en hydrogène, méthane et petites molécules organiques produites abiotiquement qui constituent des sources d'énergie potentielles pour les communautés microbiennes indigènes. Le pH hyperbasique de ces fluides représente un défi majeur pour la survie de ces bactéries et archées alcaliphiles : pour la conservation de l'énergie cellulaire en réduisant considérablement le potentiel membranaire et la disponibilité des accepteurs d'électrons, mais aussi de nutriments essentiels, azote, phosphore et carbone qui sont précipités sous formes insolubles. Néanmoins, la serpentinisation permet la croissance de diverses communautés microbiennes dont le métabolisme pourrait nous éclairer sur les débuts de la vie sur Terre et potentiellement ailleurs. L'une des questions les plus épineuses sur le métabolisme microbien dans ces écosystèmes serpentinisés est celle de la source de carbone pour la production primaire. Les sources potentielles incluent l'acétate, le formate, le bicarbonate ou la glycine produits abiotiquement. Nous présentons ici une étude métagénomique qui aborde cette question, en prenant comme modèle le champ hydrothermal côtier de la baie de Prony. Nous examinons la distribution des gènes clés du métabolisme énergétique ainsi que les voies de fixation du carbone dans différents sites le long d'un transect de la terre à la mer. Nous explorons en particulier le potentiel métabolique de 327 MAGs représentatifs des groupes taxonomiques typiques des milieux serpentinisés. Les implications pour le fonctionnement de cet écosystème seront discutées.

**Mots-Clés:** serpentination, alkaliphiles, fixation du carbone, chimiotroph, hydrogénotroph, exobiologie, origine de la vie

---

\*Intervenant

<sup>†</sup>Auteur correspondant: gael.erauso@mio.osupytheas.fr

# Base moléculaire des interactions métaboliques au sein d'un consortium synthétique dédié à la production de bio-H<sub>2</sub>.

Louis Delecourt \*<sup>1,2</sup>, Magali Roger<sup>1</sup>, Lionel Bertaux<sup>3</sup>, Christophe Bordi<sup>†</sup>  
<sup>2</sup>, Marie-Thérèse Giudici-Ortoni<sup>‡</sup><sup>1</sup>

<sup>1</sup> Bioénergétique et Ingénierie des Protéines – Aix Marseille Université, Centre National de la Recherche Scientifique – CNRS - Université d' Aix-Marseille31, chemin Joseph Aiguier13402 MARSEILLE Cedex 20 FRANCE Tél : +33 (0)4 91 16 45 50, France

<sup>2</sup> Laboratoire d'ingénierie des systèmes macromoléculaires – Aix Marseille Université, Institut National de la Santé et de la Recherche Médicale, Centre National de la Recherche Scientifique – Batiment IBSM 31 Chemin Joseph Aiguier 13402 MARSEILLE CEDEX 20, France

<sup>3</sup> Laboratoire de chimie bactérienne – Aix Marseille Université, Centre National de la Recherche Scientifique – 31 Chemin Joseph Aiguier 13402 MARSEILLE CEDEX 20, France

Dans la Nature, les microorganismes vivent sous la forme de communautés complexes qui communiquent entre elles et échangent des composés biologiques. Cette coopération microbienne conduit à des propriétés de la communauté que la simple analyse du génome ne permet pas de prévoir. Comprendre la communication et les liens métaboliques au sein des communautés microbiennes est un défi majeur pour appréhender le comportement bactérien à l'échelle de la communauté. Sur la base du modèle de dégradation de la biomasse microbienne des recherches antérieures du groupe ont conduit à la construction d'un modèle simplifié composé de *Desulfovibrio vulgaris* et de *Clostridium acetobutylicum*. Lors d'un stress nutritionnel, il a été démontré que des interactions cellule-cellule se produisaient, permettant l'échange de molécules carbonées entre les bactéries. Il est intéressant de noter que cela conduit à une augmentation de la production de bio-hydrogène. L'établissement des interactions physiques est crucial et dépend des molécules de quorum sensing (QS). Peu de choses sont connues sur les voies de QS chez *C. acetobutylicum* et *D. vulgaris*. Par une approche de bio-informatique j'ai identifié les gènes impliqués dans la production et la détection de AI-2 chez ces deux bactéries et validé ces résultats par des approches expérimentales. Par ailleurs, nous avons mené une approche transcriptomique pour identifier les voies impactées par le QS et nous avons quantifié de façon absolue le nombre de chacune des bactéries dans la coculture par PCR-digitale afin de suivre à l'échelle moléculaire, par transcriptomique, la mise en place de la coculture.

**Mots-Clés:** Quorum sensing, transcriptomique, consortium, métabolisme

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: bordi@imm.cnrs.fr

‡Auteur correspondant: giudici@imm.cnrs.fr



# Identification d'une nouvelle espèce d'*Alteromonas* capable de dégrader du PHBV en milieu marin

Valérie Barbe <sup>\*† 1</sup>, Justine Jacquin , Adèle Wolinski , Corinne Cruaud ,  
David Roche , Madeleine Bouzon Bloch , Gabrielle Derippe , Léna Philip ,  
Pascal Conan , Mireille Pujo-Pay , Stéphane Bruzard , Jean-François  
Ghiglione

<sup>1</sup> Génomique Métabolique, Genoscope, Institut François Jacob, CEA, CNRS, Univ Evry, Université Paris-Saclay, Evry, France – CEA, Genoscope – 2, rue Gaston Crémieux CP5706 91057 EVRY Cedex, France

Les plastiques conventionnels, issus de la pétrochimie, représentent un problème majeur du fait de leur faible biodégradabilité et de leur accumulation dans de nombreux environnements. Les Polyhydroxyalcanoates (PHA), polymères biosourcés et présentés comme biodégradables, semblent être une bonne alternative pour cette problématique environnementale. En effet, certains de ces PHA (dont le poly (3-hydroxybutyrate-co-3-hydroxyvalérate), PHBV) ont déjà un fort attrait commercial pour leur bonne capacité à remplacer le plastique conventionnel dans de nombreux domaines. Lors d'une étude sur la biodégradation de différents polymères en milieu marin, nous avons identifié une nouvelle espèce d'*Alteromonas*, nommée *Alteromonas plasticoclasticus*, capable de dégrader le PHBV et de l'utiliser comme source de carbone. Différents paramètres tels que le halo de dégradation sur une plaque de gélose, la consommation d'oxygène, la production bactérienne, la perte de poids, la microscopie électronique à balayage ont été utilisés pour confirmer cette biodégradation. Par ailleurs, l'analyse génomique et transcriptomique de *A. plasticoclasticus* ont permis d'une part de révéler les gènes impliqués dans la dégradation et d'autre part de suivre le processus d'assimilation du PHBV dans le métabolisme central de la souche. L'ensemble de ces résultats vous sera présenté.

**Mots-Clés:** Plastique, Polyhydroxyalcanoates, biodégradation, OMICs, métabolisme, pollution marine

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: vbarbe@genoscope.cns.fr

# Dynamique et propriétés d'acidification de communautés bactériennes du lait cru lors de fermentations séquentielles

Chloé Gapp \*<sup>1,2</sup>, Cécile Callon<sup>2</sup>, Cécile Mangavel<sup>1</sup>, Sébastien Theil<sup>2</sup>, Alexis Dijamentiuk<sup>1</sup>, Anne-Marie Revol-Junelles<sup>1</sup>, Christophe Chassard<sup>2</sup>, Frédéric Borges<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire d'Ingénierie des Biomolécules – Université de Lorraine – ENSAIA, 2 avenue de la Forêt de Haye, 54505 Vandœuvre-lès-Nancy Cedex, France

<sup>2</sup> INRAE - Unité Mixte de Recherche sur le Fromage – VetAgro Sup - Institut national d'enseignement supérieur et de recherche en alimentation, santé animale, sciences agronomiques et de l'environnement, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement, Université Clermont Auvergne – 20 côte de Reyne, 15000 Aurillac, France

Les microorganismes jouent un rôle central dans la production d'aliments fermentés. En particulier, les bactéries lactiques naturellement présentes dans le lait cru ou ajoutées pendant la fabrication fromagère sous la forme de ferments sont essentielles du fait de leur capacité d'acidification. La fabrication traditionnelle de fromage peut avoir recours à des fermentations séquentielles, ou backslopping, consistant à utiliser une partie d'une production précédente pour inoculer une nouvelle production. Bien que cette méthode soit largement répandue, le lien entre la dynamique de structure et la fonctionnalité des communautés bactériennes durant ce procédé n'est pas bien caractérisé. Dans cette étude, vingt-six laits crus échantillonnés dans la même zone géographique AOP ont été fermentés séquentiellement dans le but de sélectionner des bactéries adaptées aux conditions de fabrication fromagère. Les structures des communautés bactériennes ont été analysées par metabarcoding et la fonctionnalité d'acidification a été mesurée par un suivi de pH. Les résultats montrent que les structures de communautés sont très variables entre les laits et donnent lieu à différents motifs de succession de cinétiques d'acidification. Ces motifs d'évolution sont similaires pour l'acidification et pour la composition des communautés et peuvent être groupés en trois catégories : stable, progressif ou oscillatoire. Ainsi, ces résultats montrent que l'assemblage de communautés bactériennes dans le lait peut suivre trois trajectoires écologiques majeures pour réaliser l'acidification, et que l'évolution de la structure de communauté reflète l'évolution de la fonctionnalité d'acidification. Plus largement, ce travail apporte de nouvelles perspectives dans le domaine de la conception de ferments pour l'inoculation de produits laitiers.

**Mots-Clés:** bactéries du lait cru, structure de communauté, acidification, fermentations séquentielles

---

\*Intervenant

# Effets des conditions rariphotiques sur le métabolome et le microbiome des éponges holobiontes caribéennes (Hexactinellida et Demospongiae).

Benoît Paix <sup>\*† 1</sup>, Alexane Thivet <sup>1</sup>, Özlem Erol <sup>2</sup>, Niels Van Der Windt <sup>1</sup>,  
Young Choi <sup>2</sup>, Nicole De Voogd <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Naturalis Biodiversity Center [Leiden] – Pays-Bas

<sup>2</sup> Institute of Biology Leiden (IBL) – Leiden University, Pays-Bas

Les éponges et leur microbiote associé constituent des systèmes d'holobiontes jouant un rôle important au sein des écosystèmes marins en tant que micro-habitat, mais aussi pour le recyclage de la matière organique. Cependant les interactions entre les éponges d'eaux profondes et leur microbiote restent encore très largement inexplorées, en particulier au niveau de la zone rariphotique (entre 150 et 300 m de profondeur) où la quantité de lumière devient alors trop faible pour permettre la photosynthèse.

Une importante diversité d'éponges a été observée à ces profondeurs, à proximité des côtes caribéennes de l'île de Curaçao (Pays-Bas). Il est proposé que les Archées soient spécifiquement impliquées au sein des voies métaboliques permettant une adaptation des holobiontes aux conditions de pressions et d'absence de lumière. Des prélèvements en sous-marins ont ainsi été réalisés à Curaçao, au cours d'un suivi temporel en 2018, 2022 et 2023 afin de collecter 15 espèces de Demosponges et 6 d'Hexactinellides (éponges siliceuses), allant de 90 à 300 m de profondeur. Afin de mieux décrire ces interactions à l'échelle de l'holobionte, une approche multi-omique a été conduite en couplant le barcoding des éponges (COI et 28S), le métabarcoding des procaryotes (ADNr 16S), et le métabolomique de l'holobionte (RMN, GC-MS et UHPLC-ESI-MS).

Les premières données ont pu révéler que différents clades au sein des *Nitrosopumilaceae* (Crenarchaeota) dominent de manière "hôtes-spécifique" les éponges siliceuses. Au sein de ces éponges, les analyses métabolomiques montrent une chimio-diversité corrélées aux Archées, et suggèrent une co-production avec les éponges, de lipides membranaires encore inexplorés.

**Mots-Clés:** Éponges, zone rariphotique, microbiote, métabolome, multi-omique, Archées

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: benoit.paix@gmail.com

# Adaptation, évolution, écologie théorique et modélisation

(communications orales)

**Mots-Clés:** Dinoflagellés, types trophiques, Modèles de distribution d'espèces, écosystèmes marins

# Diversité intraspécifique des bactéries côtières en rade de Brest : des dynamiques évolutives contrastées

Hugo Doré <sup>\*† 1</sup>, Clarisse Lemonnier, Johanne Aube, Morgan Perennou, Christine Paillard, Lois Maignien<sup>‡</sup>

<sup>1</sup> Biologie et Ecologie des Ecosystèmes Marins Profonds – Institut français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer, Université de Brest, Centre National de la Recherche Scientifique, ISblue – Technopôle Brest Iroise, 29280 Plouzané, France

Comment les communautés bactériennes côtières sont-elles amenées à évoluer dans les décennies à venir ?

Les méthodes utilisées couramment pour étudier la composition des communautés microbiennes permettent de décrire l'abondance des différentes espèces, mais sont aveugles à la diversité résidant au sein de chaque espèce. Les bactéries d'une même espèce peuvent en effet posséder des génotypes différents, c'est-à-dire des allèles différents de leurs gènes ou des combinaisons d'allèles différentes. Sous l'effet des forces évolutives (sélection, dérive) et des migrations, les allèles présents dans une population peuvent varier en fréquence ou être éliminés au cours du temps.

Depuis 2014, la fraction de taille correspondant aux bactéries libres (0.22-3 $\mu$ m) est échantillonnée tous les mois à un point fixe à l'entrée de la rade de Brest, dans le cadre de la série temporelle MicroBrest, et des métagénomomes ont été séquencés sur 8 ans. Ces métagénomomes ont révélé que de façon similaire à d'autres environnements côtiers, les bactéries peuvent être classées en deux stratégies trophiques distinctes : certaines, classées comme généralistes, peuvent être détectées toute l'année quand d'autres (les spécialistes) sont détectées uniquement à certaines saisons.

Les métagénomomes de MicroBrest permettent également d'observer l'évolution de ces bactéries côtières en temps réel en explorant leur diversité intraspécifique. Selon les espèces, nous avons ainsi pu révéler des niveaux de diversité très différents, ainsi que des dynamiques variées de la composition allélique. Ces différences sont le fruit d'histoires évolutives distinctes que nous interprétons à la lumière des traits écologiques de chaque espèce.

**Mots-Clés:** Diversité bactérienne, évolution, génomique des populations, série temporelle, métagénomique, environnement côtier, bactéries marines

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: hugo.dore@univ-brest.fr

‡Auteur correspondant: lois.maignien@univ-brest.fr

# Étude de l'état de santé des écosystèmes côtiers sud méditerranéens anthropisés à partir du fonctionnement du réseau trophique planctonique : modélisation des indicateurs écologiques en situation de contamination chronique ou pulsée.

Oumayma Chkili \* <sup>1</sup>, Nathalie Niquil <sup>1</sup>, Asma Sakka-Hlaili <sup>2</sup>

<sup>1</sup> Biologie des Organismes et Ecosystèmes Aquatiques – Université de Caen Normandie, Muséum National d'Histoire Naturelle, Institut de Recherche pour le Développement, Sorbonne Université, Centre National de la Recherche Scientifique, Université des Antilles – Muséum national d'Histoire naturelle - 7, rue Cuvier - CP 32 - 75231 Paris Cedex 05, France

<sup>2</sup> Faculté des Sciences de Bizerte [Université de Carthage] – 7021 jarzouna - bizerte, Tunisie

Les écosystèmes côtiers méditerranéens sont considérés parmi les zones les plus perturbées vu qu'elles sont soumises à une importante pression anthropique, qui a conduit à leur eutrophisation et leur contamination par divers types de polluants chimiques. Cette problématique concerne aussi les écosystèmes côtiers tunisiens, comme le Golfe de Gabès et la Lagune de Bizerte. La thèse vise à décrire les facteurs environnementaux du Golfe de Gabès et de la Lagune de Bizerte ainsi que les communautés planctoniques de ces deux zones côtières en termes qualitatifs et quantitatifs (composition, stock de carbone, flux de carbone). Une partie de la thèse a été consacrée à la modélisation des flux de carbone et afin de caractériser le fonctionnement écologique de chaque site. Puis, l'état de santé du Golfe de Gabès le long d'un gradient d'eutrophisation est suivi en appliquant des indices écologiques (ratios de typologie et indices de l'analyse des réseaux). Les indices écologiques les plus convenables dans l'évaluation de l'état de santé du Golfe ont été sélectionnés. Ensuite, ils ont été testés dans un contexte d'une marée noire au niveau de la Lagune de Bizerte. Finalement les indicateurs holistiques les plus appropriés pour décrire l'état de santé des deux écosystèmes ont été identifiés et seront mis à la disposition des gestionnaires comme outils pour la gestion durable de l'environnement marin.

**Mots-Clés:** Eutrophisation, Déversement d'hydrocarbures, phytoplancton, zooplancton, réseau trophique, indicateurs écologiques, sud ouest de la Méditerranée.

---

\*Intervenant

# Approches de génomique fonctionnelle et de génétique pour la caractérisation des bases moléculaires de l'adaptation à la dégradation d'un polluant, le dichlorométhane

Françoise Bringel \* <sup>1</sup>, Victoria Gerber , Maria Osipenko , Domitille Jarrige

<sup>1</sup> Génétique moléculaire, génomique, microbiologie – Université de Strasbourg, CNRS – STRASBOURG, France

Le dichlorométhane (DCM) est un polluant chloré toxique très utilisé dans l'industrie. La souche *Methylobacterium* est capable d'utiliser le DCM comme seule source de carbone (1). L'enzyme DCM déshalogénase catalyse la dégradation du DCM en formaldéhyde, deux molécules de chlore et deux protons avec un métabolite intermédiaire génotoxique. La génotoxicité associée à la déshalogénéation du DCM n'a pas encore été élucidée en détail.

L'approche *high-throughput transposon mutagenesis sequencing* (2) a permis la cartographie des régions génomiques essentielles (indemnes d'événement d'insertion du transposon en condition de déshalogénéation ou non du DCM) avec une densité moyenne d'insertion du transposon de 11 bp. Un ensemble de 385 gènes a été identifié comme essentiel. Sur la base de leur profil d'expression acquis lors d'études précédentes (transcriptome, TSS-Seq et protéome (3-5)), ceux encore inconnus pour leur rôle dans la réparation de l'ADN (*recF*, *dnaE*) ou le transfert d'e- (*nuo*) ont été ciblés pour une mutagenèse dirigée. La construction des mutants a été réalisée en absence de DCM en donnant une autre source de carbone. Leurs phénotypes de croissance ont permis de valider leur essentialité en présence de DCM.

Ce travail permettra de générer un ensemble conséquent de données expérimentales inédites qui serviront de socle pour la recherche de biomarqueurs écotoxicologiques d'exposition d'organismes vivants au DCM.

1 Vuilleumier *et al* 2009 PLoS One 4:e5584;

2 Ochsner *et al* 2017. Cur Biol 27: 2579-2588.e6

3 Chaignaud *et al* 2017 Front Microbiol 8:1600

4 Maucourt *et al* 2022 Microorganisms 10:1301

5 Bibi-Triki *et al* 2018 J Proteomics 179:131-139

---

\*Intervenant



**Mots-Clés:** adaptation bactérienne, stress génotoxique, polluant chloré, souche modèle, génomique, transcriptomique, mutagenèse, TnSeq

# Métabarcodes et métagénomique des taches noires microbiennes sur les parois de la grotte paléolithique de Lascaux

Zélia Bontemps<sup>1</sup>, Kassandra Fleury<sup>1</sup>, Lise Alonso<sup>1</sup>, Danis Abrouk<sup>1</sup>, Serge Michalet<sup>1</sup>, Gilles Comte<sup>1</sup>, Thomas Pommier<sup>1</sup>, Mylène Hugoni<sup>1,2</sup>, Yvan Moenne-Loccoz<sup>\*† 1</sup>

<sup>1</sup> UMR 5557 Ecologie Microbienne – Laboratoire d’Ecologie Microbienne UCBL1 UMR CNRS 5557  
INRAE 1418 – France

<sup>2</sup> Microbiologie, adaptation et pathogénie – Université Claude Bernard Lyon 1, Institut National des Sciences Appliquées de Lyon, Centre National de la Recherche Scientifique – Bât André Lwoff, 10 rue Dubois Domaine Scientifique de la Doua 69622 VILLEURBANNE CEDEX, France

L’anthropisation des grottes paléolithiques peut entraîner l’altération des surfaces pariétales, notamment la formation de taches noires attribuées au développement de champignons pigmentés (mélanines etc.). Cependant, les processus microbiens qui sous-tendent la formation et le développement de ces taches noires restent mal compris. Nous avons testé l’hypothèse selon laquelle les taches noires présentent un microbiote spécifique enrichi en champignons mélanisés, dont l’installation est favorisée par des collemboles, des petits arthropodes qui dissémineraient ces microorganismes. Dans la grotte de Lascaux, les taches noires et les surfaces saines avoisinantes ont été comparées par métabarcoding et métagénomique. Nos résultats ont montré que les champignons mélanisés étaient transportés par les collemboles et étaient plus fortement présents dans les taches noires, dont l’analyse chimique a mis en évidence la présence de mélanines. Des gènes de synthèse de mélanine et de pigments caroténoïdes étaient davantage présents dans les taches noires que sur les surfaces non tachées, et ils ont été mis en évidence dans plusieurs génomes reconstruits (MAGs). Ils ont été identifiés non seulement chez les champignons, mais aussi chez des bactéries. La présence de gènes impliqués dans la dégradation de composés aromatiques (et probablement de biocides précédemment utilisés dans la grotte) a également été mise en évidence, et suggère que les traitements chimiques aient pu sélectionner les micro-organismes pigmentés et favoriser la synthèse de mélanine. Les interactions faune-microbiote sont à prendre en compte pour comprendre les altérations microbiennes dans l’écosystème anthropisé de Lascaux, et plus généralement pour améliorer les stratégies de conservation des grottes paléolithiques.

**Mots-Clés:** Grottes paléolithiques, Altérations microbiennes, Champignons mélanisés, Microbiome souterrain, Conservation de l’art pariétal, Omiques

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: [yvan.moenne-loccoz@univ-lyon1.fr](mailto:yvan.moenne-loccoz@univ-lyon1.fr)

# Sur l'érosion de la biodiversité microbienne

Benoît Perez-Lamarque \* <sup>1</sup>, Hélène Morlon <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut de biologie de l'ENS Paris – Département de Biologie - ENS Paris, Institut National de la Santé et de la Recherche Médicale, Centre National de la Recherche Scientifique – 46, Rue d'Ulm75005 Paris, France

La crise actuelle de la biodiversité est principalement examinée en évaluant les taux d'extinction des animaux et des plantes existants. À l'inverse, l'impact des activités humaines sur la biodiversité microbienne reste moins étudié et nous manquons d'estimations robustes de l'état actuel et de la dynamique temporelle des communautés microbiennes. Dans cette présentation, je développerai certains de nos résultats récents sur l'impact des perturbations humaines sur les communautés microbiennes associées à l'hôte et à l'environnement.

Nos résultats indiquent une réduction généralisée de la diversité au sein du microbiote associé à l'hôte en raison de perturbations induites par l'homme. Par exemple, en comparant le microbiote intestinal humain à celui des espèces de primates sauvages, nous avons constaté que le microbiote humain connaissait une diminution significative de sa diversité, qui peut être en partie attribuée à la perte de lignées bactériennes spécifiques transmises au sein des espèces de primates pendant des millions d'années.

En revanche, en tirant parti des banques de spécimens environnementaux, qui sont des collections hautement standardisées d'échantillons environnementaux provenant d'environnements aquatiques et terrestres au cours des 40 dernières années à travers l'Allemagne, nous avons constaté que la richesse microbienne de chaque communauté échantillonnée reste en moyenne constante au fil du temps. Cependant, nous avons remarqué un renouvellement temporel important et fort dans tous les microbiomes environnementaux, avec des changements rapides dans les assemblages microbiens au fil du temps. De plus, cela se traduit souvent par une homogénéisation spatiale des communautés microbiennes.

Dans l'ensemble, nos résultats suggèrent que les communautés microbiennes associées à l'hôte et à l'environnement sont impactées de manière significative et importante par les perturbations actuelles d'origine humaine, qui induisent une érosion progressive de leur diversité mondiale.

**Mots-Clés:** microbial diversity, human pressures, ecological modelling, gut microbiome, environmental samples

---

\*Intervenant

# L'écologie microbienne est-elle une science expérimentale ?

Sébastien Duperron \* <sup>1</sup>

<sup>1</sup> UMR7245 MCAM – Muséum National d'Histoire Naturelle (MNHN) – France

L'importance et la complexité des microbiomes sur notre planète fait de l'écologie microbienne la branche majeure mais aussi la moins connue de l'écologie. Depuis plus d'un siècle, on cherche à comprendre les interactions qui unissent microorganismes, macroorganismes et environnement. Dans la démarche des sciences expérimentales, l'observation du réel amène à formuler des hypothèses que l'on teste par l'expérimentation. L'écologie microbienne se heurte à des obstacles qui lui sont spécifiques. Les verrous surviennent dès l'étape de l'observation : comment bien identifier les organismes eux-mêmes, comment déterminer ce qu'ils savent faire, et ce qu'ils font vraiment ? Comment visualiser leurs interactions, et caractériser leur environnement à une échelle pertinente ? Plus que dans d'autres domaines, ces difficultés imposent le recours à des méthodologies innovantes, quitte à donner l'impression d'une discipline pilotée par les méthodes. Formuler puis tester des hypothèses nécessite ensuite souvent le recours à des souches modèles dans des environnements contrôlés si éloignés de la nature que l'approche elle-même est parfois critiquée. Ainsi, une large part des études d'écologie microbienne se limite à la description, puis établissent des corrélations et non des causalités entre facteurs, variables et communautés microbiennes. Il faut donc s'interroger : l'écologie microbienne peut-elle vraiment être une science expérimentale comme les autres ?

**Mots-Clés:** écotoxicologie, symbiose, interactions, microcosmes, environnement, expérimentation

---

\*Intervenant

# Ecotoxicologie microbienne & pressions anthropiques

(communications orales)

# MINAGRIS : impact des micro- et nanoplastiques sur les communautés microbiennes des sols agricoles

Clemence Thiour Mauprivez \* <sup>1</sup>, Marie-Christine Breuil , Nadine Rouard ,  
Marion Devers , Fabrice Martin-Laurent , Aymé Spor

<sup>1</sup> Agroécologie, INRAE, Institut Agro, Univ. Bourgogne, Univ. Bourgogne Franche-Comté, F-21000 Dijon, France – Institut national de recherche pour l’agriculture, l’alimentation et l’environnement (INRAE), Institut Agro, Université de Bourgogne-Franche-Comté – 17 rue Sully, 21000 Dijon, France

Le devenir et l’impact des micro- et nanoplastiques, produits de dégradation des macroplastiques, sont documentés en milieu aquatique mais restent très peu étudiés dans les sols. Dans le cadre du projet Horizon Europe MINAGRIS qui regroupe vingt partenaires de treize pays européens, nous mesurons l’effet des microplastiques sur les communautés microbiennes telluriques, actrices majeures des services écosystémiques rendus par les sols, en lien avec le cycle de l’azote notamment. Nous émettons l’hypothèse que les microplastiques pourraient favoriser le développement de biofilms et ainsi créer une nouvelle niche pour ces communautés, impactant leur abondance, leur diversité, mais aussi leur réponse vis-à-vis d’autres polluants dans un contexte multi-stress.

Pour tester cette hypothèse, des microcosmes de sol ont reçu, ou non (contrôle), trois types de microplastiques à différentes doses en combinaison, ou non (contrôle), avec des composés organiques utilisés en élevage et en agriculture : l’albendazole (un antiparasitaire), la pyraclostrobine (un fongicide) ou un mélange des deux. Après trois mois d’incubation, la concentration de nitrates et d’ammonium ainsi que le potentiel de nitrification ont été mesurés. Parallèlement à cela, l’abondance des gènes liés au cycle de l’azote a été mesurée par q-PCR et la composition et la diversité des communautés bactériennes ont été analysées par séquençage Illumina. Ces résultats sont en cours d’analyse et seront présentés lors du congrès.

A terme, les résultats devraient permettre d’évaluer l’impact écotoxicologique des microplastiques sur les sols et de mettre en place des recommandations pour réduire l’impact des microplastiques en agriculture.

**Mots-Clés:** microplastiques, communautés microbiennes, sols agricoles, écotoxicologie microbienne, multi, stress

---

\*Intervenant

# Effets du cobalt sur les biofilms de rivière : impact sur la cinétique de colonisation, la diversité et les fonctions des communautés procaryotes

Sarah Gourgues \*<sup>1</sup>, Marisol Goñi-Urriza<sup>1</sup>, Patrick Baldoni-Andrey<sup>2</sup>,  
Nicholas B. GuriEFF<sup>3</sup>, Clémentine Gelber<sup>2</sup>, Séverine Le Faucheur<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut des sciences analytiques et de physico-chimie pour l'environnement et les matériaux –  
Université de Pau et des Pays de l'Adour, E2S-UPPA, CNRS, IPREM, Pau, France – France

<sup>2</sup> TotalEnergies – Pôle d'étude et de recherche de Lacq, France – France

<sup>3</sup> Rio Tinto Closure, Australia – Australie

Dans un contexte de transition énergétique, l'extraction mondiale du cobalt (Co) a augmenté de 95% ces dernières décennies. Susceptible de se retrouver dans l'environnement, il est donc primordial d'en évaluer les impacts. Peu utilisés dans l'évaluation des risques chimiques, les procaryotes jouent pourtant un rôle primordial dans le bon fonctionnement des écosystèmes. Ainsi, la présente étude se propose d'établir le lien entre l'exposition au Co et la formation de biofilms aquatiques en fonction du temps.

Pour cela, des rivières artificielles ont été contaminées avec du Co (6; 30 et 60  $\mu\text{g/L}$ ) et la formation de biofilms sur des substrats artificiels a été suivie pendant 28 jours. Des échantillons d'eau et de biofilms ont été collectés tous les 7 jours afin de mesurer la bioaccumulation du Co et son effet sur la structure des communautés procaryotiques.

La bioaccumulation du Co dans les biofilms était principalement intracellulaire et bien corrélée aux concentrations testées. La présence de Co à des concentrations de 30 et 60  $\mu\text{g/L}$  a augmenté l'abondance de procaryotes à partir du 21<sup>ème</sup> jour d'exposition. La diversité était également impactée lors des premières étapes de colonisation : tandis que les *Cyanobacteries* étaient les premières colonisatrices en absence de Co, les *Bacteroidota* dominaient dès le 7<sup>ème</sup> jour pour 30 et 60  $\mu\text{g/L}$  de Co. Le biofilm mature présentait une structure différente avec des *Cyanobactéries* plus abondantes et une inhibition des *Proteobacteria* et *Planctomycetes* aux fortes concentrations. Une analyse du potentiel fonctionnel des communautés sera réalisée pour établir le lien avec l'organisation biologique.

**Mots-Clés:** Cobalt, biofilms, procaryotes, bioaccumulation, diversité

---

\*Intervenant

# Rôle du transfert de bactéries dans la biolixiviation de métaux en milieux poreux : expérience et modélisation.

Jean Martins \* <sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Institut des Géosciences de l'Environnement – CNRS : UMR5001 – France

<sup>2</sup> IGE UMR 5001, HyDRIMZ Group, UGA, CNRS, G-INP, IRD, 70 rue de la physique F-38000 Grenoble, France – Université Grenoble Alpes [Saint Martin d'Hères], Université Grenoble Alpes [Saint Martin d'Hères] – France

La dynamique des microorganismes, et plus particulièrement des bactéries, dans la zone non saturée des sols, joue un rôle prépondérant dans des processus importants tels que les flux d'éléments dans notre environnement proche ou la dissémination de gènes entre espèce. Les bactéries sont connues pour être mobiles dans les environnements souterrains favorisant ainsi largement les processus de colonisation des milieux naturels ou de dispersion de maladies en lien avec la mobilité de cellules pathogènes ou de virus. Toutefois, peu d'informations sont aujourd'hui disponibles sur la mobilité des bactéries en milieux poreux naturels et sur leur rôle dans le transfert facilité de polluants (in)organiques dans les sols. Ceci limite fortement la prédiction du devenir des microorganismes et des polluants dans les écosystèmes. Améliorer les modèles de transfert de matière dans les sols est indispensable pour améliorer notre capacité de prédiction de l'évolution de la qualité des milieux notamment en prenant en compte les processus de transport de bactéries dans ces milieux. Par une approche expérimentale et théorique couplée et en combinant des essais statiques et de dynamique des systèmes en colonnes de sols nous avons pu évaluer les principaux facteurs biotiques et abiotiques contrôlant la mobilité de bactéries modèles (*Escherichia coli* et *Cupriavidus metallidurans* CH34) en milieux poreux et leur aptitude à lixivier et à transporter des métaux lourds de manière accélérée. Une modélisation hydro-géochimique couplée a été appliquée avec succès pour reproduire nos résultats de transfert des bactéries ainsi que des métaux en conditions de saturation en eau.

**Mots-Clés:** Bactéries, transfert réactif, sol, convection, modélisation

---

\*Intervenant



# Dynamique saisonnière de la colonisation de microplastiques par les communautés de diatomées et de l'accumulation d'éléments-traces métalliques dans les biofilms sur les côtes de l'Atlantique Nord et du Nord-Ouest de la Méditerranée.

Abel Barré \*<sup>1</sup>, Ana Luzia Lacerda<sup>2</sup>, Nuša Cukrov<sup>3</sup>, Fanny Aulanier<sup>1</sup>, Maria-Luiza Pedrotti<sup>2</sup>, João Frias<sup>4</sup>, Théo Chiron<sup>3</sup>, Raffaella Casotti<sup>5</sup>, Soledad Muniategui<sup>6</sup>, Véronique Lenoble<sup>3</sup>, Jean-François Briand<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire Matériaux Polymères Interfaces Environnement Marin - EA 4323 – Université de Toulon  
– Université de Toulon - 83957 La Garde, France

<sup>2</sup> Institut de la Mer de Villefranche – Sorbonne Université, Centre National de la Recherche Scientifique  
– Institut de la Mer de Villefranche (IMEV)CNRS - Sorbonne Université181 chemin du Lazaret06230  
Villefranche-sur-Mer - FRANCE, France

<sup>3</sup> Institut méditerranéen d'océanologie – Institut de Recherche pour le Développement, Aix Marseille  
Université, Institut National des Sciences de l'Univers, Université de Toulon, Centre National de la  
Recherche Scientifique – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Bâtiment Méditerranée163  
Avenue de Luminy13288 Marseille, France

<sup>4</sup> Marine Freshwater Research Centre – Department of Natural Sciences Atlantic Technologic  
University Dublin Road, H91 T8NW, Galway, Irlande

<sup>5</sup> Stazione Zoologica Anton Dohrn – Villa Comunale, 80121 Napoli, Italie

<sup>6</sup> University of A Coruña – Universidade da CoruñaRúa da Maestranza, 915001 A Coruña, Espagne

Les microplastiques (MP) constituent une préoccupation environnementale majeure en raison de leur ubiquité dans les écosystèmes marins. Leur devenir dans la colonne d'eau dépend principalement de leur flottabilité elle-même influencée par le biofouling. Cette colonisation débute par la formation d'un biofilm microbien, dont les communautés de diatomées (CD) sensibles ou tolérantes aux pollutions constituent la composante autotrophe majoritaire. Elles contribuent également à produire les matrices exopolymériques des biofilms auxquelles les éléments-traces métalliques (ETM) peuvent se lier, mais les conséquences pour les CD marines et les organismes ingérant des MP restent floues.

Dans le cadre du projet MicroplastiX (2020-2023) financé par JPI Oceans, cette étude vise à caractériser la dynamique d'accumulation des ETM, la diversité et la composition des CD dans les biofilms.

8 polymères ont été immergés pendant 3 mois aux 4 saisons entre le 21/10/2021 et le 22/09/2022 en Méditerranée (Toulon et Naples) et en Atlantique (Galway et La Corogne). Le suivi de la croissance du biofilm par coloration au cristal violet, l'étude des CD par metabarcoding du gène

---

\*Intervenant

rbcL et la quantification des ETM par ICP-MS ont été réalisés après 7,14,28,56 et 84 jours d'immersion continue.

La croissance des biofilms était significativement plus élevée au printemps qu'aux autres saisons aux quatre sites ( $p < 0,001$ ). A Toulon, elle était également plus rapide sur 3 des 8 polymères (PS, PLA et PET) indépendamment des saisons. Des variations saisonnières et géographiques ont été mises en évidence concernant les ETM accumulés. Le traitement des données de diversité des CD est en cours.

**Mots-Clés:** Diatomée, biofilm, microplastique, élément, trace métallique

# Relation entre la diversité microbienne et la susceptibilité à l'invasion par la résistance aux antibiotiques dans les biofilms épilithiques

Frédérique Changey \* <sup>1</sup>, Elisa Catao <sup>2</sup>, Anne Poszwa <sup>3</sup>, Manon Grange <sup>3</sup>, François Guérold <sup>3</sup>, Marie-Noëlle Pons <sup>4</sup>, Sabine Delannoy <sup>5</sup>, Christophe Merlin <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire de Chimie Physique et Microbiologie pour les Matériaux et l'Environnement – Institut de Chimie du CNRS, Université de Lorraine, Centre National de la Recherche Scientifique – Université de Lorraine, 405 rue de Vandoeuvre, 54600 Villers-les-Nancy, France

<sup>2</sup> Laboratoire Matériaux Polymères Interfaces Environnement Marin - EA 4323 – Université de Toulon – Université de Toulon - 83957 La Garde, France

<sup>3</sup> Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux – Institut Ecologie et Environnement, Institut National des Sciences de l'Univers, Observatoire Terre et Environnement de Lorraine – Site Charmois : 15 Avenue du Charmois, F-54500 VANDOEUVRE-LES-NANCY ; Site Aiguillettes : Faculté des Sciences et Technologies, F-54506 VANDOEUVRE-LES-NANCY ; Site Bridoux : Campus Bridoux - Rue du Général Delestraint, F-57070 METZ ; Site Thionville : IUT de Thionville-Yutz - Espace Cormontaigne, F-57970 THIONVILLE-YUTZ, France

<sup>4</sup> Laboratoire Réactions et Génie des Procédés – Université de Lorraine, Centre National de la Recherche Scientifique – Université de Lorraine - ENSIC, 1 rue de Grandville BP 20451, 54001 Nancy Cedex, France

<sup>5</sup> Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail – Unité d'évaluation des risques liés aux aliments; Direction de l'évaluation des risques, French Agency for Food, Environmental and Occupational Health – 14 rue Pierre et Marie Curie 94701 MAISONS-ALFORT Cedex, France

L'invasion de communautés microbiennes par d'autres microorganismes consiste en une séquence d'événements : l'introduction, l'établissement, la croissance et la propagation pour aboutir à une altération de la communauté indigène. La persistance des organismes envahisseurs dépend de leur capacité à exploiter les ressources disponibles dans les niches écologiques vacantes. Par conséquent, la susceptibilité à l'invasion est plus forte lorsque la diversité est faible. Nous avons émis l'hypothèse que l'invasion bactérienne est une condition préalable à la dissémination des gènes d'antibiorésistance (GAR), car le donneur doit d'abord s'installer dans la communauté. Nous avons développé un projet visant à étudier l'effet de la biodiversité sur la susceptibilité des communautés microbiennes à l'invasion par des GAR après exposition à des pressions anthropogéniques. Pour ce faire, nous avons sélectionné trois rivières en tête de bassin versant dans les Vosges (France) avec différents niveaux de diversité en fonction des conditions physico-chimiques de l'environnement. L'échantillonnage a été réalisé sur des biofilms épilithiques le long d'un continuum allant des zones à faible pression anthropique en passant par des zones à pression intermédiaire pour finir par des habitats urbains. Le criblage des GAR, réalisé par qPCR à haut débit, a confirmé l'entrée de certains de ces gènes dès la première pression anthropique. En parallèle, la structure des communautés bactériennes a été établie par métabarcoding, montrant une

---

\*Intervenant

variation de la diversité microbienne des biofilms superposable sur celle de l'antibiorésistance. Nos données ont permis d'établir une relation entre la biodiversité microbienne et l'augmentation qualitative et quantitative des GAR.

**Mots-Clés:** ARG, Invasion, Diversité microbienne, Pression anthropique

# Des polluants d'origine anthropogénique augmentent la mobilisation des gènes de résistance aux antibiotiques dans l'environnement

Concepcion Sanchez-Cid \* <sup>1</sup>, Timothy M. Vogel <sup>2</sup>

<sup>1</sup> Environmental Microbial Genomics, CNRS UMR 5005 Laboratoire Ampère, École Centrale de Lyon, Université de Lyon, Écully, France – Ecole Centrale de Lyon – France

<sup>2</sup> Université de Lyon, Université Claude Bernard Lyon 1, UMR CNRS 5557, UMR INRAe 1418, VetAgro Sup, Ecologie Microbienne, équipe BEER, F-69622 Villeurbanne, France – Université Claude Bernard-Lyon I - UCBL (FRANCE) – France

L'environnement est souvent contaminé par des résidus de polluants issus des activités anthropogéniques. Ces polluants, même s'ils se trouvent dans l'environnement à des concentrations très inférieures à celles trouvées dans leur usage primaire (clinique, agriculture, industrie), peuvent avoir un impact direct ou indirect sur la sélection des gènes de résistance aux antibiotiques (GRA). La présence de ces résidus dans l'environnement peut donc mener à la mobilisation des GRA dans des éléments génétiques mobiles (EGM) tels que les intégrons de classe 1 (IC1) ou les plasmides, ce qui les rend plus facilement transférables à d'autres bactéries (notamment celles du microbiome humain). L'objectif de cette recherche était d'évaluer le potentiel sélectif des antibiotiques (gentamicine, ciprofloxacine) et d'autres polluants (métaux, microplastiques) à des concentrations environnementales sur les EGM, ainsi que l'impact de ces polluants à la mobilisation des GRA dans des EGM. Nous avons utilisé une combinaison de méthodes de séquençage métagénomique (Illumina MiSeq, Oxford Nanopore) sur des génomes ou des IC1 obtenus des échantillons d'eau de rivière, ainsi que des outils d'annotation des intégrons, d'assemblage de plasmides et d'identification des séquences d'origine plasmidique dans des séquences métagénomiques. La présence de résidus d'antibiotiques et d'autres polluants dans l'environnement sélectionne des GRA codés par des plasmides et augmente la mobilisation de ces GRA dans des IC1. En outre, ces polluants modifient la structure des cassettes des IC1. Cette recherche démontre l'impact des polluants d'origine anthropogénique sur les EGM environnementaux et le risque pour la santé humaine associé à la pollution environnementale par ces composés.

**Mots-Clés:** antibiorésistance, One Health, antibiotiques, polluants émergents, éléments génétiques mobiles

---

\*Intervenant

# L'approche PICT pour évaluer *in situ* l'adaptation et la résilience de biofilms périphytiques aux substances pharmaceutiques : expérience de translocation dans un cours d'eau contaminé

Hélène Rogue \* <sup>1,2</sup>, Emilie Lyautey <sup>2</sup>, Chloé Bonnineau <sup>1,3</sup>, Cécile Chardon <sup>4</sup>, Amandine Daval <sup>1</sup>, Bernard Motte <sup>1</sup>, Frédéric Rimet <sup>4</sup>, Christophe Rosy <sup>1</sup>, Bernadette Volat <sup>1</sup>, Cecile Miege <sup>1</sup>, Stephane Pesce <sup>1</sup>

<sup>1</sup> INRAE, UR RiverLy, Villeurbanne – INRAE – 5 rue de la Doua, CS 20244, 69625 Villeurbanne Cedex, France

<sup>2</sup> Université Savoie Mont Blanc – Université Savoie Mont Blanc, INRAE, CARTELE – 27, rue Marcoz - 73000 Chambéry, France

<sup>3</sup> Ecosystèmes aquatiques et changements globaux – Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – 50 avenue de Verdun - Gazinet, F-33612 Cestas, France

<sup>4</sup> Centre Alpin de Recherche sur les Réseaux Trophiques et Ecosystèmes Limniques – Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – 74200 Thonon-les-Bains, France - 73376 Le Bourget du Lac, France, France

La contamination des milieux aquatiques par les substances pharmaceutiques impacte les communautés microbiennes périphytiques exposées. Cela peut se traduire, entre autres, par une modification de la diversité microbienne associée à une augmentation de la tolérance de la communauté à ces substances, conformément au concept PICT (*pollution induced community tolerance*). Cependant, les liens de causalité entre les niveaux d'exposition aux substances pharmaceutiques et les niveaux de tolérance à leur toxicité restent à établir.

Pour tester la pertinence de l'approche PICT pour évaluer *in situ* l'adaptation et la résilience de biofilms périphytiques aux substances pharmaceutiques, nous avons mené une expérience de translocation sur une rivière présentant un gradient de contamination. Du périphyton a été déplacé entre l'amont (référence) et l'aval (contaminé) pour simuler, durant 6 semaines, une dégradation (vers l'aval) ou une restauration (vers l'amont) de la qualité chimique de l'eau (caractérisée à l'aide d'échantillonneurs passifs, POCIS). Sept substances modèles ont été considérées pour l'approche PICT et la diversité des communautés périphytiques a été appréhendée par métabarcoding (ADNr16S et 23S, *rbcL*).

Dans la station aval contaminée, nous avons observé une forte tolérance des communautés phototrophes au diclofénac et à l'aténolol. Pour ces deux substances, la translocation a permis d'observer progressivement une adaptation (tolérance accrue) ou au contraire une résilience (perte de tolérance) de ces communautés suite à leur déplacement vers l'aval et vers l'amont, respectivement. L'approche PICT est donc prometteuse pour évaluer *in situ* l'adaptation ou la résilience microbienne aux substances pharmaceutiques et contribuer au diagnostic de leur impact environnemental.

---

\*Intervenant

**Mots-Clés:** écotoxicologie microbienne, tolérance, POCIS (polar organic chemical integrative sampler), communautés phototrophes

# Table des matières (posters)

## Interactions biotiques

- 1** La manipulation de la distance physique entre les cellules révèle l'importance des interactions biotiques dans l'assemblage des communautés microbiennes du sol, Sana Romdhane [et al.]
- 2** Détermination de l'effet de la faune du sol sur l'assemblage des communautés microbiennes par une expérience d'exclusion in situ, Mathilde Jeanbille [et al.] . .
- 3** L'inoculation récurrente de *Pseudomonas fluorescens* peut-elle améliorer sa survie dans le sol ?, Marine Papin [et al.]
- 4** Rôle des *Pseudomonas* comme agents de biocontrôle à l'encontre des plantes parasites de la famille des orobanches., Tristan Lurthy [et al.]
- 5** Dependientiae, écologie et mode de vie d'un phylum méconnu, Louis Weisse [et al.]
- 6** Identification des mécanismes d'adaptation de *Pseudomonas fluorescens* à la rhizosphère du maïs par une approche d'évolution expérimentale, Jeanne Dore [et al.]
- 7** Dynamique saisonnière de communautés bactériennes associées aux macroalgues, Maéva Brunet [et al.]
- 8** Rôle du microbiote racinaire fongique dans la nutrition phosphorée des plantes non-mycorhiziennes, Pauline Bruyant [et al.] .
- 9** Effets de différentes pratiques agricoles sur le microbiote de la vigne, Amélia Bourceret [et al.]
- 10** Diversité virale des eaux de baignade de la Seine, Alisa Langlais [et al.] .
- 11** Caractérisation des dynamiques hôtes-virus lors de la méthanisation en présence d'inhibiteurs abiotiques, Marion Coves [et al.] .



- 12 Vésicules extracellulaires de la bactérie phyto-bénéfique *Azospirillum* sp. B510 : Caractérisation et potentiels rôles écologiques, Timothée Zannis-Peyrot [et al.] . .
- 13 Biocontrôle de *Fomitiporia mediterranea*, un champignon pathogène clé d'une maladie du bois de la vigne, l'Esca, avec des bactéries isolées de *Vitis vinifera*, Ouiza Mesguida [et al.]
- 14 Diversité des phages et des bactéries dans les sols : Régulation par la teneur en eau, Rémi Trémouille [et al.]
- 15 Importance de la transmission verticale du microbiote de l'éponge holobionte *Spongilla lacustris* lors des premiers cycles de développements des juvéniles, Benoît Paix [et al.]
- 16 Effets de la température sur l'holobionte corail d'eau froide dans l'océan Atlantique, Mathilde Chemel [et al.]
- 17 Effet de *Vibrio tapetis* et de la température sur le microbiote de la palourde japonaise, *Ruditapes philippinarum*, Cynthia Oliveira [et al.]
- 18 Les plantes formant des phytotelmes : un système modèle pour la découverte de nouvelles stratégies des plantes pour façonner leur microbiote fixateur d'azote, Antoine Vergne [et al.]
- 19 Les approches cellule unique en écologie microbienne : preuves de concept avec le cellenONE et exemples d'applications, Solene Mauger [et al.]
- 20 Diversité des bactéries fixatrices d'azote dans la rhizosphère de *Posidonia oceanica* : Implications pour la restauration, Arnaud Boulenger [et al.]
- 21 Impact du type de sol et des génotypes de pommes de terre sur la diversité microbienne des endophytes racinaires, Jyotsna Nepal [et al.]
- 22 Recrutement larvaire corallien sur des biofilms de l'algue verte bioérodante *Ostreobium* et son microbiote bactérien, Anaïs Massé [et al.]

### **Ecologie fonctionnelle et biogéochimie**

- 23 Impact de prébiotiques et probiotiques sur la diversité taxonomique et fonctionnelle de communautés microbiennes de sols dégradés dans un contexte de reforestation, Romain Darriaut [et al.]
- 24 Résilience fonctionnelle de biofilms exposés à une séquence de perturbations : influence de la nature, intensité et fréquence des perturbations, Camille Courcoul [et al.]

- 25** Les EPS dans les biofilms phototrophes de rivières intermittentes : Réponses à l'assec et à une contamination agricole lors de la remise en eau., Camille Courcoul [et al.]
- 26** Comment la qualité du carbone organique affecte-t-elle la diversité bactérienne des zones intertidales ?, Floriane Turrel [et al.]
- 27** Ecosystèmes microbiens dans les zones d'émanations naturelles d'hydrogène en milieu continental, Camille Mazière [et al.]
- 28** Nouvelles stratégies pour la détection et le tri de cellules accumulatrices de polyphosphates (BAPs) par cytométrie en flux, Clémentin Bouquet [et al.]
- 29** Effets successifs des antibiotiques et de l'augmentation de la température sur la résilience des communautés microbiennes aquatiques, Olivia Renard [et al.]
- 30** Diversité taxonomique et fonctionnelle du microbiome des lacs péri-urbains au long d'un gradient d'eutrophisation en saison estivale, Pierre Foucault [et al.]
- 31** Dynamiques biogéochimiques d'estuaires souterrains : un continuum terre-mer méconnu, Léopold Matthys [et al.]
- 32** Effet de l'acide propionique sur la digestion anaérobie des boues de station d'épuration : production de biogaz et structure des communautés microbiennes, Xiaojun Liu [et al.]

### **Ecophysiologie et écologie chimique**

- 33** Diversité des communautés microbiennes des sources hydrothermales des îles éoliennes de Vulcano et Panarea : approche culturelle et métabarcoding, Antoine Carissimo [et al.]
- 34** Optimisation de la production d'hydrogène issue de la fermentation de déchets industriels organiques par de nouveaux organismes hyperthermophiles isolés des sources hydrothermales peu profondes des îles éoliennes, Italie, Anne-Hélène Prime [et al.]
- 35** *Marinitoga aeolica* sp. nov, une nouvelle thermophile hétérotrophe et anaérobie isolée d'une source hydrothermale peu profonde de l'île de Panarea dans l'archipel éolien, Italie., Anne Postec [et al.]
- 36** Caractérisation d'une nouvelle souche thermophile anaérobie V6Fe1T, affiliée aux Deferribacteraceae, et étude des voies de réduction des nitrates par RT-PCR quantitative., Grégoire Gales [et al.]

- 37** La diversité microbienne d'une île néo-volcanique en Islande: Surtsey, Pauline Vannier [et al.]
- 38** Effet de la contrainte de cisaillement sur la structure de la communauté, l'expression métabolique et la production d'EPS des biofilms marins dans un environnement semi-contrôlé, Aurelie Portas [et al.]
- 39** Diversité des microorganismes électroautotrophes de sources hydrothermales de faible profondeur, Antoine Carissimo [et al.]
- 40** Décryptage des interactions métaboliques au sein d'un consortium bactérien producteur d'hydrogène., Magali Roger
- 41** CARACTERISATION DU METABOLOME DE TROIS MICROALGUES AFIN D'ETUDIER LA DIFFERENCE DE SENSIBILITE AU STRESS CHIMIQUE, Mélissa Eon [et al.]
- 42** Production de polymères biodégradables par des microorganismes à partir de déchets organiques, Maria Lorena Falco [et al.]

#### **Adaptation, évolution, écologie théorique et modélisation**

- 43** Distribution et fonction d'une petite protéine à domaine J, co-chaperon de DnaK, essentielle à l'adaptation de *Shewanella oneidensis* à son environnement, Lana Weber [et al.]
- 44** Un cortège de bactéries endophytes stable au sein des graines de Brassicales et Astérales hyperaccumulatrices de métaux, Julien Ancousture [et al.]
- 45** Dynamique de colonisation et variabilité spatiotemporelle des communautés de diatomées dans les biofilms côtiers, Raphaëlle Barry-Martinet [et al.]

#### **Ecotoxicologie microbienne & pressions anthropiques**

- 46** Un réseau européen de Doctorants pour limiter l'impact des substances pharmaceutiques et la dissémination de l'antibiorésistance et des microorganismes pathogènes le long du continuum sol-eau-sédiment: Présentation du projet MSCA-DN Pharm-ERA., Stephane Pesce [et al.]
- 47** La bioaugmentation préventive des sols agricoles : un concept d'utilisation plus " durable " des pesticides pour réduire les contaminations environnementales, Roxane Dhommée [et al.]
- 48** Projet BARRIER : Protection bactérienne des micro-algues soumises à un stress chimique, Olivier Pringault [et al.]

- 49** Impact de la canicule de l'été 2022 sur la composition des communautés bactériennes associées aux gorgones méditerranéennes, Camille Prioux [et al.]
- 50** Analyse multi-échelle de l'impact du lithium : des réponses cellulaires de deux organismes modèles à l'impact sur les communautés., Nicolas Fierling [et al.]
- 51** Études des paramètres intervenant dans la bioremédiation du benzo(a)pyrène par le champignon tellurique *Talaromyces helicus* en colonne de sol, Salome Bertone [et al.]
- 52** Développement de dispositifs de capture de bactéries dégradant les contaminants organiques dans les sols\_ Audrey Vauloup, Christine Friry, Hélène Le Cordier, Aurélie Cébron Université de Lorraine, CNRS, LIEC, 54000 Nancy, France, Audrey Vauloup [et al.]
- 53** Bioprospection de bactéries capables de dégrader le chlorométhane : challenge en anaérobiose, Quentin Kocent [et al.]
- 54** Réponses physiologiques et protéomique du dinoflagellé neurotoxique *Alexandrium pacificum* exposé à un stress polymétallique combiné à une augmentation de température reflétant le réchauffement climatique, Natacha Jean
- 55** Nouveaux outils en bioremédiation : prédiction du potentiel de dégradation d'une communauté à partir de sa composition et création de communautés multidégradantes par coalescence, Sylvia Thieffry [et al.]
- 56** Impact du phénanthrène sur la physiologie du peuplier et sur les communautés fongiques et bactériennes dans la rhizosphère et l'endosphère racinaire., Lilian Gréau [et al.]
- 57** Efficacité et Effets Non-Intentionnels de l'amendement de biocomposites dégradant l'atrazine dans des sols contaminés, Sakineh Abbasi [et al.]
- 58** Bioindication de la qualité chimique des masses d'eau côtières de Méditerranée française par les communautés de diatomées des biofilms marins, Abel Barré [et al.]
- 59** Dynamique microbienne marine lors d'une remise en suspension de sédiment : mise en évidence d'une succession de processus passifs et d'une réponse trophique à la coalescence, Elyne Dugény [et al.]
- 60** Isolement et caractérisation de 4 souches de *Rhodococcus* spp. capables de dégrader l'herbicide métamitron, Marion Devers-Lamrani [et al.]
- 61** Survie et écotoxicologie de souches bactériennes biocontrôles chez le Colza, Amélie Polrot [et al.]

- 62** Liens entre la biodiversité bactérienne et la signature géochimique dans la nappe de Beauce, Jennifer Hellal [et al.]
- 63** Qui perturbe le signal ? Les trois domaines de la vie colonisent les télescopes à neutrinos au fond de la Méditerranée, Elisa Catao [et al.]
- 64** Diversité des bactéries chlorométhane-dégradantes dans des sédiments marins, Lucile Meyer [et al.]
- 65** Transplantation en mésocosme de biofilms marins : estimation du risque de transfert d'espèces exotiques par la navigation à grande échelle, Sandrine Bessette [et al.]
- 66** Bioindicateurs microbiens de l'état écologique des zones humides côtières, Megane Noyer [et al.]
- 67** La contribution des déversoirs d'orage unitaires à la dissémination des cocktails de polluants biogéochimiques et les indicateurs pour les détecter, Carmen Palacios
- 68** EcotoxicoMic : un réseau international qui fédère la communauté scientifique en écotoxicologie microbienne, Aurélie Cebon [et al.]
- 69** Etude des répartitions spatiales de *Nocardia* pathogènes dans des bassins-versants par PCR quantitative en temps réel, Elisabeth Pinel [et al.]
- 70** Bioaccumulation de métaux par la plastisphère et transfert trophique dans *Artemia salina*, Océane Lazzeroni [et al.]
- 71** Microorganisms: actors governing the degradation and transformation of diuron in sewage sludge during biological treatment, My Dung Jusselme
- 72** Performic acid: disinfection effectiveness and ecotoxicology on receiving environment, My Dung Jusselme

# Interactions biotiques

(posters)

# La manipulation de la distance physique entre les cellules révèle l'importance des interactions biotiques dans l'assemblage des communautés microbiennes du sol

Sana Romdhane \* <sup>1</sup>, Sarah Huet , Aymé Spor , David Bru , Marie-Christine Breuil , Laurent Philippot

<sup>1</sup> UMR1347 Agroécologie – Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement (INRAE) – 17 rue Sully 21065 Dijon, France

Les communautés microbiennes sont d'une importance considérable pour le fonctionnement des écosystèmes et pourtant nous savons peu de choses sur les processus écologiques qui régissent l'assemblage de ces communautés dans l'environnement. Nous avons utilisé une approche expérimentale basée sur la manipulation de la distance physique entre les cellules voisines pendant la colonisation du sol afin de déterminer le rôle des interactions bactériennes dans l'assemblage de ces communautés. Pour cela, nous avons inoculé les mêmes communautés microbiennes telluriques dans des volumes croissants de sol stérile. Nous avons observé des différences significatives dans la diversité et la composition des communautés bactériennes ainsi que dans les réseaux de coexistence après la colonisation du sol, qui étaient liées à la distance physique initiale. La réduction des distances entre les cellules a engendré une perte de la diversité bactérienne, avec au moins 41 % des OTU dominantes étant significativement affectées par la distanciation physique. Nos résultats indiquent également qu'une densité cellulaire élevée favorise principalement les interactions compétitives. Notre étude démontre que la compétitivité des bactéries dépend fortement de la densité cellulaire et de la composition de la communauté, soulignant ainsi le rôle fondamental des interactions microbiennes dans l'assemblage des communautés du sol.

**Mots-Clés:** Interactions, assemblages microbiens, coalescence

---

\*Intervenant

# Détermination de l'effet de la faune du sol sur l'assemblage des communautés microbiennes par une expérience d'exclusion in situ

Mathilde Jeanbille \* <sup>1</sup>, Sana Romdhane <sup>1</sup>, Marie-Christine Breuil <sup>1</sup>, David Bru <sup>1</sup>, Stefan Geisen <sup>2</sup>, Arnaud Mounier <sup>1</sup>, Aymé Spor <sup>1</sup>, Laurent Philippot <sup>1</sup>

<sup>1</sup> UMR Agroécologie – Université Bourgogne Franche-Comté [COMUE], Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement (INRAE) – 17 rue Sully 21000 Dijon, France

<sup>2</sup> Laboratory of Nematology, Wageningen University Research – Droevendaalsesteeg 1 6708PB Wageningen, Pays-Bas

Contrairement aux effets des plantes, les interactions entre la faune et les microorganismes du sol ont été négligées. Notre objectif a donc été de déterminer l'importance des interactions avec la microfaune et la mésofaune dans l'assemblage des communautés microbiennes telluriques. Des microcosmes d'exclusion de sol stérilisé avec des ouvertures recouvertes de mailles de 31, 50, 100, 250, 500, et 1000  $\mu\text{m}$ , ont été enfouis dans un sol de prairie selon un plan aléatoire, puis récoltés après 3, 9 et 12 mois. La composition des communautés bactériennes, fongiques et faunistiques a été déterminée par séquençage haut débit des ARNr 16S et 18S.

La diversité phylogénétique de la communauté du sol a significativement augmenté et s'est stabilisée après 9 mois. Après cette recolonisation, les effets de l'exclusion étaient plus prononcés pour les microcosmes de maille  $\leq 500 \mu\text{m}$ . Plus précisément, l'exclusion a significativement augmenté l'abondance relative des protistes phagotrophes, et au contraire diminué l'abondance des OTUs bactériennes et fongiques dominantes. L'inférence des réseaux de co-occurrences a révélé que parmi les liens négatifs entre la faune et les bactéries statistiquement liés à l'exclusion, plus de 60% reliaient des cercozoaires à des bactéries du phylum Bacteroidetes.

En conclusion, l'exclusion de la faune d'une taille supérieure à 500  $\mu\text{m}$  a favorisé les protistes phagotrophes dans les microcosmes d'exclusion, mettant en évidence la potentielle prédation préférentielle des Bacteroidetes par les cercozoaires. Nous avons ainsi montré le rôle central de la faune dans l'assemblage du microbiome d'un sol de prairie.

**Mots-Clés:** microfaune, protistes, sol, microbiome, exclusion, interactions, cercozoaires, mesofaune

---

\*Intervenant



# L'inoculation récurrente de *Pseudomonas fluorescens* peut-elle améliorer sa survie dans le sol ?

Marine Papin \*<sup>1</sup>, Marie-Christine Breuil<sup>1</sup>, David Bru<sup>1</sup>, Assia Dreux-Zigha<sup>2</sup>, Xavier Le Roux<sup>3</sup>, Laurent Philippot<sup>1</sup>, Nadine Rouard<sup>1</sup>, Aymé Spor<sup>†1</sup>

<sup>1</sup> Agroécologie [Dijon] – Université de Bourgogne, AgroSup Dijon - Institut National Supérieur des Sciences Agronomiques, de l'Alimentation et de l'Environnement, Université Bourgogne Franche-Comté [COMUE], Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement, AgroSup Dijon - Institut National Supérieur des Sciences Agronomiques, de l'Alimentation et de l'Environnement – France

<sup>2</sup> GreenCell [Saint-Beauzire] – Greencell – GreenCell, Saint-Beauzire, France, France

<sup>3</sup> Laboratoire d'Ecologie Microbienne - UMR 5557 – Université Claude Bernard Lyon 1, Ecole Nationale Vétérinaire de Lyon, VetAgro Sup - Institut national d'enseignement supérieur et de recherche en alimentation, santé animale, sciences agronomiques et de l'environnement, Centre National de la Recherche Scientifique, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – BAT GREGOR MENDEL (ex 741)-4 et 43 Bvd du 11 Novembre 1918 69622 VILLEURBANNE CEDEX, France

Les inoculants microbiens suscitent un intérêt croissant mais leur efficacité est encore critiquée en lien avec une faible de survie des souches inoculées, en partie due aux interactions biotiques avec la communauté bactérienne résidente. L'objectif de cette étude est de tester (i) plusieurs stratégies d'inoculation récurrentes susceptibles de favoriser la survie d'une souche PGPR (*Pseudomonas fluorescens B177*) et (ii) l'impact de ces inoculations sur la communauté bactérienne résidente. Pour cela, différentes séquences d'inoculation de la souche *P. fluorescens* ont été testées en microcosmes de sol : une inoculation unique, deux inoculations séparées par 2 et 6 semaines et 4 inoculations avec, pour chacune de ces séquences, deux densités d'inoculation (106 et 108 cfu/g sol). Une plus forte abondance de *P. fluorescens* a été observé avec quatre inoculations récurrentes 2 semaines après la dernière inoculation. Aucun impact significatif des séquences d'inoculation n'a été observé sur la diversité et la composition à l'échelle de la communauté. L'analyse d'abondance différentielle a permis d'identifier au maximum 13 OTUs dominantes affectées par les séquences d'inoculation à forte densité ce qui suggère un impact mineur sur la communauté résidente. En revanche, l'inoculation récurrente a provoqué une forte accumulation de nitrate, qui n'a pas été expliqué par l'abondance des microorganismes nitrifiants ou nitrate-réducteurs. Cette accumulation de nitrate est potentiellement un des mécanismes par lequel *P. fluorescens* stimule la croissance des plantes, ce qu'il serait pertinent d'évaluer dans une prochaine étude.

**Mots-Clés:** Inoculation, PGPR, impact, communauté, inoculant, survie, qPCR, 16S, azote

\*Intervenant

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

# Rôle des *Pseudomonas* comme agents de biocontrôle à l'encontre des plantes parasites de la famille des orobanches.

Tristan Lurthy <sup>\*† 1</sup>, Ségolène Perot <sup>1</sup>, Florence Gerin <sup>1</sup>, Marjolaine Rey <sup>1</sup>,  
Florence Wisniewski-Dyé <sup>1</sup>, Gilles Comte <sup>1</sup>, Florelle Deboudard <sup>2</sup>, Assia  
Dreux-Zigha <sup>3</sup>, Ahmed Taibi <sup>3</sup>, Claire Prigent-Combaret<sup>‡ 1</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire d'Ecologie Microbienne - UMR 5557 – Université Claude Bernard Lyon 1, Ecole Nationale Vétérinaire de Lyon, VetAgro Sup - Institut national d'enseignement supérieur et de recherche en alimentation, santé animale, sciences agronomiques et de l'environnement, Centre National de la Recherche Scientifique, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – BAT GREGOR MENDEL (ex 741)-4 et 43 Bvd du 11 Novembre 1918 69622 VILLEURBANNE CEDEX, France

<sup>2</sup> GreenCell – Entreprise privée – Saint-Beauzire 63360, France

<sup>3</sup> GreenCell – Entreprise privée – Saint-Beauzire 63360, France

Les orobanches (*Orobanche* spp. et *Phelipanche* spp.) sont des plantes parasites obligatoires capables d'affecter de nombreuses cultures telles que le colza, le tournesol, le tabac ou encore le chanvre. En France, les cultures de colza (*Brassica napus*) sont les plus touchées par cette plante parasite causant jusqu'à 100% de perte de rendement pour les champs les plus infestés. De plus, la forte capacité de multiplication de ces parasites rend difficile leur éradication. A l'heure actuelle, il n'existe pas de moyen de lutte efficace pour limiter leur développement. C'est dans ce contexte que notre équipe vise à développer des agents de biocontrôle bactériens, ciblant les premières étapes du développement de l'orobanche.

Le criblage d'une banque de *Pseudomonas* isolées du sol rhizosphérique a permis d'identifier des souches i) produisant des inhibiteurs de la germination des orobanches en condition *in vitro* et ii) permettant la protection du colza et du tournesol en condition *in vivo* en serre. Des analyses métabolomiques ont permis d'identifier des molécules inhibitrices de la germination des orobanches. Les interactions entre la plante hôte, l'orobanche et les *Pseudomonas* sont actuellement investiguées pour comprendre les mécanismes impliqués dans cette inhibition du parasitisme. En parallèle, les souches candidates sont évaluées sur le terrain pour leur effet de protection du colza et du tournesol contre l'orobanche.

Notre étude élargit les connaissances sur le rôle bénéfique des *Pseudomonas* pour les plantes de culture et ouvre de nouvelles voies pour le développement de bioherbicides naturels pour lutter contre les infections parasitaires des plantes.

**Mots-Clés:** Orobanche, *Pseudomonas*, plantes parasites, biocontrôle, colza, tournesol

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: tlurthy@gmail.com

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

# Dependentiae, écologie et mode de vie d'un phylum méconnu

Louis Weisse <sup>\*†</sup> <sup>1</sup>, Vincent Delafont <sup>1</sup>, Yann Héchard <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Ecologie et biologie des interactions – Université de Poitiers, Centre National de la Recherche Scientifique – Bât. Biologie/Géologie 1er étage 40 Av du recteur Pineau 86022 POITIERS CEDEX, France

Bien que les bactéries soient la forme de la vie la plus diverse sur Terre, seule une fraction sont cultivables en laboratoire. Cette majorité bactérienne non cultivable, bien que connue grâce au séquençage de l'ADN est désignée comme la " Matière Noire Microbienne ". Parmi ces bactéries, on retrouve le phylum candidat *Dependentiae*. Ces bactéries présentent des génomes de taille réduite et un faible taux de GC ce qui indiquerait notamment un mode de vie intracellulaire conservé au sein de ce groupe, avec probablement des protistes comme hôte.

Le but de cette étude est de définir expérimentalement le tropisme environnemental des *Dependentiae*, ainsi que de trouver de nouveaux isolats, avec leur hôte natif, qui serviront par la suite à l'étude de leur cycle de vie.

Afin de répondre à ces questions, une campagne d'échantillonnage a été réalisée sur une année pour tenir compte de la saisonnalité, en ciblant des environnements sur la base d'une approche de *data-mining* de données métagénomiques. Ces échantillons (n =100 ; eau, sol, sédiments) ont servi de base pour l'enrichissement et l'analyse des protistes phagotrophes présents ainsi que de leurs bactéries associées, par des approches de culture et de séquençage. Ainsi, les premiers résultats, obtenus par séquençage d'amplicons du gène codant l'ARNr 16S, ont révélé la présence des *Dependentiae* dans de nombreux milieux (41 sur 50 échantillons séquencés). Aussi, nous avons pu maintenir des cultures complexes de protistes naturellement infectées par des *Dependentiae*, en laboratoire, ouvrant la possibilité de leur isolement.

**Mots-Clés:** Séquençage haut débit, Interactions Microbiennes, Protistes

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: louis.weisse@univ-poitiers.fr

# Identification des mécanismes d'adaptation de *Pseudomonas* fluorescents à la rhizosphère du maïs par une approche d'évolution expérimentale

Jeanne Dore <sup>\*† 1</sup>, Elise Forgues, Daniel Muller, Claire Prigent-Combaret<sup>‡</sup>

<sup>1</sup> UMR CNRS 5557 Ecologie Microbienne – Université Claude Bernard - Lyon I – 43 Boulevard du 11 novembre 1918, 69622 Villeurbanne, France

Une approche d'évolution expérimentale d'une communauté synthétique (SynCom) de souches rhizosphériques de *Pseudomonas* a été entreprise afin d'évaluer la dynamique évolutive de leurs populations dans la rhizosphère de leur plante hôte, le maïs. Pour ce faire, une SynCom de 10 souches de *Pseudomonas* de 7 espèces différentes et présentant des profils de fonctions phyto-bénéfiques différents a été créée et mise à évoluer pendant 27 cycles en contact avec les racines du maïs. La dynamique des populations a été suivie à différents cycles au cours du processus d'évolution expérimentale. Des clones ont ensuite été sélectionnés au dernier cycle de l'évolution expérimentale et ont été analysés afin d'évaluer leur évolution par rapport aux souches parentales de *Pseudomonas*, en vue de détecter les changements génétiques et phénotypiques nécessaires à leur adaptation à la rhizosphère de leur plante hôte. Ce travail s'est focalisé sur les changements phénotypiques de caractères essentiels pour l'interaction des populations de *Pseudomonas* avec la rhizosphère de leur plante hôte. Nous avons pu montrer que les clones de *Pseudomonas* ont évolué vis-à-vis de plusieurs caractères : la mobilité, la formation de biofilms, leur capacité antifongique ou leur profil d'utilisation de sources de carbone. Une sélection de variants a été réalisée en fonction de ces caractères et leur compétitivité rhizosphérique a été évaluée en comparaison aux souches parentales dont ils dérivent. Cette étude permet ainsi une meilleure connaissance de la dynamique évolutive de souches bactériennes au sein de la rhizosphère aussi bien dans leurs caractères phénotypiques que dans leur niveau de compétitivité.

**Mots-Clés:** communauté synthétique, évolution, changement phénotypique, interaction plante, microorganisme, valeur sélective in planta

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: [jeanne.dore@univ-lyon1.fr](mailto:jeanne.dore@univ-lyon1.fr)

‡Auteur correspondant: [claire.prigent-combaret@univ-lyon1.fr](mailto:claire.prigent-combaret@univ-lyon1.fr)

# Dynamique saisonnière de communautés bactériennes associées aux macroalgues

Maéva Brunet , Nolwen Le Duff , Tristan Barbeyron , François Thomas \* <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire de Biologie Intégrative des Modèles Marins (LBI2M) – Sorbonne Université, Centre National de la Recherche Scientifique, Station Biologique de Roscoff – Station Biologique de Roscoff  
Place Georges Teissier 29680 Roscoff, France

Les interactions algues-bactéries sont à la base de processus biologiques essentiels dans les environnements côtiers. Il est donc crucial de comprendre les facteurs influençant la composition des communautés microbiennes épiphytes. Bien que la composition du microbiote de plusieurs macroalgues ait été étudiée au cours des dernières décennies, les études comparant la dynamique des microbiotes de différentes espèces d'algues au cours du temps restent rares.

Nous avons étudié les variations saisonnières des communautés bactériennes associées à plusieurs macroalgues intertidales saines vivant dans un habitat tempéré. Pendant un an, le microbiote de surface de trois algues brunes (*Laminaria digitata*, *Fucus serratus*, *Ascophyllum nodosum*), une algue rouge (*Palmaria palmata*) et une algue verte (*Ulva* sp.) a été échantillonné tous les mois. L'abondance absolue et la composition taxonomique des communautés bactériennes ont été déterminées par qPCR et metabarcoding du gène de l'ARN 16S.

Bien que les membres des classes *Alphaproteobacteria*, *Gammaproteobacteria* et *Bacteroidia* dominent le microbiome de toutes les algues toute l'année, la présence et l'abondance de certains taxons sont spécifiques à l'espèce d'algue étudiée. Les microbiotes de toutes les algues présentent des dynamiques saisonnières principalement dues aux variations d'abondance d'un nombre restreint d'ASV. Certains paramètres environnementaux biotiques et abiotiques, tels que la température, la salinité ou la concentration en chlorophylle *a*, permettent d'expliquer en partie ces changements, tout comme les variations de composition des tissus algaux.

Ces résultats fournissent une compréhension plus approfondie des fluctuations saisonnières du microbiote associé aux macroalgues et mettent en lumière les facteurs contrôlant la structure des communautés bactériennes.

**Mots-Clés:** microbiote, interaction bactérie/macroalgues

---

\*Intervenant

# Rôle du microbiote racinaire fongique dans la nutrition phosphorée des plantes non-mycorhiziennes

Pauline Bruyant <sup>\*† 1</sup>, Jeanne Dore , Yvan Moenne-Loccoz , Juliana Almario<sup>‡</sup>

<sup>1</sup> UMR CNRS 5557 Ecologie Microbienne – Université Claude Bernard - Lyon I – 43 Boulevard du 11 novembre 1918, 69622 Villeurbanne, France

La plupart des plantes terrestres dépend de la symbiose mycorhizienne à arbuscules pour l'absorption du phosphore (P), mais certaines plantes non-mycorhiziennes (NM) sont incapables d'établir cette symbiose. Des études en conditions artificielles montrent que des champignons endophytes, phylogénétiquement éloignés des lignées mycorhiziennes, joueraient un rôle dans la nutrition phosphorée des plantes NM. Ces champignons dits " pseudo-mycorhiziens " peuvent transférer du P directement à des Brassicaceae (NM). Notre hypothèse est qu'ils remplacent fonctionnellement les champignons mycorhiziens dans les plantes NM, contribuant à leur nutrition phosphorée. L'objectif est de caractériser le microbiote racinaire fongique de plantes NM dans des sols plus ou moins anthropisés et d'identifier les taxons fongiques liés à une meilleure accumulation de P par les plantes (taxons pseudo-mycorhiziens candidats). Nous avons effectué une analyse (metabarcoding ITS2) du microbiote racinaire fongique de 39 espèces sauvages de plantes NM ou mycorhiziennes, sur un transect de Lyon au col du Galibier comprenant des sols avec différentes concentrations en P. Plus de 60 taxons candidats ont été identifiés. Des isolats fongiques (1700) provenant de racines de six espèces de plantes NM échantillonnées dans deux sites alpins pauvres en P ont été obtenus, et des isolats parmi les ~300 affiliés aux taxons pseudo-mycorhiziens candidats identifiés sont actuellement testés pour caractériser leur capacité endophytique et leurs effets sur la nutrition phosphorée des plantes NM. Ce projet vise à déterminer si l'interaction avec les champignons pseudo-mycorhiziens représente une nouvelle adaptation contrebalançant la perte de la symbiose mycorhizienne chez les plantes NM.

**Mots-Clés:** phosphore, plantes non, mycorhiziennes, champignons endophytes racinaires

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: pauline.bruyant@univ-lyon1.fr

‡Auteur correspondant: juliana.almario@univ-lyon1.fr

# Effets de différentes pratiques agricoles sur le microbiote de la vigne

Amélia Bourceret \* <sup>1</sup>, Céline Bonillo <sup>2</sup>, Marc-André Sélosse <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut de Systématique, Evolution, Biodiversité – Museum National d’Histoire Naturelle, Ecole Pratique des Hautes Etudes, Sorbonne Université, Centre National de la Recherche Scientifique, Université des Antilles, Centre National de la Recherche Scientifique : UMR7205 – 57 rue Cuvier - CP 50 - 75005 Paris, France

<sup>2</sup> Biologie des Organismes et Ecosystèmes Aquatiques – Université de Caen Normandie, Museum National d’Histoire Naturelle, Institut de Recherche pour le Développement, Sorbonne Université, Centre National de la Recherche Scientifique, Université des Antilles – Muséum national d’Histoire naturelle - 7, rue Cuvier - CP 32 - 75231 Paris Cedex 05, France

Historiquement, la culture de la vigne est soumise à une agriculture plutôt intensive, alliant travail du sol et application d’herbicide, de pesticide et de fertilisant afin de limiter la propagation de phytopathogènes et d’assurer des rendements et une qualité de production constants dans le temps. Depuis plusieurs années, de nombreux vignobles se sont engagés dans des pratiques viticoles plus respectueuses de l’environnement, telles que l’agriculture biologique (BIO) et la biodynamie (BD). Par ailleurs, les plantes interagissent avec une diversité de microorganismes qui peuvent affecter leur développement, leur système immunitaire et leur rendement. Bien qu’une différence sur la qualité du vin et la santé de la vigne ait été observée, les effets sur le microbiote de la plante de ces pratiques agricoles, alternatives et parfois controversées, sont peu connus. Dans un vignoble champenois, les communautés bactériennes et fongiques du sol, associées à plusieurs compartiments de la vigne (feuille, racine et baie) cultivée sur deux parcelles différentes, partagées en BIO et BD ont été comparées. La caractérisation des communautés apportées par les différents traitements appliqués à la vigne a montré une colonisation différente des parties aériennes et souterraines entre les deux règnes microbiens étudiés. Considérant l’ensemble de l’échantillonnage, le compartiment de la plante est le facteur le plus structurant du microbiote de la vigne. Sur le sol, un effet saison (hiver/été) et un effet des pratiques agricoles, principalement parcelle dépendant, ont pu être observés essentiellement sur les communautés microbiennes du sol.

**Mots-Clés:** Microbiote, vigne, pratique agricole, bactérie, champignon

---

\*Intervenant

# Diversité virale des eaux de baignade de la Seine

Alisa Langlais <sup>\*</sup>, Céline Roose-Amsaleg <sup>\* † 1</sup>, Achim Quaiser

<sup>1</sup> CNRS, ECOBIO-UMR 6553, Université Rennes – Université Rennes, CNRS : UMR6553 – France

Actuellement, la qualité des eaux de baignade impose uniquement la mesure de 2 indicateurs bactériens de contamination fécale humaine. Or, les virus représentent l'entité biologique majoritaire sur Terre, étant estimés à  $10^2$  dans les eaux et ils sont surtout connus pour leur pathogénicité. Cependant, la majorité de ces virus aquatiques sont des bactériophages dont moins de 1% sont connus à ce jour. Appréhender leur diversité et leurs dynamiques représente un enjeu pour comprendre leurs implications au sein d'un écosystème comme la Seine.

L'ADN viral d'eaux brutes a été extrait de plusieurs façons puis séquencé par la technologie Illumina MiSeq. Les données brutes de séquençage ont été nettoyées ; les contigs assemblés par SPAdes et MetaviralSPAdes pour comparaison. La famille des *Microviridae*, a été caractérisée en se basant sur son marqueur phylogénétique : la séquence codante pour la protéine de capsid VP1.

La profondeur, la qualité et la contamination du virome étaient satisfaisantes. Au total, plus de 90% des taxons retrouvés dans les eaux brutes de la Seine représentaient des bactériophages. Parmi eux, les 2 principaux groupes étaient la classe des *Caudoviricetes* et la famille des *Microviridae*. Ces derniers dont les *Gokushovirinae* sont des bactériophages ubiquitaires de l'environnement. Les séquences de 11 nouveaux *Gokushovirinae* ont été annotées et pourraient représenter un indicateur de la dynamique virale des eaux de rivière.

**Mots-Clés:** Virome, Microviridae, Seine, Bio, informatique

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: celine.amsaleg@univ-rennes1.fr



# Caractérisation des dynamiques hôtes-virus lors de la méthanisation en présence d'inhibiteurs abiotiques

Marion Coves\* <sup>1</sup>, Ludwig Jardillier <sup>2</sup>, Cédric Midoux <sup>3,4,5</sup>, Olivier Chapleur <sup>3</sup>, Laurent Mazéas<sup>†</sup> <sup>3</sup>, Ariane Bize <sup>‡§</sup> <sup>6</sup>

<sup>1</sup> Université Paris-Saclay, INRAE, PROSE – INRAE, Université Paris-Saclay – France

<sup>2</sup> Université Paris-Saclay, IDEEV, ESE, DEEM – Université Paris-Saclay – France

<sup>3</sup> Université Paris-Saclay, INRAE, PROSE – INRAE – France

<sup>4</sup> INRAE, MAIAGE, Université Paris-Saclay – INRAE – France

<sup>5</sup> INRAE, BioinfOmics, MIGALE Bioinformatics Facility, Université Paris-Saclay – INRAE – France

<sup>6</sup> Université Paris-Saclay, INRAE, PROSE – INRAE, Université Paris-Saclay – 92761, Antony, France

Les virus microbiens sont des acteurs majeurs au sein de nombreux écosystèmes, affectant notamment la structuration et la dynamique des communautés microbiennes. Ils ont été encore peu explorés au sein des méthaniseurs, qui permettent la valorisation de déchets organiques en biogaz, riche en méthane. Les communautés microbiennes des méthaniseurs sont sensibles à de nombreux facteurs abiotiques, susceptibles en conséquence de réduire les performances de production de méthane.

Afin de déchiffrer les liens entre inhibition d'origine abiotique, composition des communautés microbiennes et composition des métaviromes, nous avons réalisé des incubations en microcosmes mésophiles discontinus, en triplicats, et ajouté en cours d'incubation différents inhibiteurs de la méthanisation : du NaCl, du NH<sub>4</sub>Cl ou du phénol. L'ajout de mitomycine C, connue pour activer le cycle lytique des provirus, a également été testé.

L'effet des 3 inhibiteurs employés sur la vitesse de production de méthane a été confirmé. En outre, les analyses de *metabarcoding* 16S ont permis d'identifier un total de 19 genres microbiens différentiellement abondants par rapport au contrôle sans inhibiteur, incluant des archées méthanogènes et des syntrophes. Un total de 30 métaviromes a été séquencé en *shotgun*, aboutissant à l'obtention de 39 947 contigs viraux dont 430 ont été sélectionnés sur la base de leur abondance et de leur qualité. Parmi les contigs viraux, 127 étaient différentiellement abondants par rapport au contrôle sans inhibiteur, montrant des effets importants. Une première analyse suggère l'absence d'induction massive de provirus liée à l'inhibition : les changements de composition des métaviromes reflèteraient ceux de leurs hôtes.

**Mots-Clés:** méthanisation, digestion anaérobie, écologie virale, métavirome, inhibition, 16S, communauté microbienne, microcosme

---

\*Auteur correspondant: marion.coves@inrae.fr

†Auteur correspondant: laurent.mazeas@inrae.fr

‡Intervenant

§Auteur correspondant: ariane.bize@inrae.fr

# Vésicules extracellulaires de la bactérie phytobénéfique *Azospirillum* sp. B510 : Caractérisation et potentiels rôles écologiques

Timothée Zannis-Peyrot <sup>\*† 1</sup>, Lucas Degusseau <sup>1</sup>, Fabiola Bastian <sup>2</sup>,  
Vincent Gaillard <sup>1</sup>, Isabelle Kerzaon <sup>1</sup>, Florence Wisniewski-Dyé <sup>1</sup>, Celine  
Lavire<sup>‡ 1</sup>, Ludovic Vial<sup>§ 1</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire d'Ecologie Microbienne - UMR 5557 – Université Claude Bernard Lyon 1, VetAgro Sup - Institut national d'enseignement supérieur et de recherche en alimentation, santé animale, sciences agronomiques et de l'environnement, Centre National de la Recherche Scientifique, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – BAT GREGOR MENDEL (ex 741)-4 et 43 Bvd du 11 Novembre 1918 69622 VILLEURBANNE CEDEX, France

<sup>2</sup> DTAMB – Université Claude Bernard-Lyon I - UCBL (FRANCE) – FR BioEEnVis, Lyon, France

Les vésicules extracellulaires bactériennes (VEB) sont des navettes lipidiques qui permettent l'export de matériel cellulaire à distance de la cellule d'origine. Les VEB peuvent médier le transport de lipides, protéines, acides nucléiques (ADN/ARN) et métabolites. Surtout étudiées dans les interactions animaux-bactéries, il a été montré que les BEV peuvent jouer un rôle dans la virulence, les compétitions inter-espèces et l'induction de la réponse immunitaire de l'hôte. Toutefois, il existe jusqu'ici peu de données sur les VEB de bactéries associées à des hôtes végétaux. Des recherches récentes suggèrent que les VEB de phytobactéries, bénéfiques ou pathogènes, pourraient induire une réponse immunitaire chez le végétal et sa protection contre les pathogènes (Mc Millan et al, 2021 ; Bahar et al, 2022). *Azospirillum* sp. B510 est une bactérie phytobénéfique capable de coloniser et d'induire chez *Solanum lycopersicum* une résistance contre divers phytopathogènes (Fujita et al., 2017). Dans un premier temps, les VEB d'*Azospirillum* sp. B510 et leur contenu (protéines, métabolites, lipides) ont été caractérisées. Dans un second temps, l'effet de l'application des VEB d'*Azospirillum* sp. B510 sur des plants de *S. lycopersicum* a été testé en analysant le métabolome végétal primaire et spécialisé. Nos résultats appuient l'idée selon laquelle les VEB de phytobactéries sont des acteurs actuellement sous-estimés des interactions plantes-bactéries et apportent de nouvelles perspectives sur le rôle écologique de ces vésicules.

**Mots-Clés:** vésicules extracellulaires, protéomique, métabolomique, lipidomique, végétal, *Azospirillum*, phytobénéfique

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: timothee.zannis-peyrot@univ-lyon1.fr

‡Auteur correspondant: celine.lavire@univ-lyon1.fr

§Auteur correspondant: ludovic.vial@univ-lyon1.fr

# Biocontrôle de *Fomitiporia mediterranea*, un champignon pathogène clé d'une maladie du bois de la vigne, l'Esca, avec des bactéries isolées de *Vitis vinifera*

Ouiza Mesguida \* <sup>1,2</sup>, Rana Haidar <sup>2</sup>, Amira Yacoub <sup>2</sup>, Assia Dreux-Zigha <sup>1</sup>, Jean-Yves Berthon <sup>1</sup>, Rémy Guyoneaud <sup>2</sup>, Thierry Pigot <sup>2</sup>, Mickael Le Behec <sup>2</sup>, Eléonore Attard <sup>2</sup>, Patrice Rey <sup>2</sup>

<sup>1</sup> GreenCell – Greencell – Biopôle Clermont-Limagne, 63360 Saint Beauzire, France

<sup>2</sup> Institut des sciences analytiques et de physico-chimie pour l'environnement et les matériaux – Université de Pau et des Pays de l'Adour – UNIVERSITE DE PAU ET DES PAYS DE L'ADOUR, Hélioparc Pau Pyrénées, 2 avenue du Président Angot, 64053 PAU CEDEX 9, France

La viticulture est un secteur majeur de l'agriculture en France, cependant les maladies du bois de la vigne, principalement l'Esca, causent des pertes conséquentes estimées annuellement à environ 1 milliard d'euros. Depuis l'interdiction de l'arsénite de sodium en 2001, seule molécule efficace pour lutter contre l'Esca, le développement de méthodes respectueuses de l'environnement, comme le biocontrôle microbien, est devenu incontournable.

L'objectif de notre projet est de sélectionner des bactéries qui inhibent le champignon pathogène *Fomitiporia mediterranea* (Fm), un agent fongique majeur impliqué dans l'Esca, et la cible de l'arsénite de sodium. Pour cela, 59 souches bactériennes, isolées du bois ou de la sève de vigne ont été utilisées contre Fm pour étudier *in vitro* : (i) les molécules diffusibles et les composés organiques volatils inhibant la croissance du champignon, (ii) vérifier qu'elles ne dégradent pas les principaux composants du bois (lignine, cellulose et hémicellulose), condition indispensable pour qu'elles soient utilisées pour le biocontrôle. Nous avons alors sélectionné les souches bactériennes les plus intéressantes et évalué leur activité antagoniste contre Fm, cette fois sur un milieu à base de sciure de bois de vigne, pour créer un écosystème proche de celui de la plante. Afin d'identifier les métabolites actifs produits par les bactéries les plus efficaces, des analyses métabolomiques sont en cours, d'autres en méta-transcriptomique sont initiées pour déterminer les interactions entre ces souches bactériennes et Fm. Globalement notre combinaison d'approches *in vitro*, par microcosme, et d'outils métabolomique et transcriptomique, permettra de comprendre les mécanismes d'action des bactéries sélectionnées contre Fm.

**Mots-Clés:** Antagonisme *in vitro*, microcosme, interactions microbiennes, métabolomique.

---

\*Intervenant

# Diversité des phages et des bactéries dans les sols : Régulation par la teneur en eau

Rémi Trémouille , Virginie Daburon , Achim Quaiser , Alexis Dufresne ,  
Cécile Monard \* <sup>1</sup>

<sup>1</sup> ECOBIO - Ecosystèmes, biodiversité, évolution – UMR 6553 CNRS – Bâtiment 14A - Université de Rennes - Campus de Beaulieu - CS 74205 - 35042 Rennes Cedex - France, France

Les communautés bactériennes dans les sols sont régulées en partie par leurs interactions avec les bactériophages qui constituent une des entités biologiques les plus abondantes dans la biosphère. Dans cette étude, nous faisons l'hypothèse que la teneur en eau du sol constitue un paramètre clé dans la rencontre entre un phage et son hôte et donc dans la régulation de l'infection virale des communautés bactériennes dans les sols. Ainsi, au sein de la zone humide de l'observatoire de Ploemeur-Guidel (réseau OZCAR) qui est soumise à des variations saisonnières du niveau d'eau, nous avons réalisé un suivi des diversités des bactéries et des phages par metabarcoding en ciblant le gène de l'ARNr 16S et celui de la protéine g23 des Myoviridae. Les données de séquençage sont actuellement en cours de traitement. En parallèle, une expérimentation en conditions contrôlées a été menée pour déterminer l'effet de la teneur en eau du sol sur la lyse des bactéries par un phage lytique. Au sein de microcosmes, *Pseudomonas fluorescens* SBW25 et/ou son phage SBW25Φ2 ont été inoculés dans du sol conditionné à trois teneurs en eau différentes et les émissions de CO<sub>2</sub> ont été mesurées. Nous avons ainsi observé que lorsque la teneur en eau augmentait, les émissions de CO<sub>2</sub> par les microorganismes du sol étaient significativement réduites, supposant une stimulation de la lyse des bactéries par le phage inoculé. Ces résultats apportent de nouveaux éléments sur la dynamique des interactions phages-bactéries dans les sols, leurs régulation et conséquences fonctionnelles.

**Mots-Clés:** virus, sol, cycle du carbone, diversité bactérienne

---

\*Intervenant

# Importance de la transmission verticale du microbiote de l'éponge holobionte *Spongilla lacustris* lors des premiers cycles de développements des juvéniles

Benoît Paix <sup>\*† 1</sup>, Elodie Van Der Valk <sup>1</sup>, Nicole De Voogd <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Naturalis Biodiversity Center [Leiden] – Pays-Bas

Les éponges d'eau douces et leur microbiote constituent des systèmes holobiontes jouant un rôle important en tant que micro-habitat, et dans le maintien de la qualité de l'eau (en filtrant de larges volumes d'eau et en recyclant la matière organique). Cependant, les mécanismes associés à la transmission de leur microbiote bactérien d'une génération à l'autre reste encore peu exploré. L'éponge *Spongilla lacustris*, constitue un modèle pertinent pour étudier cette question, puisqu'elle est largement distribuée dans les écosystèmes d'eau douces Européens et produit des propagules appelées gemmules formant une nouvelle génération asexuée qui peut être cultivée. L'objectif de cette étude était de mieux appréhender la dynamique d'acquisition du microbiote bactérien des juvéniles de *S. lacustris* cultivés lors des premiers stades de croissance. En stérilisant ou non la surface des gemmules (avant cultivation), nous avons alors testé l'hypothèse d'une transmission verticale du microbiote de l'éponge-mère vers les gemmules depuis leur surfaces. Ces deux groupes de gemmules ont été cultivés avec deux types de milieux : des filtrats d'eau douce issus de filtres de tailles de pore de 0,4  $\mu\text{m}$  (avec bactéries planctoniques) et de 0,2  $\mu\text{m}$  (sans bactéries) pour tester simultanément la transmission horizontale. Les résultats ont notamment démontré que les éponges qui éclosent sans leur microbiote maternel à la surface de leurs gemmules, étaient plus sensible à une transmission horizontale de bactéries planctoniques du milieu. Ainsi, le microbiote transmis verticalement à la surface des gemmules jouerait un rôle essentiel pour la stabilité de l'holobionte lors du développement de l'éponge juvénile.

**Mots-Clés:** Eponge, holobionte, transmission, microbiote

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: benoit.paix@gmail.com

# Effets de la température sur l'holobionte corail d'eau froide dans l'océan Atlantique

Mathilde Chemel \*<sup>1</sup>, Pierre Galand<sup>1</sup>, Franck Lartaud<sup>1</sup>, Erwan Peru<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire d'Ecogéochimie des environnements benthiques – Sorbonne Université, Centre National de la Recherche Scientifique, Observatoire océanologique de Banyuls – Observatoire Océanologique de Banyuls Avenue Pierre Fabre 66650 Banyuls-sur-mer, France

Les coraux d'eau froide sont des espèces ingénieuses profondes, qui créent de riches habitats, des nurseries et sont source de nourriture pour de nombreuses espèces. Ces coraux sont confrontés à de graves menaces anthropiques, en raison des activités de pêche non durables, de la pollution et des changements globaux. Alors que des travaux récents montrent que les coraux méditerranéens, vivant entre 13 et 14 °C, sont particulièrement sensibles au réchauffement, l'impact de l'augmentation de la température sur les coraux de l'océan Atlantique Nord-Est, qui vivent à des températures plus basses (8 à 12 °C), est encore peu documenté. L'objectif de cette étude était de déterminer si les coraux du Golfe de Gascogne ont la même réponse au changement de température que la population méditerranéenne. Nous avons développé une approche expérimentale pour étudier l'impact du réchauffement sur la santé de *Desmophyllum pertusum*, espèce reconnue comme la plus exposée en Méditerranée. Les coraux ont été soumis à différentes conditions de températures (Atlantique actuel, +3 °C et +5 °C), et leur écologie a été étudiée à l'échelle de l'holobionte en mesurant la mortalité, la croissance du squelette et la diversité du microbiome. Nous observons une réduction de la survie, mais aucune modification de la croissance en réponse au réchauffement, tandis que la composition spécifique des communautés bactériennes associées au corail est modifiée. Dans un contexte de réchauffement des eaux profondes, la grande sensibilité de la population atlantique pourrait induire des changements de composition des communautés, impactant directement la biodiversité.

**Mots-Clés:** Coraux froids, changements globaux, microbiome, Atlantique, Méditerranée

---

\*Intervenant

# Effet de *Vibrio tapetis* et de la température sur le microbiote de la palourde japonaise, *Ruditapes philippinarum*

Cynthia Oliveira <sup>\*† 1</sup>, Morgan Perennou <sup>1</sup>, Emilie Vanpeene <sup>1</sup>, Philippe Miner <sup>1</sup>, Adeline Bidault <sup>1</sup>, Gwenaelle Le Blay <sup>1</sup>, Christine Paillard <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire des Sciences de l'Environnement Marin (LEMAR) – Institut de Recherche pour le Développement, Institut français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer, Université de Brest, Institut Universitaire Européen de la Mer, Centre National de la Recherche Scientifique – IUEM Technopôle Brest-Iroise - rue Dumont d'Urville - 29280 Plouzané - FRANCE, France

*Ruditapes philippinarum* a été introduite en France en 1972. Quinze ans plus tard, les premiers cas de maladie de l'anneau brun (MAB) associés à des épisodes de mortalités ont été enregistrés en Bretagne. Depuis, la MAB s'est répandue en Europe entraînant une diminution de la production de palourdes japonaises de pêche et d'aquaculture. La MAB est causée par *Vibrio tapetis* et est caractérisée par des dépôts bruns à l'intérieur de la coquille. *V. tapetis* peut aussi diminuer l'efficacité du système immunitaire et entraîner la mort de la palourde par septicémie. La température joue un rôle primordial : *V. tapetis* est un pathogène d'eau froide ; des températures autour de 21°C stimulent le système immunitaire et induisent un processus de guérison. Par ailleurs, les microbiotes jouent un rôle important dans l'immunité et la santé de leur hôte. Aussi, l'objectif de cette étude était d'évaluer l'effet de *V. tapetis* et de la température sur la palourde, sa santé et son microbiote. Pour cela, une expérimentation a été réalisée sur 1100 palourdes réparties en 24 aquariums. Les paramètres contrôlés étaient : une préexposition à des antibiotiques (afin d'éliminer *V. tapetis* potentiellement déjà présent), l'exposition au pathogène et une augmentation de température. Le microbiote a été étudié par métabarcoding dans trois tissus (glandes digestives, fluides extrapalléaux et hémolymphe). Le microbiote des glandes digestives diffère beaucoup de ceux des fluides. La température est le facteur le plus structurant. L'effet de *V. tapetis* sur le microbiote dépend de la température. Une préexposition aux antibiotiques accentue tous les autres effets.

**Mots-Clés:** Microbiote, palourde japonaise, *Vibrio tapetis*, température, antibiotique, métabarcoding

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: cynthia.oliveira@univ-brest.fr

# Les plantes formant des phytotelmes : un système modèle pour la découverte de nouvelles stratégies des plantes pour façonner leur microbiote fixateur d'azote

Antoine Vergne<sup>1</sup>, Vincent Darbot<sup>1</sup>, Corinne Bardot<sup>1</sup>, Hermine Billard<sup>1</sup>, Clémentin Bouquet<sup>\* 1</sup>, Jean-Claude Caissard<sup>2</sup>, Alicia Camuel<sup>3</sup>, Jean-François Carrias<sup>1</sup>, Bruno Corbora<sup>1</sup>, Djamel Gully<sup>3</sup>, François Enault<sup>1</sup>, Eric Giraud<sup>3</sup>, Christian Jeanthon<sup>4</sup>, Anne-Hélène Le Jeune<sup>1</sup>, Frédéric Mathonat<sup>1</sup>, Isabelle Mary<sup>1</sup>, Anne-Catherine Lehours<sup>† 1</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire Microorganismes : Génome et Environnement – Centre National de la Recherche Scientifique, Université Clermont Auvergne – Campus Universitaire des Cézeaux, TSA 60026, 1 Impasse Amélie Murat, 63178 Aubière, France

<sup>2</sup> Laboratoire de biotechnologies végétales appliquées aux plantes aromatiques et médicinales – Centre National de la Recherche Scientifique - CNRS, Université Jean Monnet - Saint-Etienne – Faculté de Sciences et Techniques 23 rue Dr Paul Michelon 42023 Saint-Etienne Cedex 2, France

<sup>3</sup> Laboratoire des symbioses tropicales et méditerranéennes – Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement, Institut de Recherche pour le Développement, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement, Institut Agro Montpellier, Université de Montpellier – TA A82/J - Campus international de Baillarguet 34398 Montpellier Cedex 5, France, France

<sup>4</sup> Station biologique de Roscoff – Sorbonne Université, Centre National de la Recherche Scientifique – Place Georges Teissier - BP 74 29682 ROSCOFF CEDEX, France

Les phytotelmes, définis comme des masses d'eau retenues par des plantes vivantes, sont de petits écosystèmes qui conviennent particulièrement à des études holistiques de la diversité du microbiome et à l'identification de nouvelles interactions biotiques. Ces habitats discrets mais fréquents dans la nature comprennent notamment les réservoirs formés à la base des feuilles opposées de la cardère commune (*Dipsacus*) ainsi que ceux des broméliacées. Au sein de ces phytotelmes, les bactéries phototrophes anoxygéniques (BPA), réalisant une forme primitive de photosynthèse sont abondantes et présentent des relations co-phylogénétiques avec la plante hôte, suggérant que les BPA font partie du phénotype étendu de celle-ci. Les analyses génomiques ont également démontré que jusqu'à 80% des BPA possèdent les gènes codant pour la nitrogénase (*nifH*), enzyme impliquée dans la fixation de l'azote atmosphérique. Nous avons également démontré que la fixation de N<sub>2</sub> est effective et représente une des principales activités microbiennes au sein de ces phytotelmes. Ces résultats suggèrent que des interactions basées sur des transferts d'azote, existent entre la plante et ce microbiome phototrophe. Les observations en microscopie confocale ont subséquemment suggéré que des sécrétions de poils glandulaires pourraient sélectionner un microbiome fixateur d'azote au sein des réservoirs de *D. fullonum*. Vergne, A. et al. 2021. "Assemblages of Anoxygenic Phototrophic Bacteria in Tank Bromeliads

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: a-catherine.lehours@uca.fr



Exhibit a Host-Specific Signature." *Journal of Ecology* 109: 2550-65. <https://doi.org/10.1111/1365-2745.13657>

Vergne A et al. 2023 "The Pharaoh's snakes of the teasel: New insights into Francis Darwin's observations". *Ecology* doi: 10.1002/ecy.4030. Epub 2023 Mar 29. PMID: 36912733.

**Mots-Clés:** phytotelmes, interactions, phototrophie anoxygénique, plantes, azote

# Les approches cellule unique en écologie microbienne : preuves de concept avec le cellenONE et exemples d'applications

Solene Mauger <sup>1</sup>, Léna Carret <sup>2</sup>, Yassir Dib <sup>3</sup>, Monica Sierra <sup>4</sup>, Yann Sevellec <sup>1</sup>, Cécile Thion \* <sup>2</sup>, François Monjaret , Monard Cecile <sup>1</sup>, Philippe Vandenkoornhuyse <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Ecosystèmes, biodiversité, évolution [Rennes] – Université de Rennes, Institut Ecologie et Environnement, Centre National de la Recherche Scientifique, Observatoire des Sciences de l'Univers de Rennes – Bâtiment 14 - Université de Rennes 1 - Campus de Beaulieu - CS 74205 - 35042 Rennes Cedex - France, France

<sup>2</sup> Cellenion – Aucune – Bâtiment Bioserra 2, 60 Avenue Rochefeller, 69008 Lyon, France

<sup>3</sup> Université de Technologie de Compiègne – Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique – Université de Technologie de Compiègne - Centre de Recherche de Royallieu - rue du Docteur Schweitzer- CS 60319 - 60203 COMPIEGNE Cedex, France

<sup>4</sup> Institut supérieur des biotechnologies de Paris, Sup'Biotech – Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique – 66 Rue Guy Môquet, 94800 Villejuif, France

Alors que les microbiologistes ont séquencé le monde (ou presque), les interactions microbiotes-environnements restent largement à explorer. Les approches " cellules uniques " contournent certaines limitations des méta-omiques, en permettant l'accès à l'hétérogénéité intra-populationnelle et à l'individualité des organismes unicellulaires. De plus, les approches culturales peuvent résoudre certaines questions mécanistiques, mais nécessitent la génération à haut débit de banques d'isolats microbiens (culturomique).

Le cellenONE est une plateforme d'isolement de cellules uniques de tous types et toutes tailles, combinant la sélection des cellules grâce à l'imagerie microscopique et leur distribution précise et contrôlée dans tous types de supports. Nous présentons ici un ensemble de preuves de concept pour l'utilisation du cellenONE comme outil pour l'écologie microbienne.

Tout d'abord, des banques de clones issus d'une souche bactérienne modèle ont été créées en isolant avec le cellenONE des cellules uniques directement en milieu liquide, avec une précision d'isolement (1 cellule, et une seule, dans un puits) atteignant 91%. Cette approche supprime l'étape d'incubation sur milieu solide habituellement nécessaire pour l'obtention de souches pures. Des échantillons de fluide vaginal ont ensuite été utilisés pour former des collections d'isolats grâce au cellenONE, et son innocuité sur la cultivabilité de microorganismes provenant d'échantillons naturels a pu être démontrée. Enfin, des expériences de single-cell whole-genome sequencing (scWGS) ont été réalisées sur des cellules uniques isolées grâce au cellenONE, à partir de souches modèles, ou extraites de sols agricoles pour en explorer la diversité.

Nous illustrerons par des exemples comment ces approches peuvent participer à l'étude des écosystèmes microbiens.

---

\*Intervenant

**Mots-Clés:** cellule unique, culturomique, single, cell whole genome sequencing, microbiote vaginal, preuve de concept

# Diversité des bactéries fixatrices d'azote dans la rhizosphère de *Posidonia oceanica* : Implications pour la restauration

Arnaud Boulenger \*<sup>1,2</sup>, Sylvie Gobert<sup>1,2</sup>, Michel Marengo<sup>2</sup>, Pierre Lejeune<sup>2</sup>, Marcelo Vaz<sup>3</sup>, Annick Wilmotte<sup>3</sup>, Luc Cornet<sup>3</sup>, Morgan Frémal<sup>1</sup>, Wiebke Mohr<sup>4</sup>, Marcel Kuypers<sup>4</sup>, Boran Kartal<sup>5</sup>

<sup>1</sup> Département des Sciences et Gestion de l'Environnement/Océanologie [Université de Liège] – Belgique

<sup>2</sup> Station de Recherche Océanographiques et sous-marines (STARESO) – Stareso, Pointe Revellata, BP 33, 20260 Calvi, France – France

<sup>3</sup> BCCM/ULC Cyanobacteria collection [Université de Liège] – BAT. B6A – Molecular diversity and ecology of cyanobacteria Quartier Agora Allée du six Aout, 11 4000 Liège 1 BELGIQUE, Belgique

<sup>4</sup> Max Planck Institute for Marine Microbiology – Biogeochemistry Research Group – Allemagne

<sup>5</sup> Max Planck Institute for Marine Microbiology – Microbial Physiology Research Group – Allemagne

Les herbiers marins sont des écosystèmes sensibles aux perturbations humaines et subissent un important déclin partout dans le monde. Bien que les herbiers de *Posidonia oceanica* soient protégés, cet écosystème méditerranéen reste menacé par différentes pressions anthropiques tel que l'ancrage des bateaux de plaisance. Pour enrayer ces dégradations, la transplantation de boutures dans les zones impactées est une solution souvent envisagée. Cependant, l'acquisition de nutriments, en particulier l'azote, par les transplants est souvent un facteur critique de leur survie à long-terme et du succès du projet de restauration. Les microorganismes symbiotiques fixateurs de N<sub>2</sub> jouent un rôle crucial dans l'assimilation de l'azote par les eucaryotes dans des environnements limités en azote. Récemment, un symbiote fixateur de N<sub>2</sub>, '*Candidatus Celerinatantimonas neptuna*', a été identifié à l'intérieur des tissus racinaires de *P. oceanica*. Cependant, les connaissances sur la présence de diazotrophes endophytes restent très limitées, et leur présence ou absence dans les boutures utilisées pour la transplantation pourraient impacter la survie des transplants. Dans ce travail, la présence de ces communautés bactériennes a été détectée, dans les racines d'herbiers à différentes profondeurs et de différentes origines. De plus, la composition isotopique en azote des différents tissus des fragments de Posidonie a été analysée afin d'identifier l'incorporation d'azote atmosphérique dans la plante. Enfin, la diversité bactérienne a été évaluée sur base des séquences *nifH* obtenue après séquençage NGS.

**Mots-Clés:** restauration, Posidonie, transplantation, rhizosphère, microbiome, azote

---

\*Intervenant

# Impact du type de sol et des génotypes de pommes de terre sur la diversité microbienne des endophytes racinaires

Jyotsna Nepal , Joana Falcao Salles , Tianci Zhao , Xiu Jia , Fanny Guedea , Krzysztof Treder , Dorota Michałowska , Viviane Radl , Benoit Renaud Martins , Michael Schloter , Rémy Guyoneaud , Eléonore Attard \*† <sup>1</sup>

<sup>1</sup> 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 endophytes sont des organismes présents dans les tissus végétaux pendant au moins une partie de leur cycle de vie, sans nuire à leur hôte. Considérés comme faisant partie du " 2ème génome de la plante ", l'étude des endophytes est devenue un axe majeur de recherche pour mieux comprendre leurs rôles et leur potentiel pour une agriculture plus durable.

Notre étude s'est concentrée sur les endophytes de la pomme de terre, plante dont les processus de sélection repose sur des stratégies incluant de forts apports d'intrants chimiques et considérant peu l'importance des communautés microbiennes endophytes. L'objectif était d'étudier l'effet des génotypes végétaux, du type de sol et du microbiome du sol sur la diversité des communautés endophytes microbiennes dans les racines de pomme de terre.

À l'aide du séquençage d'amplicons de la région ITS et de l'ARNr 16s, nous avons analysé la diversité des endophytes de 11 génotypes de plantules de pommes de terre cultivés *in vitro*, et 51 génotypes de pommes de terre cultivés dans deux sols différents. Nos résultats préliminaires indiquent que la diversité endophytique bactérienne varie significativement en fonction de l'origine du sol, mais pas en fonction des génotypes de pomme de terre. Les indices de diversité endophytique bactérienne dans les plantules racinaires *in vitro* étaient plus faible que dans celle des racines des plantes cultivées dans les deux sols. Dans les plantules *in vitro*, nous avons retrouvé majoritairement des bactéries capables de former des spores. Pour la diversité endophytique fongique, les 2 facteurs, sol et génotypes ont eu un impact. Ces résultats donnent un aperçu des interactions complexes entre les génotypes végétaux, les microbiomes du sol et les communautés endophytes, cruciales pour le développement de pratiques agricoles durables.

**Mots-Clés:** Holobionte, interactions plante, microbiome, processus de sélection végétale durable

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: [eleonore.attard@univ-pau.fr](mailto:eleonore.attard@univ-pau.fr)

# Recrutement larvaire corallien sur des biofilms de l'algue verte bioérodante *Ostreobium* et son microbiote bactérien

Anaïs Massé <sup>\*† 1</sup>, Amandine Blin <sup>2</sup>, Alain Paris <sup>3</sup>, Sébastien Duperron <sup>1</sup>,  
Aline Tribollet <sup>4</sup>, Isabelle Domart-Coulon <sup>‡ 1</sup>

<sup>1</sup> Muséum national d'Histoire naturelle – Laboratoire Molécules de Communication et Adaptation des Microorganismes (MCAM) – UMR 7245 – France

<sup>2</sup> Muséum national d'Histoire naturelle – Pôle Analyse de Données UAR 2700 2AD – France

<sup>3</sup> Muséum national d'Histoire naturelle – Laboratoire Molécules de Communication et Adaptation des Microorganismes (MCAM) – UMR 7245 – France

<sup>4</sup> Institut de Recherche pour le Développement – Laboratoire d'Océanographie et du Climat : Expérimentations et Approches Numériques (LOCEAN) – UMR7159 – France

L'algue verte *Ostreobium*, acteur majeur de la dissolution des carbonates récifaux, domine les communautés microperforantes des squelettes coralliens. Colonisant les coraux juvéniles dès le stade polype primaire (7jours post-métamorphose) (Massé *et al.* 2018), c'est un potentiel ectosymbionte. Au MCAM, nous disposons de souches d'*Ostreobium* génotypées (*rbcL*), isolées à partir du corail *Pocillopora acuta*, dont la physiologie a été caractérisée (pigments, acides gras, signatures isotopiques; Massé *et al.* 2020). Récemment, nous avons analysé le microbiote bactérien associé à deux souches (à salinité de 32.9 à 40.2psu; Massé *et al.* 2023). Il est principalement structuré par le génotype algal avec des Kiloniellaceae ou des Rhodospirillaceae dominantes, et des abondances de Rhizobiales changeantes avec la salinité. Deux taxons bactériens intracellulaires, Amoebohilaceae et Rickettsiales\_AB1, sont partagés entre souches et salinités. Certains taxons bactériens, connus pour jouer un rôle dans le métabolisme de l'azote, pourraient contribuer à la croissance de l'hôte algal. Nous avons exposé des larves coralliennes à des biofilms naturels ou monoalgaux d'*Ostreobium* formés en conditions récifales à Eilat ou *in vitro*. Malgré une forte variabilité entre souches et entre réplicats biologiques pour une même souche, le recrutement (fixation et métamorphose) et la croissance (bourgeonnement clonal) sont facilités en présence des *Ostreobium*. Un extrait organique d'une des souches impacte également positivement le succès de métamorphose des larves. Dans l'ensemble, les biofilms à *Ostreobium* semblent bénéfiques au recrutement larvaire corallien, ouvrant la voie à des applications potentielles pour la restauration récifale. (Nous remercions le MNHN, l'ANR MOPSEA, et le programme EU-ASSEMBLE+ pour les financements)

**Mots-Clés:** *Ostreobium*, Ulvophyceae, microbiote, biofilm, corail, recrutement, métamorphose

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: anais.masse@mnhn.fr

‡Auteur correspondant: isabelle.domart-coulon@mnhn.fr

**Ecologie fonctionnelle et biogéochimie**  
(posters)

# Impact de prébiotiques et probiotiques sur la diversité taxonomique et fonctionnelle de communautés microbiennes de sols dégradés dans un contexte de reforestation

Romain Darriaut <sup>\*† 1</sup>, Céline Roose-Amsaleg <sup>2</sup>, Arnaud De Grave <sup>3</sup>, Francis Bucaille <sup>4</sup>, Cécile Monard <sup>2</sup>

<sup>1</sup> ECOBIO [Ecosystèmes, biodiversité, évolution] – Centre National de la Recherche Scientifique – Bâtiment 14 - Université de Rennes 1 - Campus de Beaulieu - CS 74205 - 35042 Rennes Cedex - France, France

<sup>2</sup> ECOBIO [Ecosystèmes, biodiversité, évolution] – Université de Rennes, Centre National de la Recherche Scientifique – Bâtiment 14 - Université de Rennes 1 - Campus de Beaulieu - CS 74205 - 35042 Rennes Cedex - France, France

<sup>3</sup> EcoTree – EcoTree – 38 quai de la Douane, 29200 Brest, France

<sup>4</sup> Gaiago – GAIAGO – 2 Rue des Mauriers, 35400 Saint-Malo, France

De nombreux facteurs anthropiques tels que l'agriculture productiviste ou l'exploitation forestière intensive participent à la dégradation des sols. Le (re)boisement de ces sols dégradés est une méthode pérenne permettant de réattribuer des services écosystémiques forestiers comme la production de bois, la séquestration du carbone ou la restauration de la biodiversité des sols. L'application de produits stimulant les communautés microbiennes tels que des prébiotiques et des probiotiques pourrait faciliter la plantation des jeunes arbres en stimulant leur croissance et développement dans ces conditions pédologiques détériorées. Ce projet est issu d'une collaboration avec deux partenaires non académiques Ecotree et Gaiago, dont le premier est gestionnaire forestier et le second, fabricant de produits revitalisants pour les sols. Ces travaux cherchent à étudier les effets de traitements prébiotiques et probiotiques sur la diversité taxonomique et fonctionnelle des microorganismes du sol et les conséquences induites sur la croissance d'arbres nouvellement plantés en parcelles dégradées. Pour y parvenir, trois parcelles avec des historiques d'occupation différents (*i.e* culture, lande post coupe rase, prairie) ont été replantées avec du *Pseudotsuga menziesii* (Douglas) et sur chaque parcelle, dix arbres ont été traités avec des prébiotiques et probiotiques et dix arbres ont reçu de l'eau comme traitement contrôle. Afin de comprendre l'impact sous-jacent de ces traitements au niveau du sol proche des racines des plants, des analyses enzymatiques couplées à du metabarcoding des communautés bactériennes et fongiques ont été effectuées.

**Mots-Clés:** microbiome, reboisement, *Pseudotsuga menziesii*, biostimulant

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: romain.darriaut@univ-rennes1.fr



# Résilience fonctionnelle de biofilms exposés à une séquence de perturbations : influence de la nature, intensité et fréquence des perturbations

Camille Courcoul <sup>1</sup>, Stéphanie Boulêtreau <sup>1</sup>, Jessica Ferriol <sup>1</sup>, Vincent Baillard <sup>2</sup>, Martin Laviale <sup>2</sup>, Elise Billoir <sup>2</sup>, Josephine Leflaive <sup>\*† 1</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire Ecologie Fonctionnelle et Environnement – Institut Ecologie et Environnement, Centre National de la Recherche Scientifique, Université Toulouse III - Paul Sabatier, Observatoire Midi-Pyrénées, Institut National Polytechnique (Toulouse) – 118 Route de Narbonne 31062 Toulouse, France

<sup>2</sup> Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux – Institut Ecologie et Environnement, Institut National des Sciences de l'Univers, Observatoire Terre et Environnement de Lorraine – Site Charmois : 15 Avenue du Charmois, F-54500 VANDOEUVRE-LES-NANCY ; Site Aiguillettes : Faculté des Sciences et Technologies, F-54506 VANDOEUVRE-LES-NANCY ; Site Bridoux : Campus Bridoux - Rue du Général Delestraint, F-57070 METZ ; Site Thionville : IUT de Thionville-Yutz - Espace Cormontaine, F-57970 THIONVILLE-YUTZ, France

Les communautés microbiennes sont en permanence soumises à des perturbations impactant leur capacité à maintenir des fonctions écosystémiques essentielles. Si la réponse des microorganismes à des perturbations isolées ou combinées est largement étudiée, il existe peu d'informations pour des perturbations successives. L'objectif de notre étude était de définir les conditions qui favorisent la récupération fonctionnelle d'une communauté microbienne exposée à des séquences de perturbations de même nature. Nous attendions que la résilience de la communauté soit négativement corrélée à l'intensité de la perturbation appliquée et au nombre de répétitions, et positivement à l'intervalle de temps entre deux événements. Nous supposons que ces relations dépendent de la nature de la perturbation, les mécanismes physiologiques mis en jeu étant différents.

Nous avons ainsi mesuré la production primaire brute de biofilms simplifiés (5 souches de diatomées et leurs cortèges bactériens) 24h après 2 à 8 répétitions de perturbations identiques appliquées pendant 2h, et espacées de 30 minutes, 3h ou 22h. Trois types de perturbations ont été testées, à 5 intensités : stress thermique, chimique et salin.

Nos résultats mettent en évidence de fortes interactions entre les effets de l'intervalle de temps et l'intensité des perturbations sur la résilience fonctionnelle. Notre hypothèse est confirmée pour le stress chimique, mais pour les deux autres stress, de façon inattendue, la résilience augmente avec le nombre de répétitions pour des fortes intensités de perturbation.

**Mots-Clés:** résilience fonctionnelle, diatomées benthiques, production primaire, stress thermique, stress chimique, stress salin

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: josephine.leflaive@univ-tlse3.fr

# Les EPS dans les biofilms phototrophes de rivières intermittentes : Réponses à l'assec et à une contamination agricole lors de la remise en eau.

Camille Courcoul \* <sup>1</sup>, Stéphanie Boulêtreau <sup>1</sup>, Josephine Leflaive <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire Ecologie Fonctionnelle et Environnement – Institut Ecologie et Environnement, Centre National de la Recherche Scientifique, Université Toulouse III - Paul Sabatier, Observatoire Midi-Pyrénées, Institut National Polytechnique (Toulouse) – 118 Route de Narbonne 31062 Toulouse, France

Les substances polymériques extracellulaires (EPS), principalement constituées de protéines et de polysaccharides, jouent un rôle important dans la cohésion et l'adhésion des biofilms au substrat mais aussi dans la stabilité des biofilms face aux perturbations extérieures. Il existe actuellement peu d'informations sur la réponse des EPS des biofilms phototrophes de rivière aux stress environnementaux. Nous avons évalué ici la structure des EPS de biofilms de compositions algales différentes exposés en laboratoire à une séquence de perturbations typique de rivières intermittentes, associant un stress hydrique plus ou moins long et l'exposition à un ruissèlement agricole complexe (nitrates, cuivre, 3 pesticides organiques), à différentes concentrations lors de la remise en eau. Les teneurs en protéines et carbohydrates ont été quantifiées dans les EPS des biofilms avant perturbation, et au cours du temps après la perturbation. Nous pensons que la réponse des EPS à l'assec dépend de la composition initiale du biofilm, mais aussi de la durée de l'assec, et qu'une exposition aux contaminants lors de la remise en eau influence ces changements. Nos résultats indiquent des effets de l'assec sur les quantités de protéines et de carbohydrates, qui dépendent de sa durée et de la composition des biofilms. De plus, au cours de la remise en eau, la quantité de protéines augmente dans les EPS des biofilms les plus fortement exposés aux contaminants, probablement du fait de l'apport en azote. La production de protéines extracellulaires pourrait conférer une protection aux biofilms.

**Mots-Clés:** Biofilms phototrophes, EPS, Stress hydrique, Contamination

---

\*Intervenant

# Comment la qualité du carbone organique affecte-t-elle la diversité bactérienne des zones intertidales ?

Floriane Turrel \* <sup>1</sup>, Anniet Laverman <sup>1</sup>, Jérôme Morelle <sup>2</sup>, Alexis Dufresne <sup>1</sup>, Achim Quaiser <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Ecosystèmes, biodiversité, évolution [Rennes] – Université de Rennes, Institut Ecologie et Environnement, Centre National de la Recherche Scientifique, Observatoire des Sciences de l'Univers de Rennes – Bâtiment 14 - Université de Rennes 1 - Campus de Beaulieu - CS 74205 - 35042 Rennes Cedex - France, France

<sup>2</sup> Centre for Environmental and Marine Studies [Aveiro] – Universidade de Aveiro, Campus Universitário de Santiago, 3810-193 Aveiro, Portugal

Dans les zones intertidales, l'abondance des bactéries dénitrifiantes et les taux de dénitrification apparaissent sensibles au carbone organique notamment végétal ou algal. Toutefois, la majorité des études portent sur l'impact de la quantité de carbone ajouté et non sur sa qualité, et ciblent les bactéries dénitrifiantes et non la communauté globale. L'objectif de cette étude est de mesurer, en présence de nitrate, l'importance de la qualité du carbone organique sur la diversité, la structure et le fonctionnement des communautés microbiennes intertidales.

Pour ce faire, des sédiments de l'estuaire de la Seine ont été incubés pendant trois semaines avec différentes sources de carbone (acétate, microalgues, plantes) dans des réacteurs à flux continu alimentés en nitrate. Les taux de réduction du nitrate, et de production de nitrite et d'ammonium ont été mesurés régulièrement durant les incubations. A la fin des expérimentations les séquences complètes du gène de l'ARN ribosomique 16S ont été amplifiées par PCR et séquencées pour caractériser les changements dans la communauté microbienne.

Nos résultats montrent que la communauté microbienne peut utiliser toutes les sources de carbone testées sans changement notable de la diversité alpha. Les variations dans la structure de la communauté sont expliquées en partie par l'ajout de carbone et par la qualité du carbone ajouté. L'ajout de carbone semble entraîner une augmentation de l'abondance des gènes de dénitrification et de réduction dissimilatrice des nitrates en ammonium ainsi qu'une augmentation des taux de réduction de nitrate, et de production de nitrite et d'ammonium.

**Mots-Clés:** Diversité microbienne, qualité du carbone organique, réduction de nitrate, sédiments intertidaux.

---

\*Intervenant

# Ecosystèmes microbiens dans les zones d'émanations naturelles d'hydrogène en milieu continental

Camille Mazière <sup>\*† 1</sup>, Marion Guignard <sup>1</sup>, Magali Ranchou-Peyruse <sup>1</sup>, Gabriel Pasquet <sup>2</sup>, Willy Foucher <sup>3</sup>, Stéphane Lesimple <sup>3</sup>, Pierre Maurizot <sup>3</sup>, Julien Collot <sup>3</sup>, Olivier Monge <sup>3</sup>, Olivier Lhote <sup>4,5</sup>, Isabelle Moretti <sup>2</sup>, Julie Jeanpert <sup>3,6</sup>, Eric Deville <sup>7</sup>, Anne Battani <sup>2</sup>, Anthony Ranchou-Peyruse <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut des sciences analytiques et de physico-chimie pour l'environnement et les matériaux – Université de Pau et des Pays de l'Adour, Institut de Chimie du CNRS, Centre National de la Recherche Scientifique, Centre National de la Recherche Scientifique : UMR5254 – UNIVERSITE DE PAU ET DES PAYS DE L'ADOUR, Hélioparc Pau Pyrénées, 2 avenue du Président Angot, 64053 PAU CEDEX 9, France

<sup>2</sup> Laboratoire des Fluides Complexes et leurs Réservoirs – TOTAL FINA ELF, Université de Pau et des Pays de l'Adour, Centre National de la Recherche Scientifique – BP 1155 - 64013 Pau, France

<sup>3</sup> Direction de l'Industrie, des mines et de l'énergie de la Nouvelle-Calédonie (DIMENC) – Nouvelle-Calédonie

<sup>4</sup> ENGIE – ENGIE, ENGIE Lab CRIGEN – France

<sup>5</sup> STORENGY – Storengy, Bois-Colombes, France – France

<sup>6</sup> Agence de l'eau Rhône Méditerranée Corse – Agence de l'eau Rhône Méditerranée Corse – France

<sup>7</sup> IFP Energies nouvelles – IFP Energies Nouvelles, IFP Energies Nouvelles – 1-4 avenue de Bois Préau92500 Rueil-Malmaison, France

L'utilisation de l'H<sub>2</sub> par certains microorganismes est une stratégie écologique permettant leur survie dans des environnements pauvres en sources de carbone, d'énergie et d'électrons. Ils peuvent conduire à l'installation d'un fort gradient local ou le convertir en une autre molécule, modifiant ainsi la dynamique de ce gaz. Ainsi les activités microbiennes liées à l'H<sub>2</sub> peuvent influencer plus ou moins fortement le cycle biogéochimique et le flux d'H<sub>2</sub>, d'où l'importance de définir les paramètres contrôlant le transport de la molécule, ainsi que ses interactions, chimiques et biologiques, avec l'environnement. Des prélèvements microbiologiques, physico-chimiques et gazeux ont été réalisés au sein de sites continentaux émanant naturellement de l'H<sub>2</sub> : (i) cercle de fée en Namibie, (ii) zones de serpentinsation, et (iii) zones d'émanations volcaniques. La même méthode d'analyse a été appliquée sur chaque échantillon. Les premiers résultats obtenus au sein d'un site au cœur d'un massif de péridotites n'ont pas montré la présence d'H<sub>2</sub> dans le gaz émis, alors que ces roches peuvent être impliquées dans le processus de serpentinsation. Cependant, des métabolismes liés à l'H<sub>2</sub> sont observés. La présence d'archées méthanogènes produisant du méthane à partir d'H<sub>2</sub> ont notamment été identifiées, et leur métabolisme a été confirmé par la présence de méthane d'origine microbienne. Les autres sites sont en cours d'analyse. Cette étude permet d'apporter de nouvelles données sur le transport et les interactions de ce gaz avec son environnement, permettant à terme de les intégrer dans la construction d'un modèle numérique à grande échelle de migration et consommation de l'hydrogène.

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: camille.maziere@univ-pau.fr

**Mots-Clés:** hydrogène, émanation naturelle continentale, cercle de fée, serpentinisation, écologie microbienne

# Nouvelles stratégies pour la détection et le tri de cellules accumulatrices de polyphosphates (BAPs) par cytométrie en flux

Clémentin Bouquet \* <sup>1</sup>, Hermine Billard <sup>1</sup>, Cécile Bidaud <sup>2</sup>, Jonathan Colombet <sup>1</sup>, Elodie Duprat <sup>2</sup>, Anne-Catherine Lehours<sup>† 1</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire Microorganismes : Génome et Environnement – Centre National de la Recherche Scientifique, Université Clermont Auvergne – Campus Universitaire des Cézeaux, TSA 60026, 1 Impasse Amélie Murat, 63178 Aubière, France

<sup>2</sup> Bioinformatique et BioPhysique [IMPMC] – Institut de minéralogie, de physique des matériaux et de cosmochimie – 4, place Jussieu - BC 115 - 75252 Paris Cedex 5, France

Depuis les années 1960, le phosphore contenu dans les dépôts géologiques a été massivement extrait pour la production d'engrais, augmentant son cycle de 400%. Paradoxalement, et par analogie avec le " pic pétrolier ", un " pic de phosphore " est attendu d'ici 2035 et cette pénurie sera probablement un des enjeux majeurs du 21ème siècle. Pour s'attaquer à ces problématiques et assurer la durabilité écologique du P, des approches holistiques associant microbiologie, écologie et géochimie sont nécessaires. Ainsi, de nouvelles preuves de la présence ubiquitaire de bactéries accumulatrices de polyphosphates (BAP) dans les environnements naturels conduit à s'intéresser à leurs implications dans le cycle du phosphore. La caractérisation de leur importance requiert des méthodes à haut débit pour déterminer leur structure, distribution et dynamique dans des échantillons environnementaux complexes. Pour cela, une stratégie prometteuse consiste à combiner le marquage et la détection par cytométrie en flux, permettant une acquisition rapide des données multiparamétriques. Afin d'optimiser le dénombrement des BAP, une évaluation détaillée de nombreux facteurs (tampons, conditions de stockage et de marquage) a été réalisée. Nous avons également comparé différents marqueurs. Le DAPI, fréquemment utilisé pour visualiser les granules de polyPi car émettant une fluorescence vert-jaune, distincte de celle émise par l'ADN, et les JC-D7 et JC-D8 spécifiques des polyPi mais dont l'efficacité n'avait été démontrée que pour des cellules eucaryotes. Notre travail fournit un protocole générique pour détecter, quantifier et le trier des BAP par cytométrie en flux et propose le marqueur JC-D7 comme une sonde prometteuse pour atteindre ces objectifs.

**Mots-Clés:** Biogéochimie, Phosphore, Cycle biogéochimique, Bactéries, Environnement

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: a-catherine.lehours@uca.fr

# Effets successifs des antibiotiques et de l'augmentation de la température sur la résilience des communautés microbiennes aquatiques

Olivia Renard <sup>\*† 1</sup>, Émeraude Kuoch <sup>1</sup>, Véronique Vaury <sup>1</sup>, Laure Cordier <sup>2</sup>, Julie Leloup <sup>‡ 1</sup>, Dominique Lamy <sup>§ 1</sup>

<sup>1</sup> Institut d'écologie et des sciences de l'environnement de Paris – Institut de Recherche pour le Développement, Sorbonne Université, Université Paris-Est Créteil Val-de-Marne - Paris 12, Centre National de la Recherche Scientifique, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – Sorbonne-Université, campus de Jussieu - 4 place Jussieu Paris (75005) - INRAE - Versailles (78) - IRD - Bondy (93) - UPEC - Créteil (94), France

<sup>2</sup> Institut de Physique du Globe de Paris – Institut National des Sciences de l'Univers, Université de la Réunion, Institut de Physique du Globe de Paris, Centre National de la Recherche Scientifique, Université Paris Cité – 1 rue Jussieu, 75238 Paris cedex 05, France

La réponse des communautés microbiennes après des perturbations anthropiques, décrite principalement comme la résistance et la résilience, est un trait-clé qui sous-tend le devenir du fonctionnement des écosystèmes. Dans le contexte du changement climatique, avec des événements extrêmes plus fréquents et plus sévères, il existe un intérêt croissant pour la compréhension des impacts de perturbations multiples et successives. Cette étude cible les trajectoires adaptatives des communautés microbiennes (procaryotes, fungi, virus) en réponse à des stress anthropiques séquentiels en conditions contrôlées. Des communautés aquatiques naturelles ont été soumises pendant 5 jours à l'ajout d'un antibiotique, l'ofloxacin, couramment utilisé en médecine humaine et vétérinaire. Après 10 jours sans nouveau stress, la température d'incubation a ensuite été progressivement augmentée jusqu'à +7°C et maintenue pendant 3 jours. La dynamique temporelle (i) des abondances de procaryotes et virus (cytométrie en flux), (ii) des biomasses, totale (ADN) et active (ARN), des bactéries et fungi (PCR quantitative) et (iii) des activités de reminéralisation de différents substrats carbonés (Biolog Ecoplates ©) a été suivie pendant 25 jours. Parallèlement, les pools de matière organique particulaire (MOP) et dissoute (MOD) ont été suivis quantitativement (concentrations en carbone et azote particulaires et en carbone dissous) et qualitativement (propriétés optiques de la MOD colorée). La perturbation antibiotique impacte négativement, par rapport aux conditions contrôles, les valeurs de respiration et de richesse fonctionnelle, et positivement le ratio de biomasse bactéries/fungi. Le pic de chaleur diminue ensuite les biomasses de bactéries et de fungi, que ce soit pour les conditions avec ou sans antibiotiques.

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: olivia.renard.curzi@gmail.com

‡Auteur correspondant: julie.leloup@upmc.fr

§Auteur correspondant: dominique.lamy@sorbonne-universite.fr

**Mots-Clés:** Résilience, Communautés microbiennes, Antibiotiques, Augmentation de la température



# Diversité taxonomique et fonctionnelle du microbiome des lacs péri-urbains au long d'un gradient d'eutrophisation en saison estivale

Pierre Foucault <sup>\*† 1,2</sup>, Sébastien Halary <sup>1</sup>, Julie Leloup <sup>‡ 3</sup>, Sébastien Duperron <sup>§ 4</sup>

<sup>1</sup> UMR7245 MCAM – Muséum national d'Histoire naturelle, CNRS, UMR7245 MCAM, 75005 Paris, France – France

<sup>2</sup> UMR7618 iEES Paris – Sorbonne Université, Paris – France

<sup>3</sup> UMR7618 iEES Paris – Sorbonne Université, Paris – France

<sup>4</sup> UMR7245 MCAM – Muséum national d'Histoire naturelle, CNRS, UMR7245 MCAM, 75005 Paris, France – France

Les lacs péri-urbains sont d'une importance majeure pour l'écologie urbaine, en tant que fournisseurs de services écosystémiques et de zone tampons écologiques pour les environnements fortement anthropisés. Fortement impacté par l'eutrophisation (apports autochtones et allochtones), ces écosystèmes sont des hotspots de la biodiversité microbienne et du recyclage des principaux éléments géochimiques (C, N, P, S) et sont donc considérés comme des sentinelles environnementales pour suivre les conséquences des changements globaux. Outre le compartiment autotrophe phytoplanctonique, qui est bien décrit dans les écosystèmes lacustres, l'importance fonctionnelle des hétérotrophes (bactéries, archées) reste peu claire et rarement prise en compte dans l'écologie des lacs. Dans cette étude, nous avons effectué une analyse spatio-temporelle pour étudier l'impact de l'eutrophisation et de la temporalité au long d'une saison estivale (juin à septembre) sur le microbiome pélagique à l'échelle locale en couplant des approches de métabarcoding de l'ARNr 16S et de métagénomique. 9 lacs péri-urbains, sélectionnés au long d'un gradient d'eutrophisation, ont été échantillonnés mensuellement dans un rayon de 70km autour de Paris (Île-De-France, France). Le statut trophique et le mois d'échantillonnage, plus que les distances géographiques entre les lacs, ont influencé la structure des communautés procaryotes. La composition taxonomique du microbiome procaryotique des lacs hypereutrophes était la plus dynamique et variable. Les taxa appartenant aux Verrucomicrobiota et aux Planctomycetes étaient plus abondants dans ces lacs. Les analyses en cours explorent la dynamique et la diversité des fonctions microbiennes liées aux principaux cycles biogéochimiques (métabolisme du C, du N, du P et du S). Ces résultats sont corrélés à des différences de contenus de gènes et donc de potentiel fonctionnel. Cette étude vise à explorer les facteurs (spatiaux, temporels, biotiques ou abiotiques) qui façonnent les taxons microbiens et les fonctions du microbiome procaryotique des lacs péri-urbains à l'échelle locale.

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: pierre.foucault@mnhn.fr

‡Auteur correspondant: julie.leloup@upmc.fr

§Auteur correspondant: sebastien.duperron@mnhn.fr

**Mots-Clés:** Peri, urban lakes, Eutrophication, Metagenomics, Metabarcoding

# Dynamiques biogéochimiques d'estuaires souterrains : un continuum terre-mer méconnu

Léopold Matthys \* <sup>1</sup>, Benjamin Misson <sup>1</sup>, Virginie Sanial <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut méditerranéen d'océanologie – Université de Toulon – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Bâtiment Méditerranée 163 Avenue de Luminy 13288 Marseille, France

Situés à l'interface entre continent et océan, les estuaires souterrains sont constitués d'une zone de mélange dynamique d'un point de vue hydro-biogéochimique. Cette zone de mélange ou SMRF (Subterranean Mixing and Reaction Field) est d'intérêt pour la compréhension du fonctionnement biogéochimique des zones côtières. En effet, les estuaires souterrains comprennent un transport de solutés depuis l'eau douce vers l'environnement côtier, mais également une recirculation d'eau de mer souterraine entraînant un changement de sa composition. Cet estuaire souterrain est connecté à la mer par un mécanisme de décharge d'eaux souterraines (Subterranean Groundwater Discharge, SGD). Les SGD peuvent perturber le fonctionnement de l'océan côtier en raison de leurs apports en substances chimiques (e.g. contaminants, sels nutritifs). Avant leur rejet en milieu marin, la circulation de l'eau dans la SMRF peut induire des transformations biogéochimiques de ces substances, notamment en raison de forts gradients physico-chimiques (e.g., salinité, redox). Cependant, les transformations qui peuvent intervenir ou l'implication de la communauté microbienne sur ces mécanismes restent méconnues. De plus, la SMRF est variable spatiotemporellement en raison des conditions météorologiques, des vagues et des marées. Les objectifs de cette thèse consistent premièrement en la description de deux estuaires souterrains différents, permettant d'appréhender la variabilité spatiotemporelle de la SMRF via l'étude de paramètres physico-chimiques, du temps de résidence des eaux et en évaluant l'abondance, l'activité et la structure de la communauté de procaryotes hétérotrophes. Ce projet aura également pour objectif d'évaluer les seuils de perturbation de la communauté microbienne planctonique marine par les SGD étudiées.

**Mots-Clés:** estuaire souterrain, dynamiques biogéochimiques, milieu côtier, procaryotes hétérotrophes

---

\*Intervenant

# Effet de l'acide propionique sur la digestion anaérobie des boues de station d'épuration : production de biogaz et structure des communautés microbiennes

Xiaojun Liu <sup>1</sup>, André Pauss <sup>1</sup>, Carlyne Lacroix <sup>2</sup>, Chloé Soulard <sup>3</sup>, Laura Andre <sup>4</sup>, Olivier Chapleur <sup>5</sup>, Ariane Bize <sup>\*† 5</sup>, Sabrina Guérin <sup>6</sup>, Thierry Ribeiro <sup>4</sup>, Vincent Rocher <sup>6</sup>, Céline Roose-Amsaleg<sup>‡ 7</sup>

<sup>1</sup> Transformation Intégrée de la Matière Renouvelable – Université de Technologie de Compiègne – Université de Technologie de Compiègne - Centre de Recherche de Royallieu - rue du Docteur Schweitzer- CS 60319 - 60203 COMPIEGNE Cedex, France

<sup>2</sup> SIAAP - Direction du Développement et de la Prospective – SIAAP – 82 avenue Kléber, 92700 Colombes, France., France

<sup>3</sup> Université de Technologie de Compiègne – Université de Technologie de Compiègne, Université de Technologie de Compiègne – Université de Technologie de Compiègne - Centre de Recherche de Royallieu - rue du Docteur Schweitzer- CS 60319 - 60203 COMPIEGNE Cedex, France

<sup>4</sup> ULR 7519, Institut Polytechnique UniLaSalle – Institut Polytechnique UniLasalle – France

<sup>5</sup> Université Paris-Saclay, INRAE, PROSE – Université Paris-Saclay, Université Paris Saclay – France

<sup>6</sup> Direction Innovation SIAAP – SIAAP – France

<sup>7</sup> CNRS, ECOBIO, UMR 6553, Université Rennes – CNRS – France

La digestion anaérobie permet de valoriser les boues d'épuration en produisant du biogaz (constitué principalement de CO<sub>2</sub> et CH<sub>4</sub>), une énergie renouvelable. Ce processus est catalysé par des communautés microbiennes sensibles à divers facteurs abiotiques, comme les acides gras volatils (AGV), composés intermédiaires de la méthanisation.

Nous avons étudié les effets de l'acide propionique, un AGV et inhibiteur potentiel de la méthanisation, sur la production de gaz et la structure des communautés microbiennes, afin d'identifier de potentiels biomarqueurs microbiens d'inhibition.

Des incubations en microcosmes batch mésophiles ont été réalisées. En plus de l'alimentation (boues mixtes) et l'inoculum (boues digérées), de l'acide propionique a été ajouté pour créer une inhibition. Des incubations avec du propionate de sodium, du chlorure de sodium ou de l'acide chlorhydrique ont également été réalisées afin de pouvoir distinguer l'effet du propionate, de la diminution du pH ou du contre-ion. Les performances de méthanisation étaient évaluées en mesurant la production de méthane. La composition des communautés microbiennes a été déterminée par metabarcoding ADN<sub>r</sub> 16S.

Une diminution du taux de production de méthane a été observée à partir d'un ajout de 1 g/L d'acide propionique. À une concentration ajoutée de 1,49 g/L, la composition de la communauté

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: ariane.bize@inrae.fr

‡Auteur correspondant: celine.amsaleg@univ-rennes1.fr

microbienne était significativement modifiée, en particulier celle des bactéries acétogènes productrices obligées d'H<sub>2</sub>, qui dégradent le propionate en acétate, H<sub>2</sub> et CO<sub>2</sub>. La proportion d'archées diminuait en fonction des concentrations initiales d'acide propionique. Enfin, l'inhibition observée était largement due à la diminution du pH causée par la dissociation de l'acide propionique.

**Mots-Clés:** méthanisation, digestion anaérobie, inhibition, biomarqueur, bioindicateur, 16S, communauté microbienne, microcosme, mésophile

Ecophysiologie et écologie chimique  
(posters)

# Diversité des communautés microbiennes des sources hydrothermales des îles éoliennes de Vulcano et Panarea : approche culturelle et métabarcoding

Antoine Carissimo <sup>\*† 1</sup>, Anne-Hélène Prime <sup>2</sup>, Grégoire Gales <sup>3</sup>, Roy Price <sup>4</sup>, Giorgio Capasso <sup>5</sup>, Valérie Chavagnac <sup>6</sup>, Gaël Erauso <sup>‡ 2</sup>

<sup>1</sup> University of Bremen Faculty, Production Engineering – D-28359 Bremen, Germany, Allemagne

<sup>2</sup> Institut méditerranéen d'océanologie – Institut de Recherche pour le Développement, Aix Marseille Université, Institut National des Sciences de l'Univers, Université de Toulon, Centre National de la Recherche Scientifique – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Bâtiment Méditerranée163 Avenue de Luminy13288 Marseille, France

<sup>3</sup> Institut méditerranéen d'océanologie – Institut de Recherche pour le Développement, Aix Marseille Université, Institut National des Sciences de l'Univers, Université de Toulon, Centre National de la Recherche Scientifique – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Bâtiment Méditerranée163 Avenue de Luminy13288 Marseille, France

<sup>4</sup> School of Marine and Atmospheric Sciences [Stony Brook] – Stony Brook University, 145 Endeavour Hall, Stony Brook, NY 11794, États-Unis, États-Unis

<sup>5</sup> Istituto Nazionale di Geofisica e Vulcanologia - Sezione di Palermo – Via Ugo la Malfa, 153, 90146 Palermo PA, Italie, Italie

<sup>6</sup> Géosciences Environnement Toulouse – Institut de Recherche pour le Développement, Université Toulouse III - Paul Sabatier, Institut National des Sciences de l'Univers, Observatoire Midi-Pyrénées, Centre National d'Études Spatiales [Toulouse], Centre National de la Recherche Scientifique – Observatoire Midi-Pyrénées 14 Avenue Edouard Belin 31400 Toulouse, France

Les îles Éoliennes abritent un système hydrothermal volcanique de faible profondeur dont la diversité microbienne n'avait pas encore été étudiée de façon exhaustive en utilisant les nouvelles technologies de séquençage de l'ADN. Dans cette étude, les séquences d'amplicons du gène de l'ARNr 16S, d'échantillons de divers sites à Vulcano et Panarea, ainsi que de 780 cultures d'enrichissement, ont été analysées pour décrire la diversité procaryotique et étudier l'influence des paramètres physico-chimiques sur sa structure. Parmi les archées, deux phyla candidats, *Woesearchaeota* et *Hydrothermarchaeota*, étaient prédominants. Une grande diversité de *Woesearchaeota* a été observée, avec des phylotypes différents selon les sites. Deux phylotypes d'*Hydrothermarchaeota* particulièrement abondants ont été détectés uniquement dans les parois des cheminées sous-marines collectées à Panarea. Ils sont apparentés à des phylotypes détectés dans des aquifères basaltiques associés à des dorsales océaniques rapides. La majorité des archées détectées appartenaient à des ordres candidats. Certains hétérotrophes (hyper)thermophiles bien connus, comme les *Thermococcales* et *Thermoplasmatales*, ont été abondamment détectés dans de nombreux sites. Chez les bactéries, une grande diversité a été observée à l'échelle des phyla,

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: carissimo@uni-bremen.de

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

et beaucoup d'entre elles appartenait à des genres inconnus. Différentes classes de protéobactéries étaient particulièrement abondantes. Les cultures montrent une forte implication de cette diversité dans le cycle du soufre et du fer. De plus, des taxons jusqu'ici jamais isolés, avec des métabolismes utilisant le Fe0, ont été enrichis. Enfin, de fortes corrélations entre la diversité et certains paramètres physico-chimiques, notamment le pH, la concentration en sulfate et la salinité, ont pu être observées.

**Mots-Clés:** thermophiles, hydrothermal, volcanique, diversité microbienne, éoliennes



# Optimisation de la production d'hydrogène issue de la fermentation de déchets industriels organiques par de nouveaux organismes hyperthermophiles isolés des sources hydrothermales peu profondes des îles éoliennes, Italie

Anne-Hélène Prime <sup>\*†</sup> <sup>1</sup>, Sylvain Davidson <sup>1</sup>, Maximilian Strick <sup>2</sup>, Stefan Miller <sup>2</sup>, Harald Nordal <sup>2</sup>, Yannick Combet-Blanc <sup>1</sup>, Gaël Erauso<sup>‡</sup> <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut méditerranéen d'océanologie – Institut de Recherche pour le Développement, Aix Marseille Université, Institut National des Sciences de l'Univers, Université de Toulon, Centre National de la Recherche Scientifique – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Bâtiment Méditerranée163 Avenue de Luminy13288 Marseille, France

<sup>2</sup> HYPERTHERMICS Regensburg GmbH, Regensburg, Germany – Allemagne

Une valorisation des déchets industriels organiques est leur dégradation par fermentation obscure et la production d'hydrogène (H<sub>2</sub>) associée. Le but de ce projet est de chercher de nouveaux organismes capables de dégrader ces déchets en condition anaérobie à haute température (> 70°C) et bas pH (5). Les sources hydrothermales de Vulcano et Panarea présentent des conditions à la fois acidophile (pH 2-5) et thermophile (jusqu'à 140°C). Des sédiments de ces sites ont été inoculé en milieu synthétique avec 5 g.L<sup>-1</sup> de déchets industriels comme substrats. Ces cultures ont été incubées en condition anaérobie à 80°C et pH 5. La croissance cellulaire et la production d'H<sub>2</sub> étaient suivies par comptage cellulaire et chromatographie en phase gazeuse. Les cultures produisant plus d'H<sub>2</sub> ont été reproduites dans les mêmes conditions en bioréacteur de 1 L, avec une concentration en substrat de 5 à 100 g.L<sup>-1</sup>. Le maximum de 18 mM de H<sub>2</sub> produit pour 40 g.L<sup>-1</sup> du déchet de pâte à papier (paper mill : PM) après 50 h. L'ajout d'amidon augmente significativement la production de H<sub>2</sub>. Les conditions optimales étaient 5 g.L<sup>-1</sup> d'amidon et 20 g.L<sup>-1</sup> de PM, avec une densité cellulaire supérieure à 1x10<sup>9</sup> cellules après 12 h et une production d'H<sub>2</sub> de 51 mM après 50 h. Un consortium stable a été observé au microscope consistant en 3 morphotypes : des coques, des toga et des formes de bâtonnets. L'ADN extrait de ces cultures a été séquencé afin d'identifier ces organismes et des isolats sont en cours de caractérisation.

**Mots-Clés:** extrémophile, hydrothermal, hydrogène, fermentation, anaérobie

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: anne-helene.prime@mio.osupytheas.fr

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

# Marinitoga aeolica sp. nov, une nouvelle thermophile hétérotrophe et anaérobie isolée d'une source hydrothermale peu profonde de l'île de Panarea dans l'archipel éolien, Italie.

Anne Postec \* <sup>1</sup>, Grégoire Gales , Anne-Hélène Prime , Manon Bartoli ,  
Céline Vandecasteele , Gaël Erauso

<sup>1</sup> 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

Une nouvelle souche thermophile, désignée BP5C20AT, a été isolée d'une source hydrothermale peu profonde de l'île de Panarea, dans l'archipel éolien près de la Sicile, en Italie. Les cellules sont des bâtonnets mobiles entourés d'une "toga", à coloration Gram négative, et présentant une morphologie droite à incurvée pendant la phase exponentielle. La souche BP5C20AT est thermophile (optimum 55°C), modérément acidophile (optimum pH 5,6) et halotolérante (optimum 2,5 % NaCl). Elle peut fermenter l'extrait de levure, la peptone et la tryptone, et utilise également des carbohydrates: cellobiose, fructose, glucose, lactose, maltose, amidon et saccharose. Le soufre élémentaire est utilisé comme accepteur d'électrons et réduit en sulfure d'hydrogène. L'acide gras cellulaire prédominant est le C16:00 (58,8 %). L'analyse phylogénétique a montré que la souche BP5C20AT partageait 97,3 % d'identité de séquence du gène de l'ARNr 16S avec l'espèce la plus proche *M. lauensis* LG1T. La taille du génome de la souche BP5C20AT était de 2,44 Mb avec une teneur en G+C de 27,26 %. Les valeurs dDDH et ANI entre les génomes des souches BP5C20AT et *M. lauensis* LG1T étaient respectivement de 31,0 % et 85,70 %. Enfin, d'après ses caractéristiques physiologiques, métaboliques et génomiques, la souche BP5C20AT (=DSM 112332 = JCM 39183) est proposée comme représentante d'une nouvelle espèce du genre *Marinitoga* nommée *Marinitoga aeolica* sp. nov. et appartenant à l'ordre des *Petrotogales*, dans le phylum des *Thermotogota*.

**Mots-Clés:** Thermotogota, Marinitoga, thermophile, anaérobie, cheminées hydrothermales peu profondes, Panarea Italie

---

\*Intervenant

# Caractérisation d'une nouvelle souche thermophile anaérobie V6Fe1T, affiliée aux Deferribacteraceae, et étude des voies de réduction des nitrates par RT-PCR quantitative.

Grégoire Gales \* <sup>1</sup>, Maverick Hannoun <sup>1</sup>, Sophie Guasco <sup>1</sup>, Anne Postec \*

<sup>1</sup>, Patricia Bonin \*

<sup>1</sup>, Giorgio Capasso <sup>2</sup>, Gaël Erauso \*

3

<sup>1</sup> Institut méditerranéen d'océanologie – Institut de Recherche pour le Développement, Aix Marseille Université, Institut National des Sciences de l'Univers, Université de Toulon, Centre National de la Recherche Scientifique – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Bâtiment Méditerranée163 Avenue de Luminy13288 Marseille, France

<sup>2</sup> Istituto Nazionale di Geofisica e Vulcanologia - Sezione di Palermo – Via Ugo la Malfa, 153, 90146 Palermo PA, Italie, Italie

<sup>3</sup> Institut méditerranéen d'océanologie – Institut de Recherche pour le Développement, Aix Marseille Université, Institut National des Sciences de l'Univers, Université de Toulon, Centre National de la Recherche Scientifique – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Bâtiment Méditerranée163 Avenue de Luminy13288 Marseille, France

Une nouvelle souche bactérienne anaérobie thermophile, appelée V6Fe1T, a été isolée de sédiments marins affectés par des circulations hydrothermales sur l'île de Vulcano, en Italie. Les cellules étaient de fins bacilles flexibles, non mobiles, gram-négatifs. La souche V6Fe1T s'est développée à des températures comprises entre 45 et 65 °C, des pH entre 5,1 et 7,7 et des concentrations de NaCl entre 0 et 80 g/L. La séquence du gène de l'ARNr 16S a montré que la souche V6Fe1T faisait partie de la famille des *Deferribacteraceae*, avec *Petrothermobacter organivorans*, *Calditerrivibrio nitroreducens* et *Deferribacter desulfuricans* comme plus proches parents (94,2 %, 89,4 % et 88,8 % de similarité). Le génome comprenait un chromosome de 2,358 kbp avec un pourcentage de GC égal à 34,8 %. La souche V6Fe1T a montré une versatilité métabolique importante, réalisant la fermentation de substrats protéiques, de sucres, d'alcools et d'acides organiques ; la respiration de ces substrats avec  $\text{S}_0$ , Fe(III), Mn(IV) et  $\text{NO}_3^-$  comme accepteurs d'électrons ; la croissance autotrophe avec du dihydrogène et Fe(III), Mn(IV) ou  $\text{NO}_3^-$  comme accepteurs d'électrons. Contrairement aux souches les plus proches, la souche V6Fe1T est capable d'effectuer la réduction du nitrate en ammonium (DNRA) ou la dénitrification selon

---

\*Intervenant

la concentration et la nature du donneur d'électrons fourni. Des mesures de transcription par RT-PCR quantitative ont permis d'identifier les voies métaboliques suivies lors de ces processus. Sur la base des inférences phylogénétiques et propriétés phénotypiques, la souche V6Fe1T est proposée comme souche type d'une nouvelle espèce appelée '*Petrothermobacter metallireducens*'.

**Mots-Clés:** thermophiles, hydrothermal, Deferribacteraceae, DNRA, dénitrification, RT PCR quantitative

# La diversité microbienne d'une île néo-volcanique en Islande: Surtsey

Pauline Vannier \* <sup>1</sup>, Pauline Bergsten <sup>1</sup>, Viggó Marteinson <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Matís – Exploration Utilization of Genetic Resources Vinlandsleið 12 113 Reykjavík, Islande

Surtsey est une île volcanique issue d'éruptions successives sous-marines qui ont eu lieu entre 1963 et 1967. Ce site classé au patrimoine mondial de l'UNESCO, situé au sud-est du rift volcanique islandais est unique au monde et permet de suivre la colonisation et la succession des formes de vie sur une terre stérile.

Des échantillons du sous-sol ont été prélevés lors d'une opération de forage en 2017 afin d'étudier les communautés microbiennes associées aux dépôts de basaltes tuffiques formés au sein d'un système hydrothermal actif d'eau de mer. Des carottes de roches à des profondeurs successives ainsi que des échantillons de fluides hydrothermaux et de fumerolles ont été collectés. Une approche moléculaire en métabarcoding (séquençage de l'ARNr16S) combinée à la culture de microorganismes ont permis d'identifier malgré une faible biomasse des communautés microbiennes (bactéries et archées) similaires à d'autres environnements extrêmes terrestres et marins. Néanmoins, de nombreux taxons restent inconnus. Ces communautés microbiennes sont essentiellement hétérotrophes et des chimioautotrophes ont également été identifiées (cycles du soufre, de l'azote ou encore du méthane).

Afin de comprendre la dissémination des microorganismes, ces résultats ont été comparés à ceux obtenus à partir d'échantillons d'air et de roches de surface prélevés à différents points stratégiques de l'île en 2018 et 2019. Ces études révèlent que les dépôts atmosphériques influencent de manière significative la formation des communautés microbiennes de surface tandis que l'eau de mer s'infiltrant dans la roche vient modifier les communautés de thermophiles présentes dans le sous-sol.

**Mots-Clés:** communautés microbiennes, Surtsey, île volcanique, aérosols, subsurface

---

\*Intervenant

# Effet de la contrainte de cisaillement sur la structure de la communauté, l'expression métabolique et la production d'EPS des biofilms marins dans un environnement semi-contrôlé

Aurelie Portas <sup>\*† 1,2</sup>, Nathan Carriot <sup>2</sup>, Raphaëlle Barry-Martinet <sup>2</sup>, Annick Ortalo-Magné <sup>2</sup>, Houssam Haggoul <sup>3</sup>, Bruno Dormoy <sup>4</sup>, Gérald Culioli <sup>5</sup>, Nolwenn Quillien <sup>1</sup>, Jean-François Briand <sup>2</sup>

<sup>1</sup> France Energies Marines, Plouzané – France Energies Marines – France

<sup>2</sup> Laboratoire MAPIEM – Université de Toulon (France) – France

<sup>3</sup> Institut méditerranéen d'océanologie – Institut de Recherche pour le Développement, Aix Marseille Université, Institut National des Sciences de l'Univers, Université de Toulon, Centre National de la Recherche Scientifique – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Bâtiment Méditerranée163 Avenue de Luminy13288 Marseille, France

<sup>4</sup> Laboratoire d'Analyses de Surveillance et d'Expertise de la Marine (LASEM) – LASEM – Toulon, France

<sup>5</sup> Institut Méditerranéen de Biodiversité et d'Ecologie marine et continentale (IMBE), UMR CNRS-IRD-Avignon Université-Aix-Marseille Université, Avignon, France – IMBE – Institut Méditerranéen de Biodiversité et d'Ecologie, CNRS, IRD, Aix Marseille Université, IUT d'Avignon, AGROPARC – Avignon, France

Alors que les vagues, la houle et les courants sont des facteurs océaniques majeurs, leur influence spécifique sur la colonisation des surfaces en milieu marin a été peu étudiée jusqu'à présent. Nous avons déterminé comment l'hydrodynamisme contrôle la dynamique et la production métabolique des communautés microbiennes au sein des biofilms en utilisant un dispositif expérimental permettant de soumettre la colonisation à un gradient de contrainte de cisaillement. Une caractérisation multi-échelle des biofilms obtenus via des approches complémentaires associant le métabarcoding (procaryotes et eucaryotes), la métabolomique non ciblée basée sur la LC-MS, les tests biochimiques et la microscopie, réalisée à différentes saisons, a montré que la biomasse, la production d'EPS, la structure et la composition de la communauté étaient principalement contrôlées par les forces de cisaillement et les saisons.

Le mode d'immersion a induit un changement majeur dans la structure de la communauté, plus significativement que la variation de l'intensité de la contrainte de cisaillement. Ce changement s'est traduit par une augmentation des organismes vagiles (amibes, dinophycées, ...) dans les échantillons statiques. La contrainte de cisaillement a plutôt favorisé l'abondance des organismes sessiles et des protistes hétérotrophes, qui profitent de la structure protectrice des biofilms pour se développer. De plus, une augmentation de la contrainte de cisaillement a favorisé la production d'EPS, jouant un rôle essentiel dans les propriétés d'adhésion et de cohésion du biofilm.

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: aurelie-portas@etud.univ-tln.fr

Cependant, la présence de pigments photosynthétiques (par exemple, le phéophorbide a) et de lipides polaires dans les échantillons statiques témoigne d'une pression de broutage plus élevée.

**Mots-Clés:** contrainte de cisaillement, protistes, biofilms, matrice, approche multi, omiques.

# Diversité des microorganismes électroautotrophes de sources hydrothermales de faible profondeur

Antoine Carissimo <sup>\*† 1</sup>, Gaël Erauso <sup>2</sup>, Pierre-Pol Liebgott <sup>2</sup>, Sven  
Kerzenmacher <sup>1</sup>, Guillaume Pilot<sup>‡ 1</sup>

<sup>1</sup> University of Bremen, Center for Environmental Research and Sustainable Technology (UFT),  
Research Group Environmental Process Engineering – Leobener Str. 6, 28359 Bremen, Germany,  
Allemagne

<sup>2</sup> Aix Marseille Université, Université de Toulon, CNRS, IRD, MIO – Aix-Marseille Université - AMU –  
Campus Technologique et Scientifique de Luminy 163 avenue de Luminy - Bâtiment Méditerranée 13288  
MARSEILLE cedex 09, France

Les microorganismes électrotrophiques peuvent utiliser des électrodes (cathode) comme donneurs d'électrons pour la respiration. On les retrouve notamment dans les sources hydrothermales, où des courants électriques naturels existent dans certaines cheminées. Des procaryotes hyperthermophiles électroautotrophes (utilisant le CO<sub>2</sub> comme source de carbone) ont pu être isolés de ces environnements mais leur diversité reste méconnue.

Dans le but d'évaluer cette diversité, deux échantillons provenant de deux systèmes hydrothermaux marins de faible profondeur, un volcanique à haute température (120°C) et pH acide (5) (Panarea, île éoliennes, Italie) et un autre alcalin (pH 11) alimenté par serpentinisation (Baie de Prony, Nouvelle-Calédonie), ont été utilisés pour inoculer des réacteurs bioélectrochimiques et déterminer la capacité de ces microorganismes à croître en conditions électroautotrophiques. 60 combinaisons d'échantillons, températures, pH et accepteurs d'électrons ont été testées.

Les réacteurs en conditions hydrothermales avec l'échantillon volcanique présentaient des capacités électroactives (croissance, consommation de courant, production de molécules organiques) parmi les plus élevées, contrairement à ceux avec l'échantillon alcalin. Les premiers étaient dominés par des archées hyperthermophiles, tandis que des bactéries méthylophiles alcaliphiles (*Alphaprotéobactéries*, *Firmicutes*), peu électroactives, ont été enrichies avec l'échantillon alcalin. Globalement, ces résultats suggèrent une plus grande abondance des électroautotrophes dans les cheminées hydrothermales de type volcanique, les seules où des courants électriques naturels ont été détectés jusqu'à maintenant, dont l'utilisation in situ par les microorganismes reste cependant à confirmer. Ces résultats permettent d'élargir nos connaissances des métabolismes primaires des écosystème hydrothermaux, leur implication dans les cycles biogéochimiques et leur potentiel biotechnologique.

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: carissimo@uvt.uni-bremen.de

‡Auteur correspondant: Pilot@uvt.uni-bremen.de



**Mots-Clés:** Sources hydrothermales, électroautotrophes, bioélectrochimie, hyperthermophiles, méthylo-  
trophes, électrodes

# Décryptage des interactions métaboliques au sein d'un consortium bactérien producteur d'hydrogène.

Magali Roger <sup>\*† 1</sup>

<sup>1</sup> Bioénergétique et Ingénierie des Protéines – CNRS : UMR7281, Aix-Marseille Université - AMU – 31, chemin Joseph Aiguier 13402 MARSEILLE Cedex 20, France

Dans la nature les microorganismes vivent sous forme de communautés complexes. La fonction, la structure et la stabilité de ces communautés reposent sur la capacité des microorganismes à interagir et échanger des métabolites, leur permettant ainsi d'assurer des fonctions complexes tout en réduisant le coût métabolique associé (" division du labeur "), de coloniser des niches écologiques qui leur seraient inaccessible sous forme isolée, et se traduit souvent par de meilleures performances du système. Dans ce contexte, les travaux menés au laboratoire ont conduit à la construction d'un consortium synthétique producteur d'hydrogène constitué de deux bactéries anaérobies strictes : *Clostridium acetobutylicum* et *Desulfovibrio vulgaris* Hildenborough. En condition de stress nutritionnel, ces deux bactéries sont capables d'interagir physiquement, permettant ainsi un échange bidirectionnel de protéines, métabolites et petites molécules. Bien que la nature exacte des métabolites échangés reste obscure, nos travaux ont permis de démontrer que le couplage métabolique permet non seulement la survie de *D. vulgaris* Hildenborough dans ce milieu de culture (tandis que la souche pure ne se développe pas dans ce milieu), mais elle a également un effet synergique sur la croissance de *C. acetobutylicum* dans ces conditions. Enfin, l'association syntrophique de ces deux bactéries se traduit par une augmentation de la production d'hydrogène de la culture. Ainsi, l'objectif de ce travail a porté sur le décryptage du réseau d'échanges métaboliques entre ces deux bactéries. L'utilisation d'approches telles que le marquage isotopique, de flux métaboliques et protéomiques quantitatives nous ont permis de proposer un modèle du couplage métabolique entre ces bactéries.

**Mots-Clés:** microbiome, métabolisme, interactions, bio, hydrogène

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: mroger@imm.cnrs.fr

# CARACTERISATION DU METABOLOME DE TROIS MICROALGUES AFIN D'ETUDIER LA DIFFERENCE DE SENSIBILITE AU STRESS CHIMIQUE

Mélissa Eon \* <sup>1,2,3</sup>, Laura Malbezin , Isabelle Lavoie , Soizic Morin , Nicolas  
Creusot

<sup>1</sup> Ecosystèmes aquatiques et changements globaux – Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement : UR1454 – France

<sup>2</sup> inrae – INRAE – France

<sup>3</sup> Ecosystèmes aquatiques et changements globaux – Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – 50 avenue de Verdun - Gazinet, F-33612 Cestas, France

Face à la pollution chimique des systèmes aquatiques, les communautés périphtiques sont de plus en plus utilisées pour mieux évaluer l'altération potentielle des fonctions écosystémiques. Cependant, il persiste un manque de connaissances sur la différence de sensibilité des espèces au stress chimique dans ces communautés, qui joue un rôle majeur dans leur structure et à leur fonctionnement. Dans ce contexte, cette étude vise à caractériser cette différence de sensibilité à travers la comparaison du phénotype moléculaire d'une cyanobactérie, d'une algue verte, d'une diatomée et de leur co-culture face à un stress chimique. Pour ce faire, avant et après une exposition de sept jours à l'atrazine, au S-métolachlore et à leur mélange à trois concentrations (10-100-1000  $\mu\text{g/L}$ ), le métabolome des trois espèces et leur co-culture a été caractérisé par une approche de métabolomique non ciblée. La comparaison des empreintes métaboliques a mis en évidence qu'avant exposition, le métabolome de l'espèce de diatomée était plus proche de celui de l'algues verte que de celui des cyanobactéries, tandis que la co-culture était plus proche de celui des diatomées. Les herbicides ont provoqué un changement dans le métabolisme des trois espèces et de la co-culture, mais l'identité des métabolites putatifs modulés et/ou l'intensité de leur modulations différaient entre les espèces. De plus, l'atrazine et le S-métolachlore ainsi que leur mélange ont modulé le métabolome différemment pour chaque espèce, suggérant une divergence potentielle dans les voies de toxicité. Des recherches plus approfondies sont en cours pour annoter les métabolites et les voies impliquées dans les divergences des phénotypes moléculaires avant et après l'exposition. Cette étude apportera de nouvelles connaissances pour mieux comprendre les différences de sensibilité des espèces aux stress chimiques au sein du périphyton.

**Mots-Clés:** periphytic communities, metabolome, chemical stress

---

\*Intervenant

# Production de polymères biodégradables par des microorganismes à partir de déchets organiques

Maria Lorena Falco \* <sup>1</sup>, Cristiana Cravo-Laureau <sup>1</sup>, Robert Duran <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Université de Pau et des Pays de l'Adour – IPREM, CNRS-UPPA, Pau, France – Avenue de l'Université - BP 576 - 64012 Pau Cedex, France

Cette étude vise à comprendre et optimiser la production de plastiques biodégradables et biocompatibles par des microorganismes. Dans une approche d'économie circulaire, la production de plastiques est réalisée à partir de déchets organiques issues de la maïsiculture, principale activité agricole dans le sud de l'Aquitaine. L'utilisation des matières premières locales de faible coût, tels les déchets organiques agricoles, pour la production de polyhydroxyalcanoates (PHA) par les microorganismes augmente la compétitivité du procédé. Les PHA, polymères biocompatibles et biodégradables ayant des propriétés similaires à celles du polyéthylène et du polypropylène, offrent des applications dans divers secteurs d'activités, allant de la médecine à l'industrie alimentaire. Des consortia microbiens ont été isolés pour leur capacité à produire des PHA, polymères utilisés comme réserve d'énergie par les microorganismes. Les consortia microbiens montrent des rendements, calculés sur la base de biomasse sèche, compris entre 20% et 50% de PHA. Les consortia microbiens ont été caractérisés d'un point de vue taxonomique et fonctionnel, ce qui a permis de développer des outils permettant de mieux comprendre la physiologie des microorganismes pour l'optimisation du procédé de production de PHA.

**Mots-Clés:** valorisation dechets, polyhydroxyalcanoates, polymeres biodegradables

---

\*Intervenant

Adaptation, évolution, écologie  
théorique et modélisation  
(posters)

# Distribution et fonction d'une petite protéine à domaine J, co-chaperon de DnaK, essentielle à l'adaptation de *Shewanella oneidensis* à son environnement

Lana Weber , Laetitia Dali , Nathanael Maillot , Olivier Genest , Sébastien Dementin <sup>\*† 1</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire de Bioénergétique et Ingénierie des Protéines – Centre National de la Recherche Scientifique - CNRS, Aix-Marseille Université - AMU – France

Les chaperons moléculaires généraux (DnaK, GroEL/ES, ...) assistent le repliement et/ou la stabilité des protéines et sont particulièrement impliqués dans les processus d'adaptation des bactéries aux changements environnementaux (températures, stress oxydant, ...). Le fonctionnement de **DnaK** est intimement dépendant de co-chaperons, appelés **protéines à domaine J (Jdp)**, dont le rôle est de recruter les protéines " substrats " pour les présenter à DnaK. La Jdp la plus caractérisée est DnaJ.

Les génomes bactériens sont un impressionnant réservoir de gènes codant pour des Jdp (environ 2500) dont le domaine J est décoré d'un ou plusieurs domaines, la plupart de fonction inconnue. Cela suggère le recrutement spécifique de DnaK dans la prise en charge de protéines essentielles à divers processus cellulaires, et notamment à l'adaptation environnementale de certaines bactéries.

*Shewanella oneidensis*,  $\gamma$ -protéobactérie aquatique, illustre bien cette diversité des Jdp puisque, en plus des Jdp retrouvées classiquement chez les bactéries, il possède 3 Jdp de fonction inconnue dont **AtcJ** qui est essentielle à la croissance de la bactérie à basse température. AtcJ est la plus petite Jdp caractérisée à ce jour (un domaine J flanqué d'une extension C-ter de 21 acides aminés) et est codée dans un opéron contenant trois autres gènes de fonction inconnue (*atcA*, *B* et *C*).

Je présenterai nos travaux sur la distribution phylogénétique de cet opéron, la caractérisation, et la fonction des protéines Atc dans des processus essentiels pour l'adaptation de la bactérie, en condition de froid notamment.

**Mots-Clés:** Adaptation bactérienne, chaperons, protéines à domaine J

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: [dementin@imm.cnrs.fr](mailto:dementin@imm.cnrs.fr)

# Un cortège de bactéries endophytes stable au sein des graines de Brassicales et Astérales hyperaccumulatrices de métaux

Julien Ancousture <sup>\*† 1</sup>, Alexis Durand<sup>‡ 1</sup>, Damien Blaudez <sup>2</sup>, Emile Benizri<sup>§</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire Sols et Environnement – Université de Lorraine, Institut National de Recherche pour l’Agriculture, l’Alimentation et l’Environnement – Université de Lorraine - ENSAIA, 2 avenue de la Forêt de Haye, TSA 40602, 54518 Vandoeuvre-les-Nancy Cedex, France

<sup>2</sup> Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux – Institut Ecologie et Environnement, Institut National des Sciences de l’Univers, Observatoire Terre et Environnement de Lorraine – Site Aiguillettes : Faculté des Sciences et Technologies, F-54506 VANDOEUVRE-LES-NANCY, France

La germination des graines est une étape critique dans le développement des plantes et la communauté scientifique s’interroge sur la contribution des bactéries endophytes de la graine dans le succès de cette étape, notamment dans des conditions stressantes.

L’objectif de cette étude est de caractériser la diversité des communautés bactériennes endophytes d’une large collection de graines de plantes hyperaccumulatrices et non hyperaccumulatrices de métaux, appartenant aux ordres des Brassicales et des Astérales (93 échantillons en provenance du bassin méditerranéen, d’Océanie et d’Asie du Sud-Est), avec comme hypothèse l’existence d’un cortège commun de bactéries endophytes dans les graines des plantes hyperaccumulatrices qui pourrait leur conférer un avantage adaptatif face aux stress abiotiques par rapport aux plantes non hyperaccumulatrices.

La diversité des communautés bactériennes dépend davantage de la famille botanique à laquelle les graines appartiennent au sein des Astérales et des Brassicales que de l’aptitude des plantes à hyperaccumuler ou non des métaux. Il ressort que les graines de Brassicales possédaient 1349 OTUs spécifiques et les Astérales 204 OTUs pour seulement 354 OTUs partagées, indépendamment de leur stratégie d’accumulation de métaux. Néanmoins, 913 OTUs ne sont retrouvées que dans des graines d’hyperaccumulateurs, dont un ensemble de 12 OTUs, présentes à la fois chez des Astérales et des Brassicales. *In fine*, cet ensemble restreint d’OTUs constitue un cortège " stable " de bactéries endophytes, qui pour la plupart, sont connues pour posséder des traits d’intérêt.

**Mots-Clés:** diversité bactérienne, plantes hyperaccumulatrices, graines, métaux

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: julien.ancousture@univ-lorraine.fr

‡Auteur correspondant: alexis.durand54@hotmail.fr

§Auteur correspondant: Emile.benizri@univ-lorraine.fr

# Dynamique de colonisation et variabilité spatiotemporelle des communautés de diatomées dans les biofilms côtiers

Raphaëlle Barry-Martinet <sup>\*† 1</sup>, Thomas Pollet <sup>2</sup>, Fabienne Fay <sup>3</sup>, Dalyal Copin <sup>3</sup>, Alina Tunin-Ley <sup>4</sup>, Jean Turquet <sup>4</sup>, Jean-François Ghiglione <sup>5</sup>, Cédric Garnier <sup>6</sup>, Agnès Bouchez <sup>7</sup>, Frédéric Rimet <sup>7</sup>, Jean-François Briand <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire Matériaux Polymères Interfaces Environnement Marin - EA 4323 – Université de Toulon – Université de Toulon - 83957 La Garde, France

<sup>2</sup> UMR ASTRE, CIRAD-INRAE – INRAE – France

<sup>3</sup> LBCM – Université de Bretagne Sud [UBS] – France

<sup>4</sup> Centre technique d'appui à la pêche réunionnaise (CAP RUN - CITEB) [France] – Île de la Réunion, France, La Réunion

<sup>5</sup> Laboratoire d'Océanographie Microbienne – Institut National des Sciences de l'Univers, Sorbonne Université, Centre National de la Recherche Scientifique, Observatoire océanologique de Banyuls – Observatoire Océanologique, Banyuls/mer, France

<sup>6</sup> Institut méditerranéen d'océanologie – Institut de Recherche pour le Développement, Aix Marseille Université, Institut National des Sciences de l'Univers, Université de Toulon, Centre National de la Recherche Scientifique – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Bâtiment Méditerranée163 Avenue de Luminy13288 Marseille, France

<sup>7</sup> Centre Alpin de Recherche sur les Réseaux Trophiques et Ecosystèmes Limniques – Université Savoie Mont Blanc, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – 74200 Thonon-les-Bains, France - 73376 Le Bourget du Lac, France, France

Les diatomées benthiques jouent un rôle crucial dans la colonisation des surfaces vivantes et artificielles, puisque ces Bacillariophyceae constituent quasiment exclusivement la communauté autotrophe eucaryote des biofilms marins. Notre étude vise à mieux comprendre la dynamique de colonisation par ces microeucaryotes dans la rade de Toulon et à identifier les paramètres environnementaux structurant ces communautés en Mer Méditerranée (Toulon/Banyuls), Océan Atlantique (Lorient) et Océan Indien (Le Port). Les résultats ont été obtenus par comptage microscopique et metabarcoding (gène *rbcL*).

A Toulon, la densité de diatomées augmente entre 1 et 28 jours (x600 cellules/cm<sup>2</sup>) puis se stabilise jusqu'à 365 jours. Cependant, l'alpha diversité semble maximale dès 24h, sans différence entre sites méditerranéens, contrairement aux sites océaniques où elle est significativement plus faible ( $p < 0,005$ ).

En Méditerranée, l'analyse de la bêta-diversité montre une succession temporelle des communautés de diatomées jusqu'à 365 jours, mais une absence de variabilité interannuelle ou intersites ( $p=0,1$ ). Près de 89 % des séquences (34% d'espèces) sont d'ailleurs communes entre Toulon et Banyuls. En revanche, ces communautés sont significativement différentes de celles des sites océaniques ( $p=0,0031$ ), avec une " core community " correspondant à 64% des séquences (16%

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: raphaelle.barry-martinet@univ-tln.fr



d'espèces). *Cylindrotheca* et *Licmophora* (Toulon), *Thalassiosira* (Lorient), *Stricosus* et *Paralia* (Le Port) sont spécifiques et la faible diversité des sites océaniques semble associée à l'observation de taxa dominants comme *Navicula* à Lorient et *Nitzschia* à La Réunion. Pour conclure, les différences de températures, salinités, nutriments et métaux sont significatives entre sites et explique en partie ces différences d'assemblages.

**Mots-Clés:** biofilms marins, Bacillariophycées, microeucaryotes, metabarcoding

Ecotoxicologie microbienne & pressions  
anthropiques  
(posters)

# Un réseau européen de Doctorants pour limiter l'impact des substances pharmaceutiques et la dissémination de l'antibiorésistance et des microorganismes pathogènes le long du continuum sol-eau-sédiment: Présentation du projet MSCA-DN Pharm-ERA.

Stephane Pesce \* <sup>1</sup>, Chloé Bonnineau <sup>2</sup>

<sup>1</sup> UR RiverLy, 5 rue de la Doua, CS 20244, 69625 Villeurbanne Cedex – INRAE – France

<sup>2</sup> UR EABX, 50 avenue de Verdun 33612 Cestas Cedex – INRAE – France

La contamination généralisée de l'environnement par diverses substances pharmaceutiques et agents microbiologiques (microorganismes résistants aux antibiotiques et/ou pathogènes) impacte les écosystèmes avec de possibles répercussions sur la santé humaine et animale. Préserver les écosystèmes de cette contamination et limiter la propagation de l'antibiorésistance et des agents pathogènes est impératif pour atteindre de nombreux objectifs fixés par les instances européennes (ex. Green Deal, Biodiversity 2030, Water Framework Directive, etc.).

Pour contribuer à cet enjeu environnemental et sociétal, le projet européen Pharm-ERA permettra de construire dès 2024 un réseau international, interdisciplinaire et intersectoriel basé sur 10 projets de thèse couvrant des disciplines telles que la chimie environnementale, l'écologie microbienne, l'écotoxicologie, la biologie moléculaire et la modélisation des effets et du devenir des substances pharmaceutiques. Impliquant 8 partenaires académiques et 7 partenaires non académiques répartis dans 15 pays européens, Pharm-ERA ambitionne ainsi de former des experts scientifiques qui contribueront à l'élaboration et la mise en œuvre des futures stratégies européennes visant à réduire les risques et effets associés à la contamination de l'environnement par les substances pharmaceutiques et à limiter la propagation de la résistance aux antibiotiques et des agents pathogènes à travers le continuum sol-eau-sédiment.

Il s'agira ici de présenter ce projet coordonné par INRAE mais également de partager un retour d'expérience utile à la communauté AFEM, en discutant les éléments clés ayant permis d'être lauréat du programme MSCA-Doctoral Network (après deux précédents essais infructueux), particulièrement sélectif mais qui présente l'avantage d'être ouvert à tout type de soumission (sans thématique imposée).

**Mots-Clés:** Ecotoxicologie microbienne, Chimie environnementale, Formation, Interdisciplinarité, Intersectoralité, Doctoral Network

---

\*Intervenant

# La bioaugmentation préventive des sols agricoles : un concept d'utilisation plus "durable" des pesticides pour réduire les contaminations environnementales

Roxane Dhommée <sup>\*† 1,2</sup>, Yoann Menard <sup>1</sup>, Florence Donnadiou-Bernard <sup>1</sup>,  
Muriel Joly <sup>2</sup>, Pascale Besse-Hoggan <sup>2</sup>, Isabelle Batisson <sup>1</sup>

<sup>1</sup> LMGE – Université Clermont Auvergne, CNRS, Laboratoire Microorganismes : Génome et Environnement (LMGE), F-63000 Clermont–Ferrand, France – Campus Universitaire des Cézeaux, 1 Impasse Amélie Murat, CS 60026, 63178 AUBIERE, France

<sup>2</sup> ICCF – Université Clermont Auvergne, CNRS, Institut de Chimie de Clermont-Ferrand (ICCF), F-63000 Clermont- Ferrand, France – Campus Universitaire des Cézeaux, 24 Avenue Blaise Pascal, CS 60026, 63178 AUBIERE, France

L'application de pesticides sur les grandes cultures, pratique actuellement presque inévitable pour soutenir des rendements élevés, a entraîné une contamination quasi-systématique de tous les écosystèmes. Pour la limiter, une méthode préventive de bioaugmentation, consistant à épan- dre simultanément un pesticide et un microorganisme capable de le dégrader, a été validée sur un sol agricole, en utilisant une formulation commerciale (DAM) de l'herbicide 2,4-D (acide 2,4- dichlorophénoxyacétique) à dose agronomique et une culture fraîche de la bactérie *Cupriavidus necator*, comme modèles, en conditions contrôlées de laboratoire (1).

Nous avons testé cette approche sur différents sols agricoles et avec une formulation galénique de *C. necator* utilisable par les agriculteurs, en conditions contrôlées mais aussi en extérieur. Toutes les expériences ont montré une réduction de la persistance du 2,4-D dans le sol et les lixiviatés sans perte d'effet herbicide, ce qui confirme que notre approche pourrait être applicable à un contexte agricole pour limiter la diffusion des pesticides dans l'environnement.

Le concept a été élargi à un autre herbicide, le nicosulfuron (sulfonylurée la plus utilisée en France) et à ses principaux métabolites (N,N-diméthyl-2-sulfamoylpyridine-3-carboxamide (ASDM) et 4,6-diméthoxypyrimidine-2-amine (ADMP)), régulièrement retrouvés dans les eaux. La recherche de souches dégradant le nicosulfuron, l'ASDM et l'ADMP a conduit à l'isolement de 5 souches microbiennes dégradant le nicosulfuron, dont une, *Geotrichum candidum*, présente aussi la capacité à dégrader l'ASDM. Cette souche est actuellement utilisée en bioaugmentation préventive sur un sol agricole simultanément à l'épandage de nicosulfuron ou d'ASDM.

(1) Carles, L. *et al.* (2021) *J. Hazard. Mater.*, 416, 125740.

**Mots-Clés:** Bioremédiation, Herbicide, Sulfonylurée, Nicosulfuron, 2.4 D

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: roxane.dhommee@uca.fr

# Projet BARRIER : Protection bactérienne des micro-algues soumises à un stress chimique

Olivier Pringault \* <sup>1</sup>, Eric Fouilland <sup>2</sup>, Marisol Goñi-Urriza <sup>3</sup>, Chrystelle Montigny <sup>4</sup>, Olivier Bernard <sup>5</sup>, Frédéric Perie <sup>6</sup>

<sup>1</sup> Mediterranean Institute of Oceanography – Institut de recherche pour le développement [IRD], CNRS, Aix-Marseille Université - AMU, Université du Sud - Toulon - Var – Campus de Luminy-Oceanomed, Bâtiment Méditerranée, 13288 Marseille, Cedex 09, France, France

<sup>2</sup> MARine Biodiversity Exploitation and Conservation – Institut de Recherche pour le Développement, Institut français de Recherche pour l’Exploitation de la Mer, Centre National de la Recherche Scientifique, Université de Montpellier – Centre de Sète UMR MARBEC SETE - Avenue Jean Monnet - CS3017134203 SETE CEDEX, France

<sup>3</sup> Institut des sciences analytiques et de physico-chimie pour l’environnement et les matériaux – Université de Pau et des Pays de l’Adour, Institut de Chimie du CNRS, Centre National de la Recherche Scientifique, Centre National de la Recherche Scientifique : UMR5254 – UNIVERSITE DE PAU ET DES PAYS DE L’ADOUR, Hélioparc Pau Pyrénées, 2 avenue du Président Angot, 64053 PAU CEDEX 9, France

<sup>4</sup> Hydrosiences Montpellier – Institut de Recherche pour le Développement, Institut National des Sciences de l’Univers, Centre National de la Recherche Scientifique, Université de Montpellier – 15 avenue Charles Flahault 34090 Montpellier, France

<sup>5</sup> Inria – Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique – France

<sup>6</sup> Pôle d’Etude et de Recherche de Lacq [Total] – TOTAL SA, Tour Coupole, 2 place Jean Miller - La Défense 6 - Courbevoie, France – Lacq, France

Le projet BARRIER (ANR-22-CE34-0021) est une preuve de concept pour démontrer, du laboratoire à un processus pilote, que des bactéries sélectionnées peuvent protéger les microalgues lorsqu’elles se développent dans des eaux contenant des composés toxiques, offrant ainsi une plus grande résilience des algues, une meilleure productivité et une efficacité de bioremédiation pour le traitement des eaux usées salines. Ces dernières sont une source de pollution tenace représentant un problème environnemental majeur. Pour le projet BARRIER, des microalgues et des bactéries associées seront sélectionnées sur des composés toxiques organiques et métalliques. Les assemblages microalgues-bactéries seront construits, optimisés par modélisation et testés dans des processus de culture de masse à grande échelle utilisant des eaux usées industrielles. Les microalgues sont des organismes prometteurs pour la production d’un large éventail de produits, y compris pour le recyclage et la valorisation des effluents liquides et gazeux. Cependant, cette production est entravée par la difficulté de cultiver des microalgues dans des eaux contaminées, où divers toxiques peuvent réduire leur croissance, et même contribuer à un effondrement de la culture. Des avancées récentes ont montré qu’associé à un groupe spécifique d’espèces bactériennes, la résilience de l’assemblage microalgue-bactérie peut être considérablement plus forte que celle des microalgues seules. BARRIER réalisera des expériences en laboratoire dans des conditions contrôlées et dans un pilote extérieur avec une approche d’augmentation d’échelle utilisant des cultures de microalgues et de bactéries isolées d’un environnement contaminé.

---

\*Intervenant

**Mots-Clés:** consortia microalgues, bactéries, résilience, adaptation, contaminants

# Impact de la canicule de l'été 2022 sur la composition des communautés bactériennes associées aux gorgones méditerranéennes

Camille Prioux \* <sup>1</sup>, Christine Ferrier-Pages , Romie Tignat-Perrier<sup>†</sup>

<sup>1</sup> Centre Scientifique de Monaco – Quai Antoine 1er, MC 98000, Monaco, Monaco

Les " Marine Animal Forests " (MAFs), principalement composées de suspensivores benthiques, sont des écosystèmes riches en biodiversité. Elles sont de plus en plus menacées par le réchauffement climatique et les vagues de chaleur marines (Marine Heatwaves ou MHWs). En Méditerranée, la fréquence et l'intensité des MHWs augmentent depuis ces dernières décennies entraînant des épisodes de mortalité massive sur les populations des MAFs méditerranéennes, notamment les octocoralliaires. Cette mortalité peut être causée non seulement par le stress thermique lui-même, mais également du fait de la perturbation de la symbiose entre le corail hôte et sa communauté microbienne, conduisant au développement de maladies. A la suite de la MHW de 2022, les octocoralliaires ont subi un épisode de mortalité massive. Afin d'étudier plus précisément la réponse des octocoralliaires méditerranéens et de leur microbiome à cette vague de chaleur, 140 échantillons des trois espèces *P. clavata*, *E. singularis* et *C. rubrum* avec différents états de santé visuelle (sain, en nécrose ou nécrosé) ont été prélevés à différentes profondeurs (0-40 m) et différents sites dans deux parcs marins protégés (*i.e.* le parc national des Calanques en France et le parc marin de Portofino en Italie). L'objectif principal de cette étude est de caractériser la réponse du microbiome en fonction des conditions physiologiques de l'hôte, de la profondeur et du site de collecte. Cette étude apportera des informations clés sur la façon dont les microbiomes influencent la réponse des octocoralliaires aux vagues de chaleur marines et permettra d'évaluer leur contribution quant aux épisodes de mortalité associés.

**Mots-Clés:** *Corallium rubrum*, communauté bactérienne, microbiome, octocoralliaire, canicule, mortalité massive

---

\*Intervenant

<sup>†</sup>Auteur correspondant: romie.tignat@centrescientifique.mc

# Analyse multi-échelle de l'impact du lithium : des réponses cellulaires de deux organismes modèles à l'impact sur les communautés.

Nicolas Fierling <sup>\*† 1</sup>, Pascale Bauda , Patrick Billard , Damien Blaudez

<sup>1</sup> Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux – Institut Ecologie et Environnement, Institut National des Sciences de l'Univers, Observatoire Terre et Environnement de Lorraine – Site Aiguillettes : Faculté des Sciences et Technologies, F-54506 VANDOEUVRE-LES-NANCY, France

Le lithium est un métal peu abondant dans la croûte terrestre mais fortement convoité pour ses nombreuses propriétés (énergie, médecine etc.). La demande exponentielle et le faible taux de recyclage entraînant un rejet important dans l'environnement.

Afin d'améliorer notre compréhension de son impact sur les microorganismes, nous avons examiné les réponses de deux modèles, *Saccharomyces cerevisiae* et *Escherichia coli*. Nous avons développé une approche délétomique à l'échelle du génome reposant sur le criblage de collection de mutants. La collection de levures knock-out Euroscarf a été criblée en présence de lithium mais également en présence d'autres métaux afin de caractériser les réponses spécifiques au lithium. 123 et 90 mutants sensibles et résistants au lithium ont été respectivement identifiés. Parmi eux, trois et six mutants ont été respectivement trouvés spécifiquement sensibles et résistants au lithium. Nos données ont mis en évidence le rôle des systèmes de transport dans la résistance au lithium et des fonctions liées à la transcription comme mécanismes importants pour la sensibilité et la résistance au lithium. En outre, la voie NMD et le complexe SAGA semblent être impliqués dans les réponses spécifiques au lithium. La même approche a été réalisée avec la collection de mutants Keio knock-out d'*E. coli*, et les résultats seront discutés en détail.

Dans une approche plus globale, l'impact du lithium est également étudié à l'échelle des communautés. L'analyse de sols contaminés à différentes concentrations en lithium permet d'appréhender son influence sur la diversité et sur les activités biologiques des microorganismes du sol.

**Mots-Clés:** Lithium, *E. coli*, *S. cerevisiae*, Mécanismes de résistance, Cibles cellulaires, Communautés microbiennes

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: nicolas.fierling@univ-lorraine.fr



# Études des paramètres intervenant dans la bioremédiation du benzo(a)pyrène par le champignon tellurique *Talaromyces helicus* en colonne de sol

Salome Bertone \* <sup>1</sup>, Anne Le Goff , Elodie Guigon , Katell Quenea ,  
Antoine Fayeulle<sup>†</sup> , Sylvie Collin<sup>‡</sup>

<sup>1</sup> Transformation Intégrée de la Matière Renouvelable – Université de Technologie de Compiègne, Ecole Supérieur de Chimie Organique et Minérale : EA4297 TIMR/ESCOM, France – France

Les hydrocarbures aromatiques polycycliques (HAP) représentent une problématique récurrente dans les écosystèmes du fait de leurs faibles biodisponibilités et biodégradabilités, de leurs propriétés toxiques et de leur accumulation potentielle dans les organismes. La bioremédiation est de plus en plus développée pour la dépollution des sols contaminés par des HAP en raison de son faible coût et de son impact environnemental réduit. Le cadre des travaux présentés ici est la bioremédiation par un champignon filamentueux. Des travaux antérieurs ont montré que le champignon *Talaromyces helicus* est capable de dégrader efficacement le benzo(a)pyrene (B(a)P) (Fayeulle et al., 2019). Dans le cadre du projet de thèse des microcosmes de sols naturels dopés en B(a)P et bioaugmentés avec *Talaromyces helicus* sont mis en place afin de suivre l'évolution du polluant au cours d'une cinétique d'incubation. Le design expérimental utilise des microcosmes en colonnes de verre démontables permettant l'analyse des différentes profondeurs de sol. Ainsi, un suivi de la dégradation du B(a)P à différentes profondeurs et à différents temps d'incubation est réalisé. Les analyses du B(a)P sont effectuées après extraction par chromatographie en phase gazeuse couplée à de la spectrométrie de masse. Les premières données obtenues sur des microcosmes tests montrent une diminution de la concentration en B(a)P de 63,7 % après 15 jours et 85,2 % après 78 jours d'incubation entre 0 et 4 cm de profondeur. Le suivi du développement de *Talaromyces helicus* et de la flore associée sont actuellement en cours par des techniques de PCR quantitative dans les différentes conditions testées.

**Mots-Clés:** Bioremédiation, Benzo(a)pyrene, champignons, HAP, sol, *Talaromyces helicus*.

---

\*Intervenant

<sup>†</sup>Auteur correspondant: antoine.fayeulle@utc.fr

<sup>‡</sup>Auteur correspondant: sylvie.collin@upmc.fr

# Développement de dispositifs de capture de bactéries dégradant les contaminants organiques dans les sols \_ Audrey Vauloup, Christine Friry, Hélène Le Cordier, Aurélie Cébron Université de Lorraine, CNRS, LIEC, 54000 Nancy, France

Audrey Vauloup \* <sup>1</sup>, Aurélie Cébron \*

<sup>1</sup> Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux – Institut Ecologie et Environnement, Institut National des Sciences de l’Univers, Observatoire Terre et Environnement de Lorraine – Site Charmois : 15 Avenue du Charmois, F-54500 VANDOEUVRE-LES-NANCY ; Site Aiguillettes : Faculté des Sciences et Technologies, F-54506 VANDOEUVRE-LES-NANCY ; Site Bridoux : Campus Bridoux - Rue du Général Delestraint, F-57070 METZ ; Site Thionville : IUT de Thionville-Yutz - Espace Cormontaigne, F-57970 THIONVILLE-YUTZ, France

Bien que prometteuses, les méthodes de biodépollution sont encore rarement mises en œuvre car elles doivent être optimisées à chaque site contaminé. En effet, les microorganismes telluriques ont un immense potentiel de biodégradation des contaminants organiques et ont l’avantage d’être déjà adaptés aux sols dans lesquels ils sont présents. Or isoler ces microorganismes afin de les étudier et de les utiliser en bioremédiation reste long et fastidieux. Ainsi il est important de développer de nouvelles approches permettant de simplifier cet isolement de microorganismes d’intérêt. C’est notamment l’un des axes de recherche du projet européen MIBIREM dans lequel s’inscrit le développement de dispositifs de capture de microorganismes dégradant les contaminants organiques. Les objectifs sont de faciliter l’isolement des bactéries à l’aide de dispositifs incubés directement dans les sols contaminés. Les dispositifs sont des sachets en toile de nylon renfermant un substrat inerte (plusieurs substrats ont été testés et les pellets de charbon actif ont été retenus) chargé en contaminant organique (alcane, hydrocarbures aromatiques polycycliques HAP, pesticides...). Ces dispositifs sont incubés 4 à 8 semaines dans le sol contaminé. Les microorganismes sont attirés par chimiotactisme par le contaminant qui représente une source de nutriments, ainsi ceux colonisant l’intérieur du dispositif sont à minima tolérants au contaminant et au mieux peuvent le biodégrader. Nous avons testé nos dispositifs avec un mélange de 2 alcanes, 3 HAP ou du lindane. Après incubation, nous avons réalisé des dénombrements et des isolements et extrait l’ADN pour quantifier (qPCR) et identifier (métabarcoding) les bactéries ainsi capturées.

**Mots-Clés:** contaminants organiques, bioremédiation, capture, bactéries

---

\*Intervenant

# Bioprospection de bactéries capables de dégrader le chlorométhane : challenge en anaérobiose

Quentin Kocent , Nathalie Pradel <sup>\*†</sup> , Manon Bartoli , Raihau Taupua ,  
Corinne Valette , Thierry Nadalig , Agnès Hirschler-Réa <sup>\* ‡<sup>1</sup></sup>

<sup>1</sup> 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

Le chlorométhane est un hydrocarbure aliphatique chloré court, utilisé comme intermédiaire de synthèses chimiques. Il constitue l'un des polluants communs des eaux et sols. Le chlorométhane est essentiellement produit naturellement par des procédés biotiques et abiotiques, mais l'augmentation de sa concentration est liée à l'activité humaine. Malgré son incidence sur l'atmosphère (destruction de l'ozone), le cycle du chlorométhane est peu connu.

A l'heure actuelle, seules quelques souches bactériennes sont connues pour leur capacité à dégrader le chlorométhane. Elles ont été isolées d'eaux souterraines, de sols, de déchets industriels, d'estuaires, et d'eau de mer. Elles sont toutes aérobies ou anaérobies facultatives à l'exception d'une seule souche anaérobie décrite comme possédant cette capacité.

Notre projet porte sur la bioprospection de souches chlorométhane-dégradantes à partir de sédiments d'environnements de salinité contrastée, lagune saumâtre (Etang de Berre) sédiments côtiers (Méditerranée), marais salants (Camargue). Des cultures d'enrichissement ont été établies à partir des sédiments, pour cibler différents groupes métaboliques et en particulier les bactéries anaérobies.

Quelques cultures présentant une activité chlorométhane dégradante ont pu être maintenue au laboratoire lors de repiquages. A partir de celles-ci, des souches bactériennes capables de dégrader le chlorométhane ont été isolées. Elles sont aérobies ou anaérobies facultatives. Par ailleurs, nous avons mis en évidence des interférences entre le chlorométhane et certains constituants des milieux de culture des bactéries anaérobies. Les procédures de culture et d'isolement de celles-ci sont modifiées et adaptées en conséquence.

Ces recherches font parties du projet EC2CO CyChloMar (2021-2022) et de l'ANR Franco-Allemande MAHABIO (2022-2026).

**Mots-Clés:** Chlorométhane, dégradation, microorganismes anaérobies

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: [nathalie.pradel@ird.fr](mailto:nathalie.pradel@ird.fr)

‡Auteur correspondant: [agnes.hirschler@univ-amu.fr](mailto:agnes.hirschler@univ-amu.fr)

# Réponses physiologiques et protéomique du dinoflagellé neurotoxique *Alexandrium pacificum* exposé à un stress polymétallique combiné à une augmentation de température reflétant le réchauffement climatique

Natacha Jean \* <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut méditerranéen d'océanologie – Institut de Recherche pour le Développement, Aix Marseille Université, Institut National des Sciences de l'Univers, Centre National de la Recherche Scientifique, Université de Toulon – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Bâtiment Méditerranée 163 Avenue de Luminy 13288 Marseille, France

*Alexandrium pacificum* est impliqué dans des Harmful Algal Blooms en produisant des phycotoxines capables d'engendrer des Intoxications Paralysante par Fruits de Mer (IPFM) chez l'être humain ayant consommé des fruits de mer contaminés. Les objectifs de cette étude ont été d'exposer la souche *A. pacificum* SG C10-3 à un stress polymétallique couplé à une augmentation de température, afin de caractériser (i) ses variations de croissance et de morphométrie (ii) les modifications de son protéome total (soluble et membranaire) et (iii) l'évolution de sa production toxinique en réponse à ces conditions environnementales perturbées. L'augmentation de température et le stress polymétallique diminuaient de façon significative la croissance d'*A. pacificum* SG C10-3. Le stress polymétallique augmentait significativement les tailles cellulaires moyennes, ainsi que la proportion de cellules de taille élevée. Couplées au stress polymétallique, l'augmentation de température entraînait une diminution significative des teneurs en phycotoxines paralysantes, mais les teneurs en GTX1, très toxique, augmentaient alors significativement. Le protéome était constitué de 2 947 protéines, dont 1 950 étaient exprimées de façon très significativement différente en réponse aux conditions testées. Parmi elles, 1 525 protéines étaient différemment exprimées en réponse au stress thermique (824 protéines sur-exprimées, 535 protéines sous-exprimées, 166 protéines à expression antagoniste), et 129 protéines différemment exprimées en réponse au stress polymétallique (71 protéines sur-exprimées, 58 protéines sous-exprimées), montrant que l'augmentation de température entraînait les modifications quantitatives les plus importantes du protéome total, et 36 protéines avaient une expression modifiée en réponse aux deux stress.

**Mots-Clés:** Dinoflagellé toxique, *Alexandrium pacificum*, éléments traces métalliques, réchauffement climatique, réponse protéomique adaptative

---

\*Intervenant

# Nouveaux outils en bioremédiation : prédiction du potentiel de dégradation d'une communauté à partir de sa composition et création de communautés multidégradantes par coalescence

Sylvia Thieffry \* <sup>1</sup>, Aymé Spor<sup>†</sup> <sup>1</sup>, Mathieu Siol <sup>1</sup>, Julie Aubert <sup>2</sup>, Marion Devers <sup>1</sup>, Fabrice Martin-Laurent <sup>1</sup>, Nadine Rouard <sup>1</sup>, Sana Romdhane <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Agroécologie [Dijon] – Université de Bourgogne, Université Bourgogne Franche-Comté [COMUE], Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement, INSTITUT AGRO DIJON – Agroécologie, INRAE, Institut Agro Dijon, Univ. Bourgogne, Univ. Bourgogne Franche-Comté, F-21000 Dijon, France, France

<sup>2</sup> Mathématiques et Informatique Appliquées – AgroParisTech, Université Paris-Saclay, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – 22 place de l'Agronomie CS 20040 91123 Palaiseau cedex, France

En bioremédiation, la bioaugmentation consiste en l'introduction de microorganismes dans un milieu contaminé afin d'augmenter et/ou de suppléer la population bactérienne en place, dans l'objectif de le dépolluer. Cette approche est cependant limitée par la difficulté de choisir des microorganismes efficaces - communauté ou souche spécifique – à inoculer, en lien avec les conditions abiotiques et les microorganismes indigènes du milieu pollué.

Dans ce travail nous avons cherché à prédire le potentiel microbien de dégradation de deux pesticides, le glyphosate et l'isoproturon, de communautés microbiennes telluriques en utilisant des méthodes statistiques issues de la prédiction génomique. Pour cela nous avons obtenu des variants compositionnels de communautés dégradant ces deux herbicides (une communauté par herbicide) *via* une approche couplée de dilutions et de traitements biocides. Ensuite, dans le but de relier la composition en OTU de ces variants avec leur capacité de dégradation, nous avons appliqué 3 méthodes de prédiction : *Ridge Regression*, *Lasso*, et *Random Forest*. Les résultats indiquent une corrélation de plus de 80 % entre capacité de dégradation prédites et mesurées.

Nous avons ensuite construit des communautés multidégradantes par une approche de coalescence en basant nos choix sur des propriétés intrinsèques des communautés dégradant fortement l'isoproturon pour certaines et le glyphosate pour d'autres. Finalement, nous avons évalué l'efficacité de ces nouvelles communautés multidégradantes dans un sol pollué non dégradant. Les résultats montrent le transfert des capacités de dégradation des herbicides, et ceci même à faible dose d'inoculation dans le cas de l'isoproturon.

---

\*Intervenant

<sup>†</sup>Auteur correspondant: ayme.spor@inrae.fr

**Mots-Clés:** bioremédiation, sol, communauté bactérienne, pesticide, modèle de prédiction, coalescence

# Impact du phénanthrène sur la physiologie du peuplier et sur les communautés fongiques et bactériennes dans la rhizosphère et l'endosphère racinaire.

Lilian Gréau <sup>1</sup>, Damien Blaudez, Thierry Beguiristain <sup>1</sup>, David Billet <sup>1</sup>, Dimitri Heintz <sup>2</sup>, Hélène Le Cordier <sup>1</sup>, Marie Le Jean <sup>1</sup>, Julie Zumsteg <sup>2</sup>, Aurélie Cebron <sup>\*† 1</sup>

<sup>1</sup> Université de Lorraine, CNRS, LIEC – Institut Ecologie et Environnement, Institut National des Sciences de l'Univers – Faculté des Sciences et Technologies, 54500 Nancy, France

<sup>2</sup> Institut de biologie moléculaire des plantes – université de Strasbourg, Centre National de la Recherche Scientifique – IBMP, CNRS 67000 STRASBOURG, France

L'utilisation de plantes et de leurs microorganismes associés peut permettre de remédier les sols contaminés par des hydrocarbures aromatiques polycycliques (HAP), des polluants organiques produits notamment par les activités anthropiques. Les microorganismes rhizosphériques et endophytes jouent un rôle majeur dans le devenir des HAP et modulent la réponse des plantes aux stress.

Notre étude visait à étudier la réponse du peuplier et de ses communautés microbiennes associées (bactéries et champignons) soumis à un gradient de contamination en phénanthrène (PHE) jusqu'à 2000 mg/kg. Des boutures de peuplier ont été cultivées pendant 4 semaines, puis le devenir du PHE, la diversité microbienne et la réponse physiologique des plantes ont été suivis. Bien que ne représentant que quelques pourcents, la concentration en PHE dans les tissus végétaux étaient proportionnelle à la concentration initiale dans le sol. Au-delà de 400 mg/kg, la physiologie des plantes étaient affectée : i) la biomasse des plantes diminuait, ii) la voie de l'éthylène, de la biosynthèse des phénylpropanoïdes et la réponse au stress oxydatif était stimulées, et iii) les défenses contre les stress biotiques étaient réprimées. La contamination en PHE a modifié les structures des communautés bactériennes et fongiques dans le sol alors que seules les communautés fongiques ont été impactées dans les racines. Des espèces microbiennes indicatrices tolérantes et sensibles ont été identifiées. Au niveau fonctionnel, les bactéries dégradant les HAP étaient favorisées alors que certaines fonctions des cycles biogéochimiques étaient affectées. Nos résultats montrent les effets dose-réponse des HAP sur l'holobionte plante-microorganismes.

**Mots-Clés:** contamination en HAP, plante, bactéries, champignons, sol, endophytes

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: aurelie.cebron@univ-lorraine.fr

# Efficacité et Effets Non-Intentionnels de l'amendement de biocomposites dégradant l'atrazine dans des sols contaminés

Sakineh Abbasi <sup>1</sup>, Marion Devers <sup>1</sup>, Fabrice Martin-Laurent <sup>1</sup>, Caroline Michel <sup>2</sup>, Nadine Rouard <sup>1</sup>, Aymé Spor <sup>\* 1</sup>

<sup>1</sup> Agroécologie [Dijon] – Université de Bourgogne, Université Bourgogne Franche-Comté [COMUE], Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement, INSTITUT AGRO DIJON – Agroécologie, INRAE, Institut Agro Dijon, Univ. Bourgogne, Univ. Bourgogne Franche-Comté, F-21000 Dijon, France, France

<sup>2</sup> Bureau de Recherches Géologiques et Minières (BRGM) – Bureau de Recherches Géologiques et Minières (BRGM) – 3 avenue Claude Guillemin, 45100 Orléans, France, France

Malgré son interdiction en Europe, l'atrazine peut encore être retrouvée dans des sols. La bioaugmentation *in situ* avec des microorganismes capables de dégrader les pesticides fait partie des techniques de bioremédiation utilisées pour décontaminer les sols. Son efficacité reste cependant à améliorer et l'utilisation de matériaux supports pour délivrer et stabiliser les souches ou consortia dégradants est une voie d'optimisation possible. Dans cette étude, nous avons produit des biocomposites en faisant croître sous forme de biofilms une souche et un consortium bactérien (4 espèces) dégradant l'atrazine sur un support zéolite. Dans une expérience en microcosmes, nous avons évalué l'efficacité de ces biocomposites à minéraliser le 14C-atrazine dans un sol agricole, en comparaison à une inoculation sous forme liquide. Nos résultats montrent que, juste après l'inoculation, les capacités de minéralisation des cultures liquides sont significativement plus importantes que celles des biocomposites. Cependant, les microcosmes inoculés avec les biocomposites présentent des capacités de minéralisation de l'atrazine significativement supérieures après 15 et 35 jours, en lien avec une stabilité plus importante des inoculants microbiens, évaluée par QPCR des gènes de dégradation de l'atrazine. Nous avons de plus évalué par séquençage de l'ADNr 16S les effets non-intentionnels de ces deux méthodes d'inoculation sur la diversité et la structure des communautés autochtones. Les résultats sont en cours d'analyse et devraient nous informer sur l'innocuité des biocomposites. Plus généralement, cette étude fournit une évaluation de l'efficacité et des impacts écotoxicologiques de l'utilisation de biocomposites dans l'objectif de dépolluer des sols contaminés à l'atrazine.

**Mots-Clés:** Bioremediation, Atrazine, Consortium Microbien, Zeolite, Impact Ecotoxicologique

---

\*Intervenant



# Bioindication de la qualité chimique des masses d'eau côtières de Méditerranée française par les communautés de diatomées des biofilms marins

Abel Barré \*<sup>1</sup>, Annick Ortalo-Magné<sup>1</sup>, Marine Briand<sup>2</sup>, Raphaëlle Barry-Martinet<sup>1</sup>, Bruno Dormoy<sup>3</sup>, Nicolas Briant<sup>4</sup>, Philippe Marchand<sup>5</sup>, Marc Bouchoucha<sup>2</sup>, Jean-François Briand<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire Matériaux Polymères Interfaces Environnement Marin - EA 4323 – Université de Toulon – Université de Toulon - 83957 La Garde, France

<sup>2</sup> Laboratoire Environnement Ressources Provence Azur Corse – LITTORAL – France

<sup>3</sup> Laboratoire d'analyse, de surveillance et d'expertise de la marine – Ministère de la Défense - Marine Nationale – France

<sup>4</sup> Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer – Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique, Ministère de l'écologie de l'Energie, du Développement durable et de l'Aménagement du territoire – France

<sup>5</sup> Laboratoire d'étude des Résidus et Contaminants dans les Aliments – Ecole Nationale Vétérinaire, Agroalimentaire et de l'alimentation Nantes-Atlantique, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – LABERCA - ONIRISRoute de Gachet - CS 50707 - 44307 Nantes Cedex 3, France

La composante autotrophe des communautés microbiennes des biofilms marins est principalement représentée par les diatomées (*Bacillariophyta*), qui contribuent à produire la matrice de substances polymères extracellulaires (EPS). Leur diversité taxonomique et leur sensibilité aux paramètres environnementaux entraînant une modulation géographique de la composition des espèces, les diatomées sont utilisées en routine pour déterminer la qualité de l'eau douce dans le monde grâce à différents indices biologiques (IBD, IPS).

Dans le cadre du projet BIOFINDIC (2021-2024) financé par l'agence de l'eau Rhône-Méditerranée-Corse, ce travail vise à évaluer l'influence des paramètres chimiques de l'eau de mer des côtes méditerranéennes françaises sur les communautés de diatomées des biofilms. La campagne SUCHIMED 2021 opérée par IFREMER a permis d'immerger 3 mois (mars-juillet 2021) et à 6 mètres de profondeur 150 plaques A4 en polyéthylène sur 50 sites représentant la diversité des contextes des 1800 kilomètres de côtes méditerranéennes françaises.

Le *metabarcoding* des communautés de diatomées de ces biofilms ciblant le gène *rbcL* a mis en évidence (i) une core communauté importante avec 70% des espèces (97% des séquences) communes et (ii) des différences de structure résultant de variations de l'abondance relative de certaines espèces entre les 3 éco-régions étudiées (Corse, Est du Rhône et Ouest du Rhône). Le couplage des données de *metabarcoding* à une quantification de 57 contaminants organiques (hydrocarbures aromatiques polycycliques, polychlorobiphényles et pesticides organochlorés) et de 37 éléments chimiques présents dans les biofilms a mis en évidence les paramètres les plus structurants des communautés de diatomées au sein de chaque éco-région.

---

\*Intervenant

**Mots-Clés:** Diatomée, biofilm, bioindication, pollution

# Dynamique microbienne marine lors d'un remise en suspension de sédiment : mise en évidence d'une succession de processus passifs et d'une réponse trophique à la coalescence

Elyne Dugény \* <sup>1</sup>, Nicolas Gallois <sup>2</sup>, Nicolas Layglon <sup>3</sup>, Benjamin Misson <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut méditerranéen d'océanologie – Institut de Recherche pour le Développement, Aix Marseille Université, Institut National des Sciences de l'Univers, Université de Toulon, Centre National de la Recherche Scientifique – Université de Toulon, Aix Marseille Univ., CNRS, IRD, MIO, Toulon, France, France

<sup>2</sup> Laboratoire de Chimie Physique Macromoléculaire – Institut de Chimie du CNRS, Université de Lorraine, Centre National de la Recherche Scientifique – Nancy Université, CNRS, LCPME, Villers-lès-Nancy, France, France

<sup>3</sup> Université de Genève – University of Geneva, Sciences II, 30 Quai E.-Ansermet, 1221 Geneva 4, Switzerland, Suisse

La remise en suspension de sédiments, plaçant la diversité microbienne marine en coalescence, est une perturbation fréquente largement influencée par les activités humaines. Nous avons étudié la dynamique microbienne en examinant les changements de structure des communautés, déterminant les facteurs écologiques et évaluant la capacité de résilience en fonction de l'intensité de la perturbation. Nous avons collecté de l'eau de mer et des sédiments dans la baie d'Olbia et simulé la remise en suspension en laboratoire. Une expérience a consisté à suivre la cinétique de la diversité microbienne pendant deux semaines de remise en suspension continue (rapport sédiment/eau fixe). Parallèlement, des analyses ponctuelles ont été réalisées avec différents rapports sédiments/eau, pour moduler l'intensité de la perturbation. Le suivi temporel a montré que le mélange des communautés benthiques et planctoniques détermine la structure à l'échelle de l'heure. À l'échelle du jour, divers Procaryotes opportunistes prennent l'avantage (Rhodobacterales, Thiomicrospirales, Sphingomonadales). Après deux semaines, ces opportunistes disparaissent et des oligotrophes se rétablissent (clade SAR11). Cette réponse trophique semble contrôlée par une pression de prédation eucaryote (Choanoflagellés, Apusomonadidae), suggérant un transfert trophique des ressources remobilisées et assimilées par les bactéries. Cette régulation Top-Down permettrait la résilience des communautés Procaryotes. Les différentes intensités de perturbation montrent que cette résilience serait valide jusqu'à un certain seuil (sédiment/eau = 1 gDW.L<sup>-1</sup>). Ainsi, en coalescence, la réponse semble plus influencée par les changements abiotiques que par les interactions entre communautés mélangées. L'intensité de la perturbation contrôlerait l'ampleur de la réponse ainsi que le temps nécessaire à la résilience.

---

\*Intervenant

**Mots-Clés:** Assemblages microbiens, coalescence, resuspension de sédiment, perturbation, résilience, Procaryotes, Eucaryotes

# Isolement et caractérisation de 4 souches de *Rhodococcus* spp. capables de dégrader l'herbicide métamitron

Marion Devers-Lamrani \*<sup>1</sup>, Nadine Rouard, Aymé Spor, Fabrice Martin-Laurent

<sup>1</sup> Agroécologie, AgroSup Dijon, INRAE, Université de Bourgogne, F-21000 Dijon – INRAE – France

Le métamitron est un herbicide largement utilisé dans les cultures de betteraves ou d'épinards notamment. Il est fréquemment détecté dans les eaux de rivières à des concentrations pouvant aller jusqu'à 1,5 µg/L. Toutefois, il semblerait qu'une part non négligeable du métamitron puisse être biodégradée : ceci pourrait permettre de limiter la pollution de l'environnement par cette molécule et ses dérivés. Dans ce contexte, nous avons entrepris d'isoler des microorganismes capables de le dégrader.

Nous avons testé l'aptitude de la microflore de 4 sols maraichers cultivés avec de l'épinard à biodégrader le métamitron. Les analyses en radiorespirométrie menées à l'aide de <sup>14</sup>C-métamitron ont montré que ces sols étaient aptes à le minéraliser. Des isolations par repiquages successifs ont permis d'obtenir pour chacun des 4 sols une souche bactérienne apte à minéraliser le métamitron.

Bien qu'isolées de sols géographiquement éloignés, le séquençage de leur ADNr 16S indique qu'elles appartiennent toutes au genre *Rhodococcus*. Le séquençage de leurs génomes permettra de déterminer leur degré de similarité. Les analyses physiologiques déjà menées indiquent qu'elles sont capables d'utiliser le métamitron comme seule source de C et de N pour leur croissance. En outre, elles peuvent dégrader jusqu'à 100 mg/L de métamitron sans effet apparent de toxicité, et dégagent entre 20 et 40% de la molécule sous forme de CO<sub>2</sub>. Elles sont en revanche incapables de dégrader d'autres triazinones ou s-triazines testées. Ces résultats prometteurs nous permettent d'envisager de développer des méthodes d'ingénierie écologique visant à dépolluer les sols contaminés par cet herbicide.

**Mots-Clés:** Biodégradation, herbicide, métamitron, radiorespirométrie, *Rhodococcus*

---

\*Intervenant

# Survie et écotoxicologie de souches bactériennes biocontrôles chez le Colza

Amélie Polrot \* <sup>1</sup>, Jérémie Béguet <sup>1</sup>, Marion Devers <sup>1</sup>, Fabrice Martin-Laurent <sup>1</sup>, Aymé Spor <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Agroécologie [Dijon] – Université de Bourgogne, Université Bourgogne Franche-Comté [COMUE], Institut National de Recherche pour l’Agriculture, l’Alimentation et l’Environnement, INSTITUT AGRO DIJON – Agroécologie, INRAE, Institut Agro Dijon, Univ. Bourgogne, Univ. Bourgogne Franche-Comté, F-21000 Dijon, France, France

La sclérotiniose du Colza est une maladie causée par un champignon phytopathogène (*Sclerotinia sclerotiorum*) qui cause des dommages aux cultures et des pertes économiques importantes. Traditionnellement traitée par l’application de fongicides chimiques causant des risques environnementaux, des solutions de biocontrôle plus durables sont en cours de développement. Toutefois les effets non-intentionnels (ENI) des solutions de biocontrôle sur l’environnement doivent être pris en compte. Cette étude s’intéresse à l’évaluation des ENI de l’inoculation de deux souches de biocontrôle de la sclérotiniose du colza. Une première partie a consisté à évaluer la cinétique de persistance des souches par leur quantification avec des outils moléculaires spécifiques développés au cours de cette étude dans des microcosmes de sols. Puis les ENI de chacune des souches sur les communautés bactériennes et fongiques, évalués via l’amplification et le séquençage d’amplicons des gènes codant l’ARN 16S et 18S, seront établis et comparés aux ENI d’un fongicide chimique et d’un produit de biocontrôle commercial dans des microcosmes de sols incubés dans des conditions contrôlées. Il s’agira par la suite de mener des expériences en serre dans des microcosmes de sol plantés et en champs cultivés avec du colza traités avec les souches de biocontrôles formulées. Les résultats de cette étude permettront d’appréhender les ENI de nouveaux produits de biocontrôle de la sclérotiniose du colza sur les communautés microbiennes du sol et de définir les modalités de la durabilité de leur utilisation pour la protection des cultures de colza de la sclérotiniose.

**Mots-Clés:** biocontrôle, écotoxicologie, microcosmes, bactéries, survie

---

\*Intervenant

# Liens entre la biodiversité bactérienne et la signature géochimique dans la nappe de Beauce

Jennifer Hellal <sup>\*† 1</sup>, Hugues Thouin<sup>‡ 1</sup>, Catherine Joulian <sup>1</sup>, Stéphanie Pinson <sup>1</sup>, Nicolas Devau <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Bureau de Recherches Géologiques et Minières (BRGM) – BRGM – France

L'eau souterraine est le second réservoir d'eau après les océans et compte pour près de 99 % de l'eau douce liquide circulant sur notre planète. La biomasse présente dans les aquifères est loin d'être négligeable et, bien que les macroorganismes soient rapidement limités par la porosité de certains systèmes, le relais est pris par les microorganismes dont l'activité métabolique joue à la fois un rôle sur l'état géochimique des eaux et sur le maintien d'un bon état qualitatif de part une action d'atténuation des polluants. L'objectif du travail présenté ici était de réaliser une analyse de la diversité microbienne des eaux souterraines à grande échelle pour établir l'existence d'une signature biologique reliée à une signature hydrogéochimique dont les écarts pourraient nous indiquer des perturbations de la ressource. Ce travail a été réalisé sur 60 points de la nappe de Beauce autour d'Orléans. Les prélèvements ont été réalisés au printemps 2021 à raison de 10L d'eau par forage, dont la biomasse a été récupérée par filtration puis l'ADN extrait et le gène codant l'ARNr 16S, marqueur universel bactérien, séquencé par la méthode Illumina. L'analyse des paramètres hydrogéochimiques a mis en évidence la présence de trois signatures hydrogéochimiques, l'analyse des données de séquençages seules puis conjointement aux données hydrogéochimiques permettent d'accentuer les différences entre les trois zones et font ressortir des points dont la signature ne correspond pas à celle attendue, mettant en évidence de possibles disfonctionnements liés à une pression anthropique.

**Mots-Clés:** aquifères, biodiversité, biogéochimie, bioindication

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: j.hellal@brgm.fr

‡Auteur correspondant: H.Thouin@brgm.fr

# Qui perturbe le signal ? Les trois domaines de la vie colonisent les télescopes à neutrinos au fond de la Méditerranée

Elisa Catao \* <sup>1</sup>, Nicolas Gallois <sup>2</sup>, Raphaëlle Barry-Martinet <sup>3</sup>, Pascale Keller <sup>4</sup>, Jean-François Briand<sup>†</sup> <sup>3</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire Matériaux Polymères Interfaces Environnement Marin - EA 4323 – Université de Toulon, Université de Toulon : EA4323 – France

<sup>2</sup> Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux – Institut Ecologie et Environnement – Site Aiguillettes : Faculté des Sciences et Technologies, F-54506 VANDOEUVRE-LES-NANCY, France

<sup>3</sup> Laboratoire Matériaux Polymères Interfaces Environnement Marin - EA 4323 – Université de Toulon, Université de Toulon : EA4323 – France

<sup>4</sup> CPPM – Aix Marseille Univ, CNRS/IN2P3, CPPM, Marseille, France – CPPM , Centre de physique des Particules de Marseille CNRS/IN2P3 et Université de la Méditerranée 163 av. de Luminy case 902, Marseille 13288 Cedex 9, France, France

Les colonisations des surfaces artificielles par les micro et macroorganismes dès leur immersion dans l'eau sont étudiées surtout en faible profondeur (< 10 m). Les biofilms dans la mer profonde sont rarement caractérisés. ANTARES puis KM3Net, ont été créés pour le déploiement de télescopes à neutrinos en Mer Méditerranée profonde (> 2000 m). Les surfaces vitrées qui hébergent les télescopes sont sensibles à la colonisation par le biofilm et une perte de la transmission lumineuse est estimée à 2% par an d'immersion. Nous avons analysé la structure des biofilms composés d'Archaea, Bacteria et Eucaryotes colonisant le verre et le titane des structures de KM3Net et d'ANTARES après 1 et 10 ans d'immersion, respectivement. Les résultats de quantification de bactéries hétérotrophes par cytométrie en flux et du gène 16S rRNA pour Archaea et Bacteria par qPCR confirment une faible colonisation. Le séquençage du 16S rRNA a confirmé une faible diversité de Archaea colonisant les surfaces, avec une prédominance de *Nitrosopumilus*. L'analyse de variants de séquences uniques (ASV) a montré une composition de taxa plus différente entre le verre et le titane après 1 an et une diversité de bactéries significativement plus importante après 10 ans d'immersion sur les deux surfaces. Le séquençage du gène 18S rRNA a montré une colonisation majoritaire de Hydrozoa sur le titane et le verre, et une dominance de Dinophyta et Stramenopiles sur les verres. Ce travail illustre l'importance de l'étude du biofouling au-delà des zones épipélagiques et sur des instruments déployés dans les grands fonds.

**Mots-Clés:** biofilm marin, bathypélagique, archées, bactéries, eucaryotes

---

\*Intervenant

<sup>†</sup>Auteur correspondant: jean-francois.briand@univ-tln.fr



# Diversité des bactéries chlorométhane-dégradantes dans des sédiments marins

Lucile Meyer \*<sup>1</sup>, Agnès Hirschler<sup>2</sup>, Nathalie Pradel<sup>2</sup>, Thierry Nadalig<sup>1</sup>,  
Stéphane Vuilleumier<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Génétique Moléculaire, Génomique, Microbiologie (GMGM) – Université de Strasbourg, CNRS –  
France

<sup>2</sup> Institut méditerranéen d'océanologie – Institut de Recherche pour le Développement, Aix Marseille  
Université, Institut National des Sciences de l'Univers, Université de Toulon, Centre National de la  
Recherche Scientifique – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie Bâtiment Méditerranée163  
Avenue de Luminy13288 Marseille, France

Le chlorométhane (CH<sub>3</sub>Cl) est un gaz d'origine principalement naturelle, impliqué dans la destruction de l'ozone atmosphérique. L'océan est l'un des environnements avec la plus forte production de CH<sub>3</sub>Cl sur notre planète (environ 600.000 tonnes par an). Ce composé représente une source de carbone et d'énergie pour certaines bactéries méthylophiles capables d'utiliser des composés sans liaison carbone-carbone pour leur croissance. Une seule voie de dégradation du CH<sub>3</sub>Cl a été décrite à ce jour, la voie cmu (ChloroMethane Utilization) dont le gène *cmuA* est utilisé comme biomarqueur pour la détection du métabolisme microbien du CH<sub>3</sub>Cl dans l'environnement. Récemment, une nouvelle voie de dégradation du CH<sub>3</sub>Cl n'impliquant pas les gènes *cmu* a été mise en évidence chez la bactérie marine *Leisingera methylohalidivorans* MB2T, permettant ainsi d'approfondir les connaissances sur l'impact des microorganismes dans le cycle biogéochimique du CH<sub>3</sub>Cl. Pour étudier la diversité des bactéries dégradant le CH<sub>3</sub>Cl dans les sédiments marins, des cultures d'enrichissement ont été réalisées à partir de deux sédiments marins côtiers, l'un provenant d'un site protégé (Six-Fours-Gaou-Embiez, Var) et le second d'un site impacté par les activités industrielles (Berre-l'Etang, Bouches-du-Rhône). Le suivi du CH<sub>3</sub>Cl par chromatographie en phase gazeuse a montré une dégradation plus rapide dans les enrichissements réalisés avec le sédiment du site pollué. L'analyse de la diversité microbienne de ces cultures d'enrichissement aux niveaux taxonomique et fonctionnel par séquençage à haut-débit du gène de l'ARNr 16S ainsi que la caractérisation des souches bactériennes dégradant le CH<sub>3</sub>Cl isolées à partir des enrichissements seront présentées.

**Mots-Clés:** Chlorométhane, sédiment marin, diversité, culture d'enrichissement

---

\*Intervenant

# Transplantation en mésocosme de biofilms marins : estimation du risque de transfert d'espèces exotiques par la navigation à grande échelle

Sandrine Bessette <sup>\*† 1</sup>, Chloé Pazart <sup>2</sup>, Karine Lemarchand <sup>2</sup>, Alina Tunin-Ley <sup>3</sup>, Jean Turquet <sup>3</sup>, Gaël Le Pennec <sup>4</sup>, Jean-François Briand<sup>‡ 5</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire Matériaux Polymères Interfaces Environnement Marin (MAPIEM) - EA 4323 – Université de Toulon – 83957 La Garde, France

<sup>2</sup> Institut des Sciences de la MER de Rimouski – 310 allée des Ursulines, CP 3300, Rimouski (Québec) G5L 3A1, Canada

<sup>3</sup> Centre technique d'appui à la pêche réunionnaise (CAP RUN - CITEB) [France] – Île de la Réunion, France, La Réunion

<sup>4</sup> Laboratoire de Biotechnologie et Chimie Marines (LBCM) - EA 3384, Lorient – Université de Bretagne Sud [UBS] : EA3884 – France

<sup>5</sup> Laboratoire Matériaux Polymères Interfaces Environnement Marin (MAPIEM) - EA 4323 – Université de Toulon – 83957 La Garde, France

La colonisation biologique naturelle et progressive des surfaces immergées en milieu marin, ou biofouling marin, est à l'origine de nombreux effets néfastes sur les navires, les équipements et les structures océanographiques, entraînant d'importants dommages économiques. Le biofouling marin est initié par la mise en place d'un film primaire conditionneur et la formation d'un biofilm de bactéries et microorganismes marins, favorisant le recrutement de larves ou spores de macroorganismes et leur développement sur les surfaces immergées. Outre la multiplication des pressions anthropiques et le réchauffement des océans, le contexte actuel de mondialisation du transport maritime multiplie les voies d'introduction et le risque de transfert d'espèces indésirables, notamment via le biofouling sur les coques des navires. Dans le cadre du projet ANR PAINTS, cette étude vise à estimer le risque de transfert d'espèces exotiques via une expérimentation originale et novatrice de transplantations de revêtements avec et sans revêtements antifouling après une colonisation dans cinq sites d'immersion aux caractéristiques physico-chimiques, biologiques et sociétales contrastées : Les Sept-îles (Canada), Rimouski (Canada), les rades de Lorient et Toulon (France), île de La Réunion (France). Les sites récepteurs correspondent à des voies de navigation possible entre ces cinq sites. Cette approche réalisée en mésocosme a permis de suivre les communautés microbiennes composant les biofilms marins (cytométrie en flux et metabarcoding des gènes de l'ADNr 16S et 18S) et de mettre en évidence les espèces qui sont restées compétitives d'un site à l'autre, par conséquent susceptibles de présenter un risque de transfert inter-sites et donc d'invasion biologique.

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: sandrine.bessette@univ-tln.fr

‡Auteur correspondant: jean-francois.briand@univ-tln.fr

**Mots-Clés:** Biofilms marins, biofouling, revêtement antifouling, transplantation, mésocosme, risque de transferts espèces, métabarcoding

# Bioindicateurs microbiens de l'état écologique des zones humides côtières

Megane Noyer <sup>1</sup>, Clélia Duran <sup>1</sup>, Hélène Agogue <sup>2</sup>, Christine Dupuy <sup>2</sup>,  
François-Xavier Robin <sup>3</sup>, Olivier Philippine <sup>3</sup>, Balbina Nogales <sup>4</sup>, Olga Lage  
<sup>5</sup>, Isabelle Vitte <sup>6</sup>, José Catita <sup>7</sup>, Manuel Acevedo <sup>8</sup>, Juan Ramon Pidre <sup>9</sup>,  
Olivier Zaouak <sup>10</sup>, Javier Hernandez Blanco <sup>11</sup>, Laura Villanueva <sup>11</sup>, Robert  
Duran <sup>1</sup>, Cristiana Cravo-Laureau <sup>\*†</sup> <sup>12</sup>

<sup>1</sup> Institut des sciences analytiques et de physico-chimie pour l'environnement et les matériaux – IPREM  
UMR5254 UPPA/CNRS – France

<sup>2</sup> Université de La Rochelle - LIENSs – LIENSS UMR7266 – France

<sup>3</sup> UNIMA – Union des marais de la Charente-Maritime – France

<sup>4</sup> Universitat de les Illes Balears, IMEDEA UIB-CSIC / INAGEA UIB-INIA-CAIB – Espagne

<sup>5</sup> Universidade do Porto, FCUP CIIMAR – Portugal

<sup>6</sup> Laboratoire des Pyrénées et des Landes – LPL – France

<sup>7</sup> PARALAB – Portugal

<sup>8</sup> Diputacion Provincial de Huelva – Espagne

<sup>9</sup> AGENCIA DE MEDIO AMBIENTE Y AGUA DE ANDALUCIA – Espagne

<sup>10</sup> Aquitaine Science Transfert, SATT Aquitaine – SATT Aquitaine – France

<sup>11</sup> Mancomunidad de Municipios Sostenibles de Cantabria – Espagne

<sup>12</sup> Institut des sciences analytiques et de physico-chimie pour l'environnement et les matériaux –  
IPREM UMR5254 UPPA/CNRS – France

Face au changement climatique et aux méfaits des activités humaines, menaçant l'équilibre des zones humides côtières, des outils de diagnostic sont nécessaires pour évaluer l'état du fonctionnement écologique de ces milieux. Ces outils apporteront une aide à la prise de décision pour la protection et la gestion des zones côtières, et pour la préservation de leur biodiversité. Le projet européen BIOMIC (Interreg SUDOE) a répondu à ce besoin en développant une boîte à outils de bioindicateurs microbiens et trophiques pour évaluer l'état écologique des zones côtières. BIOMIC a proposé une analyse biogéographique couvrant 53 zones humides le long des côtes méditerranéennes et atlantiques (France, Espagne et Portugal) afin d'identifier des bioindicateurs microbiens benthiques, basés sur des approches d'ADN environnemental. Les sites d'échantillonnage ont été sélectionnés en considérant la représentativité et la diversité des zones côtières du SUDOE, recouvrant des questions essentielles pour la gestion des zones côtières, leur réhabilitation et la protection de leur biodiversité. Les communautés microbiennes (bactéries, archées, champignons) ont été caractérisées par le séquençage des gènes de l'ARNr 16S et 18S. Les paramètres physico-chimiques et le niveau de polluants ont été déterminés. Des analyses multivariées, incluant l'analyse de taxons indicateurs de seuil (TITAN) et des analyses de réseau, ont été utilisées pour évaluer les relations entre les communautés microbiennes et les paramètres environnementaux. Ces analyses ont révélé des taxons microbiens comme de potentiels bioindicateurs pour le suivi de la qualité écologique des écosystèmes dans la zone SUDOE.

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: cristiana.cravo-laureau@univ-pau.fr

**Mots-Clés:** sédiments côtiers, pollution, ADN environnemental, boîte à outils, santé des écosystèmes, gestion environnementale

# La contribution des déversoirs d'orage unitaires à la dissémination des cocktails de polluants biogéochimiques et les indicateurs pour les détecter

Carmen Palacios \*† 1

<sup>1</sup> Centre de Formation et de Recherche sur les Environnements Méditerranéens – Université de Perpignan Via Domitia, UMR 5110 CNRS INEE INSU – 52, Avenue Paul Alduy, 66860 Perpignan Cedex, France

Lors du début des précipitations, les surfaces de sol sont lessivées, les sédiments fluviaux remobilisés et les canalisations d'égouts drainées. En zone urbaine, ces " premières chasses d'eau " charrient des matières qui sont collectées par les réseaux d'assainissement pour finir dans les stations d'épuration. Bien qu'il existe de nombreuses preuves de ce que ces eaux sont des contributeurs majeurs de contaminants dans les eaux de surface, ce n'est que lors d'une étude des paramètres physico-biogéochimiques lors d'un événement orageux extrême méditerranéen, que notre équipe a pu imputer, pour la première fois et sans ambiguïté, au débordement des déversoirs d'orage unitaires (DDO) les niveaux les plus élevés de mélanges de pollution biogéochimique jamais enregistrés dans la rivière côtière la plus importante des Pyrénées-Orientales, La Têt. Ensuite, notre objectif était de démontrer la répétabilité des résultats obtenus afin de proportionner les flux de polluants dans le temps et l'espace et pouvoir ainsi mieux informer des risques associés aux DDO et des possibles solutions. Lors des DDO qu'on a pu échantillonner, les polluants biogéochimiques dépassaient de plusieurs ordres de grandeur les niveaux moyens typiques de la rivière en zone urbaine. Ainsi, les DDO, très fréquents surtout en région méditerranéenne, diffusent dans les eaux de surface un cocktail sans égale de polluants. Les indicateurs biogéochimiques qui s'en découlent de notre étude pourraient être intégrés dans des outils de détection *in situ*, ce qui permettrait de décider quels déversoirs unitaires devraient être annulés, atténuant les menaces des DDO aux écosystèmes d'eau douce et côtiers et à la santé humaine.

**Mots-Clés:** flux des micropolluants, pesticides, pharmaceutiques, ARG, microorganismes pathogènes, indicateurs de pollution

---

\*Intervenant

†Auteur correspondant: carmen.palacios@univ-perp.fr

# EcotoxicoMic : un réseau international qui fédère la communauté scientifique en écotoxicologie microbienne

Aurélie Cebron <sup>1</sup>, Jennifer Hellal <sup>2</sup>, Marina Héry <sup>3</sup>, Fabrice Martin-Laurent <sup>4</sup>, Stephane Pesce \* <sup>5</sup>, Copil Ecotoxicomic (26 Membres Du Comité De Pilotage Du Réseau) <sup>6</sup>

<sup>1</sup> LIEC UMR7360, CNRS, Université de Lorraine – CNRS – 54000 Nancy, France

<sup>2</sup> BRGM, F-45071, Orléans – BRGM – France

<sup>3</sup> HydroSciences Montpellier, Université de Montpellier, CNRS, IRD – Hydrosiences Montpellier – France

<sup>4</sup> Agroécologie, INRAE, Institut Agro Dijon, Université de Bourgogne, 21000 Dijon – UMR Agroécologie, 21000 Dijon, France – France

<sup>5</sup> INRAE, UR RiverLy, Villeurbanne – INRAE – 5 rue de la Doua, CS 20244, 69625 Villeurbanne Cedex, France

<sup>6</sup> Ecotoxicomic – Ecotoxicomic – France

Le réseau EcotoxicoMic (<https://ecotoxicomic.org/>) a été créé en 2013 suite à des journées de prospective qui ont rassemblé une quarantaine de scientifiques pour dresser un état des lieux des recherches en France dans le domaine de l'écotoxicologie microbienne et engager une réflexion collective quant aux évolutions futures de la thématique.

D'abord structuré à l'échelle nationale, sous la forme d'un Réseau Thématique Pluridisciplinaire (RTP) labellisé par les instituts CNRS INEE et INSU, ce réseau a souhaité s'étendre à l'échelle internationale. Cela s'est d'abord traduit par l'organisation en 2017 à Lyon de la 1ère conférence internationale dédiée à l'écotoxicologie microbienne, qui a réuni 170 participants issus de 23 pays.

Fort de ce succès, le collectif s'est orienté vers la création d'un réseau à l'échelle internationale, en s'adossant à la Fondation *Evertéa* (ex. Fondation Rovaltain). S'appuyant sur une structure de gouvernance à trois niveaux qui implique plus d'une trentaine de scientifiques, le réseau international EcotoxicoMic conserve ses objectifs initiaux qui sont principalement i) la mise en réseau des écotoxicologues microbiens étudiant différents types de contaminants, microorganismes et/ou écosystèmes, ii) la diffusion de connaissances auprès de la sphère scientifique et du grand public, iii) le soutien aux jeunes chercheurs (mise en lumière de leur recherche, formation, réseautage, offres d'emploi, etc.) et iv) le soutien scientifique et financier aux collègues internationaux qui en ont besoin.

EcotoxicoMic rassemble aujourd'hui environ 250 membres représentant 43 pays. La prochaine conférence internationale aura lieu à Göteborg (Suède) du 12 au 15 novembre 2024. N'hésitez pas à nous rejoindre !

---

\*Intervenant

**Mots-Clés:** microorganismes, microbiote, stress, fonctions écologiques, solutions basées sur la nature, diagnostic, thématique émergente, réseau interdisciplinaire



# Etude des répartitions spatiales de *Nocardia* pathogènes dans des bassins-versants par PCR quantitative en temps réel

Elisabeth Pinel \*<sup>†</sup> <sup>1</sup>, Emmanuelle Bergeron , Delphine Mouniee , Laurence Marjolet , Benoit Cournoyer \* <sup>‡</sup> , Veronica Rodriguez Nava<sup>§</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire d'Ecologie Microbienne - UMR 5557 – Université Claude Bernard Lyon 1, Ecole Nationale Vétérinaire de Lyon, VetAgro Sup - Institut national d'enseignement supérieur et de recherche en alimentation, santé animale, sciences agronomiques et de l'environnement, Centre National de la Recherche Scientifique, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – BAT GREGOR MENDEL (ex 741)-4 et 43 Bvd du 11 Novembre 1918 69622 VILLEURBANNE CEDEX, France

Les villes mettent en place des systèmes d'évacuation des eaux tel que les bassins de rétention-infiltration pour éviter les risques d'inondations. Ces systèmes recueillent l'eau de bassins-versants, mais concentrent des polluants chimiques et des bactéries pathogènes opportunistes tel que *Nocardia cyriacigeorgica*. Ces bactéries sont responsables de cas rares mais graves d'infection pulmonaire et cérébrale, dont l'écologie est mal définie notamment par l'absence d'outils précis et sensibles. Nous avons développé pour la première fois, à partir de la région codant la sous-unité alpha du protéasome, une qPCR SYBR genre pour la détection et la quantification d'espèces pathogènes de *Nocardia* dans des échantillons environnementaux. Une analyse phylogénétique à partir des séquences d'acides aminés de la sous-unité alpha (*prcA*) de plusieurs actinobactéries a montré des clades phylogénétiques bien différenciés. Un clade spécifique des *Nocardia* (P=100, 1000 répliquas) a été défini et l'analyse de séquences a suggéré un polymorphisme inter-espèce intéressant pour différencier les *Nocardia* au niveau de l'espèce. Nos résultats de qPCR SYBR ont montré une limite de détection de 1 copie, 1000 fois plus sensible que la PCR conventionnelle. La détection à partir d'échantillons d'eau (n=53) et de sédiments (n=12) étaient tous positifs (3,27x10<sup>2</sup> à 7,00x10<sup>3</sup> copies *prcA Nocardia*/mL ou mg) et la culture des échantillons d'eau a permis l'isolement de *N. farcinica*. Cet outil est proposé conjointement à la culture pour le suivi spatio-temporelle de *Nocardia* pathogènes dans des environnements naturels et anthropisés (en fonction des paramètres physico-chimiques) pour mieux évaluer le risque microbiologique relatif à leur présence.

**Mots-Clés:** Ecologie, *Nocardia*, pathogènes, qPCR, anthropisation

---

\*Intervenant

<sup>†</sup> Auteur correspondant: elisabethpinel6@gmail.com

<sup>‡</sup> Auteur correspondant: benoit.cournoyer@vetagro-sup.fr

<sup>§</sup> Auteur correspondant: veronica.rodriguez-nava@univ-lyon1.fr

# Bioaccumulation de métaux par la plastisphère et transfert trophique dans *Artemia salina*

Océane Lazzeroni \*<sup>1,2</sup>, Nuša Cukrov \*

<sup>1,3</sup>, Abel Barré \*

<sup>2</sup>, Benjamin Oursel \*

<sup>1</sup>, Robert Bunet \*

<sup>4</sup>, Véronique Lenoble \*

<sup>1</sup>, Jean-François Briand \*

2

<sup>1</sup> Institut méditerranéen d'océanologie – Institut de Recherche pour le Développement, Aix Marseille Université, Institut National des Sciences de l'Univers, Université de Toulon, Centre National de la Recherche Scientifique – M.I.O. Institut Méditerranéen d'Océanologie, Université de Toulon, Aix Marseille Univ., CNRS, IRD, MIO, France

<sup>2</sup> Laboratoire Matériaux Polymères Interfaces Environnement Marin - EA 4323 – Université de Toulon – Université de Toulon - 83957 La Garde, France

<sup>3</sup> Ruđer Bošković Institute – Bijenička Cesta 54, 10000, Zagreb, Croatie, Croatie

<sup>4</sup> Institut Océanographique Paul Ricard – – Île des Embiez, 83140 Six-Fours-les-Plages, France

Dans un environnement aquatique, les plastiques, comme tout objet immergé, sont sujets à la colonisation biologique. La plastisphère est alors définie comme les communautés microbiennes qui les colonisent, formant un biofilm, un moyen ubiquitaire et très efficace de préserver la vie à la surface de ces pièces synthétiques. Il a aussi été démontré que la présence de cette couche organique autour des microplastiques (MPs) favorise la bioaccumulation des métaux. Cependant, l'impact de la nature du biofilm sur le niveau de la charge métallique reste à comprendre, en particulier le rôle des nutriments. Dans tous les cas, cette bioaccumulation de contaminants soulève la question de l'impact de l'ingestion ou du broutage de MPs colonisés par du biofilm contaminé. Afin de mieux évaluer ces impacts et le rôle des nutriments, nous avons contraint le développement de plastisphères dans des conditions contrôlées en mésocosmes. Les caractéristiques des biofilms et la charge métallique correspondante ont été déterminées. Ensuite, les MPs colonisés par les biofilms contaminés ont été utilisés comme unique source de nourriture pour des crustacés (*Artemia salina*). Après une semaine de broutage, les artémies ont été récupérées

---

\*Intervenant

et leur charge en cuivre a été déterminée. La bioaccumulation du cuivre dans le biofilm n'a pas montré de différence significative dans les différentes conditions enrichies en nutriments et qui avaient pourtant sélectionné des communautés microbiennes différentes. Par ailleurs, un transfert trophique du cuivre présent dans le biofilm aux artémies a été mis en évidence.

**Mots-Clés:** Microplastique, Biofilm, Nutriments, Bioaccumulation, Metabarcoding, Communautés microbiennes, Mésocosmes, *Artemia salina*, Transfert trophique

## Liste des participants

<b>AGOGUÉ</b>	Hélène	<a href="mailto:helene.agogue@univ-lr.fr">helene.agogue@univ-lr.fr</a>
<b>AMSALEG</b>	Céline	<a href="mailto:celine.amsaleg@univ-rennes.fr">celine.amsaleg@univ-rennes.fr</a>
<b>ANCOUSTURE</b>	Julien	<a href="mailto:julien.ancousture@univ-lorraine.fr">julien.ancousture@univ-lorraine.fr</a>
<b>ATTARD</b>	Eleonore	<a href="mailto:eleonore.attard@univ-pau.fr">eleonore.attard@univ-pau.fr</a>
<b>BARBE</b>	Valérie	<a href="mailto:vbarbe@genoscope.cns.fr">vbarbe@genoscope.cns.fr</a>
<b>BARRÉ</b>	Abel	<a href="mailto:abel.barre@univ-tln.fr">abel.barre@univ-tln.fr</a>
<b>BARROUILHET</b>	Sophie	<a href="mailto:sophie.barrouilhet@univ-pau.fr">sophie.barrouilhet@univ-pau.fr</a>
<b>BARRY-MARTINET</b>	Raphaëlle	<a href="mailto:raphaelle.barry-martinet@univ-tln.fr">raphaelle.barry-martinet@univ-tln.fr</a>
<b>BARTHELMEBS</b>	lise	<a href="mailto:barthelm@univ-perp.fr">barthelm@univ-perp.fr</a>
<b>BARTOLI</b>	Manon	<a href="mailto:manon.joseph@univ-amu.fr">manon.joseph@univ-amu.fr</a>
<b>BEDNAREK</b>	Gaelle	<a href="mailto:gaelle.bednarek@univ-poitiers.fr">gaelle.bednarek@univ-poitiers.fr</a>
<b>BENIZRI</b>	Emile	<a href="mailto:emile.benizri@univ-lorraine.fr">emile.benizri@univ-lorraine.fr</a>
<b>BERTONE</b>	Salomé	<a href="mailto:salome.bertone@sorbonne-universite.fr">salome.bertone@sorbonne-universite.fr</a>
<b>BESSETTE</b>	Sandrine	<a href="mailto:sandrine.besette@univ-tln.fr">sandrine.besette@univ-tln.fr</a>
<b>BIZE</b>	Ariane	<a href="mailto:ariane.bize@inrae.fr">ariane.bize@inrae.fr</a>
<b>BLANQUET</b>	Senta	<a href="mailto:senta.blanquet@ifpen.fr">senta.blanquet@ifpen.fr</a>
<b>BOISSON</b>	Julien	<a href="mailto:j.boisson@fondationevertrea.org">j.boisson@fondationevertrea.org</a>
<b>BOUCHARD</b>	Philipppe	<a href="mailto:philippe.bouchard@uca.fr">philippe.bouchard@uca.fr</a>
<b>BOULENGER</b>	Arnaud	<a href="mailto:arnaud.boulenger@doct.uliege.be">arnaud.boulenger@doct.uliege.be</a>
<b>BOULÊTREAU</b>	Stéphanie	<a href="mailto:stephanie.bouletreau@univ-tlse3.fr">stephanie.bouletreau@univ-tlse3.fr</a>
<b>BOUQUET</b>	Clémentin	<a href="mailto:clementin.bouquet@doctorant.uca.fr">clementin.bouquet@doctorant.uca.fr</a>
<b>BOURCERET</b>	Amelia	<a href="mailto:amelia.bourceret@mnhn.fr">amelia.bourceret@mnhn.fr</a>
<b>BRAVO</b>	Andrea	<a href="mailto:andrea.bravo@icm.csic.es">andrea.bravo@icm.csic.es</a>
<b>BREUIL</b>	Marie-Christine	<a href="mailto:marie-christine.breuil@inra.fr">marie-christine.breuil@inra.fr</a>
<b>BRIAND</b>	Jean-François	<a href="mailto:briand@univ-tln.fr">briand@univ-tln.fr</a>
<b>BRICHEUX</b>	Genevieve	<a href="mailto:genevieve.bricheux@uca.fr">genevieve.bricheux@uca.fr</a>
<b>BRINGEL</b>	Françoise	<a href="mailto:francoise.bringel@unistra.fr">francoise.bringel@unistra.fr</a>
<b>BURGAUD</b>	Gaëtan	<a href="mailto:gaetan.burgaud@univ-brest.fr">gaetan.burgaud@univ-brest.fr</a>
<b>CAGNON</b>	Christine	<a href="mailto:christine.cagnon@univ-pau.fr">christine.cagnon@univ-pau.fr</a>
<b>CARISSIMO</b>	Antoine	<a href="mailto:carissimo@uvt.uni-bremen.de">carissimo@uvt.uni-bremen.de</a>
<b>CASALOT</b>	Laurie	<a href="mailto:laurie.casalot@univ-amu.fr">laurie.casalot@univ-amu.fr</a>
<b>CATAO</b>	Elisa	<a href="mailto:elisa.catao@univ-tln.fr">elisa.catao@univ-tln.fr</a>
<b>CAUMETTE</b>		
<b>CEBRON</b>	Aurélie	<a href="mailto:aurelie.cebron@univ-lorraine.fr">aurelie.cebron@univ-lorraine.fr</a>
<b>CHANGEY</b>	Frédérique	<a href="mailto:frederique.changey@univ-lorraine.fr">frederique.changey@univ-lorraine.fr</a>
<b>CHEMEL</b>	Mathilde	<a href="mailto:chemel@obs-banyuls.fr">chemel@obs-banyuls.fr</a>
<b>CHKILI</b>	Oumayma	<a href="mailto:chkili.oumayma94@gmail.com">chkili.oumayma94@gmail.com</a>
<b>COLLIN</b>	Sylvie	<a href="mailto:sylvie.collin@sorbonne-universite.fr">sylvie.collin@sorbonne-universite.fr</a>
<b>COURCOUL</b>	Camille	<a href="mailto:camille.courcoul@gmail.com">camille.courcoul@gmail.com</a>
<b>CRAVO-LAUREAU</b>	Cristiana	<a href="mailto:cristiana.cravo-laureau@univ-pau.fr">cristiana.cravo-laureau@univ-pau.fr</a>
<b>DARRIAUT</b>	Romain	<a href="mailto:romain.darriaut@univ-rennes.fr">romain.darriaut@univ-rennes.fr</a>

DEBROAS	Didier	<a href="mailto:didier.debroas@uca.fr">didier.debroas@uca.fr</a>
DELECOURT	Louis	<a href="mailto:ldelecourt@imm.cnrs.fr">ldelecourt@imm.cnrs.fr</a>
DELMONT	Tom	<a href="mailto:tomodelmont@gmail.com">tomodelmont@gmail.com</a>
DELPECH	Lisa-Marie	<a href="mailto:lisa-marie.delpech@univ-lr.fr">lisa-marie.delpech@univ-lr.fr</a>
DEMENTIN	Sébastien	<a href="mailto:dementin@imm.cnrs.fr">dementin@imm.cnrs.fr</a>
DHOMMÉE	Roxane	<a href="mailto:roxanedhom@gmail.com">roxanedhom@gmail.com</a>
DIGNAN	Clara	<a href="mailto:clara.dignan@univ-tln.fr">clara.dignan@univ-tln.fr</a>
DOLLA	Alain	<a href="mailto:alain.dolla@mio.osupytheas.fr">alain.dolla@mio.osupytheas.fr</a>
DOOSE	Caroline	<a href="mailto:caroline.doose@mnhn.fr">caroline.doose@mnhn.fr</a>
DORÉ	Hugo	<a href="mailto:hugo.dore@univ-brest.fr">hugo.dore@univ-brest.fr</a>
DUGÉNY	Elyne	<a href="mailto:elynedugeny@hotmail.fr">elynedugeny@hotmail.fr</a>
DUPERRON	Sébastien	<a href="mailto:sebastien.duperron@mnhn.fr">sebastien.duperron@mnhn.fr</a>
DURAN	Robert	<a href="mailto:robert.duran@univ-pau.fr">robert.duran@univ-pau.fr</a>
DURAND	Alexis	<a href="mailto:alexis.durand@univ-lorraine.fr">alexis.durand@univ-lorraine.fr</a>
EON	mélissa	<a href="mailto:melissa.eon@inrae.fr">melissa.eon@inrae.fr</a>
ERAUSO	Gaël	<a href="mailto:gael.erauso@mio.osupytheas.fr">gael.erauso@mio.osupytheas.fr</a>
FALCO	Maria Lorena	<a href="mailto:ml.falco@univ-pau.fr">ml.falco@univ-pau.fr</a>
FAVRE-BONTÉ	Sabine	<a href="mailto:sabine.favre-bonte@univ-lyon1.fr">sabine.favre-bonte@univ-lyon1.fr</a>
FIERLING	Nicolas	<a href="mailto:nicolas.fierling@univ-lorraine.fr">nicolas.fierling@univ-lorraine.fr</a>
FOUCAULT	Pierre	<a href="mailto:pierre.foucault@mnhn.fr">pierre.foucault@mnhn.fr</a>
GALAND	Pierre	<a href="mailto:pierre.galand@obs-banyuls.fr">pierre.galand@obs-banyuls.fr</a>
GALES	Grégoire	<a href="mailto:gregoire.gales@univ-amu.fr">gregoire.gales@univ-amu.fr</a>
GALLOIS	Nicolas	<a href="mailto:nicolas.gallois@univ-lorraine.fr">nicolas.gallois@univ-lorraine.fr</a>
GAPP	Chloé	<a href="mailto:chloe.gapp@univ-lorraine.fr">chloe.gapp@univ-lorraine.fr</a>
GARRY	Mélissa	<a href="mailto:melissa.garry@univ-rennes.fr">melissa.garry@univ-rennes.fr</a>
GERVAIS	Ophélie	<a href="mailto:ogervais@centrescientifique.mc">ogervais@centrescientifique.mc</a>
GONI	Maria Soledad	<a href="mailto:marisol.goni@univ-pau.fr">marisol.goni@univ-pau.fr</a>
GOURGUES	Sarah	<a href="mailto:sarah.gourgues@univ-pau.fr">sarah.gourgues@univ-pau.fr</a>
GRASSO	GIANLUCA	<a href="mailto:gianluca.grasso@unito.it">gianluca.grasso@unito.it</a>
GUBRY-RANGIN	Cecile	<a href="mailto:c.rangin@abdn.ac.uk">c.rangin@abdn.ac.uk</a>
GUYONEAUD	Rémy	<a href="mailto:remy.guyoneaud@univ-pau.fr">remy.guyoneaud@univ-pau.fr</a>
H Aidar	Rana	<a href="mailto:rana.haidar@univ-pau.fr">rana.haidar@univ-pau.fr</a>
HÉCHARD	Yann	<a href="mailto:yann.hechard@univ-poitiers.fr">yann.hechard@univ-poitiers.fr</a>
HUBAS	Cédric	<a href="mailto:cedric.hubas@mnhn.fr">cedric.hubas@mnhn.fr</a>
JEAN	Natacha	<a href="mailto:natacha.jean@univ-tln.fr">natacha.jean@univ-tln.fr</a>
JEANBILLE	Mathilde	<a href="mailto:mathilde.jeanbille@inrae.fr">mathilde.jeanbille@inrae.fr</a>
JOLI	Nathalie	<a href="mailto:joli@biologie.ens.fr">joli@biologie.ens.fr</a>
JOULIAN	Catherine	<a href="mailto:c.joulian@brgm.fr">c.joulian@brgm.fr</a>
JUSSELME	My Dung	<a href="mailto:jusselme@u-pec.fr">jusselme@u-pec.fr</a>
KALENITCHENKO	Dimitri	<a href="mailto:dimitri.kalenitchenko@univ-lr.fr">dimitri.kalenitchenko@univ-lr.fr</a>
KERGOAT	Laura	<a href="mailto:laura.kergoat@ntymail.com">laura.kergoat@ntymail.com</a>
LACOMBE	Marc	<a href="mailto:marc.lacombe@inrae.fr">marc.lacombe@inrae.fr</a>
LAMY	Dominique	<a href="mailto:dominique.lamy@sorbonne-universite.fr">dominique.lamy@sorbonne-universite.fr</a>
LANGLAIS	Alisa	<a href="mailto:alisa.langlais@univ-rennes.fr">alisa.langlais@univ-rennes.fr</a>
LAURENT-WEBB	Liam	<a href="mailto:liam.laurent@cirad.fr">liam.laurent@cirad.fr</a>
LAZZERONI	Océane	<a href="mailto:oceane.lazzeroni@mio.osupytheas.fr">oceane.lazzeroni@mio.osupytheas.fr</a>
LEFLAIVE	Joséphine	<a href="mailto:josephine.leflaive@univ-tlse3.fr">josephine.leflaive@univ-tlse3.fr</a>
LÉGER-PIGOUT	Matéo	<a href="mailto:mateo.leger-pigout@mio.osupytheas.fr">mateo.leger-pigout@mio.osupytheas.fr</a>

LEPERE	Cécile	<a href="mailto:cecile.lepere@uca.fr">cecile.lepere@uca.fr</a>
MARIE	Benjamin	<a href="mailto:bmarie@mnhn.fr">bmarie@mnhn.fr</a>
DEVERS-LAMRANI	Marion	<a href="mailto:marion.devers@inrae.fr">marion.devers@inrae.fr</a>
MARRÉ	Sophie	<a href="mailto:sophie.marre@uca.fr">sophie.marre@uca.fr</a>
MARTIN	Fabrice	<a href="mailto:fabrice.martin@inrae.fr">fabrice.martin@inrae.fr</a>
MARTINS	Jean	<a href="mailto:jean.martins@univ-grenoble-alpes.fr">jean.martins@univ-grenoble-alpes.fr</a>
MASSE	Anaïs	<a href="mailto:anais.masse@mnhn.fr">anais.masse@mnhn.fr</a>
MATTHYS	Leopold	<a href="mailto:leopold-matthys@etud.univ-tln.fr">leopold-matthys@etud.univ-tln.fr</a>
MAZIÈRE	Camille	<a href="mailto:camille.maziere@univ-pau.fr">camille.maziere@univ-pau.fr</a>
MESGUIDA	Ouiza	<a href="mailto:ouiza.mesguida@univ-pau.fr">ouiza.mesguida@univ-pau.fr</a>
MEYER	Lucile	<a href="mailto:lucile.meyer4@etu.unistra.fr">lucile.meyer4@etu.unistra.fr</a>
MEYER	Thibault	<a href="mailto:thibault.meyer@univ-lyon1.fr">thibault.meyer@univ-lyon1.fr</a>
MICHOTÉY	Valerie	<a href="mailto:valerie.michotey@mio.osupytheas.fr">valerie.michotey@mio.osupytheas.fr</a>
MISSON	Benjamin	<a href="mailto:benjamin.misson@univ-tln.fr">benjamin.misson@univ-tln.fr</a>
MOENNE-LOCCOZ	Yvan	<a href="mailto:yvan.moenne-loccoz@univ-lyon1.fr">yvan.moenne-loccoz@univ-lyon1.fr</a>
MONARD	Cécile	<a href="mailto:cecile.monard@univ-rennes.fr">cecile.monard@univ-rennes.fr</a>
NADALIG	Thierry	<a href="mailto:nadalig@unistra.fr">nadalig@unistra.fr</a>
NAUDET	jeanne	<a href="mailto:jeanne.naudet@umontpellier.fr">jeanne.naudet@umontpellier.fr</a>
NAVARRO	Elisabeth	<a href="mailto:elisabeth.navarro@ird.fr">elisabeth.navarro@ird.fr</a>
NAZARET	Sylvie	<a href="mailto:sylvie.nazaret@univ-lyon1.fr">sylvie.nazaret@univ-lyon1.fr</a>
OLIVEIRA	Cynthia	<a href="mailto:cynthia.oliveira@univ-brest.fr">cynthia.oliveira@univ-brest.fr</a>
OLLIVIER	Bernard	<a href="mailto:bernard.ollivier@mio.osupytheas.fr">bernard.ollivier@mio.osupytheas.fr</a>
ORTALO-MAGNÉ	Annick	<a href="mailto:annick.ortalo-magne@univ-tln.fr">annick.ortalo-magne@univ-tln.fr</a>
PAILLARD	Christine	<a href="mailto:christine.paillard@univ-brest.fr">christine.paillard@univ-brest.fr</a>
PAIX	Benoît	<a href="mailto:benoit.paix@gmail.com">benoit.paix@gmail.com</a>
PALACIOS	Carmen	<a href="mailto:carmen.palacios@univ-perp.fr">carmen.palacios@univ-perp.fr</a>
PAOLETTI	Mathieu	<a href="mailto:mathieu.paoletti@univ-lr.fr">mathieu.paoletti@univ-lr.fr</a>
PAPIN	Marine	<a href="mailto:marine.papin@inrae.fr">marine.papin@inrae.fr</a>
PEREZ-LAMARQUE	Benoît	<a href="mailto:benoit.perez.lamarque@gmail.com">benoit.perez.lamarque@gmail.com</a>
PESCE	Stéphane	<a href="mailto:stephane.pesce@inrae.fr">stephane.pesce@inrae.fr</a>
PHILIPPOT	laurent	<a href="mailto:laurent.philippot@inrae.fr">laurent.philippot@inrae.fr</a>
PILLOT	Guillaume	<a href="mailto:pilot@vvt.uni-bremen.de">pilot@vvt.uni-bremen.de</a>
POLROT	Amélie	<a href="mailto:amelie.polrot@outlook.com">amelie.polrot@outlook.com</a>
POPALL	Rabja	<a href="mailto:rabja.popall@mio.osupytheas.fr">rabja.popall@mio.osupytheas.fr</a>
PORTAS	Aurélie	<a href="mailto:aportas@univ-tln.fr">aportas@univ-tln.fr</a>
POSTEC	Anne	<a href="mailto:anne.postec@univ-amu.fr">anne.postec@univ-amu.fr</a>
PRADEL	Nathalie	<a href="mailto:nathalie.pradel@ird.fr">nathalie.pradel@ird.fr</a>
PRIME	Anne-Hélène	<a href="mailto:anne-helene.prime@mio.osupytheas.fr">anne-helene.prime@mio.osupytheas.fr</a>
PRINGAULT	Olivier	<a href="mailto:olivier.pringault@ird.fr">olivier.pringault@ird.fr</a>
PRIOUX	Camille	<a href="mailto:camille.prioux@gmail.com">camille.prioux@gmail.com</a>
RIHM	Gaspard	<a href="mailto:gaspard.rihm@gmail.com">gaspard.rihm@gmail.com</a>
ROGER	Magali	<a href="mailto:mroger@imm.cnrs.fr">mroger@imm.cnrs.fr</a>
ROGUE	Hélène	<a href="mailto:helene.rogue@inrae.fr">helene.rogue@inrae.fr</a>
ROMDHANE	Sana	<a href="mailto:sanaromdhan@gmail.com">sanaromdhan@gmail.com</a>
ROUARD	nadine	<a href="mailto:nadine.rouard@inrae.fr">nadine.rouard@inrae.fr</a>
SANCHEZ-CID TORRES	Concepcion	<a href="mailto:concepcion.sanchezcid-torres@ec-lyon.fr">concepcion.sanchezcid-torres@ec-lyon.fr</a>
SIX	Christophe	<a href="mailto:six@sb-roscoff.fr">six@sb-roscoff.fr</a>
SPOR	Aymé	<a href="mailto:ayme.spor@inrae.fr">ayme.spor@inrae.fr</a>

<b>THIEFFRY</b>	Sylvia	<a href="mailto:sylvia.thieffry@inrae.fr">sylvia.thieffry@inrae.fr</a>
<b>THION</b>	Cécile	<a href="mailto:c.thion@cellenion.com">c.thion@cellenion.com</a>
<b>THIOUR-MAUPRIVEZ</b>	Clémence	<a href="mailto:clemence.thiour-mauprivez@inrae.fr">clemence.thiour-mauprivez@inrae.fr</a>
<b>THOMAS</b>	François	<a href="mailto:francois.thomas@sb-roscoff.fr">francois.thomas@sb-roscoff.fr</a>
<b>TURREL</b>	Floriane	<a href="mailto:floriane.turrel@univ-rennes1.fr">floriane.turrel@univ-rennes1.fr</a>
<b>VALENTE</b>	Jordan	<a href="mailto:jordan.valente@roullier.com">jordan.valente@roullier.com</a>
<b>VANNIER</b>	Pauline	<a href="mailto:pauline.ac.vannier@gmail.com">pauline.ac.vannier@gmail.com</a>
<b>VAULOUP</b>	Audrey	<a href="mailto:audrey.vauloup@univ-lorraine.fr">audrey.vauloup@univ-lorraine.fr</a>
<b>VUILLEUMIER</b>	Stéphane	<a href="mailto:vuilleumier@unistra.fr">vuilleumier@unistra.fr</a>
<b>WEISSE</b>	Louis	<a href="mailto:louis.weisse@univ-poitiers.fr">louis.weisse@univ-poitiers.fr</a>
<b>YAO</b>	DJEHA ROSINE	<a href="mailto:djeharosine@gmail.com">djeharosine@gmail.com</a>
<b>ZANNIS-PEYROT</b>	Timothée	<a href="mailto:timothee.zannis-peyrot@univ-lyon1.fr">timothee.zannis-peyrot@univ-lyon1.fr</a>