

Journées thématiques de l'AFEM 2016

31 mai-1 juin 2016 Marseille
France

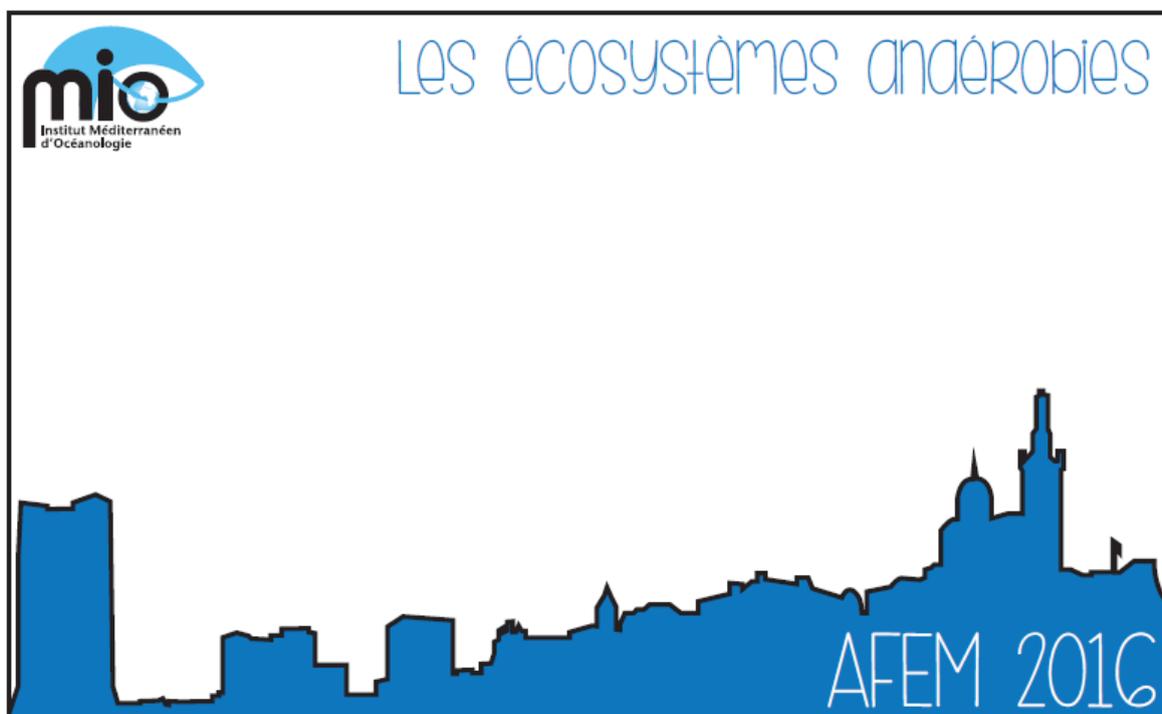


Table des matières

Interaction entre les cycles biogéochimiques: apport de l'écologie microbienne, Patricia Bonin [et al.]	4
Caractérisation d'une bactérie anaérobie, isolée d'une source thermale tunisienne: Balneicella halophila gen. nov., sp. nov. ; description de Balneicellaceae fam. nov., Marie-Laure Fardeau	5
Ecologie microbienne d'un réacteur traitant le phosphogypse en condition anaérobie, Wajdi Ben Hania [et al.]	6
L'oxydation anaérobie du méthane au Lac Pavin (Massif Central) : Évidences géochimiques d'un nouveau processus bactérien, Vincent Grossi [et al.]	7
La chlordécone est elle vraiment réfractaire à toute biodégradation? Ce que nous disent une approche théorique de thermodynamique, des expériences anciennes et des mesures in situ d'éventuels produits de dégradation, Herve Macarie [et al.] . .	9
Serpentiniticella alkaliphila gen. nov., sp. nov. : une nouvelle bactérie anaérobie et alcalophile isolée d'un système hydrothermal sous-marin associé à la serpentinisation (baie de Prony, Nouvelle-Calédonie), Nan Mei [et al.].....	11
Impact des variations des variations en concentration en oxygène dissous sur les activités du cycle de l'azote dans des sédiments marins, Maude Perrat [et al.] . . .	12
Bioprospection de microorganismes originaires d'une source thermale mexicaine (Los Azufres, Michoacán) et leur utilisation potentielle pour le traitement d'effluents contaminés par des métaux/métalloïdes, Maria Fernanda Perez Bernal.....	14
Rôle écologique du cycle du chlore dans le fonctionnement des écosystèmes lacustres non impactés par les activités humaines, Corinne Petit.....	16
Stratégies d'adaptation à la pression hydrostatique chez Desulfovibrio piezophilus isolée de bois coulés à 1700 m de profondeur en Mer Méditerranée, Amira Amrani [et al.]	18

Processus moléculaires microbiens impliqués dans le cycle biogéochimique du phosphore dans la colonne d'eau du lac Pavin (Massif Central, France), Sara Rivas-Lamelo [et al.]	19
Ecologie microbienne des aquifères profonds français servant au stockage de gaz naturel, Magali Ranchou-Peyruse [et al.]	21
Recherche de bactéries anaérobies dans des sols contaminés en radioéléments, Claire Sergeant [et al.]	22
Comment décrire la diversité microbienne : cas des sulfato-réducteurs, Johanne Aubé [et al.]	23
Diversity and Evolution of Methanogenesis at the Age of Metagenomics, Guillaume Borrel [et al.]	25
Production d'enzymes thermostables par de nouvelles souches thermophiles anaérobies, isolées d'un aquifère thermal Algérien., Amel Bouanane-Darenfed [et al.] . .	26
Diversité microbienne d'un environnement hypersalin Tunisien, Le Chott El Jerid, Jean-Luc Cayol	27
Amélioration de la résistance au phénol d'un microbiote anaérobie par une stratégie d'acclimatation, Céline Madigou [et al.]	28
Microbiologie, anaérobiose, métagénomique, chimie analytique : un cocktail pour étudier la dégradation d'un insecticide récalcitrant : la chlordécone, Sébastien Chaussonnerie* [et al.]	29
Exploration of the rare microbial biosphere of the coastal serpentinizing hydrothermal field of the Prony bay, New Caledonia, Méline Bes [et al.].....	30
Influence de l'azote ammoniacal sur la composition d'un écosystème anaérobie issu d'un digesteur industriel, Simon Poirier [et al.]	31
Étude des relations interbactériennes au sein d'un consortium impliqué dans la dégradation anaérobie de la biomasse, Cassandra Backes [et al.]	33
Etude de la diversité microbienne et de la production de méthylmercure au sein d'un lac tempéré dulçaquicole (lac de Cazaux-Sanguinet, Landes), Elisabeth Carlier [et al.]	35
Caractérisation d'un intégron environnemental répondant à une pollution pétrolière en condition d'anaérobiose, Christine Cagnon [et al.].....	37
Les systèmes moléculaires impliqués dans l'aérotolérance des <i>Desulfovibrio</i> , Fanny Ramel [et al.]	38

Identification et caractérisation fonctionnelle de précurseurs de colonisation microbienne de sulfure-massif hydrothermal, Sébastien Le Guellec [et al.]	39
Connections between nitrogen and manganese cycles revealed by physiological and transcriptional analysis in <i>Shewanella</i> C6G3, Valérie Michotey [et al.]	40
Etude de microorganismes électroactifs issus de source hydrothermale profonde en système bioélectrochimique., Guillaume Pillot [et al.]	41
A physiological role for HgII during phototrophic growth, Alexandre Poulain [et al.]	43
Magnetotactic bacteria: designed to live at oxic-anoxic interface, Long-Fei Wu . . .	44
Liste des participants	44
Liste des auteurs	47

Interaction entre les cycles biogéochimiques: apport de l'écologie microbienne

Patricia Bonin * ¹, Valérie Michotey

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

Les cycles biogéochimiques des éléments majeurs et mineurs dans l'océan ont une incidence directe sur la santé de la planète et de ses habitants. Des intermédiaires réactifs, d'origine aussi bien chimique et biologique, émergent comme des charnières entre ces cycles biogéochimiques. Du fait de leur production et consommation rapide, de leur temps de résidence de courte durée, ces intermédiaires réactifs généralement présents en faible concentration sont souvent négligés. La participation de ces composés "invisibles" en biogéochimie peut donc être cryptique, sans signature chimique évidente et persistante. Ici, nous mettrons en évidence des intermédiaires réactifs de l'oxygène, du manganèse, et les cycles de l'azote et du soufre et la façon dont ces composés intermédiaires sont impliqués dans des interactions entre les cycles biogéochimiques en milieu marin. Nous verrons également comment la compréhension du fonctionnement des communautés microbiennes peut apporter un éclairage nouveau sur les interactions entre les cycles biogéochimiques non conventionnels.

*Intervenant

Caractérisation d'une bactérie anaérobie, isolée d'une source thermale tunisienne: *Balneicella halophila* gen. nov., sp. nov. ; description de *Balneicellaceae* fam. nov..

Marie-Laure Fardeau * ¹

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

Khaled Fadhlou1.2, Wajdi Ben Hania1.2, Anne Postec1, Moktar Hamdi2, Bernard Ollivier1 and Marie-Laure Fardeau1

1Aix Marseille Université, IRD, Université de Toulon, CNRS, Mediterranean Institute of Oceanography (MIO), UM 110, 13288 Marseille cedex 9, France.

2Laboratoire d'Ecologie et de Technologie Microbienne, Institut National des Sciences Appliquées et de Technologie, Centre Urbain Nord, BP 676, 1080 Tunis, Université de Carthage, Tunisia. Une bactérie anaérobie mésophile (37°C), désignée KHALHBD91T a été isolée d'une source modérément chaude (45°C) du Hamman Biadha en Tunisie. Cette souche est halophile (2.5 % NaCl), utilise le glucose, le galactose, le maltose, le pyruvate, le lactate, le fumarate et l'extrait de levure comme donneurs d'électrons. Elle possède la quinone MK-6. Ses principaux lipides polaires sont : lipides, phospholipides, glycolipides, aminolipides, phosphoaminoglycolipides et phosphatidylethanolamine. Le contenu en G+C % est 35.0. L'analyse phylogénétique de la séquence du gène codant la petite sous unité du ribosome indique que la souche KHALHBD91T a *Marinifilum fragile* et *Marinifilum flexuosum* comme plus proches parents phylogénétiques (similitude de 86.7 % et 87.8% respectivement). La caractérisation taxonomique et phylogénétique de la souche suggère que cet isolat représente une nouvelle espèce d'un nouveau genre dans une nouvelle famille, *Balneicella halophila* gen. nov., sp. nov., *Balneicellaceae* fam. nov.. La souche type est KHALHBD91T (= DSM =28579T = JCM= 19909T).

*Intervenant

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

Wajdi Ben Hania ^{1,2}, Anne Postec , Khaled Fadhlouï , Hassib Bouallagui , Moktar Hamdi , Bernard Ollivier , Gaël Erauso , Marie-Laure Fardeau *

¹ LETMi - Tunisie

² MIO - Aix Marseille Université : EA2 - France

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

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

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

*Intervenant

L'oxydation anaérobie du méthane au Lac Pavin (Massif Central) : Évidences géochimiques d'un nouveau processus bactérien

Vincent Grossi ^{* † 1}, Daniel Birgel, Didier Jézéquel, Philippe Schaeffer, Ingrid Antheaume, Matthew Makou, Eleonore Attard, Anne-Catherine Lehours

¹Laboratoire de Géologie de Lyon (LGLTPE) – Université Claude Bernard-Lyon I - UCBL (FRANCE), CNRS : UMR5276 – Campus de la Doua, Bâtiment GEODE 69622 Villeurbanne cedex, France

Il est bien établi que l'oxydation du méthane (CH₄) peut se faire en absence totale d'oxygène et que l'oxydation anaérobie du méthane (OAM) joue un rôle prépondérant dans son cycle biogéochimique. Pour autant, les mécanismes et les populations microbiennes impliqués dans ce processus restent mal connus. Le mécanisme le plus documenté à ce jour couple l'OAM à la réduction des sulfates (Sulfate Dependent Methane Oxidation, SDMO) et implique une association syntrophique entre des archées méthanotrophes (ANME) et des bactéries sulfato-réductrices (BSR) (Knittel et Boetius, 2009). Toutefois, d'autres mécanismes couplant l'OAM aux sulfates ou à des accepteurs terminaux d'électrons thermodynamiquement plus favorables (nitrate, fer, manganèse) ont été mis en évidence (e.g., Beal et al., 2009 ; Ettwig et al., 2010; Haroon et al., 2013). Ces mécanismes originaux, qui impliquent soit un consortium archées/bactéries soit une seule population d'archées ou de bactéries, sont encore peu documentés et leur significativité environnementale est encore mal appréhendée. A ce jour, la SDMO et l'OAM couplée à la réduction du fer ou du manganèse ont été observées dans des environnements marins et d'eau douce tandis que l'OAM couplée à la réduction des nitrates (Nitrate Dependent Methane Oxidation, NDMO) n'a été démontrée que dans des milieux d'eau douce.

Le lac Pavin (Puy-de-Dôme, Massif Central) est un lac de cratère profond (92 m) vieux de 7000 ans dont la morphologie, l'hydrogéochimie et l'origine volcanique lui confèrent des caractéristiques biogéochimiques particulières. C'est un lac méromictique qui se caractérise notamment par une anoxie permanente de ses eaux de fond (depuis plusieurs centaines voire milliers d'années), séparées des eaux oxygénées de surface par une chemocline stable (zone à fort gradient de potentiel rédox). Ces eaux profondes sont riches en fer, en CH₄ et en autres composés réduits ou dérivants d'une dégradation intense de la matière organique (notamment PO₄³⁻, NH₄⁺, CO₂, sulfures).

Malgré les fortes teneurs en CH₄ des eaux de fond du Pavin, très peu de ce gaz à effet de serre est émis dans l'atmosphère à la surface du lac. Des études géochimiques et de modélisation du transport actif suggèrent que le CH₄ est préférentiellement consommé dans la zone de transition oxic-anoxique, et qu'environ 30 % de sa consommation a lieu dans la partie anoxique de la colonne d'eau et/ou dans les sédiments anoxiques sous-jacents (Lopes et al., 2011). Les micro-organismes impliqués dans l'OAM au lac Pavin ne sont pas encore identifiés mais le

*Intervenant

†Auteur correspondant: vincent.grossi@univ-lyon1.fr

modèle développé par Lopes et al. (2011) suggère que tous les mécanismes connus actuellement (SDMO, NDMO et OAM couplée à la réduction du fer/manganèse) interviennent à des degrés variés, suggérant l'existence dans le lac de diverses populations impliquées dans l'OAM. De plus, des analyses (phylo)génétiques (16SrRNA et *mcrA*) indiquent que les populations d'ANME classiquement impliquées dans l'OAM (ANME-1, ANME-2 and ANME-3) ne sont pas présentes dans la colonne d'eau et dans les sédiments du Pavin (Lehours et al. 2007; Biderre-Petit et al. 2011).

Dans cette étude, nous abordons l'analyse de la distribution et de la composition en isotopes stables ($^{13}\text{C}/^{12}\text{C}$) du CH_4 , du carbone inorganique dissous (CID) et de biomarqueurs lipidiques spécifiques des archées et des bactéries, dans les différents compartiments de la colonne d'eau du Pavin (zones oxygène, dysoxygène et anoxygène). Les premiers résultats indiquent l'implication d'au moins une population bactérienne dans l'OAM, sans l'intervention d'archées. Confrontés aux profils de distribution différents accepteurs terminaux d'électrons (O_2 , NO_3^- , Fe(III) , Fe(II) , SO_4^{2-} , H_2S , etc.) et aux isotopes du fer ($^{56}\text{Fe}/^{54}\text{Fe}$; Busigny et al., 2014), nos résultats supportent un nouveau mécanisme d'OAM bactérien lié à la réduction du Fe(III) . En parallèle, l'analyse de la composition lipidique et isotopique des sédiments superficiels du lac ainsi qu'une série d'incubations à long terme (~4 ans) de sédiments en présence de $^{13}\text{CH}_4$ et de Fe(III) ou de NO_3^- confirment que les communautés bactériennes du Pavin sont bien capables de réaliser la NDMO et l'OAM couplée à la réduction du fer a priori sans l'intervention d'archées.

Références:

Beal E.J., House C.H., Orphan V.J. (2009). Manganese- and iron-dependent marine methane oxidation. *Science* 325: 184-187.

Biderre-Petit C., Jezequel D., Dugat-Bony E., Lopes F., Kuever J., Borrel G., Viollier E., Fonty G., Peyret P. (2011). Identification of microbial communities involved in the methane cycle in a freshwater meromictic lake. *FEMS Microbiol Ecol* 77: 533-545.

Busigny V., Planavsky N.J., Jézéquel D., Crowe S., Louvat P., Moureau J., Viollier E., Lyons T.W. (2014). Iron isotopes in an Archean ocean analogue. *Geochim. Cosmochim. Acta* 133: 443-462.

Ettwig K.F., Butler M.K., Le Paslier D., Pelletier E., Mangenot S., Kuypers M.M.M., Schreiber F., Dutilh B.E., Zedelius J et al. (2010) Nitrite-driven anaerobic methane oxidation by oxygenic bacteria. *Nature* 464: 543-548.

Haroon M.F., Hu S., Shi Y, Imelfort M., Keller J., Hugenholtz P., Yuan Z., Tyson G.W. (2013). Anaerobic oxidation of methane coupled to nitrate reduction in a novel archaeal lineage. *Nature* 500: 567-570.

Knittel K., Boetius A. (2009). Anaerobic oxidation of methane: progress with an unknown process. *Ann. Rev. Microbiol.* 63: 311-334.

Lehours A.C., Evans P., Bardot C., Joblin K., Gerard F. (2007). Phylogenetic diversity of archaea and bacteria in the anoxic zone of a meromictic lake (Lake Pavin, France). *Appl. Environ. Microbiol.* 73: 2016-2019.

Lopes F., Viollier E., Thiam A., Michard G., Abril G., Groleau A., Prevot F., Carrias J.F., Alberic P., Jezequel D. (2011). Biogeochemical modeling of anaerobic vs. aerobic methane oxidation in a meromictic crater lake (Lake Pavin, France). *Appl. Geochem.* 26: 1919-1932.

La chlordécone est elle vraiment réfractaire à toute biodégradation? Ce que nous disent une approche théorique de thermodynamique, des expériences anciennes et des mesures in situ d'éventuels produits de dégradation

Herve Macarie *¹, Yoan Labrousse¹

¹ Institut Méditerranéen de Biodiversité et d'Ecologie marine et continentale (IMBE) – CNRS : UMR7263, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UMR237, Aix-Marseille Université - AMU, Université d'Avignon – Aix Marseille Université, FST St-Jérôme, Case 421, Avenue Escadrille Normandie Niemen, 13397 Marseille cedex 20, France

La chlordécone[1] (CLD), de formule brute C₁₀Cl₁₀O, est un insecticide organochloré de la famille des bishomocubanes, responsable de troubles neurologiques et de la reproduction chez l'homme, dont la fabrication et l'utilisation ont été interdites aux USA en 1977 suite à un désastre industriel au niveau de la principale usine de production. On estime qu'environ 300 tonnes de ce produit, soit 1/6 de la production mondiale auraient été utilisées en Guadeloupe et Martinique de 1972 à 1993 pour lutter contre le charançon du bananier. Aujourd'hui, 23 ans après l'interdiction de son utilisation dans les Antilles la molécule est toujours rémanente dans les sols où elle a été épandue. Il a été découvert par la suite que cela entraînait la contamination des " légumes pays " (manioc, igname, patate douce et dachine) fortement consommés localement lorsqu'ils sont cultivés sur ces sols mais aussi des animaux (bovins, ovins, caprins, porcs, volailles) qui y sont élevés en liberté et que sous l'action des pluies particulièrement abondantes dans cette zone tropicale la CLD s'était mobilisée vers les nappes phréatiques, les eaux de surfaces et jusqu'au milieu marin en contaminant au passage les ressources en eau potable, mais aussi les poissons, et crustacées entrant dans la diète des populations antillaises. Actuellement, il est estimé que plus de 70% de cette population contiendrait de la CLD à des niveaux détectables dans le sang avec des conséquences sanitaires dont l'étendue commence juste à être appréciée : risque accru de cancer de la prostate, de naissance prématurée et effets négatifs sur le développement cognitif et de la motricité fine des enfants. Aujourd'hui, on peut considérer toutefois que les crises sanitaires et sociétales liées à la CLD sont globalement contenues grâce aux options de gestions prises par les autorités qui ont permis d'éviter ou de réduire considérablement l'exposition alimentaire des populations et de recréer une activité économique là où elle avait été perdue : par exemple interdictions de pêche dans les rivières et dans certaines zones côtières, fermeture de fermes aquacoles, contrôle des denrées mises en vente, mise en place de systèmes de filtration sur charbon actif pour l'eau potable, contrôle du type de culture autorisée sur les sols pollués, incitations à la mise en place de cultures hors sols ou de cultures non alimentaires à visée énergétique en zone polluée, aide financière à la reconversion des pêcheurs, etc.

Une solution définitive au problème consisterait cependant à en éliminer la source, c'est à dire à

*Intervenant

détruire le stock de CLD toujours présent dans les sols. L'une des voies de destruction parmi les moins coûteuses et les plus respectueuses de l'environnement et qui semble bien adaptée au cas des Antilles vu l'étendue de la contamination (19 000 ha) correspond à la dégradation microbienne étant donné qu'elle met en jeu des techniques (irrigation, ajout de nutriments, de matières organiques labiles, de microorganismes, etc) qui en principe devraient pouvoir être incorporées sans trop de difficultés aux pratiques agricoles et donc être appliquées *in situ*. Jusqu'à présent, cependant dues à ses caractéristiques chimiques (structure en cage, fort encombrement stérique, faible solubilité et forte hydrophobicité), la CLD est considérée comme étant non biodégradable par la communauté scientifique. Cette conclusion est renforcée par l'absence apparente d'atténuation naturelle dans les environnements impactés par la CLD notamment dans les sols antillais où les concentrations résiduelles de CLD actuellement mesurées s'expliquent très bien par un simple modèle de lessivage sous l'action des pluies par rapport aux concentrations initialement apportées au sol, ce qui écarte par la même tout autre processus d'élimination.

Au cours de la présentation au moyen d'une approche thermodynamique, nous allons démontrer en fait qu'il n'y a pas de raisons énergétiques pour lesquelles la structure chimique de la CLD ne serait pas accessible à une attaque microbienne et cela quelle que soit les conditions environnementales (aérobie, anaérobie) et que d'un point de vue thermodynamique elle est très similaires aux autres organochlorés (chlorométhane, chloroéthylène, chlorobenzoate, chlorophénols, PCB, etc). En nous appuyant sur la littérature ancienne générée suite à la crise de la CLD de 1975 aux USA, mais aussi à partir de résultats plus récents sur la CLD ou concernant les connaissances acquises sur d'autres organochlorés nous montrerons ensuite que la dégradation de la CLD serait certainement favorisée par des conditions initiales d'anaérobiose mais qu'une minéralisation ultime ne pourra probablement pas être obtenue sans une phase finale aérobie. Cela nous amènera à proposer des hypothèses pour expliquer pourquoi une dégradation significative de cette molécule n'a pas encore été observée en conditions naturelles aux Antilles et ce que l'homme pourrait faire pour essayer de renverser la situation.

Nom CAS: 1,1a,3,3a,4,5,5a,5b,6-décachloro-octahydro-1,3,4-méthéno-2*H* -cyclobuta[*cd*]pentalen-2-one

Nom IUPAC ; perchloropentacyclo[5.3.0.0^{2,6}.0^{3,9}.0^{4,8}]decan-5-one

Serpentiniticella alkaliphila gen. nov., sp. nov. : une nouvelle bactérie anaérobie et alcalophile isolée d'un système hydrothermal sous-marin associé à la serpentinisation (baie de Prony, Nouvelle-Calédonie)

Nan Mei ^{*}, Anne Postec, Gaël Erauso, Manon Joseph, Bernard Pelletier
, Claude Payri, Bernard Ollivier, Marianne Quéméneur ^{*}

1

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

Les sources hydrothermales sous-marines de la baie de Prony en Nouvelle-Calédonie émettent à faible profondeur (Firmicutes. Nous présenterons ici l'isolement et la caractérisation d'une bactérie anaérobie appartenant à ce phylum constituant un nouveau genre, *Serpentiniticella alkaliphila* gen. nov., sp. nov., associée aux fluides hyperalcalins et peu salés de Prony. Cette nouvelle bactérie mésophile et alcalophile, désignée souche 3bT, se développe à une température comprise entre 30 et 43 °C (optimum à 37 °C) et à un pH compris entre 7,8 et 10 (optimum à 9,5). Elle présente une morphologie de bacille mobile et sporulant. Elle ne tolère que de faibles teneurs en sels (jusqu'à 5% de NaCl) suggérant son caractère indigène aux fluides hydrothermaux émis par les sources de Prony. Elle utilise le crotonate, le lactate, le pyruvate et l'extrait de levure comme sources d'énergie. Les principaux produits de fermentation du lactate sont l'acétate et le propionate (avec des traces d'hydrogène), tandis que le crotonate est dismuté en acétate et butyrate. La souche 3bT a comme plus proche parent phylogénétique la première souche alcalophile isolée des sources de Prony, *Alkaliphilus hydrothermalis* FatMR1T (92,2% d'identité au niveau de l'ADNr 16S). Sur la base de ses propriétés phénotypiques et phylogénétiques, cette souche est proposée comme représentant la souche type d'un nouveau genre bactérien, *Serpentiniticella* gen. nov., appartenant au groupe XI de l'ordre des *Clostridiales*.

^{*}Intervenant

Impact des variations des variations en concentration en oxygène dissous sur les activités du cycle de l'azote dans des sédiments marins

Maude Perrat ¹, Valérie Michotey ^{* † 2}, Sophie Guasco ³, Fatma Mirleau ⁴, Lara Pozzato ⁵, Christian Grenz ⁶, Bruno Deflandre ⁷, Florian Cesbron ⁸, Olivier Radakovitch ⁹, Sylvain Rigaud ¹⁰, Patricia Bonin ^{*}

11

¹ MIO UM 110, – Aix Marseille Université, CNRS, – 13288, Marseille, France

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

³ MIO – Aix-Marseille Université - AMU, CNRS : UMR7294 – Campus de Luminy bat Oceanomed Marseille, France

⁴ IMBE – Aix Marseille Université – Marseille, France

⁵ MIO – Aix-Marseille Université - AMU – France

⁶ MIO – CNRS : UMR7294 – Marseille, France

⁷ EPOC – Université de Bordeaux (Bordeaux, France) – Arcachon, France

⁸ MIO – Aix Marseille Université – Marseille, France

⁹ CEREGE – Aix Marseille Université – Aix en Provence, France

¹⁰ CHROME – Université de Nîmes – Nîmes, France

¹¹ MIO – CNRS : UMR7294 – France

L'état de santé des écosystèmes aquatiques dépend en grande partie des concentrations en oxygène dissous. Dans les environnements côtiers, les fortes productivités associées à des stratifications de la colonne d'eau peuvent générer des consommations d'oxygènes supérieures aux apports entraînant des épisodes d'hypoxie. Au cours du dernier siècle, le nombre de zones côtières affectées a doublé chaque décennie à l'échelle mondiale. Dans les zones côtières, la colonne d'eau et le sédiment sont fortement couplés et les processus biogéochimiques sont impactés par les échanges à l'interface eau sédiment. L'étang de Berre, un des étangs méditerranéens d'eau saumâtre les plus importants en volume, connaît des épisodes réguliers d'hypoxie. Afin d'élucider les relations entre la colonne d'eau et le sédiment en présence de faibles concentrations en oxygène dissous, les activités et les communautés du cycle de l'azote ont été étudiées dans des mésocosmes contenant du sédiment de cet étang et soumis à différentes concentrations en oxygène dissous. La quantification par qPCR des gènes amoA et nosZ ainsi que de leur transcrit a permis d'appréhender les communautés nitrifiante et dénitrifiante présentes ainsi que la fraction active. En parallèle, les activités nitrifiantes et dénitrifiantes ont été mesurées par des

*Intervenant

†Auteur correspondant: valerie.michotey@univ-amu.fr

approches isotopiques. Nos travaux montrent des concentrations en nitrite et nitrate extrêmement faibles (inférieures à $1 \mu\text{M}$) dans les eaux porales contrairement à celles de l'ammonium qui sont comprises entre 0,2 et 1 mM . La communauté nitrifiante est majoritairement composée par la fraction bactérienne. Les proportions de bactéries nitrifiantes et dénitrifiantes actives sont plus importantes dans les couches de surfaces (0-2 cm) et diminuent avec la profondeur. En revanche, l'activité potentielle dénitrifiante augmente avec la profondeur. Ces résultats suggèrent une limitation de l'activité dénitrifiante par le substrat fourni ici par la communauté nitrifiante. L'impact de la concentration en oxygène dissous est nettement marqué dans les premiers centimètres.

Bioprospection de microorganismes originaires d'une source thermique mexicaine (Los Azufres, Michoacán) et leur utilisation potentielle pour le traitement d'effluents contaminés par des métaux/métalloïdes

Maria Fernanda Perez Bernal * 1

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

María Fernanda Pérez Bernal^{1,3}, Elcia Margareth Souza Brito^{1,3}, Germán Cuevas Rodríguez³, Bernard Ollivier¹, Rémy Guyoneaud² & Agnès Hirschler-Réa¹
1Aix Marseille Université, CNRS, IRD, Université de Toulon, Institut Méditerranéen d'Océanologie (MIO), UM 110, Marseille, France

2Equipe Environnement et Microbiologie, IPREM UMR CNRS 5254, Université de Pau et des Pays de l'Adour, IBEAS, Pau, France

3Lab. Environmental Engineering, Div. Ingenierías, Campus Guanajuato, Guanajuato University, Mexico

La bioremédiation d'effluents contaminés par des métaux lourds et metalloïdes est l'un des objectifs principaux du projet BIOMETAL1. Ainsi la prospection d'un site géothermal acide (Los Azufres, Mexique) a été entreprise et a permis d'isoler plusieurs bactéries, parmi lesquelles 11 sont sulfo- ou sulfato-réductrices.

Les microorganismes intervenant dans la réduction des composés soufrés sont recherchés en raison de leur capacité à produire des sulfures, qui permettent la précipitation des métaux/métalloïdes.

Les microorganismes originaires de Los Azufres, que ce soit en cultures pures ou en cultures mixtes ont été testés pour leur capacité à produire des quantités importantes de sulfure, et ce, dans une gamme de pH acide. Chez les bactéries sulfo- et sulfato-réductrices se développant en condition acide, les sulfures produits sont en grande partie sous forme gazeuse. Il est ainsi possible, dans le cadre d'un procédé biotechnologique visant à détoxifier les métaux/métalloïdes, de dissocier la production des sulfures de la phase de précipitation de ces minéraux.

1 : Bioprospection de sulfato-réducteurs et métal-réducteurs de milieux acides et alcalins : applications biotechnologiques pour le traitement d'effluents contaminés par des métaux et mé-

*Intervenant

tallo'ides (ANR-12-ISV7-0006-02)

Mots clefs : sulfo-réduction, sulfato-réduction, sulfures, acidophiles, bioremédiation métaux/métallo'ides

Rôle écologique du cycle du chlore dans le fonctionnement des écosystèmes lacustres non impactés par les activités humaines

Corinne Petit * ¹

¹ UMR CNRS 6023 (LMGE) – UMR CNRS 6023, Université Blaise Pascal – Campus Universitaire des Cézeaux 1 Impasse Amélie Murat 63178 AUBIERE Cedex, France

Le chlore est l'halogène le plus abondant dans la Nature. Ses caractéristiques particulières en font un pilier de l'industrie chimique à la base de nombreux composés comme des pesticides, des solvants, des médicaments et des plastiques. Cependant dès 1960, certains de ces composés chlorés synthétiques ont été reconnus pour être toxiques et persistants dans l'environnement. Leur usage massif a par ailleurs entraîné leur relargage fréquent dans l'environnement à l'origine de nombreuses contaminations des sols et nappes phréatiques avec des conséquences en santé humaine et environnementale. En effet, si les composés chlorés ont une atteinte avérée sur l'Homme, ils sont aussi soupçonnés de jouer un rôle majeur dans la destruction de la couche d'ozone et dans le réchauffement climatique.

Jusqu'en 1990, la production naturelle de composés chlorés similaires ou identiques aux composés synthétiques, était très peu connue. Or, le chlore est nécessaire à toute forme de vie. Dans l'environnement, il est présent sous forme inorganique et organique. Aujourd'hui plusieurs milliers de composés chlorés d'origine naturelle ont été caractérisés. Par ailleurs, d'abord considéré non réactif dans l'environnement, cet élément est aujourd'hui connu pour intervenir dans un cycle biogéochimique complexe au cours duquel des processus variés conduisent alternativement à la chloruration et à la déchloration de la matière organique. Parmi les processus répertoriés, ceux impliquant des activités microbiennes sont prépondérants. Récemment, de nombreuses enzymes de type halogénase et déshalogénase ont été découvertes chez une grande diversité de microorganismes. Cependant, l'étape de déchloration reste la plus intéressante en termes d'étude en raison de ses possibles applications en bioremédiation. La voie de déchloration la plus efficace est la déhalorespiration en condition anaérobie. Au cours de ce processus respiratoire, les microorganismes utilisent les composés chlorés comme source d'énergie pour leur croissance. C'est le seul processus qui permette la déchloration des composés hautement substitués, grâce notamment aux microorganismes appartenant à la classe des *Dehalococcoidia*, phylum des *Chloroflexi*. Malgré un intérêt croissant pour le cycle du chlore depuis les années 2000, la biogéochimie et la dynamique de cet élément dans les milieux préservés sont toujours mal connues et son rôle écologique reste peu compris, surtout dans les milieux d'eau douce. Le peu d'études actuellement disponibles sur ces écosystèmes s'est essentiellement focalisé sur les zones sédimentaires des lacs et des rivières. Dans ce contexte, l'étude menée sur le lac Pavin, lac méromictique situé dans le Massif Central, visait à mieux comprendre le rôle des communautés microbiennes dans les différentes étapes du cycle du chlore (chloruration et déchloration) au sein d'un écosystème d'eau

*Intervenant

douce préservé des activités humaines. Pour aborder cette problématique, nous avons choisi de combiner des approches moléculaires classiques (certains haut débit comme la métagénomiques et le metabarcoding, PCR, qPCR) et ciblées (capture ciblée de gènes) afin de mettre en évidence la présence de microorganismes potentiellement impliqués dans le cycle du chlore le long de la colonne d'eau du lac Pavin et d'évaluer leur distribution et leur diversité phylogénétique et fonctionnelle.

Stratégies d'adaptation à la pression hydrostatique chez *Desulfovibrio piezophilus* isolée de bois coulés à 1700 m de profondeur en Mer Méditerranée

Amira Amrani , Jacques Vanhelden , Aurélie Bergon , Bernard Ollivier ,
Alain Dolla , Nathalie Pradel^{* 1}

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

Desulfovibrio piezophilus est une bactérie sulfato-réductrice mésophile piézophile isolée de bois coulés à une profondeur de 1,700 m en Mer Méditerranée. Dans cette étude, nous avons analysé l'effet de la pression hydrostatique sur cette bactérie au niveau transcriptomique et physiologique. Nos travaux ont mis en évidence un motif nucléotidique en amont des opérons différenciellement exprimés en fonction de la pression hydrostatique. Il pourrait s'agir d'un motif de régulation pression-dépendent. De plus, nos résultats ont montré que l'oxydation du lactate et le métabolisme énergétique de cette bactérie sont affectés par la pression hydrostatique. En effet, les voies d'oxydation de l'acetyl-coA et du recyclage du formate et de l'hydrogène sont préférentiellement utilisées à haute pression hydrostatique (26 MPa) par rapport à des pressions plus faibles (0.1 et 10 MPa). Nous avons également montré que l'acide aminé glutamate jouerait un rôle de piézolite dans les cellules, en s'accumulant lorsque la pression hydrostatique augmente.

*Intervenant

Processus moléculaires microbiens impliqués dans le cycle biogéochimique du phosphore dans la colonne d'eau du lac Pavin (Massif Central, France)

Sara Rivas-Lamelo *[†] ¹, Karim Benzerara ¹, Céline Férard ¹, Didier Jézéquel ², Jennyfer Miot ¹, Mélanie Poinot ¹, Ferial Skouri-Panet ¹, Eric Viollier ², Elodie Duprat ¹

¹ Institut de minéralogie, de physique des matériaux et de cosmochimie (IMPMC) – Institut de recherche pour le développement [IRD] : UR206, Université Pierre et Marie Curie (UPMC) - Paris VI, CNRS : UMR7590, Muséum National d'Histoire Naturelle (MNHN) – Tour 23 - Barre 22-23 - 4e étage - BC 115 4 place Jussieu 75252 PARIS, France

² Laboratoire de Géochimie des Eaux, Université Paris Diderot, CNRS and IPGP – Université Paris VII - Paris Diderot, Laboratoire de Géochimie des Eaux – 1 Rue Jussieu, 75005 Paris, France, France

Le phosphore (P) est un élément essentiel pour tous les êtres vivants dû à sa fonction structurale dans des composants fondamentaux du vivant (acides nucléiques, membrane plasmique par ex.) ainsi qu'à son rôle principal dans le métabolisme cellulaire. Il est cependant un nutriment limitant dans de nombreux écosystèmes, ce qui à l'échelle des temps géologiques peut restreindre la production primaire et donc influencer des processus globaux comme la séquestration du carbone ou la teneur en dioxygène des océans (Karl, 2014).

Du fait de son caractère limitant, les microorganismes ont développé des stratégies pour concentrer le P jusqu'à des concentrations intracellulaires qui peuvent atteindre 0,1 M. Sous conditions oxygènes certains microorganismes synthétisent des polyphosphates (polymères de $n \geq 3$ unités d'orthophosphate liées par des liaisons phosphoanhydrides très énergétiques) puis, sous conditions anoxiques et afin d'obtenir de l'énergie, ces microorganismes hydrolysent les poly-P intracellulaires (Rao et al., 2009).

Ce processus produit des conditions de sursaturation en phosphate inorganique qui peuvent conduire à la formation de phases minérales phosphatées de calcium, de fer ou d'autres métaux (Pb, Cr, U...). Cette biominéralisation peut également être la conséquence de l'hydrolyse microbienne de molécules organiques phosphatées par des protéines phosphatases (Hsieh et Barry., 2010).

Il est désormais admis que les micro-organismes jouent un rôle actif dans le cycle du P ; les mécanismes moléculaires qui y contribuent restent encore mal compris malgré leur importance environnementale (Crosby et Bailey., 2012).

Afin d'étudier ces mécanismes dans un environnement de phosphatogénèse, nous avons analysé

*Intervenant

[†]Auteur correspondant: sara.rivas@imPMC.upmc.fr

des échantillons provenant de la colonne d'eau du lac Pavin (Massif Central, France) qui est un lac d'origine volcanique de 92 m de profondeur et méromictique (c.à.d. stratifié de manière permanente) (Viollier et al., 1997).

Une diversité de phases minérales notamment phosphatées (phosphates de fer principalement mais aussi de manganèse) s'y forme à différentes profondeurs de la colonne d'eau et en relation avec les microorganismes s'y développant (Cosmidis et al., 2014 ; Miot et al., 2016). Nos travaux ont permis (i) d'analyser les activités spécifiques phosphatasiques alcalines à différentes profondeurs, ainsi que de (ii) déterminer les concentrations en phosphate organique et inorganique, particulaire et dissous des échantillons prélevés de la colonne d'eau. De plus, nous avons analysé qualitativement la distribution des polyphosphates dans la colonne d'eau par microscopie électronique à balayage (MEB). Des analyses quantitatives (extraction et dosage) des Poly-P intracellulaires sont actuellement en cours, afin d'évaluer leur contribution au P particulaire le long de la colonne d'eau et en particulier de part et d'autre de la transition redox (Martin et al., 2014).

Nos résultats montrent une corrélation négative entre les concentrations de phosphore inorganique dissous (DIP) et l'activité phosphatasique microbienne. En effet les valeurs de l'activité phosphatasique alcaline obtenues diminuent avec la profondeur tandis que les concentrations de phosphore inorganique dissous (forme biodisponible) augmentent. En outre, les observations de microscopie (MEB) ont permis de confirmer la présence de poly-P dans la zone oxygène du lac, et leur quasi absence en zone anoxique. Finalement, l'analyse des échantillons des pièges à particules installés dans la zone oxygène nous permettra de quantifier le flux des poly-P dans la colonne d'eau.

Écologie microbienne des aquifères profonds français servant au stockage de gaz naturel

Magali Ranchou-Peyruse ^{* † 1}, Thomas Aüllo ¹, Sabrina Berlendis ¹, Michel Magot ¹, Anthony Ranchou-Peyruse ¹

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

En France, la majorité des hydrocarbures dits de réserve est stockée sous la forme de gaz naturel dans des structures géologiques particulières : les aquifères profonds (–500 à –1200 mètres de profondeur). Peu d'informations sont accessibles sur les communautés microbiennes de ce type d'environnements. La collaboration avec des industriels gaziers offre la possibilité aux microbiologistes d'y accéder et de compléter ainsi nos connaissances. A l'origine, ces aquifères sont des écosystèmes oligotrophes extrêmement stables et nos études suggèrent que la sulfato-réduction et l'homoacétogenèse, basées sur le CO₂ et l'hydrogène comme principales sources de carbone et d'énergie, y jouaient un rôle clé. Les analyses de diversité ont montré une forte représentation de sulfato-réducteurs appartenant au *Peptococcaceae*, en particulier *Desulfotomaculum* spp.. Le gaz naturel injecté est constitué majoritairement de méthane mais contient également d'autres hydrocarbures à l'état de traces, dont les BTEX (benzène, toluène, éthylbenzène et les trois isomères du xylène). L'arrivée de ces BTEX constitue un apport de nouvelles sources de carbone qui peuvent modifier les équilibres au sein des communautés microbiennes de ces environnements. Une étude couplant une approche moléculaire de diversité basée sur le gène ADNr 16S et sur le fractionnement isotopique du benzène ($EC = -2.4 \pm 0.3$; $EH = -57 \pm 0.98$; $AKIEC: 1.0146 \pm 0.0009$, and $AKIEH: 1.5184 \pm 0.0283$) a démontré la capacité d'adaptation des *Desulfotomaculum* au changement de leur environnement et leur potentiel de biodégradation des BTEX, et en particulier le benzène.

*Intervenant

†Auteur correspondant: magali.ranchou-peyruse@univ-pau.fr

Recherche de bactéries anaérobies dans des sols contaminés en radioéléments

Claire Sergeant * ¹, Marie-Hélène Vesvres * [†] ²

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

² Centre d'Etudes Nucléaires de Bordeaux-Gradignan (CENBG) – IN2P3, Université de Bordeaux (Bordeaux, France) – France

Dans le cadre d'études entreprises au sein du Groupement National de Recherches CNRS/IRSN " Transferts des Radionucléides dans le Sol, le Sous-sol et vers les Ecosystèmes " (TRASSE) et de la Zone Atelier CNRS (partenariat AREVA) " Territoires Uranifères dans l'arc Hercynien : Vie sous rayonnements ionisants d'origine naturelle" (ZATU), nous avons eu accès à des sols contaminés en radionucléides respectivement proches de la centrale accidentée de Tchernobyl et d'une ancienne mine d'Uranium française.

La présence de bactéries cultivables aérobies (Chapon 2012, Sergeant 2015) et anaérobies a été recherchée dans les deux environnements. En ce qui concerne les bactéries anaérobies, plusieurs organismes ont été isolés sous atmosphère d'azote, appartenant aux phyla des Firmicutes, Actinobacteria et Proteobacteria (alpha, beta et gamma).

Les résultats communs aux deux études et concernant le genre *Bulkholderia*, connu pour sa présence dans des milieux environnementaux contaminés par des métaux lourds, seront présentés.

Chapon V., L. Piette, M.-H. Vesvres, F. Coppin, C. Le Marrec, R. Christen, N. Theodorakopoulos, L. Fevrier, S. Levchuk, A. Martin-Garin, C. Berthomieu, C. Sergeant 2012. Microbial diversity in contaminated soils along the T22 trench of the Chernobyl experimental platform. *Applied Geochemistry*, 27 (7): 1375-83.

Sergeant C., MH Vesvres, N. Faussane, C. Mallet, H. Guegan, B. Ridard, Q. Le Minh, G. Montavon, C. Roux, P. Chardon 2015. Quelles communautés bactériennes présentes à proximité d'un ancien site minier d'Uranium ? VIIe colloque de l'AFEM, 4-6 novembre 2015, Anglet.

*Intervenant

[†] Auteur correspondant: vesvres@cenbg.in2p3.fr

Comment décrire la diversité microbienne : cas des sulfato-réducteurs

Johanne Aubé * ¹, Rémy Guyoneaud ¹, Pavel Senin ², Valière Sophie ³,
Olivier Bouchez ³, Christophe Klopp ², Marisol Goñi-Urriza ¹

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

² Unité de Biométrie et Intelligence Artificielle (UBIA) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UR0875 – Centre Inra de Toulouse Midi-Pyrénées Chemin de Borde-Rouge-Auzeville BP 52627 F-31326 Castanet-Tolosan cedex, France

³ GeT-PlaGe – Institut National de la Recherche Agronomique - INRA – Genotoul, INRA Auzeville F31326, Castanet-Tolosan, France, France

Depuis près de 300 ans l'étude des microorganismes a été basée sur des méthodes culturelles et sur l'observation. Les méthodes de séquençage utilisant l'ARNr16S comme marqueur moléculaire ont révolutionné l'étude et la classification des microorganismes ; des marqueurs fonctionnels ont également permis de cibler spécifiquement des groupes métaboliques par PCR. Cette approche amène cependant un biais associé notamment aux amplifications. Le séquençage du métagénome apparaît ici comme une approche alternative pour éviter ces biais. La question est de savoir si les images que nous avons d'une communauté avec les différentes méthodes sont similaires, se complètent ou se contredisent. Les procaryotes sulfato-réducteurs (PSR) jouent un rôle important en milieu marin côtier ; nous avons cherché à obtenir une image des plus fidèles de ce groupe fonctionnel. Des approches intégrées de séquençage d'amplicons, de métagénomique et de culture haut-débit ont été combinées afin de caractériser les populations de PSR au sein de deux tapis microbiens de l'étang de Berre.

L'analyse par séquençage d'amplicons du gène *dsrB* (marqueur fonctionnel des sulfato-réducteurs) et de l'ARNr16S montre une structure similaire de la communauté des sulfato-réducteurs avec une dominance des *Desulfobacteraceae* suivit par les *Desulfobulbaceae*. Les autres familles observées représentent moins de 10% de l'abondance relative des sulfato-réducteurs ; elles diffèrent en abondance en fonction du marqueur utilisé. La fraction active de la communauté (analyse basée sur les transcrits) est structurée d'une façon similaire avec une part plus importante des *Desulfobulbaceae*. L'analyse métagénomique confirme la dominance de la famille des *Desulfobacteraceae*, néanmoins les groupes minoritaires apparaissent ici plus présents, (33% de l'abondance relative avec une forte proportion de *Desulfovibrionaceae*). Cette approche apporte de plus une information concernant leur métabolisme, la sulfato-réduction étant le métabolisme dominant en terme d'abondance de transcrits avec également une forte activité de fixation d'azote. Les gènes de la voie métabolique de Wood-Ljungdahl impliqués dans les étapes terminales de l'oxydation de la matière organique montrent également une forte activité. En parallèle, l'isolement par culture haut-débit a permis d'obtenir 130 souches de sulfato-réducteurs réparties en quatre familles, la diversité culturelle varie beaucoup entre les sites, mais la part des *Desulfovibrionaceae* est ici plus importante que celle observée par les autres techniques.

*Intervenant

Les quatre approches utilisées dans cette étude ont permis d'obtenir trois images des communautés de PSR. Les deux marqueurs sélectionnés ont décrit des communautés similaires, avec une forte dominance de deux familles. L'approche culturelle, comme déjà montrée dans de nombreuses études, a donné une image de la communauté très différente. Enfin, la métagénomique donne une image intermédiaire entre les approches par marqueurs moléculaires et par méthode culturelle. On aurait (trop) rapidement tendance à considérer cette dernière approche comme la plus précise. Les avantages et inconvénients des différentes approches seront discutés.

Diversity and Evolution of Methanogenesis at the Age of Metagenomics

Guillaume Borrel ^{*† 1}, Panagiotis Adam ¹, Simonetta Gribaldo ^{‡ 1}

¹ Biologie Moléculaire du Gène chez les Extrêmophiles (BMGE) – Institut Pasteur de Paris – 28 Rue du Docteur Roux F-75724 Paris Cedex 15, France

Methanogenesis coupled to the Wood-Ljungdahl (WL) pathway is one of the most ancient metabolisms for energy generation and carbon fixation in the Archaea. Recent results are changing our view on the diversity of methane-cycling capabilities in this domain of life. Availability of genomes from uncharted branches of the archaeal tree has highlighted the existence of novel methanogenic lineages phylogenetically distant to previously known ones, such as the Methanomassiliicoccales. At the same time, phylogenomic analyses indicate that the ancestor of all Archaea might have been a methanogen, and that this feature was lost multiple times independently during archaeal diversification. This prediction was strengthened by the recent report of genes involved in methane-cycling in members of the Bathyarchaeota, representing the first indication of the presence of this metabolism in members of the TACK superphylum. In light of these data, we discuss how the association between methanogenesis and the WL pathway appears to be much more flexible than previously thought, and might provide information on the processes that led to loss of methanogenesis. The combination of environmental microbiology, experimental characterization, and phylogenomics opens up exciting future avenues of research to unravel the diversity and evolutionary history of fundamental metabolic pathways.

*Intervenant

†Auteur correspondant: guillaume.borrel@pasteur.fr

‡Auteur correspondant: simonetta.gribaldo@pasteur.fr

Production d'enzymes thermostables par de nouvelles souches thermophiles anaérobies, isolées d'un aquifère thermal Algérien.

Amel Bouanane-Darenfed ^{*† 1}, Khelifa Bouacem, Nawel Boucherba ^{*}

², Bassam Jaouadi ³, Jean Luc Cayol ⁴, Hocine Hacene, Marie-Laure Fardeau ⁴, Bernard Ollivier ⁴

¹ Faculté des Sciences Biologiques, Université des Sciences et de la Technologie Houari Boumediene, Bab ezzouar [Algerie] – Algérie

² Laboratoire de Microbiologie Appliquée, Faculté des Sciences de la nature et de la vie, Université de Bejaia, Targa Ouzemmour – Algérie

³ Laboratoire de Biotechnologie Microbienne et d'Ingénierie des Enzymes, Centre de Biotechnologie de Sfax (CBS), Tunisie – Tunisie

⁴ Laboratoire de Microbiologie UMR 235, UMR 7294 Mediterranean Institute of Oceanography (MIO) Aix-Marseille Université, France. – Algérie

De nouvelles lignées phylogénétiques thermophiles, d'espèces inconnues ont été isolées en anaérobiose et déterminées grâce aux techniques moléculaires et au choix de l'ARN 16 S comme marqueur évolutif à partir de sources hydrothermales terrestres.

Ces procaryotes présentent des caractéristiques physiologiques et métaboliques très diverses et sont très intéressants en tant que source de nouvelles enzymes thermostables. Grâce à leurs caractéristiques physico-chimiques qui en font des outils particulièrement intéressants pour de nombreuses applications, leur exploitation a mené à l'élaboration de produits de haute valeur, utilisés dans les différentes industries. Actuellement, les protéases, keratinases et xylanases thermostables, forment le groupe d'enzyme le plus recherché grâce aux avantages qu'elles présentent. Nos travaux ont permis d'isoler et de caractériser en conditions d'anaérobiose à 70°C, de nouvelles espèces bactériennes appartenant au genre *Caldicoprobacter* (*Clostridiales*) à partir de la source chaude de Hammam D'Bagh (Algerie). Des activités Xylanase (250 U/mL) et keratinase (21000U/mL) chez *Caldicoprobacter algeriensis*; et Protéase (23000 U/mL) chez *Caldicoprobacter guelmensis* sont mises en évidence entre 70 et 90°C. Les résultats obtenus de la caractérisation des trois enzymes sont très prometteurs et pourraient conduire à de nouvelles applications biotechnologiques.

*Intervenant

†Auteur correspondant: ameltejeddine@yahoo.fr

Diversité microbienne d'un environnement hypersalin Tunisien, Le Chott El Jerid

Jean-Luc Cayol * ¹

¹ MIO – Aix-Marseille Université - AMU – France

Les lacs salés se sont des zones humides géographiquement très répandus dans le monde. Ces milieux se limitent généralement dans les zones arides à semi-arides. En Tunisie, le chott El Jerid est la plus vaste dépression saline à évaporation intense, située dans la partie continentale du Sud-Ouest de la Tunisie. Durant la saison sèche, le chott apparaît comme une zone couverte par une fine croûte de sel cachant un sol spongieux imbibé d'eau saumâtre alors qu'en hiver et quand la pluie tombe, le chott El Jerid acquiert l'aspect d'un lac (Kbir-Arigoib et al. 2001). Au cours de ce travail, nous nous sommes intéressés à l'étude de l'écologie microbienne du chott El Jerid par des approches moléculaires et culturelles. Les techniques moléculaires, l'électrophorèse sur gel en gradient dénaturant (DGGE) ainsi que la PCR quantitative en temps réel ciblant le gène de l'ARN ribosomal 16S ont été menés pour étudier la diversité des populations procaryotiques (bactéries et archées) durant les saisons sèche et pluvieuse (Ben Abdallah et al., 2016). La variation saisonnière de la structure des communautés bactériennes a révélé que les séquences DGGE obtenues regroupées aux *Proteobacteria* (*Alphaproteobacteria* et *Deltaproteobacteria*) et *Firmicutes* sont détectés dans les deux saisons alors que les séquences appartenant au groupe taxonomique *Bacteroidetes* et *Betaproteobacteria* sont apparues uniquement dans la saison pluvieuse. Le groupe *Deinococcus-Thermus* et la classe *Gammaproteobacteria* sont observés que dans la saison sèche. Dans le domaine des archées, la plupart des séquences appartiennent au phylum *Euryarchaeota*, détecté dans les deux saisons, alors que, le phylum *Crenarchaeota* apparaît uniquement dans la saison pluvieuse. Une légère variabilité saisonnière a été démontrée au niveau de l'abondance des bactéries et des archées. A partir des cultures d'enrichissement, de nombreuses bactéries anaérobies fermentaires appartiennent aux familles *Halanaerobiaceae* et *Halobacteroidaceae*. Les analyses phylogénétiques ainsi que les caractéristiques phénotypiques et physiologiques montrent une nouvelle souche *Sporohalobacter salinus* proche de l'espèce *Sporohalobacter lortetii*, seule espèce décrite à ce jour du genre *Sporohalobacter* (Ben abdallah et al.2015).

*Intervenant

Amélioration de la résistance au phénol d'un microbiote anaérobie par une stratégie d'acclimatation

Céline Madigou¹, Simon Poirier¹, Olivier Chapleur^{*† 1}

¹ Hydrosystèmes et bioprocédés (UR HBAN) – Irstea – 1 rue Pierre-Gilles de Gennes 92761 Antony Cedex, France

Une grande variété de substances inhibitrices peut induire des perturbations des digesteurs anaérobies, voire conduire à leur dysfonctionnement complet. Un enjeu important pour augmenter leur déploiement est donc d'améliorer leur stabilité face à l'arrivée de ce type de molécules. Parmi celles-ci, des polluants organiques, comme le phénol ou ses dérivés, sont couramment retrouvés dans les bioprocédés traitant des résidus organiques.

Dans ce cadre, nous avons évalué la possibilité d'améliorer la résistance d'un microbiote anaérobie au phénol. Pour cela, un réacteur de laboratoire (5L) fonctionnant en régime semi-continu, en conditions mésophiles, alimenté en cellulose et simulant les conditions d'un digesteur industriel a été suivi pendant 550 jours. Une stratégie d'acclimatation, consistant en une adaptation progressive du microbiote à la perturbation – la présence de phénol – a été mise en place : au cours de plusieurs épisodes de perturbation, le niveau de phénol dans le réacteur a été régulièrement augmenté jusqu'à atteindre une inhibition quasi-totale, puis diminué afin de permettre la reprise de l'activité microbienne. Les performances de dégradation ont été suivies à travers la production et composition du biogaz et des intermédiaires de dégradation. Différents outils moléculaires ont été utilisés pour suivre les évolutions de la communauté microbienne (fingerprinting ARISA, séquençage du gène de l'ARN 16S).

La stratégie d'acclimatation employée a permis de réduire progressivement l'effet du phénol sur les performances de dégradation. Après 3 épisodes de perturbation successifs, la résistance de la flore microbienne a été considérablement développée et le seuil d'inhibition total est passé 895 à 1942 mg/L de phénol. L'étude des profils de fingerprinting a montré une sensibilité et une réaction immédiate des archées à l'augmentation du niveau de phénol alors que les bactéries ont montré une résistance plus importante avant d'évoluer progressivement vers de nouveaux états d'équilibre. Plus précisément, à l'aide du séquençage, l'adaptation de la communauté microbienne a été caractérisée d'une part par la sélection des OTUs d'archées les plus résistants au sein du genre *Methanobacterium*, et d'autre part par une plasticité importante des bactéries, en particulier au sein des ordres *Clostridiales* et *Bacteroidales*. Ces deux phénomènes ont probablement permis l'adaptation du microbiote à des conditions de plus en plus stressantes. Une étude métatranscriptomique est en cours afin d'évaluer la sensibilité des différentes étapes de la dégradation au phénol, d'identifier les étapes limitantes et de voir l'évolution de l'expression fonctionnelle au cours des différents épisodes de perturbation.

*Intervenant

†Auteur correspondant: olivier.chapleur@irstea.fr

Microbiologie, anaérobiose, métagénomique, chimie analytique : un cocktail pour étudier la dégradation d'un insecticide récalcitrant : la chlordécone

Sébastien Chaussonnerie* , Pierre-Loïc Saaidi * , Edgardo Ugarte* , Agnès Barbance , Aurélie Fossey , Gabor Gyapay , Thomas Brûls , Marion Chevallier , Loïc Couturat , Stéphanie Fouteau , Delphine Mûselet , Emilie Pateau , Georges N Cohen * , Nuria Fonknechten , Jean Weissenbach , Denis Lespalier * † 1

† Genoscope - Genoscope - France

La chlordécone (Kepone^{OR}) est un insecticide organochloré synthétique (C₁₀Cl₁₀O) qui a été utilisé dans les Antilles Françaises pour contrôler le charançon du bananier *Cosmopolites sordidus*. La toxicité de la chlordécone, sa persistance dans les sols et sa présence dans les eaux douces (superficielles ou souterraines) et marines provoque de nombreux problèmes de santé publique et socio-économiques.

Afin d'étudier la biodégradabilité de la chlordécone des cultures d'enrichissement microbiennes ont été menées en anaérobiose sur de longues périodes de temps. Le suivi de ces cultures microbiologiques est réalisé par des méthodes de chimie analytique. Au cours des années, une bibliothèque de plus de 70 métabolites chlorés, issus de la dégradation de la chlordécone, a été constituée.

Parmi toutes ces cultures, deux sont particulièrement intéressantes car elles montrent une apparente disparition de la chlordécone au cours du temps et l'accumulation d'un métabolite majoritaire de formule C₉Cl₅H₃.

L'analyse métagénomique de ces deux cultures révèle l'existence d'une douzaine de bactéries (consortia) transformant la chlordécone, avec cinq espèces communes aux deux consortia. Les génomes bactériens de ces consortia sont en cours d'analyse afin d'identifier la ou les bactéries responsables de ces transformations. Par ailleurs, nous nous aidons de ces données génomiques pour essayer d'isoler les différentes bactéries présentes dans ces consortia.

Enfin, nous cherchons également à produire certains de ces métabolites par voie chimique ou biologique, les purifier, analyser leur structure et leur toxicité ainsi que leur dégradation.

*Intervenant

†Auteur correspondant: denis@genoscope.cns.fr

Exploration of the rare microbial biosphere of the coastal serpentinizing hydrothermal field of the Prony bay, New Caledonia

Méline Bes^{*}, Fabrice Armougom[†], Eléonore Frouin[‡], Jean Le Mer[§],
Bernard Ollivier[¶], Marianne Quéménéur¹, Didier Debroas^{** 1}, Anne
Postec^{††}, Gaël Erauso^{‡‡ 2}

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

² Institut 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

The Bay of Prony, South of New Caledonia, represents a unique serpentinizing hydrothermal field due to its coastal situation. It harbors both submarine and intertidal active sites discharging hydrogen- and methane-rich alkaline fluids of low salinity and mild temperature through porous carbonate edifices. In this study, we have extensively investigated the bacterial and archaeal communities inhabiting hydrothermal chimneys from four distant sites (one intertidal and three submarine) by pyrosequencing of 16S rRNA gene V1-V3 region. Analysis of the bacterial diversity structure showed that the community of the intertidal site is clearly distinct from that of submarine sites. Archaeal communities seemed less influenced by the site depth or the proximity of the shoreline. The prokaryotic communities structure consisted of few abundant phylotypes (belonging to *Methanosarcinales*, *Chloroflexi*, *Firmicutes*, *Proteobacteria* and *Deinococcus-Thermus*) previously identified in the low-resolution surveys we conducted on the same sites, dominated by a wealth of numerous rare phylotypes belonging to diverse taxonomic groups, some of which also present in other serpentinizing ecosystems. The role of candidate divisions, such as NKB19 or OD1, in major biogeochemical cycles (hydrogen, methane, sulfur) in this ecosystem is discussed. Finally, these data offer an opportunity to take a census of the rare biosphere in a unique serpentinizing hydrothermal system.

* Auteur correspondant: meline.bes@mio.osupytheas.fr

† Auteur correspondant: fabrice.armougom@mio.osupytheas.fr

‡ Auteur correspondant: eleonore.frouin@mio.osupytheas.fr

§ Auteur correspondant: jean-le-mer@mio.osupytheas.fr

¶ Auteur correspondant: bernard.ollivier@mio.osupytheas.fr

¹ Auteur correspondant: marianne.quemeneur@mio.osupytheas.fr

** Auteur correspondant: Didier.DEBROAS@univ-bpclermont.fr

†† Auteur correspondant: anne.postec@mio.osupytheas.fr

‡‡ Intervenant

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

Influence de l'azote ammoniacal sur la composition d'un écosystème anaérobie issu d'un digesteur industriel

Simon Poirier ^{* † 1}, Olivier Chapleur ^{*}

1

¹ Hydrosystèmes et bioprocédés (UR HBAN) – Irstea – 1 rue Pierre-Gilles de Gennes 92761 Antony Cedex, France

La digestion anaérobie est un processus naturel de dégradation de la matière organique exploité au sein d'unités dédiées au traitement de déchets. L'un des intérêts majeurs de ce bioprocédé réside dans la production d'un biogaz riche en méthane valorisable énergétiquement sous forme de chaleur et d'électricité. Cependant, les digesteurs restent sujets à des dysfonctionnements qui peuvent avoir des conséquences économiques et environnementales importantes. Ce manque de robustesse est généralement lié à la présence au sein des flux de déchets de nombreux composés chimiques susceptibles d'inhiber l'écosystème microbien de la digestion anaérobie. Notamment, l'azote ammoniacal est régulièrement cité comme la principale cause de défaillance des digesteurs traitant des déchets riches en protéines tels que les effluents d'élevage, d'industries agroalimentaires etc... La gestion de ce composé constitue donc à ce jour un verrou crucial pour le développement de cette filière. Pour y faire face, de nombreuses études se sont tout d'abord penchées sur la mise en œuvre de procédés permettant de réduire sa présence au sein des digesteurs. Cependant, l'avancée des techniques de biologie moléculaire permet aujourd'hui de mieux prendre en considération la composante microbienne des bioprocédés et d'acquérir de nouvelles connaissances quant à la compréhension des phénomènes biologiques régissant le fonctionnement d'écosystèmes complexes, notamment lors d'épisodes de perturbation.

Dans ce contexte, cette étude s'est attachée à étudier les modifications structurelles de la communauté microbienne de la digestion anaérobie engendrées par différents niveaux d'inhibition à l'azote ammoniacal. Trente réacteurs batchs ont ainsi été incubés à 35°C en anaérobiose en présence d'une gamme de dix concentrations en azote ammoniacal s'étendant de 0 à 50 g N-NH₄/L. Le substrat de dégradation provenait d'un déconditionneur industriel de biodéchet. L'inoculum a quant à lui été prélevé sur un méthaniseur traitant des boues de station d'épuration. Le suivi des performances de dégradation a été réalisé à travers la mesure de la production et composition du biogaz et des intermédiaires de dégradation. Des outils moléculaires tels que l'ARISA et le séquençage de la région V4-V5 du gène codant pour l'ARN 16S ont été mis en œuvre afin d'étudier l'influence du niveau d'inhibition sur l'évolution de la communauté microbienne. Ces deux méthodes ont respectivement été utilisées sur 96 et 48 échantillons. Les jeux de données obtenus ont été traités statistiquement par analyse en composantes principales.

*Intervenant

[†]Auteur correspondant: simon.poirier@irstea.fr

Lors des différentes incubations, les performances de dégradation du biodéchet ont été graduellement inhibées par les concentrations croissantes en azote ammoniacal. La modélisation des cinétiques de production de méthane a permis de définir une concentration inhibitrice médiane de 19 g N-NH₄/L. L'analyse des communautés microbiennes a révélé qu'au-delà d'un seuil de 10 g N-NH₄/L, l'écosystème subissait de profondes modifications structurelles. L'augmentation du niveau d'inhibition engendre notamment un shift progressif entre deux *Archaea* appartenant au genre *Methanosarcina*. De plus, les OTUs assignées au genre *Methanoculleus* et *Treponema* impliquées notamment dans les relations syntrophiques liées à l'oxydation de l'acétate deviennent majoritaires au sein de l'écosystème lorsque la concentration en azote ammoniacal dépasse 10 g N-NH₄/L. Cette étude a permis de mettre en évidence certaines corrélations entre les modifications des performances macroscopiques et l'évolution des populations microbiennes. En outre, l'identification de seuils d'inhibition fonctionnels et structurels ouvre la voie à la recherche de bioindicateurs microbiens qui pourraient permettre à terme, d'anticiper les effets de perturbateurs sur les rendements des digesteurs anaérobies grâce à la mise en place de stratégies opératoires préventives.

Étude des relations interbactériennes au sein d'un consortium impliqué dans la dégradation anaérobie de la biomasse

Cassandra Backes * ¹, David Ranava ¹, Audrey Soric ², Marie Thérèse Giudici ¹

¹ Bioénergétique et ingénierie des protéines (BIP) – CNRS : UPR9036 – 31 Chemin Joseph Aiguier
13402 MARSEILLE CEDEX 20, France

² Laboratoire de Mécanique, Modélisation et Procédés Propres (M2P2) – Ecole Centrale de Marseille,
CNRS : UMR7340, Aix Marseille Université – M2P2 UMR 7340 - 13451, Marseille, France, France

La dégradation de la biomasse est un processus anaérobie qui fait intervenir différents microorganismes. La coordination et la synchronisation des métabolismes sont indispensables pour une dégradation optimale. Afin de mieux appréhender les processus de couplage existant au sein d'un consortium nous avons choisi d'étudier un consortium bactérien synthétique composé de deux microorganismes, *Clostridium acetobutylicum* et *Desulfovibrio vulgaris*. Ces deux bactéries interviennent à des étapes différentes lors de la dégradation anaérobie de la matière organique. *C. acetobutylicum* est une bactérie anaérobie stricte retrouvée dans les écosystèmes producteurs d'hydrogène à partir de la fraction organique des déchets et/ou des eaux usées. Elle participe à l'acidogénèse en produisant des acides organiques et des solvants par fermentation des sucres. Lors de cette étape, cette bactérie produit de l'hydrogène qui est un gaz très énergétique et non polluant. *D. vulgaris* est une bactérie sulfato-réductrice intervenant dans l'acétogénèse, et pouvant en fonction de son environnement produire ou consommer l'hydrogène. Nous avons choisi ces organismes modèles pour mieux comprendre les interactions mises en jeu dans ces écosystèmes.

Une étude précédente, menée au laboratoire, a montré qu'en condition de stress nutritionnel, ces deux bactéries s'organisent naturellement en biofilm, structure qui leur permet d'avoir des échanges intercytoplasmiques de protéines. Ces interactions physiques sont associées à une modification du métabolisme conduisant à la production d'une plus grande quantité d'hydrogène par le consortium que celle produite dans le cas où elles sont cultivées séparément.

Ces résultats ont été obtenus en milieu stérile, or dans l'environnement, de nombreux microorganismes sont en interaction. Afin de tester la stabilité de ce consortium dans un écosystème plus réaliste, nous avons complexifié notre écosystème en introduisant une bactérie supplémentaire dans le milieu de culture. Le choix s'est porté sur *Escherichia coli*, une bactérie cosmopolite et très présente dans les eaux usées. Des analyses par chromatographie en phase liquide à haute performance (HPLC), chromatographie gazeuse (GC) et de bioluminescence ont montré que la présence de *E. coli* dans ce consortium a un impact sur le comportement du système *C. acetobutylicum* - *D. vulgaris*. En effet, les analyses métaboliques montrent que la cinétique de production de l'hydrogène est différente en présence d'*E. coli*, alors que les voies métaboliques favorisant la production d'hydrogène sont favorisées. Nos travaux démontrent également le rôle important

*Intervenant

que joue les molécules impliquées dans la signalisation dans ces modifications du métabolisme et de l'interaction bactérienne.

Etude de la diversité microbienne et de la production de méthylmercure au sein d'un lac tempéré dulçaquicole (lac de Cazaux-Sanguinet, Landes)

Elisabeth Carlier * ¹, Mathilde Monperrus ², Julien Dumur ¹, Jérôme Gury ¹, Sylvain Bouchet ², Emmanuel Tessier ², Maria-Soledad Goñi-Urriza ¹, Stéphane Davail ¹, Rémy Guyoneaud ¹

¹ Equipe Environnement et Microbiologie (EEM) – CNRS : UMR5254 – Avenue de l'université 64000 PAU, France

² Laboratoire de Chimie Analytique Bio-Inorganique et Environnement (LCABIE) – CNRS : UMR5254 – HELIOPARC - 2 Avenue du Président Angot 64000 PAU, France

Les écosystèmes aquatiques offrent des conditions favorables à la production de méthylmercure en anérobiose qui se bioaccumule et se bioamplifie le long de la chaîne trophique. Bien que les concentrations en mercure dans le lac de Cazaux-Sanguinet soit extrêmement faibles, des poissons présentant des concentrations en mercure approchant, voire dépassant les normes OMS (0.5 - 1mg Hg kg⁻¹ poids frais) ont été pêchés dans ce lac. L'objectif de cette étude est d'identifier les facteurs biotiques et abiotiques favorisant la production de méthylmercure dans le lac, notamment au niveau de biofilm périphytiques se développant sur les racines flottantes de plantes aquatiques.

Les taux de méthylation et de déméthylation du mercure ont été mesurés au printemps et en été sur quatre sites de prélèvement. Les échantillons de sédiment, d'eau et de biofilms de plante ont été analysés en combinant l'utilisation d'isotopes stables du mercure et d'inhibiteurs métaboliques. Le séquençage haut débit de l'ARN ribosomique 16S a été utilisé dans le but de relier les variations des communautés microbiennes, la biotransformation du mercure et les paramètres environnementaux. De plus, le gène codant pour une enzyme impliquée dans la méthylation du mercure (*hgcA*) a été recherché dans l'ensemble des échantillons.

L'activité de méthylation a été détectée dans le sédiment superficiel, alors qu'elle était quasi nulle dans la colonne d'eau. Au niveau des périphytons de macrophytes aquatiques à la période estivale, les activités de méthylation étaient jusqu'à 15 fois plus élevées que dans le sédiment et étaient associées à une accumulation de mercure. L'utilisation d'inhibiteurs métaboliques a mis en évidence le rôle majeur des microorganismes sulfato-réducteurs et des méthanogènes dans la méthylation observée. La diversité alpha du périphyton était plus élevée par rapport aux autres compartiments avec un enrichissement en *Deltaproteobacteria* et *Clostridia*, dont les bactéries méthylantes prédites font partie. D'autre part, le gène *hgcA* a été détecté dans le sédiment et le périphyton.

La production nette de méthylmercure était dépendante de la saison due à l'augmentation de la

*Intervenant

température, à la variation des communautés microbiennes et à l'établissement de conditions permettant le développement de microorganismes anaérobies au niveau des biofilms périphytiques. Elle est également dépendante de l'accumulation de mercure au niveau du périphyton. Néanmoins, d'autres facteurs tels que la teneur en matière organique pourrait intervenir dans le production de méthylmercure.

Caractérisation d'un intégron environnemental répondant à une pollution pétrolière en condition d'anaérobiose

Christine Cagnon *¹, Justine Abella¹, Lionel Huang¹, Fanny Terrisse¹,
Pierre Peyret², Cristiana Cravo-Laureau¹, Robert Duran¹

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

² CIDAM (CIDAM) - Université d'Auvergne - Clermont-Ferrand I - Facultés de Médecine et de Pharmacie CBRV - RdC et 5ème étage BP 38 28, Place Henri-Dunant 63001 Clermont-Ferrand +33 4 73 17 79 52, France

Les sédiments marins côtiers sont constamment soumis à des oscillations oxic/anoxie liées aux cycles des marées et aux activités de bioturbation. Par ailleurs, ils sont particulièrement exposés à des pollutions, notamment dues à des déversements pétroliers. Dans ces écosystèmes, les communautés microbiennes jouent un rôle majeur dans les cycles biogéochimiques, en particulier en réponse à la présence d'hydrocarbures. En effet, les communautés microbiennes présentent une étonnante capacité d'adaptation génétique et métabolique, qui permet à certains microorganismes d'être impliqués dans la transformation de molécules généralement toxiques pour le métabolisme des organismes vivants. Les gènes impliqués dans cette biotransformation, ou dans la résistance aux polluants, et présentant ainsi un avantage adaptatif, peuvent se disséminer au sein de la communauté microbienne par transfert horizontal, processus impliquant certains éléments génétiques, plasmides, transposons ou encore intégrons. Bien que particulièrement impliqués dans le transfert de gènes dans les contextes hospitaliers, les intégrons ne sont aujourd'hui que très peu étudiés dans le cadre de contaminations chimiques en milieu naturel. Ainsi nous nous sommes intéressés aux intégrons environnementaux au sein d'un sédiment côtier pollué par du pétrole afin d'évaluer leur potentiel adaptatif. Nous avons mis en évidence, par amplification d'une portion du gène d'intégrase *intl*, un intégron non décrit jusqu'alors dont l'abondance augmente après la contamination. Des incubations des communautés microbiennes hydrocarbonoclastes contenant cet intégron en conditions d'anaérobiose, d'aérobiose ou de fluctuations d'oxygénation montrent que son abondance décroît en présence d'oxygène. Ainsi cet intégron serait lié aux populations bactériennes ayant un métabolisme anaérobie. L'isolement de souches portant cet intégron restant néanmoins infructueux, nous avons caractérisé cet intégron et son environnement génétique grâce à une approche de capture de gènes par hybridation directement à partir de l'ADN total extrait des sédiments. Les premiers résultats ont permis non seulement d'obtenir la séquence entière du gène *intl*, mais aussi d'accéder aux premières cassettes de gènes potentiellement liées aux adaptations récentes, ainsi que la région en amont de l'intégron. Si les fonctions codées par les cassettes de gène mises en évidence sont encore à définir, la similarité de séquence de l'une d'entre elle avec des séquences de bactéries sulfato-réductrices renforce l'hypothèse d'un intégron lié aux conditions d'anaérobiose.

*Intervenant

Les systèmes moléculaires impliqués dans l'aérotolérance des *Desulfovibrio*

Fanny Ramel ¹, Laetitia Pieulle ¹, Gael Brasseur ¹, Odile Valette ¹, Alain Dolla * ¹

¹ Laboratoire de chimie bactérienne (LCB) – CNRS : UMR7283 – 31 Chemin Joseph Aiguier 13402 MARSEILLE CEDEX 20, France

Les bactérie sulfato-réductrices (BSR) ont été pendant très longtemps considérées comme des organismes anaérobies stricts, ne tolérant aucun contact avec l'oxygène. Or, de nombreuses données écologiques mettent en évidence une réduction microbienne des sulfates dans des zones oxygénées et plusieurs souches de BSR ont été isolées à partir de zones photo-oxyques. Les BSR n'ont cependant pas toutes la même sensibilité face à l'oxygène, les espèces du genre *Desulfovibrio* étant parmi les plus aérotolérantes. Ces bactéries ont développé plusieurs stratégies de défense pour survivre à l'exposition transitoire à l'oxygène, incluant des systèmes dédiés à la réduction et à l'élimination de l'oxygène moléculaire et de ses espèces réactives.

Par des approches biochimiques et génétiques, nous avons spécifié le rôle d'oxygène réductase membranaires dans l'aérotolérance de *Desulfovibrio vulgaris* Hildenborough (Ramel et al, 2013, Ramel et al, 2015) et nous avons mis en évidence un système original d'autoprotection contre les conditions oxydantes par mécanisme "rédox-switch", d'une enzyme clef du métabolisme carboné et énergétique de la bactérie, la pyruvate ferrédoxine oxydoréductase (Vita et al, 2008, Pieulle et al, 2011). Ces systèmes interviendraient dans le passage réversible des cellules d'un état de croissance en conditions réductrices à un état de dormance active protecteur en conditions oxydantes (Ramel et al, 2015).

Vita N, Hatchikian C, Nouaillier M, Dolla A and Pieulle, L (2008) *Biochemistry* 47, 957-964.

Pieulle, L., Stocker, P., Vinay, M., Nouaillier, M., Vita, N., Brasseur, G., Garcin, E., Sebban-Kreuzer, C. and Dolla, A. (2011) *J. Biol. Chem.* 286, 7812-7821.

Ramel, F., Amrani, A., Pieulle, L., Lamrabet, O., Voordouw, G., Seddiki, N., Brèthes, D., Company, M., Dolla, A. and Brasseur, G. (2013) *Microbiology* 159, 2663-2673.

Ramel F, Brasseur G, Pieulle L, Valette O, Hirschler-Réa A, Fardeau ML and Dolla A. (2015) *PLoS One.* 10 :e0123455.

*Intervenant

Identification et caractérisation fonctionnelle de précurseurs de colonisation microbienne de sulfure-massif hydrothermal

Sébastien Le Guellec ^{* † 1}, Nicolas Gayet ², Ewan Pelleter ³, Anne Godfroy ¹, Yves Fouquet ³, Erwan Roussel ¹

¹Laboratoire de Microbiologie des Environnements Extrêmes [Plouzané] (LM2E) – CNRS : UMR6197, Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer (IFREMER) – Pointe du Diable, 29280 Plouzané, France

²Laboratoire Environnement Profond (LEP) – Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer (IFREMER) – Pointe du Diable, 29280 Plouzané, France

³Laboratoire Géochimie et Métallogénie (LGM) – Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer (IFREMER) – Pointe du Diable, 29280 Plouzané, France

L'impact et l'effet des interactions géosphère-biosphère sur les minéralisations sulfurées des environnements hydrothermaux restent encore mal définis. La colonisation des structures hydrothermales par des communautés microbiennes, situées à l'interface cheminée-eau de mer, peut jouer un rôle important dans la modification de la minéralogie et de la géochimie des cheminées en favorisant la dissolution ou la précipitation de certains minéraux. L'objectif de cette étude est l'identification et la caractérisation fonctionnelle de précurseurs de colonisation sur des sulfure-massifs hydrothermaux. Des sections polies constituées de chalcopyrite (CuFeS₂) et d'isocubanite (CuFe₂S₃) provenant du site hydrothermal de Snake Pit ont été incubées dans un bioréacteur-gas-lift inoculé avec du fluide hydrothermal et des fragments de cheminées prélevés sur le mêmesite. Les communautés microbiennes associées aux sections polies et à la fraction liquide de la culture ont été caractérisées par des approches moléculaires (ARN 16S, gènes de fonction) et culturales. Une augmentation du nombre de cellule à la surface des sections polies a été observée au cours des 15 jours d'incubation. Les bactéries étaient en concentrations trop faibles pour être détectées. La diversité archéenne était initialement similaire aux observations *in-situ* (principalement des *Thermococcales*), celle-ci fut rapidement (48h) enrichie en *Methanococcales*. De plus, des séquences de lignées sans représentants cultivés, affiliées au phylum des *Nanoarchaeota*, ont également été détectées. La présence de *Geoglobus* et *Desulfurococcales* est corrélée à la présence des minéraux sulfurés suggérant ainsi leurs rôles comme précurseurs potentiels de colonisation de sulfures massifs.

*Intervenant

†Auteur correspondant: Sebastien.Le.Guellec@ifremer.fr

Connections between nitrogen and manganese cycles revealed by physiological and transcriptional analysis in *Shewanella* C6G3

Valérie Michotey * ¹, Axel Aigle , Fabrice Armougom ², Vincent Mejean ³,
Patricia Bonin *

1

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

² MIO – Institut de recherche pour le développement [IRD] : UR235 – Marseille, France

³ IMM – CNRS : UMR7281 – Marseille, France

In sedimentary systems, the repartition of terminal electron-accepting molecules is often stratified on a permanent or seasonal basis. Just below to oxic zone, the suboxic one is characterized by high concentrations of oxidized inorganic compounds such as nitrate, manganese oxides (MnIII/IV) and iron oxides that are in close vicinity. Several studies have reported unexpected anaerobic nitrite/nitrate production at the expense of ammonium mediated by MnIII/IV, however this transient processes is difficult to discern and poorly understood. In the frame of this study, genes organization of nitrate and MnIII/IV respiration was investigated in *S.algae*. Additional genes were identified in *S. algae* compare to *S. oneidensis*: genes coding for nitrate and nitrite reductase (*napA-a* and *nrfA-2*) and an OMC protein (*mtrH*). In contrast to *S. oneidensis*, an anaerobic transitory nitrite accumulation at the expense of ammonium was observed in *S. algae* during growth with MnIII/IV, concomitantly with expression of nitrate/nitrite reductase genes (*napA*, *nrfA*, *nrfA-2*). Among the hypothesis explaining this data, the potential putative expression of unidentified gene able to perform ammonium oxidation was not observed on the global transcriptional level, however several signs of oxidative stress were detected and the existence of a secondary reaction generated by a putative oxidative *s* could not be excluded. Another option could be the action of reverse reaction by an enzyme such as *NrfA* or *NrfA-2* due to the electron flow equilibrium. Nitrate and Mn(III/IV) respirations seem connected at physiological as well as at transcriptional level.

*Intervenant

Etude de microorganismes électroactifs issus de source hydrothermale profonde en système bioélectrochimique.

Guillaume Pillot ^{* † 1}, Sylvain Davidson ¹, Yannick Combet-Blanc ¹, Anne Godfroy ², Erwan Roussel ², Véronique Cornet-Barthaux ¹, Pierre-Pol Liebgott ^{† 1}

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

² Laboratoire de Microbiologie des Environnements Extrêmes [Plouzané] (LM2E) – CNRS : UMR6197, Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer (IFREMER) – Technopole Brest-Iroise, BP70 29280 Plouzané, France

Dans la nature, les microorganismes jouent un rôle capital dans les cycles biogéochimiques et, de ce fait, dans le fonctionnement des écosystèmes. L'ensemble de ces microorganismes se développe préférentiellement sous formes " regroupés " en créant des biofilms fixés à des supports solides. Ces biofilms sont composés de diverses espèces microbiennes formant une communauté (ou consortium) hétérogène, physiologiquement diversifiée avec de fortes interactions inter-espèces (mutualismes) qui permettent la formation d'un réseau trophique complexe. Récemment, un nouveau type de mutualisme dit électronique a été découvert à partir d'écosystèmes mésophiles riches en métaux. Ces mutualismes sont assurés par des microorganismes définis comme électro-actifs qui ont la capacité de transférer des électrons depuis et vers des composés inorganiques et insolubles. Cette particularité électro-active a été abordée grâce à des systèmes bioélectrochimiques microbiens et plus particulièrement dans les piles à combustible microbiennes où les microorganismes adhèrent à la surface d'électrodes et forment des biofilms électroactifs (BEAs). L'étude de la biodiversité électro-active présente au sein d'écosystèmes particulier a ouvert la voie à un nouveau domaine de recherche : l'électromicrobiologie. Dans ce domaine, il n'existe à l'heure actuelle que très peu de donnée sur la biodiversité extrémophile électro-active. Ainsi, pour mieux évaluer l'importance de cette biodiversité extrémophile électro-active, nous avons entrepris d'étudier la biodiversité électro-active présente au sein d'une cheminée hydrothermale profonde (site Rainbow : dorsale médio-atlantique). Cette source hydrothermale est située en contexte ultramafique c'est-à-dire qu'elle contient plus de 90% de minéraux riches en fer et en magnésium. Des échantillons de cette cheminée hydrothermale de la campagne EXOMAR réalisée par l'IFREMER en 2005, ont été utilisés comme inoculum en milieu minimum anoxique à 72 °C dans un prototype de Système BioElectrochimique (SBE) dont l'anode polarisée a servi comme accepteur final d'électron. En parallèle, des enrichissements en flacons sur Acétate, Glucose ou Extrait de Levure avec Oxyde de Fer comme accepteur final d'électron insoluble ont également été réalisés. Les résultats en électrochimie (courant produit au cours du temps) ont

*Intervenant

†Auteur correspondant: guillaume.pillot@mio.osupytheas.fr

‡Auteur correspondant: pierre-pol.liebgott@mio.osupytheas.fr

été obtenus à l'aide d'un potentiostat et l'étude de la biodiversité présente dans les SBE (BEA et libre dans le milieu) ainsi que celle présente en flacons a été réalisée par la méthode MiSeq.

Au cours de ces expériences, le courant obtenu en SBE a permis de mettre en évidence la présence certaine et importante de microorganismes hyperthermophiles électro-actifs issus de sources hydrothermales, ce qui n'avait jamais été démontré jusqu'à présent. Les microorganismes capables de réaliser ces transferts électroniques extracellulaires ont été identifiés comme étant majoritairement des Archées qui sont retrouvées essentiellement au niveau des BEA présents sur l'électrode (*Thermococcales*, *Archaeoglobales*). A l'inverse la fraction liquide du fermenteur est essentiellement composée de microorganismes du domaine des *Bacteria* (microorganismes libres : cellules planctoniques). Dans le même sens, les enrichissements en flacon avec un accepteur insoluble d'électron (oxyde de fer) ont conduit à la sélection essentiellement de bactéries appartenant à la division des Firmicutes (*Clostridiales* et *Bacilli*). L'hypothèse principale qui s'en dégage est que l'électrode polarisée permettrait le développement d'une biodiversité spécifique essentiellement constituée d'archées. Pour appuyer ce postulat, des expériences spécifiques de ré-enrichissement en fermenteur bioélectrochimique à partir des flacons, ont montré que nous étions effectivement capable de ré-enrichir en archées les électrodes polarisées en favorisant le développement des genres *Geoglobus*, *Ferroglobus* et *Thermococcus*.

Pour conclure, nous pouvons affirmer que la culture en SBE polarisé à 72° C permet l'enrichissement de microorganismes électroactifs (hyper)thermophiles issus de cheminée hydrothermale profonde et d'obtenir une biodiversité globale plus importante que dans nos conditions de culture en flacons. Les résultats obtenus permettront très certainement d'apporter une nouvelle dimension à l'écologie microbienne basée sur l'étude de la biodiversité édiflée autour de mutualismes " électroniques " obligatoires. Enfin, ces découvertes devraient déboucher, à terme, sur des orientations innovantes en matière d'énergie et du piégeage du CO2...

A physiological role for HgII during phototrophic growth

Alexandre Poulain ^{* † 1,2}, D. S. Grégoire

¹ Biology Department – Canada

² Environmental Geochemistry and Microbiology Laboratory, Biology Department – University of Ottawa, Canada

An outstanding question in mercury (Hg) biogeochemistry pertains to ecosystem pathways controlling Hg's bioavailability to microbes producing the potent neurotoxin monomethylmercury (MMHg). Recent studies have shown that both HgII and Hg0 are species available for methylation, challenging the long-held view that Hg methylation and reduction are competing reactions and that Hg0 is necessarily lost from aquatic ecosystems. Multiple field studies have documented maxima in Hg0 concentrations at the thermocline of lakes, where abiotic photochemical HgII reduction cannot proceed but where nutrients accumulate and support diverse phytoplanktonic communities. Phototrophs can reduce HgII, and while the mechanism underlying these reactions remains unknown, it has been linked to a mixotrophic lifestyle. Photomixotrophy presents unique growth challenges, as the associated accrual of excess reducing power disrupts redox homeostasis. Here, using metabolically diverse Purple Bacteria and monitoring Hg0 at trace levels, we show that phototrophs use HgII as an electron sink to maintain redox homeostasis, catalysing its reduction to Hg0, and we offer a mechanistic basis for field and laboratory observations that have eluded the scientific community for decades. Our results show that Hg can fulfil a physiological role and that phototrophic Hg reduction is a central pathway at a critical redox interface in lakes affecting the delivery of bioavailable Hg to methylation sites.

*Intervenant

†Auteur correspondant:

Magnetotactic bacteria: designed to live at oxic-anoxic interface

Long-Fei Wu ^{* † 1}

¹ Laboratoire de Chimie Bactérienne CNRS UMR 7283 – CNRS – Marseille, France

Magnetotactic bacteria consist of a phylogenetic and morphological heterogeneous group of gram-negative prokaryotes living at oxic-anoxic interface in chemically stratified water columns or sediments. They display the unique capacity of aligning and swimming along the geomagnetic field lines, a behavior referred to as magnetotaxis. Such a motility is based on an intracellular compass, (magnetosomes) and flagellar apparatus and facilitates their seeking and remaining at the oxic-anoxic interfaces. The arrangement of magnetosomes and architecture of flagella vary significantly depending on taxonomic affiliation of the magnetotactic bacteria and the habitats where they dwell. Mediterranean magnetotactic bacteria will be used as models to illustrate remarkable cellular structure and motility evolved to adapt to their habitats.

*Intervenant

†Auteur correspondant: wu@imm.cnrs.fr

Liste des participants

- Agogue Hélène
- Alain Karine
- Amin Ali Oulfat
- Arab Mounia
- Aubé Johanne
- Backes Cassandra
- Barret Maialen
- Bartoli Manon
- Ben Hania Wajdi
- Bertrand Jean Claude
- Bonin Patricia
- Bonzom-Audiffren Carine
- Borrel Guillaume
- Bouanane Amel
- Brugna Myriam
- Cabrol Lea
- Cagnon Christine
- Caillard Céline
- Cao Van Tuat Lise
- Carlier Elisabeth
- Casalot Laurie
- Cayol Jean-Luc
- Chabert Nicolas
- Chapleur Olivier
- Chaussonnerie Sebastien

- Combet-Blanc Yannick
- Cravo-Laureau Cristiana
- Cuny Philippe
- Davidson Sylvain
- Dolla Alain
- Dumur Julien
- Duran Robert
- Erauso Gaël
- Fardeau Marie-Laure
- Fonknechten Nuria
- Fourcans Aude
- Fuduche Maxime
- Giudici-Orticoni Marie Thérèse
- Godfroy Anne
- Goni Maria Soledad
- Grossi Vincent
- Guiral Marianne
- Guyoneaud Rémy
- Hirschler-Réa Agnès
- Labrousse Yoan
- Le Guellec Sébastien
- Le Paslier Denis
- Liebgott Pierre-Pol
- Macarie Herve
- Maiga Ynoussa
- Martinez Martine
- Mei Nan
- Michotey Valérie
- Mirleau Pascal
- Mirleau Fatma
- Noel Cyril
- Ollivier Bernard

- Perez Bernal Maria Fernanda
- Petit Corinne
- Pillot Guillaume
- Poirier Simon
- Postec Anne
- Pradel Nathalie
- Quéméneur Marianne
- Ranchou-Peyruse Anthony
- Ranchou-Peyruse Magali
- Rivas-Lamelo Sara
- Rommevaux Céline
- Salomez Melanie
- Sergeant Claire
- Souza Brito Elcia
- Toffin Laurent
- Valette Corinne
- Vesvres Marie-Hélène
- Wu Long-Fei

Liste des auteurs

Aüllo, Thomas, 20
Abella, Justine, 36
Adam, Panagiotis, 24
Aigle, Axel, 39
Amrani, Amira, 17
Antheaume, Ingrid, 6
Armougom, Fabrice, 29, 39
Attard, Eleonore, 6
Aubé, Johanne, 22

Backes, Cassandra, 32
Barbance, Agnès, 28
Ben Hania, Wajdi, 5
Benzerara, Karim, 18
Bergon, Aurélie, 17
Berlendis, Sabrina, 20
Bes, Méline, 29
Birgel, Daniel, 6
Bonin, Patricia, 3, 11, 39
Borrel, Guillaume, 24
Bouacem, Khelifa, 25
Bouallagui, Hassib, 5
Bouanane-Darenfed, Amel, 25
Boucherba, Nawel, 25
Bouchet, Sylvain, 34
Bouchez, Olivier, 22
Brüls, Thomas, 28
Brasseur, Gael, 37

Cagnon, Christine, 36
CARLIER, Elisabeth, 34
Cayol, Jean Luc, 25
CAYOL, Jean-Luc, 26
Cesbron, Florian, 11
Chapleur, Olivier, 27, 30
Chaussonnerie*, Sébastien, 28
Chevallier, Marion, 28
Cohen, Georges N, 28
COMBET-BLANC, Yannick, 40
Cornet-Barthaux, Véronique, 40
Couturat, Loïc, 28
Cravo-Laureau, Cristiana, 36

Davail, Stéphane, 34
DAVIDSON, Sylvain, 40
Debroas, Didier, 29
Deflandre, Bruno, 11
Dolla, Alain, 17, 37
Dumur, Julien, 34
Duprat, Elodie, 18
Duran, Robert, 36

Férard, Céline, 18
Fadhlaoui, Khaled, 5
FARDEAU, Marie-Laure, 4
Fardeau, Marie-Laure, 5, 25
Fonknechten, Nuria, 28
Fossey, Aurélie, 28
Fouquet, Yves, 38
Fouteau, Stéphanie, 28
Frouin, Eléonore, 29

Gayet, Nicolas, 38
Giudici, Marie Thérèse, 32
Goñi-Urriza, Maria-Soledad, 34
Goñi-Urriza, Marisol, 22
Godfroy, Anne, 38, 40
Grégoire, D. S., 42
Grenz, Christian, 11
Gribaldo, Simonetta, 24
Grossi, Vincent, 6
Guasco, Sophie, 11
Gury, Jérôme, 34
Guyoneaud, Rémy, 22, 34
Gyapay, Gabor, 28

Hacene, Hocine, 25
Hamdi, Moktar, 5
Huang, Lionel, 36

Jézéquel, Didier, 6, 18
Jaouadi, Bassam, 25
JOSEPH, Manon, 10

Klopp, Christophe, 22

Labrousse, Yoan, 8
LE GUELLEC, Sébastien, 38
Le Mer, Jean, 29
Lehours, Anne-Catherine, 6
Lespalier, Denis, 28
LIEBGOTT, Pierre-Pol, 40

Macarie, Herve, 8
Madigou, Céline, 27
Magot, Michel, 20
Makou, Matthew, 6
Mei, Nan, 10

Mejean, Vincent, 39
Michotey, Valérie, 3, 11, 39
Miot, Jennyfer, 18
Mirleau, Fatma, 11
Monperrus, Mathilde, 34
Muselet, Delphine, 28

Ollivier, Bernard, 5, 10, 17, 25, 29

Pateau, Emilie, 28
Payri, Claude, 10
Pelleter, Ewan, 38
Pelletier, Bernard, 10
PEREZ BERNAL, MARIA FERNANDA, 13
Perrat, Maude, 11
Petit, Corinne, 15
Peyret, Pierre, 36
Pieulle, Laetitia, 37
PILLOT, Guillaume, 40
Poinsot, Mélanie, 18
Poirier, Simon, 27, 30
Postec, Anne, 5, 10, 29
POULAIN, Alexandre, 42
POZZATO, Lara, 11
Pradel, Nathalie, 17

Quéméneur, Marianne, 29
quéméneur, marianne, 10

Radakovitch, Olivier, 11
Ramel, Fanny, 37
Ranava, David, 32
Ranchou-Peyruse, Anthony, 20
Ranchou-Peyruse, Magali, 20
Rigaud, Sylvain, 11
RIVAS-LAMELO, SARA, 18
Roussel, Erwan, 38, 40

Saaidi *, Pierre-Loïc, 28
Schaeffer, Philippe, 6
Senin, Pavel, 22
Sergeant, Claire, 21
Skouri-Panet, Ferial, 18
Sophie, Valière, 22
Soric, Audrey, 32

Terrisse, Fanny, 36
Tessier, Emmanuel, 34

Ugarte*, Edgardo, 28

Valette, Odile, 37
vanHelden, Jacques, 17
VESVRES, Marie-Hélène, 21

Viollier, Eric, 18
Weissenbach, Jean, 28
Wu, Long-Fei, 43

