



<https://premc.org/afem>
<https://afem2025.sciencesconf.org>

12^{ème} colloque Association Francophone d'Ecologie Microbienne

Du 18 au 21 Novembre 2025
Beaune, Bourgogne-Franche Comté

RECUEIL
DES COMMUNICATIONS
ORALES ET ÉCRITES

ORGANISATEURS



Association francophone d'écologie microbienne



Agroécologie
Dijon
Unité de Recherche



Comité scientifique :

Jean-François BRIAND, Université de Toulon

Sandrine BESSETTE, Université de Toulon

Aurélie CEBRON, Université de Lorraine

Roxanne DHOMMEE, Gembloux Agro-Bio Tech

Elyne DUGENY, Université de Padoue

Caroline DOOSE, Muséum National d'Histoire Naturelle

Julie LELOUP, Sorbonne Université

Fabrice MARTIN-LAURENT, INRAE BFC

Benoit PAIX, INRAE Thonon-les-Bains

Stéphane PESCE, INRAE Lyon Villeurbanne

Laurent PHILIPPOT, INRAE BFC

Clémence THIOUR-MAUPRIVEZ, UBE

Comité Local d'Organisation :

Marion DEVERS, INRAE BFC

Samuel JACQUIOD, UBE

Fabrice MARTIN-LAURENT, INRAE BFC

Virginie NOWAK, INRAE BFC

Barbara PIVATO, INRAE BFC

Sana ROMDHANE, INRAE BFC

Laurent PHILIPPOT, INRAE BFC

Aymé SPOR, INRAE BFC

Clémence THIOUR-MAUPRIVEZ, UBE

PARTENAIRES & SPONSORS

Partenaires



UNIVERSITÉ
BOURGOGNE
EUROPE

Sponsors



REGION
BOURGOGNE
FRANCHE
COMTE



frontiers

Frontiers in
Microbiomes

SOMMAIRE

COMMUNICATIONS ORALES	8
Session 1 : Écologie des communautés microbiennes	9
Déconvolution des mélanges de communautés bactériennes aux exutoires des bassins versants par définition d'empreintes ADN indicatrices de l'origine de l'eau	9
Mise en évidence d'une régulation virale dans la dynamique des populations bactériennes impliquées dans le <i>turnover</i> de la matière organique <i>in situ</i>	11
La diversité cachée des protistes hétérotrophes dans les biofilms marins : variabilité spatio-temporelle et rôles fonctionnels	13
Succession écologique et altérations fonctionnelles des communautés microbiennes périphytiques en milieu périurbain soumis à des pollutions épisodiques d'origine domestique	15
Réduction génomique et stratégies évolutives en milieu d'eau douce : le cas des <i>nanopelagicales</i> ..	17
Transplantation en mésocosmes de biofilms marins : estimation du risque de transfert d'espèces exotiques par la navigation à grande échelle	19
Exploration de la diversité des communautés hyperthermophiles de sources hydrothermales profondes et de l'interaction microorganisme-minéral en conditions expérimentales par utilisation de bioréacteurs gaz-lift	20
Eléments génétiques mobiles en milieu côtier : qui sont leurs hôtes ?	22
Session 2 : Biotechnologies microbiennes pour la durabilité.....	24
Explorer les interactions biofilm-matériau dans une perspective Antifouling durable	24
Are Bioactive Molecules in Thermal Waters Revolutionizing Cosmetic Products ?	26
Influence de <i>Candidatus Accumulibacter</i> sur la formation et la stabilité de granules aérobies	27
Bioremédiation de sols et sédiments contaminés par l'isoproturon et la sulfaméthazine : une approche alternative pour construire des consortiums microbiens multidégradants.....	29
Session 3 : Microbiote, fonction écologique et services écosystémiques	30
Les microorganismes impliqués dans les émissions de méthane dans les sédiments marins côtiers avec et sans herbiers de zostères	30
Versatilité métabolique et hétérogénéité phénotypique chez une Diazotrophe Non-Cyanobactérienne marine.....	31
Diversité taxonomique et fonctionnelle des communautés microbiennes impliquées dans le cycle du Fe au niveau d'un site hydrothermal marin profond actif à basse température.	33
L'urbanisation et l'intensité de gestion des sols urbains modifient le cycle de l'azote et les fonctions microbiennes.	35

Caractérisation des déterminants moléculaires et métaboliques associés à la capacité à altérer les minéraux de la souche mycorhizosphérique <i>Pseudomonas spelaei</i> PML3(3)	37
Analyse fonctionnelle de la succession des guildes microbiennes lors de la décomposition de la nécromasse fongique dans un sol forestier.....	39
Médiation scientifique "Microbiote vigne et vin"	41
La biodiversité microbienne des sols au service d'une viticulture durable	41
L'holobionte vigne : vers une approche intégrée du microbiote pour un agro-écosystème performant et résilient.	42
Que nous apprend la connaissance du microbiote du vin ?	43
Session 4 : Interactions microbiote-hôte et microbiote-microbiote.....	44
Microbiote respiratoire du grand dauphin : Évaluation de méthodes de prélèvement du souffle de petits cétacés à des fins de développement de protocole d'échantillonnage non invasif adéquat sur des populations sauvages.....	44
Dynamique de l'antibiorésistance dans les écosystèmes aquatiques : effets des interactions biofilm-brouteur et de la présence d'antibiotiques.....	46
Exposition aux microplastiques et effets sur la santé de la tortue caouanne	47
Comprendre le dépérissement du court-noue a travers l'holobionte-vigne	49
Valoriser les GEMs ! Quand le microbiote du sol devient déterminant du phénotype de plantes.....	51
Rôle des Vésicules Extracellulaires de phytobactéries dans les interactions avec la plante.....	53
Eco-evolutionary dynamics of <i>Pisum</i> -Bacteria interactions mediated by reciprocal selection	55
Session 5 : Microbiote, Anthropocène et changement climatique	56
Dynamiques microbiennes dans les estuaires souterrains et contributions au devenir des contaminants organiques émergents.....	56
Potentiel de l'approche PICT pour fournir un référentiel d'analyse pour le diagnostic de la pression toxique dans les milieux aquatiques.....	58
Apport de l'écologie microbienne inversée pour la biosurveillance et l'évaluation des perturbations anthropiques.....	60
Mangroves de l'Ogooué (Gabon) : Communautés microbiennes entre terre et mer.....	62
Les communautés de diatomées des biofilms marins plus sensibles aux HAP que les bactéries	63
Effets des stress climatiques et de leur chronologie sur la résistance et la résilience des communautés microbiennes des sols	65
Interactions entre bactéries et champignons lignivores durant la biodégradation aérobio de triazoles dans des microcosmes contenant du bois traité	66
Comment l'exploitation d'un bassin versant par l'industrie minière a-t-elle façonné les communautés microbiennes côtières à l'échelle de l'Anthropocène ?.....	68
L'élévation de la température de l'eau réduit la complexité et la robustesse des réseaux bactériens dans les biofilms fluviaux	70
COMMUNICATIONS ECRITES	72

Session 1 : Écologie des communautés microbiennes 73

Diversité des entérobactéries résistantes aux antibiotiques de la classe des céphalosporines de 3 ^e génération (EB-C3GR) dans les sédiments, le périphyton et l'eau d'une rivière urbaine : Le Tillet (Aix-les-Bains, France).....	73
Utilisation de mutants de <i>Phanerochaete chrysosporium</i> résistants à la rapamycine pour étudier les molécules antifongiques produites par des souches de <i>Streptomyces</i>	75
La bêta-lactamase de <i>Pectobacterium versatile</i> , un bien commun du complexe d'espèces <i>Pectobacteriaceae</i> responsables du symptôme de pourriture molle (SRP)	76
Diversité et dynamique temporelle à long terme des microsporidies dans le lac d'Aydat par une approche de paléogénomique.....	77
<i>Phreatobacter putealis</i> HK31-P ^T sp. nov., une bactérie mixotrophe, microaérophile, et ferro-oxydante isolée à partir d'un aquifer Islandais.	78
Anthracnose des légumineuses en France : analyse de la présence, de la diversité de <i>Colletotrichum</i> et du microbiote associé – Le projet COLLEG.....	79
Impact de l'activité touristique sur l'écosystème et la qualité bactériologique de l'environnement marin de la baie de Dakhla au Sud du Maroc (Période : 2021-2024).....	80
Les dessous de la litière : capacité d'adhésion et dynamique de décomposition en conditions stressantes.....	81
Impact de la désoxygénéation sur la répartition et la dynamique des microorganismes impliqués dans la production de gaz à effet dans le lac d'Aydat.....	82
Caractérisation physiologique de l'isolat dénitritifiant <i>Pseudomonas veronii</i>	84
Virulence de <i>Nocardia cyriacigeorgica</i> en milieu urbain influence des polluants et implication du gène <i>hbha</i> dans le processus infectieux	85
Réponse génétique de <i>Pseudomonas putida</i> KT2440 à la toxicité des terres rares : Approche par RB-TnSeq.....	86
Évaluation des mécanismes biotiques et abiotiques impliqués dans l'altération des minéraux d'une cheminée hydrothermale dans un contexte de réduction d'activité : approche par bioréacteur	88
Diversité des amibes et des bactéries dans l'environnement de troupeaux de bovins, atteints par la tuberculose bovine.	90
Impact d'une perturbation sismique sur la dynamique des communautés microbiennes du lac Dziani Dzaha.....	91
Relation entre les modèles de distribution des métaux dans les sols de l'Est de Bahia au Brésil et les communautés microbiennes.....	93
Des légionnelles qui disparaissent : signe de liaisons cachées dans les tuyaux ?	94
Plastisphère et antibiorésistance : focus sur le genre <i>Vibrio</i>	95
Effets successifs des antibiotiques et de l'augmentation de la température sur la résilience des communautés microbiennes aquatiques	96
Enrichissement et isolement de deux nouvelles souches thermophiles de <i>Clostridia</i> issues de sources géothermales terrestres des îles Kerguelen.	98

Influence des activités hydrothermales, tectoniques et volcaniques à travers le temps sur les communautés microbiennes de subsurface du lac de Kleifarvatn en Islande	99
Influence des paramètres physico-chimiques et lithologiques sur la composition, la structuration et les fonctions de communautés microbiennes de sources hydrothermales marines et terrestres des Terres Australes et Antarctiques Françaises.....	101
Transport des communautés microbiennes dans les sédiments éoliens au Sahel : un co-voiturage sélectif	103
More than just disorder - metabolite diversity of <i>Microcystis</i> strains shows tight correspondence to genotype and may contribute to ecotype specificities	104
Variabilité spatiotemporelle et effets écologiques d'un estuaire souterrain méditerranéen sur les communautés microbiennes côtières.....	105
Étude de la diversité taxonomique et fonctionnelle des communautés microbiennes marines retrouvées au niveau de tapis riches en oxydes de fer et associés à la zone de faible activité hydrothermale MIR (champs hydrothermal TAG).....	107
Décrypter les changements de communautés biologiques le long du littoral breton au cours de l'Anthropocène par des approches de paléogénomique	109
Liens entre communautés bactériennes et profils lipidiques le long d'un transect altitudinal de sols des Alpes françaises	110
Impact de produits à base d'extraits végétaux sur les communautés microbiennes du sol en culture de sapin de Noël.....	112
La diversité intraspécifique du pathobiotte influence-t-elle le succès d'invasion ?	113
Impact des pratiques agricoles sur la composition et la dynamique microbienne dans les sols et leur capacité à protéger les plantes	114
Étude du microbiome de la lentille d'eau : comparaison des méthodes d'extraction de l'ADN et d'amplification du gène 16S rRNA pour le séquençage du microbiome associé.....	115
Effets croisés de la contamination métallique et de l'espèce végétale sur les communautés microbiennes dans des systèmes de traitement vertical des eaux pluviales.....	116
Structure des communautés microbiennes de sédiments lacustres à travers des gradients physico-chimiques extrêmes de l'Altiplano andin	119
Impact de la colonisation microbienne sur les matériaux constituant les éoliennes flottantes en mer: enjeux environnementaux et implications pour la durabilité des structures	120
Interactions inter-espèces au cours de la dégradation des macroalgues par les communautés microbiennes marines	122
Biogéographie des communautés microbiennes planctoniques au travers de fractions de taille dans l'Océan Pacifique	123
La plastisphère des grands fonds à 750 et 1750 mètres de profondeur dans l'océan Atlantique.....	124
Uncovering leaf and root microbiomes of mangrove trees in french guiana	125
Mise en place de procédés de phytoremédiation assistée par les microbiomes pour gérer la contamination en hydrocarbures, PCB et métaux des sols d'un atoll de Polynésie française	126
Cultivable microbial diversity in the Atlantis massif subseafloor (IODP 399 expedition)	128

Session 2 : Biotechnologies microbiennes pour la durabilité.....	130
Etude des mécanismes de régulation croisée contrôlant la dégradation de la biomasse algale chez une flavobactérie marine.....	130
Dynamiques hôte-virus dans les digesteurs anaérobies confrontés à une inhibition abiotique.....	131
Évolution des communautés microbiennes et des fonctionnalités PGP (Plant Growth Promoting) au sein de lignes de lombricompostage à flux continu.....	132
Stratégie d'isolation de consortiums bactériens-fongiques pour le biocontrôle des pathogènes fongiques du sol	133
Isolation et caractérisation de trois souches de <i>rhodococcus</i> spp. capables de dégrader l'herbicide métamitron	134
Targeted Enrichment of Methanogenic Archaea from Lake Pavin for the Development of Stable Biomethane-Producing Consortia	135
Efficacité de la biolixiviation de déchets miniers sulfurés à faible pH avec un consortium microbien modéré thermophile	136
Optimisation de l'étape d'oxydation du fer à pH acide d'un procédé de biolixiviation in situ	138
Stratégies multiéchelles de recyclage de déchets miniers riche en tungstène : du réacteur de laboratoire au pilote de terrain.	139
Evolution adaptative de SynComs bactériens dégradant simultanément l'atrazine, le 2,4-D et le métamitron	140
Stabilité et impact écotoxicologique de deux biocomposites dégradant le 2,4-D dans différents types de sol	142
Session 3 : Microbiote, fonction écologique et services écosystémiques.....	143
Sous les buttes, la vie : matière organique et écosystèmes microbiens en permaculture.....	143
Transformation microbienne des pesticides dans les sols agricoles et les captages d'eau potable	145
Conséquences imprévues d'amendements en probiotiques et prébiotiques sur un reboisement en pin de douglas de sols agricoles	147
Phytostabilisation des résidus miniers riches en arsenic : impact des activités microbiennes sur la mobilité et la biodisponibilité de l'arsenic et des métaux pour les plantes.....	148
Towards a better understanding of the molecular mechanisms used by bacteria to weather and interact with minerals in forest soils	149
Session 4 : Interactions microbiote-hôte et microbiote-microbiote.....	150
Loss of autonomy in the elderly: relationships between intestinal microbiota and mycobiota diversity, nutrition, and cognitive and sensorimotor impairments in "light eaters" and "non-light eaters".	150
Impact of agricultural chemical inputs on the intestinal microbiota at both microbial and fungal level	151
Quand inoculer quoi ? Effets croisés du stade de développement du maïs et de l'âge du microbiote sur le succès de l'inoculation.....	152

Distinguer les populations variable et porteuse pour la sélection de plantes, de microbiotes et d'holobiontes	154
Déterminants génétiques du blé tendre pour le recrutement de microorganismes phytobénéfiques dans un sol résistant à la fusariose du collet	155
Le microbiote de l'anémone de mer <i>Radianthus magnifica</i> et du poisson-clown <i>Amphiprion chrysopterus</i> présentent des réponses contrastées face à un épisode de blanchissement.....	157
Le miARN 159c est-il impliqué dans la résistance des plantes au stress hydrique via la régulation du rhizomicrobiote ?.....	158
Détournement de la boucle microARN–microPEP des plantes hôtes par les microorganismes pathogènes pour favoriser l'infection	159
Roles of salicylates in the regulation of poplar microbiome colonization: from defence signalling molecule to carbon source	160
Description des cellules eucaryotes et procaryotes du liquide cœlomique chez l'holothurie <i>Holothuria forskali</i> , un singulier holobionte marin	161
Impact de l'éco-exosome sur les juvéniles de poissons des récifs artificiels portuaires : approche holistique « une seule santé ».....	162
Detection and spread of carbapenemase genes in marine food webs: a model using <i>Ruditapes philippinarum</i>	164
Le microbiote édaphique impacte la bioactivité de rhizobactéries promotrices de la croissance de plantes (PGPR)	166
Interactions fongo-bactériennes induites par les HAPs dans les anthrosols des surfaces de la ville de Lyon le long d'un gradient de typologies urbaines	168
Dynamique et trajectoire évolutive des communautés microbiennes synthétiques d' <i>Arabidopsis thaliana</i> sous contraintes environnementales.....	170
Disentangling plant genotype and soil effects on the functional potential of rhizosphere microbiota	171
Session 5 : Microbiote, Anthropocène et changement climatique	173
Core resistome des biofilms marins en zones portuaires multi-contaminées	173
Adaptation membranaire a la température chez les bactéroidota.....	175
Expérience en écotron : le changement climatique modifie la diversité fongique de la rhizosphère	176
Étude de la dynamique des communautés microbiennes planctoniques portuaires par cytométrie en flux a imagerie : vers des indicateurs de qualité environnementale	178
Comment l'eutrophisation façonne les communautés microbiennes des lacs péri-urbains : retour sur le projet COM2LIFE	180
Réponses fonctionnelles et acquisition de tolérance de communautés périphytiques à un mélange de substances pharmaceutiques	182
Le projet EMERG : exposome microbien et risque sanitaire — intérêt d'une gestion « une seule santé » des enjeux liés aux grippes zoonotiques	183
Evaluation de la dynamique de la résistance bactérienne aux antibiotiques dans un petit bassin versant rural en Ardèche.	184

Impact de l'irrigation par effluents combinée à une application foliaire de streptomycine et d'oxytétracycline sur le réservoir de gènes de résistance aux antibiotiques chez la tomate cultivée en serre	185
Augmentation de la température et sélection de la résistance aux antibiotiques en environnement aquatique.....	187
Association de <i>Vibrio harveyi</i> avec la mortalité massive de mulets dans la baie de Dakhla au sud marocain.....	188
Réponses couplées des compartiments above- et belowground aux feux de végétation dans les landes armoricaines	189
Réutilisation des eaux usées pour l'irrigation des cultures : devenir de <i>Clostridioides difficile</i> et <i>Clostridium perfringens</i> dans les sols et végétaux	190
Flux de paramètres biogéochimiques le long des gradients spatio-temporels fluviaux : indicateurs pour la surveillance des réseaux urbains	192
Effets d'une exposition chronique au fluorure de sodium ou au tébuconazole sur les microbiotes de la truite arc-en-ciel (<i>Oncorhynchus mykiss</i>).....	193
Impact des microplastiques sur la biodégradation du 2,4-D dans le sol.....	195
Réassemblage des communautés microbiennes lors du dégel de tourbières à pergélisol : impact sur la minéralisation de la matière organique	196

COMMUNICATIONS ORALES

Session 1 : Écologie des communautés microbiennes

Déconvolution des mélanges de communautés bactériennes aux exutoires des bassins versants par définition d'empreintes ADN indicatrices de l'origine de l'eau

(Co) auteur(s) : Adrien C.M. POZZI^{(1)*}, Angélique DOMINGUEZ-LAGE⁽¹⁾, Baptiste LUTON⁽¹⁾, Laurence MARJOLET⁽¹⁾, Delphine MOUNIÉE⁽¹⁾, Emmanuelle BERGERON⁽¹⁾, Véronica RODRIGUEZ-NAVA⁽¹⁾, Emmanuelle DANTY-BERGER⁽¹⁾, Matthieu MASSON⁽²⁾, Cécile MIÈGE⁽²⁾, Marina COQUERY⁽²⁾, Pauline DUSSEUX⁽³⁾, Nicolas ROBINET⁽³⁾, Olivier GRANDJOUAN⁽²⁾, Mickaël LAGOUY⁽²⁾, Flora BRANGER⁽²⁾, Wessam GALIA⁽¹⁾, Benoit COURNOYER⁽¹⁾

(Co) auteur(s) : ⁽¹⁾Université Claude Bernard Lyon 1, UMR Ecologie Microbienne - Lyon, CNRS 5557, INRAE 1418, VetAgro Sup, "Bacterial Opportunistic Pathogens and Environment" (BPOE) research group, 69280 Marcy L'Etoile, France ; ⁽²⁾UR RiverLy, INRAE Centre Lyon-Grenoble Auvergne-Rhône-Alpes, 69625 Villeurbanne Cedex, France ; ⁽³⁾Univ. Grenoble Alpes, UMR PACTE, 38000 Grenoble, France.

* adrien.meynier_pozzi@vetagro-sup.fr

Mots-clés : indicateurs bactériens, communauté bactérienne aquatique, dynamiques source-puits microbiennes, bassin versant à usages mixtes, ruisseaux intermittents

Résumé :

Contexte

Dans les hydrossystèmes à écoulement intermittent, les communautés microbiennes sont soumises à des perturbations récurrentes liées à l'hétérogénéité des usages du sol (urbain, agricole, forestier) et des apports issus des réseaux anthropiques (égouts, ruisselements des routes). Les épisodes de pluie induisent des transferts importants de matières organiques, nutriments, et micro-organismes. Toutefois, les trajectoires des communautés bactériennes depuis les têtes de bassin et réseaux vers les exutoires restent mal connues. Mieux comprendre les sources et trajectoires des bactéries est essentiel pour anticiper les impacts des pluies sur l'état écologique des cours d'eau.

Objectifs

Trois objectifs ont guidé ce travail : (i) caractériser les communautés bactériennes des têtes de bassin selon l'usage du sol (forêt, agriculture, urbain) et les sources anthropiques (ruisselement, eaux usées), (ii) évaluer l'effet du régime de précipitations (saisonnalité et intensité des pluies) sur la composition des communautés à l'exutoire, et (iii) estimer les apports relatifs de chaque source dans les assemblages de communautés aval, puis les comparer à ceux prédis par des modèles hydrologiques et géochimiques, pour évaluer la cohérence entre signaux microbiologiques, hydrologiques et chimiques.

Matériel et Méthodes

Le suivi a été mené sur les cours d'eau intermittents du Ratier et du Mercier (bassin versant de l'Yzeron, observatoire OTHU). Sept têtes de bassin (cours d'eau de premier ordre) ont été définis selon l'usage dominant : forestier, agricole ou résidentiel, complétés par deux sources anthropiques (ruisselement

routier, eaux d'égout unitaire). Cinq épisodes pluvieux ont été analysés (hivernaux majeurs et mineurs, orages estivaux). L'ADN bactérien extrait de 127 échantillons a été analysé par méta-code-barre des gènes codant l'ARNr 16S (rss) et la méthyle transférase TPMT (tpm). La diversité, la structure de communauté, et les taxons indicateurs des sources ont été décrits. Les contributions bactériennes des sources ont été estimées (FEAST), puis comparées aux mélanges estimés par les modèles hydrologique (J2000P) et géochimique (MixSIAR).

Résultats et Discussion – Structuration microbienne et diversité

Les communautés bactériennes différaient selon l'usage du sol. Les têtes de bassin forestières étaient dominées par des genres liés au sol et à la dégradation de la matière organique, tandis que celles agricoles et urbaines hébergeaient des assemblages plus diversifiés, avec des taxa indicateurs d'influence anthropique. Les eaux de ruissellement et d'égout avaient les signatures les plus spécifiques, incluant des espèces anaérobies, pathogènes opportunistes, ou formant des biofilms. Le gène tpm a révélé une richesse plus élevée dans les sources urbaines ou anthropisées que le gène de l'ARNr 16S, soulignant son intérêt pour suivre des groupes d'intérêt en santé publique.

Résultats et Discussion – Effet des pluies et contributions aux exutoires

Aux exutoires, les communautés bactériennes variaient surtout selon le type de pluie, pas selon le ruisseau. Les orages estivaux ont entraîné une hausse de certaines espèces associées aux eaux rejets anthropiques (*Aeromonas*, *Pseudomonas*, et *Xanthomonas spp.*), corrélée à des pics de nutriments (NH_4^+ , PO_4^{3-} , NO_2^-). Les apports bactériens urbains restaient stables, tandis que ceux d'origine agricole ou forestière étaient plus importants en hiver. Les sources étudiées expliquaient en moyenne 60 à 70% des assemblages bactériens aux exutoires. Les 30 à 40 % restants pourraient provenir de réservoirs non échantillonnés (sédiments, biofilms, ruissellement diffus).

Résultats et Discussion – Comparaison avec les modèles hydrologiques et géochimiques

Les apports bactériens forestiers étaient bien corrélés aux modèles hydrologique et géochimique, reflétant un transfert dominé par les flux d'eau. À l'inverse, les apports bactériens urbains, du ruissellement ou des eaux usées, étaient sous-estimées par le modèle géochimique, et souvent non corrélées au modèle hydrologique. Ces écarts traduisent l'effet de processus microbiens (rétenzione, transformation, adsorption, resuspension) absents des modèles de mélange à traceurs conservatifs. L'approche microbienne a ainsi révélé des dynamiques bactériennes décorrélées des flux massiques, offrant une lecture complémentaire des transferts dans les hydrosystèmes mixtes.

Conclusions et Portée

Cette étude montre la forte sensibilité des communautés bactériennes des cours d'eau intermittents à l'usage du sol et aux événements hydrologiques. Les signatures bactériennes permettent d'identifier les sources dominantes selon le contexte pédoclimatique. Les zones urbaines apparaissent comme des contributeurs microbiens constants, indépendamment de la saison, tandis que les apports agricoles et forestiers sont plus variables. L'intégration des données microbiologiques dans les dispositifs de surveillance des hydrosystèmes permettrait d'anticiper les pics de risque écologique ou sanitaire liés aux épisodes pluvieux extrêmes, dans un contexte de changement global.

Mise en évidence d'une régulation virale dans la dynamique des populations bactériennes impliquées dans le turnover de la matière organique *in situ*

Domitille JARRIGE*(1), Nicolas GINET (2), Olivier RUÉ (3)(4), Mireille ANSALDI (2),

Eric DUGAT-BONY (5), Valentin LOUX (3)(4), Pierre-Alain MARON (1), Sébastien TERRAT (1)

*e-mail : domitille.jarrige@inrae.fr

(1) Agroécologie, Institut Agro Dijon, INRAE, Université Bourgogne Europe, F-21000 Dijon, France

(2) Phage cycle and bacterial metabolism – Laboratoire de Chimie Bactérienne – UMR7283 CNRS/Aix-Marseille Université, Marseille, France

(3) Université Paris Saclay, INRAE, MalAGE, Jouy-en-Josas, France

(4) INRAE, BioinfOmics, MIGALE bioinformatics facility, Université Paris-Saclay, Jouy-en-Josas, France

(5) Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, UMR SayFood, Palaiseau, France

Mots-clés : Virus, microbiote du sol, induction, bactériophages, métagénomique

Résumé :

Les communautés microbiennes du sol sont sensibles aux activités humaines, comme les pratiques agricoles. Il a ainsi été démontré que ces communautés microbiennes étaient influencées par l'historique du mode d'usage *in situ*, sur deux parcelles adjacentes aux modes d'usages contrastés (site expérimental de Lusignan, culture établie depuis 20 ans, prairie depuis 17 ans). Par metabarcoding¹, des différences dans les dynamiques des populations bactériennes, archéennes et fongiques ont été mises en évidence. Afin d'étudier la réponse globale de l'ensemble des microorganismes à ADN du sol et leurs fonctions, une seconde analyse par métagénomique shotgun a été menée sur les mêmes échantillons. En exploitant tout d'abord l'information taxonomique portée par les lectures obtenues, celle-ci a permis de mettre en lumière une augmentation de certains groupes bactériens et eucaryotes peu après l'amendement, et parallèlement une augmentation soudaine et marquée de séquences virales².

Pour aller plus loin dans la caractérisation écologique de ces populations virales et bactériennes, un co-assemblage des échantillons a été effectué, permettant d'obtenir environ 18 millions de contigs d'au moins 1000 pb, dont plus de 300 000 potentiels contigs viraux. Ces séquences extrêmement diverses comprennent de nombreux taxons viraux peu étudiés, soulignant l'étendue de la diversité encore non-explorée dans les sols et le défi de leur analyse taxonomique³.

Au sein de ces contigs viraux putatifs, ceux relativement longs et fiables et avec une prédiction d'hôte bactérien ont été sélectionnés pour être étudiés plus en détail. Par le calcul de ratios d'abondance virus/hôte potentiel au cours de la cinétique, nous avons pu mettre en évidence plusieurs stratégies écologiques probables de certains virus. Des bactériophages présentent par exemple une abondance relative fortement augmentée suggérant une dynamique '*kill-the-winner*', d'autres, au contraire, semblent conserver des niveaux d'abondance proportionnels à leur hôte en accord avec le modèle '*piggyback-the-winner*' typique des phages tempérés.

Ces résultats constituent un des premiers indices d'un possible rôle régulateur des virus sur les communautés bactériennes du sol, suite à l'ajout de matière organique, au terrain. Ils soulignent l'utilité

de prendre en compte toutes les entités biologiques lors de l'étude des communautés microbiennes impliquées dans le cycle du carbone. Enfin, ils donnent un aperçu de la grande diversité des virus telluriques, qui mériteraient d'être davantage étudiés.

1. Tardy, V. et al. Land use history shifts in situ fungal and bacterial successions following wheat straw input into the soil. *PLOS ONE* 10, e0130672 (2015).
2. Jarrige, D. et al. Metagenomics reveals contrasted responses of microbial communities to wheat straw amendment in cropland and grassland soils. *Sci. Rep.* 15, 14723 (2025).
3. Panigrahi, S., Ansaldi, M. & Ginet, N. HieVi: Protein Large Language Model for proteome-based phage clustering. Preprint at <https://doi.org/10.1101/2024.12.17.627486> (2024).

La diversité cachée des protistes hétérotrophes dans les biofilms marins : variabilité spatio-temporelle et rôles fonctionnels

(Co) auteur(s) : Aurélie Portas (1,2), Nolwenn Quillien (1), Guillaume Damblans (1), Jean-François Briand (2)

aurelie.portas@france-energies-marines.org

1France Energies Marines, Plouzané, France

2MAPIEM, Université de Toulon, Toulon, France

Le déploiement des Énergies Marines Renouvelables (EMR), telles que les éoliennes offshore (flottantes ou posées), les hydroliennes ou les dispositifs houlomoteurs, entraîne l'implantation de structures immergées dans des zones jusqu'alors dépourvues de substrats durs. Ces infrastructures artificielles introduisent de nouveaux habitats propices à la colonisation d'organismes, en particulier dans les environnements dynamiques que sont les zones offshores. Elles favorisent ainsi l'établissement rapide de biofilms marins, constituant un mode de vie privilégié pour les communautés. Ces structures tridimensionnelles, dont la cohésion est assurée par une matrice constituée de substances polymériques extracellulaires (EPS), sont très diversifiées. Si la majorité des études se concentrent sur les communautés bactériennes ; les microeucaryotes et en particulier les protistes hétérotrophes, restent largement sous étudiés notamment dans les biofilms marins. Pourtant, ces derniers remplissent des fonctions clés dans la structuration des réseaux trophiques, la régulation des communautés et la transformation de la matière organique.

Dans cette étude, un dispositif expérimental a été mis en place sur quatre sites côtiers et offshore en Méditerranée et en Atlantique (Basse des Chats, Groix Belle-Île, Cap Couronne et Leucate). Des plaques PVC ont été récupérées après 3, 6, 12 et 24 mois d'immersion. Les biofilms ont été analysés par metabarcoding en ciblant l'ADNr 18S avec une attention particulière sur les protistes hétérotrophes. Des approches multivariées (NMDS, db-RDA, partionnement de la variance) ont été utilisées pour identifier les facteurs qui structurent la diversité observée, tandis qu'une analyse fonctionnelle a été effectuée pour explorer les rôles écologiques des protistes identifiés. Cette approche fonctionnelle s'appuie sur les travaux de Ramond et al., (2019), qui a permis d'annoter 14 traits fonctionnels.

Les résultats révèlent une forte variabilité spatio-temporelle de la richesse et de la composition des communautés. Le nombre de taxa de protistes hétérotrophes était plus élevé au site de Basse des Chats après 6 mois d'immersion, ainsi qu'à Leucate à 3 et 24 mois. À l'inverse, des valeurs plus faibles ont été observées à Cap Couronne et Groix Belle-Île, notamment pour les périodes initiales (3 et 6 mois). La structure des communautés était influencée selon le site et la temporalité avec une influence significative des facteurs environnementaux. La variance expliquée a montré que les variables physico chimiques expliquent à elles seules 52,7% de la variabilité, suivie des facteurs hydrodynamiques (19,1 %) tels que les vagues et les courants marins.

Sur le plan fonctionnel, les protistes identifiés au sein des biofilms présentaient une large gamme de stratégies écologiques, dont la répartition variait selon les sites et les temps d'immersion. Par exemple, à Cap Couronne, les premiers stades (3 mois) étaient dominés par les Gregarines (Gregarinomorphae), notamment les genres *Ganymedes* et *Heliospora*, regroupant principalement des parasites d'invertébrés. À l'opposé, sur les sites Atlantiques de Basse des Chats et Groix Belle-Île, les communautés initiales présentaient une dominance de Dinophyceae mixotrophes (*Lingulodinium*, *Gonyaulax*, *Pelagodinium*). Ces organismes se distinguent par leur capacité à combiner la photosynthèse et la phagotrophie en leur

conférant une flexibilité trophique qui favorise leur succès dans les premiers stades de colonisation. Cette composition évolue ensuite vers une dominance d'hétérotrophes stricts, incluant des ciliés (*Pseudocollinia*), des protistes flagellés (*Protaspa*) et d'autres Dinophyceae parasites (*Chytriodinium*). À Leucate, les Stramenopiles pico-

eucaryotes appartenant aux clades MAST, notamment MAST-9A et MAST-9C, étaient abondants à 3 mois. Ces protistes de très petite taille sont des phagotrophes stricts, se nourrissant essentiellement de bactéries. Cette colonisation est suivie d'une augmentation progressive des Dinophyceae parasites, principalement des Syndiniales, groupe spécialisé dans le parasitisme d'autres protistes ou de métazoaires planctoniques.

Cette étude met en évidence la diversité des communautés de protistes au sein des biofilms marins notamment dans des environnements offshores encore peu explorés. En combinant des approches taxonomiques et fonctionnelles, elle permet de révéler le rôle écologique majeur des protistes hétérotrophes dans la dynamique des biofilms.

Mots-clés : micro-eucaryotes, biofilms, metabarcoding, diversité, fonction

Succession écologique et altérations fonctionnelles des communautés microbiennes périphytiques en milieu périurbain soumis a des pollutions épisodiques d'origine domestique.

(Co) auteur(s) : Angélique DOMINGUEZ-LAGE * (1), Wessam GALIA(1), Cécile MIEGE (2), Baptiste LUTON (1), Amandine DAVAL (2), Laurence MARJOLET (1), Sihem GUESMI (1), Adrien CM POZZI (1), and Benoit COURNOYER (1)

(Co) auteur(s) : (1) Université Claude Bernard Lyon 1, UMR Ecologie Microbienne, CNRS 5557, INRAE 1418, VetAgro Sup, 69280 Marcy L'Etoile; (2) INRAE, UR RiverLy, 69625 Villeurbanne, France.

*angélique.dominguez_lage@vetagro-sup.fr

Mots-clés : *bassin versant péri-urbain ; périphyton ; polluants, MST-qPCR; métabarcoding ADN*

Résumé :

Contexte

Le périphyton, qui se développe sur les surfaces immergées des milieux aquatiques, présente une grande diversité microbienne. Son organisation est fortement influencée par les gradients environnementaux (physico-chimiques, hydrologiques, trophiques) et les pressions anthropiques locales. Les rejets urbains de temps de pluie (RUTP) peuvent entraîner des transferts massifs de microorganismes exogènes vers les cours d'eau. Ces apports peuvent induire des remplacements d'espèces dans les périphytots et modifier leurs fonctions écologiques. Cependant, les dynamiques spatio-temporelles des périphytots en réponse à ces perturbations restent peu documentées.

Objectifs

Cette étude avait pour objectifs : (i) d'évaluer la capacité d'un substrat artificiel à base de billes d'argile (CBAS) à suivre les stades de développement du périphyton, et (ii) de caractériser les impacts des RUTP sur les assemblages microbiens et leurs fonctions écologiques.

Matériel et Méthodes

Les CBAS ont été immergés dans le cours d'eau Ratier (bassin versant de l'Yzeron, site OTHU) pendant 10 semaines. Des analyses qPCR de type "Microbial Source Tracking" (MST) ont permis d'identifier l'origine des contaminations fécales (humaine, bovine, équine) apportant une vision générale de l'impact des RUTP. Des suivis hebdomadaires de la composition microbienne des périphytots CBAS, des périphytots naturels et des eaux de surface par qPCR (bactéries, champignons, micro-eucaryotes, micro-algues) et métabarcoding (gène 16S rRNA) ont été effectués et complétés par un suivi hydrologique et physico-chimique du cours d'eau. Le développement des périphytots CBAS a aussi été évalué par des mesures de protéines totales et d'activités hydrolytiques et déshydrogénases (tests FDA, INT). Des échantillonneurs intégratifs de composés organiques polaires (POCIS) ont été utilisés pour détecter par spectrométrie de masse 52 contaminants chimiques associés aux rejets domestiques (40 pharmaceutiques et 12 pesticides). Des analyses FEAST (Fast Expectation Maximisation Source Tracking) des séquences d'ADN produites dans cette étude ont permis d'inférer l'origine des taxa

observés (pérophyton naturel, eau de surface). L'assignation taxonomique des séquences d'ADN a été utilisée pour inférer (outil faprotax) les dynamiques fonctionnelles opérant dans les pérophytons en fonction des stades de développement.

Résultats

Les analyses MST ont révélé une omniprésence de contaminations fécales, avec des marqueurs spécifiques d'origine humaine, issus des eaux usées, ainsi que d'origine ruminante. Les concentrations en contaminants chimiques (125 ng/l à 512 ng/l) ont confirmé la présence de rejets domestiques. Le débit moyen du Ratier était de 38 L/s, mais dépassait les 1000 L/s lors des épisodes de pluie. Les fortes charges de produits pharmaceutiques et pesticides coïncidaient avec les temps de pluie et RUTP, et étaient associées à des teneurs élevées en marqueurs bactériens humains et d'égouts (MST). Les pérophytons CBAS en phase de développement primaire présentaient une teneur en protéines plus faible mais une activité respiratoire INT plus élevée que les biofilms en phase tardive. De fortes densités bactériennes ($\sim 10^8$ copies du gène 16S rRNA/cm²) ont été observées sur les CBAS, avec un ratio stable d'environ 4 cellules microalgales pour 1000 bactéries, ainsi qu'un nombre significatif de cellules fongiques. Les analyses méta-barcoding du gène 16S rRNA ont révélé des profils distincts de diversité et de dissimilarité des ASVs entre les pérophytons CBAS en phase primaire et en phase tardive avec une stabilisation des communautés après 8 semaines d'incubation. Le suivi de l'origine des ASVs a révélé une augmentation progressive des ASV similaires à ceux des pérophytons naturels, atteignant environ 20 % dans les biofilms tardifs (initialement <1%) des CBAS, tandis que ceux référencés dans les eaux de surface diminuaient à 25 % (initialement > 65%). La structure des communautés bactériennes des CBAS et les réseaux fonctionnels inférés ont montré un fort impact des RUTP sur les assemblages observés. À partir de la huitième semaine d'incubation, les pérophytons étaient dominés par des bactéries spécialisées dans le métabolisme de l'azote : oxydants d'ammonium (*Nitrosomonas*), de nitrites (*Nitrospira*), dénitritifiants et espèces uréolytiques productrices d'ammonium, traduisant l'émergence de synergies fonctionnelles orientées vers la valorisation de l'azote issu des RUTP.

Conclusion

Les CBAS se sont révélés être des outils efficaces pour suivre le développement des pérophytons et les assemblages microbiens en réponse aux perturbations anthropiques. L'analyse des dynamiques temporelles des communautés sur ces substrats a mis en évidence l'émergence d'assemblages caractéristiques d'une forte exposition aux rejets urbains de temps de pluie (RUTP).

Réduction génomique et stratégies évolutives en milieu d'eau douce : le cas des *nanopelagicales*

Maxime ARQUE⁽¹⁾ (maxime.arque@uca.fr), Gisèle BRONNER⁽¹⁾

⁽¹⁾ Laboratoire Microorganismes : Génome environnement, 1 Imp. Amélie Murat, 63170 Aubière

Mots-clés : Actinobactéries, Écosystèmes aquatiques, Streamlining, Reine Noire (BQH), Auxotrophies

Résumé :

Les écosystèmes microbiens, qu'ils soient terrestres, marins ou d'eau douce, présentent des caractéristiques écologiques et évolutives façonnées par leur environnement spécifique. Dans les sols, qui sont des environnements hétérogènes et peu stables, les micro-organismes possèdent un grand catalogue de gènes leur conférant un potentiel adaptatif pour répondre aux propriétés physico-chimiques très variables du milieu.

Les écosystèmes aquatiques, marins comme d'eau douce, montrent quant à eux une plus grande stabilité et homogénéité, mais présentent des gradients trophiques très marqués allant des milieux riches en nutriments (eutrophes) aux milieux pauvres en ressources (oligotrophes). Ces gradients induisent des pressions sélectives qui influencent fortement la structure et le fonctionnement des communautés microbiennes. En milieu oligotrophe, il est souvent observé des bactéries de petit volume associé à une taille de génome réduite. C'est notamment le cas des genres *Ca. Pelagibacterales* (SAR11) et *Prochlorococcus* dans les environnements marins ou les *Nanopelagicales* (clade *acl*) en milieu lacustre. Ces caractéristiques sont vues comme une stratégie de réduction - *streamlining* - visant à limiter les coûts énergétiques liés à la réplication et à l'entretien du génome, tout en optimisant les échanges de nutriments via un rapport surface-volume augmenté.

Le *streamlining* se caractérise par plusieurs signatures génomiques : une teneur réduite en nucléotides GC, une faible proportion de pseudogènes et une diminution du nombre de gènes redondants associée à une simplification globale du métabolisme. Ces modifications traduisent une pression de sélection négative forte contre les fonctions non-essentielles et contre l'accumulation de séquences neutres. La réduction génomique s'accompagne souvent d'auxotrophies (incapacités à synthétiser certains composés), où certaines fonctions métaboliques sont perdues, compensées par des ressources disponibles directement dans le milieu ou « déléguées » à d'autres membres de la communauté, conformément à l'hypothèse de la reine noire (*Black Queen Hypothesis* - BQH). Cette hypothèse évolutive propose que la perte de fonctions coûteuses devienne avantageuse lorsque ces fonctions sont assurées par d'autres organismes co-occurents au sein de l'écosystème. Cependant, le contexte et les conséquences de la réduction génomique notamment dans le cadre de la BQH restent peu comprises. D'un côté, une réduction modérée semble favoriser l'efficacité énergétique et la croissance dans des environnements stables et pauvres en ressources. D'un autre, des pertes fonctionnelles trop importantes peuvent,

limiter la plasticité métabolique des individus, ce qui peut pénaliser leur fitness, les rendant plus vulnérables aux fluctuations environnementales.

Dans ce contexte, il apparaît intéressant d'évaluer dans quelle proportion le *streamlining* et/ou la *BQH*, permettent d'expliquer la diversité des stratégies évolutives empruntés par les taxa à génomes réduits. L'objectif de l'étude proposée ici est de déterminer si la réduction des génomes dans différents « clades *streamlined* » dérivant d'un ancêtre commun proche résulte de processus convergents de rationalisation génomique, ou de trajectoires évolutives distinctes selon des facteurs sous-jacents qui restent à être identifiés.

Notre modèle d'étude est constitué de bactéries d'eau douce appartenant au phylum des *Actinobacteria*, classe *Actinomycetes*, affiliées aux ordres des *Nanopelagicales*, *UBA12327* et *S36-B12*. L'ordre des *Nanopelagicales* est caractérisé par des génomes très réduits (1,4 Mbp en moyenne), une teneur en GC comprise entre 40-46 %, et une faible proportion de pseudogènes. Les clades frères que sont l'ordre *UBA12327* et la famille *UBA5976* (ordre *S36-B12*), possèdent des tailles génomiques semblables (respectivement 1,5 et 1,6 Mbp) bien que présentant un GC % légèrement supérieur, suggérant l'existence de trajectoires évolutives différencierées au sein de ce phylum.

L'approche adoptée repose sur l'analyse comparative de 268 génomes issus de culture et de MAGs (génomes assemblés à partir de métagénome), ainsi que de données métagénomiques publiques (49 métagénomes) incluant des échantillons issus de différents écosystèmes d'eau douce. Nous caractérisons en particulier le répertoire fonctionnel de ces différents clades afin de préciser i) la chronologie et la spécificité des gains et pertes de gènes associés à la réduction de ces génomes, ii) l'apparition et le partage (ou non) d'auxotrophies en lien avec la répartition de ces clades dans différents écosystèmes.

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

Sandrine BESSETTE *(1), Chloé PAZART (2), Alina TUNIN-LEY (3), Jean TURQUET (3), Gaël LE PENNEC (4), Elisa CATÃO (1), Karine LEMARCHAND (2), Jean-François BRIAND (1)

(1) Université de Toulon, MAPIEM, Toulon, France ;(2) ISMER, Université du Québec à Rimouski, Canada; (3) CITEB/c/o CYROI, Sainte Clotilde, La Réunion, France ;(4) Université de Bretagne-Sud, LBCM, Lorient, France

**Orateur: BESSETTE Sandrine, sandrine.bessette@hotmail.fr*

Mots clés : Biofilms marins; biofouling; transplantation; mésocosme; métabarcoding

Résumé :

La colonisation biologique naturelle et progressive des surfaces immergées en milieu marin, ou biofouling marin, est à l'origine de nombreux effets néfastes sur les navires, les équipements et les structures océanographiques, entraînant d'importants dommages avec des conséquences économiques et écologiques. Outre la multiplication des pressions anthropiques et le réchauffement des océans, le contexte actuel de mondialisation du transport maritime multiplie aussi les voies d'introduction et le risque de transfert d'espèces indésirables, notamment via le biofouling sur les coques des navires.

Dans le cadre du projet ANR-FRQ PAINTS, cette étude vise à estimer le risque de transfert d'espèces exotiques via une expérimentation originale et novatrice de transplantations de revêtements avec et sans revêtements antifouling (AF) après une colonisation dans cinq sites d'immersion aux caractéristiques physico-chimiques, biologiques et sociétales contrastées : Sept-îles (Qc, Canada), Rimouski (Qc, Canada), les rades de Lorient et Toulon (France), La Réunion (département-région d'outre-mer français). Les sites récepteurs correspondent à des voies de navigation possible entre ces cinq sites. Cette approche réalisée en mésocosmes a permis de caractériser les communautés microbiennes composant les biofilms marins (cytométrie en flux et metabarcoding des gènes de l'ADNr 16S et 18S). Une différence significative de la diversité spécifique et une structuration des communautés microbiennes des biofilms entre site ont été observées. Cette étude a également montré une persistance des communautés microbiennes d'origine après 15j dans les sites receveurs pour tous les sites indiquant une communauté possible résistante à la compétition d'un site à l'autre, par conséquent susceptibles de présenter un risque de transfert inter-sites et donc d'invasion biologique dans un nouveau milieu.

Exploration de la diversité des communautés hyperthermophiles de sources hydrothermales profondes et de l'interaction microorganisme-minéral en conditions expérimentales par utilisation de bioréacteurs gaz-lift

Sébastien LE GUELLEC¹, David X. FRANÇOIS², Ewan PELLETER³, Cyril NOEL⁴, Françoise LESONGEUR², Johanne AUBÉ², Nicolas GAYET², Yves FOUQUET³, Anne GODFROY² & E.G. ROUSSEL²

(Adresse mail : sebastien.leguellec@univ-brest.fr)

(1) *Univ Brest, CNRS, IFREMER, EMR 6002 BIOMEX, IRP 1211 MicrobSea Unité Biologie et Ecologie des Ecosystèmes Profonds BEEP, F-29280 Plouzané, France*

(2) *Univ Brest, IFREMER, Unité Biologie et Ecologie des Ecosystèmes Profonds BEEP, F-29280 Plouzané, France*

(3) *Geo-Ocean, UMR 6538 Ifremer, Université de Bretagne Occidentale, CNRS, F-29280 Plouzané, France*

(4) *IFREMER, IRSI, SeBiMER Service de Bioinformatique de l'Ifremer, F-29280 Plouzané, France*

Mots-clés : Bioréacteur Gas-lift ; Cheminées hydrothermales ; Hyperthermophiles ; archées ; Interaction biosphère-géosphère

Résumé :

Les sources hydrothermales océaniques sont caractérisées par la formation de dépôts de sulfure massif d'associations minéralogiques complexes qui résultent de l'interaction du fluide hydrothermal chaud, acide et réduit avec l'eau de mer froide et oxique. Cette grande diversité minéralogique est principalement contrôlée par la précipitation des différentes phases minérales dans ce gradient physico-chimique. Ces structures minéralogiques (appelées cheminées hydrothermales) constituent ainsi une multitude de microenvironnements dynamiques et fluctuants dans l'espace et dans le temps, favorables au développement d'une riche diversité de micro-organismes possédant des voies métaboliques spécifiques. Ces micro-organismes sont à l'interface entre la géosphère et la biosphère, notamment dans la niche écologique abritant les hyperthermophiles qui demeure encore mal caractérisée. En effet, ces écosystèmes sont difficiles d'accès, avec des échantillonnages de ces micro-habitats compliqués à réaliser. D'autre part, les études autoécologiques de modèles biologique au laboratoire ne permettent pas non plus de tenir compte de l'ensemble des interactions biotiques et abiotiques présentes au niveau des communautés de ces écosystèmes. Ainsi, la compréhension de l'effet des conditions physico-chimiques sur les processus à une petite échelle est encore difficile et nécessite la mise en œuvre d'approches expérimentales innovantes. C'est la raison pour laquelle nous avons travaillé en mésocosme en utilisant un bioréacteur Gas-lift qui permet un suivi temporel fin dans des conditions contrôlées.

Sept cultures d'enrichissement en bioréacteurs Gas-lift ont été réalisées dans les mêmes conditions (80 °C sous un balayage gazeux N₂/H₂/CO₂ (75:20:5)) à partir d'échantillons prélevés sur la ride médio-atlantique sur trois champs hydrothermaux (Lucky Strike, Snake Pit et TAG) lors de 6 campagnes océanographiques entre 2014 et 2019. Pour trois d'entre elles, des approches innovantes de colonisation *ex situ* de substrats naturels de sulfures massifs ont été réalisées grâce à des incubations de sections polies. L'utilisation de fluide hydrothermal non filtré, utilisé pour la première fois comme inoculum et base minérale et avec un renouvellement plus lent (20 mL h⁻¹), a permis l'enrichissement de nombreuses Archaea. En plus des micro-organismes habituellement détectés dans les échantillons bruts et enrichis dans des cultures en continu (*Thermococcales*, *Archaeoglobales*), des phylotypes jusqu'ici non détectés dans les inventaires moléculaires et affiliés aux phylums *Aenigmarchaeota* et *Nanoarchaeota* ont été enrichis. Malgré leur absence dans les inventaires moléculaires, ces derniers semblent être ubiquistes de ces environnements. Pour la première fois en culture en continu, des méthanogènes ont également été enrichis. Leurs enrichissements dans les incubations de Snake Pit pourraient résulter de condition plus réductrice de ces environnements par rapport aux sites de Lucky Strike et de TAG. Inversement l'enrichissement des micro-aérophiles *Aeropyrum* sur Lucky Strike témoignerait de condition moins réductrice. Des altérations minéralogiques apparaissent très rapidement sur la surface des sections polies de sulfures massifs incubées et s'accompagnent de dépôts de sel en surface. La colonisation de ces altérations minéralogiques par des micro-organismes est très lente et de l'ordre de quelques jours. Aucun d'enrichissement spécifique de certains phylotypes à leur surface n'a pu être mis en évidence. Il semblerait donc que ce soit plus un phénomène d'attachement opportuniste à une surface qui influence le développement des micro-organismes associés (puisque les communautés microbiennes étaient similaires entre les sections de différents sulfures). Cependant, l'attachement aux surfaces minérales permet aux micro-organismes une protection contre les perturbations environnementales. Le bioréacteur Gas-lift pour des cultures en continu est un outil qui permet d'accéder à une diversité microbienne jusqu'ici inconnue et de tester les variations des conditions physico-chimiques sur cette diversité.

Eléments génétiques mobiles en milieu côtier : qui sont leurs hôtes ?

Hugo DORÉ (hugo.dore@univ-brest.fr) (1), Pauline LARROUS (2), Sébastien RAGUIDEAU (3), Clarisse LEMONNIER (1), Johanne AUBÉ (1), Morgan PERENNOU (4), Erwann VINCE (1), Christine PAILLARD (4), Christopher QUINCE (3), Romain KOSZUL (2), Martial MAR-BOUTY (2) et Loïs MAIGNIEN (1)

(1) *Laboratoire Biologie et Ecologie des Ecosystèmes marins Profonds (BEEP), Univ Brest, Ifremer, F-29280 Plouzané, France* ;

(2) *Institut Pasteur, CNRS UMR 3525, Université Paris Cité - Unité Régulation Spatiale des Génomes, 75015 Paris, France* ;

(3) *Organisms and Ecosystems, Earlham Institute, Norwich, Royaume-Uni* ;

(4) *Laboratoire des Sciences de l'Environnement Marin (LEMAR), UMR CNRS 6539, Institut Universitaire Européen de la Mer, Plouzané, F-29280, France*

Mots-clés :

Eléments génétiques mobiles ; Métagénomique ; HiC ; Environnement côtier ; bactéries marines

Résumé :

Quelle est la dynamique des éléments génétiques mobiles (EGM) dans l'environnement ?

Les EGM (plasmides, virus, etc.) influent sur la biologie et l'écologie des microorganismes, en régulant leurs populations et en modifiant leur métabolisme et leurs interactions avec les autres organismes. Les EGM sont notamment des vecteurs de transferts horizontaux de gènes, influant sur l'évolution des espèces bactériennes. Ils peuvent par exemple contenir des gènes codant pour des fonctions métaboliques, des toxines ou à l'inverse des gènes de résistance aux antibiotiques, conférant ainsi de nouvelles propriétés à leur hôte microbien. Aujourd'hui, l'impact des EGMs sur l'écologie et l'évolution des microorganismes demeure mal connu dans des environnements complexes comme le milieu marin.

En effet, pour des raisons techniques, les EGM sont souvent absents des analyses d'ADN environnemental, ce qui limite notre compréhension de leur distribution naturelle et de leur dynamique temporelle. En particulier, les méthodes classiques de métagénomique ne permettent pas de relier ces EGM à leurs hôtes microbiens.

La métagénomique de contact (metaHiC), basée sur un séquençage par ligation de proximité, permet de conserver l'information de la proximité physique des molécules d'ADN au sein des cellules, et ainsi d'inférer les interactions EGM/hôtes.

Depuis 2014, l'observatoire MicroBrest étudie les trajectoires éco-évolutives du plancton microbien par des approches métagénomiques, avec une fréquence d'échantillonnage mensuelle à l'entrée de la rade de Brest. Cet environnement côtier tempéré est soumis à de fortes variations saisonnières

des conditions physico-chimiques, qui ont une influence majeure sur la composition des communautés planctoniques. Deux échantillons pilotes ont été prélevés en 2021 et 2023 pour développer l'application du séquençage metaHiC aux microorganismes marins libres, avant d'intégrer cette méthode en routine à la série temporelle MicroBrest à partir de Janvier 2025.

La combinaison des dix années de données de métagénomique et de ces premiers séquençages metaHiC a permis de reconstruire les réseaux d'interaction virus-bactéries et plasmides-bactéries dans cet environnement côtier. Je discuterai des résultats obtenus sur ces échantillons pilotes couplant différentes méthodes de séquençage, et des perspectives offertes par l'utilisation de ces méthodes dans le cadre d'une série temporelle.

Session 2 : Biotechnologies microbiennes pour la durabilité

Explorer les interactions biofilm-matériau dans une perspective Antifouling durable

(Co) auteur(s) : Camille FERRE⁽¹⁾, Laurence GBAGUIDI⁽²⁾, Sonja FAGERVOLD⁽¹⁾, Alice RODRIGUES⁽¹⁾, Claire CARRION⁽³⁾, Lionel NICOLE⁽²⁾, Raphaël LAMI⁽¹⁾
camille.ferre@obs-banyuls.fr

⁽¹⁾ Sorbonne Université, CNRS, USR3579, LBBM, Observatoire Océanologique, 66650 Banyuls-sur-Mer, France ;

⁽²⁾ Sorbonne Université, CNRS, LCMCP, 4 Place Jussieu, 75005 Paris, France

⁽³⁾ CNRS, INSERM, CHU Limoges, BISCEm, UAR 2015, US 42, Univ. Limoges, F-87000, Limoges, France

Le biofouling marin, processus de colonisation biologique des surfaces immergées, constitue un modèle d'étude pertinent pour explorer les dynamiques de colonisation et de résilience des communautés microbiennes. Or, l'adhésion des organismes est conditionnée par les propriétés de surface des matériaux. Parmi celles-ci, l'énergie de surface et le module d'élasticité sont identifiés comme des facteurs déterminants dans l'établissement et le développement des biofilms. En effet, ces propriétés modulent l'interface entre les microorganismes et leur support, influençant la structure, la composition et la cohésion des communautés mais aussi leur sensibilité à des perturbations mécaniques. Ainsi, certaines stratégies visant à lutter contre le biofouling en milieu marin reposent sur ces caractéristiques : les Fouling Release Coatings (FRC) représentent une catégorie de revêtements antiallisseurs dont l'énergie de surface et le module élastique permettent de minimiser l'adhésion des organismes et de favoriser leur détachement. Contrairement aux revêtements antifouling traditionnels qui libèrent des biocides dans le milieu marin, les FRC sont considérés comme plus respectueux de l'environnement et représentent une alternative durable pour la protection des structures immergées contre le biofouling. Si leurs performances sont souvent évaluées en termes de réduction de l'enrassement, ces revêtements constituent également une opportunité pour interroger le rôle des propriétés de surface dans la structuration, la composition et le comportement des communautés microbiennes.

Afin de mieux comprendre les réponses microbiennes à des conditions d'adhésion défavorables, des réseaux organiques/inorganiques interpénétrés (RIP) hydrophobes à base de tétrafluoroéthyl méthacrylate (TFEMA) ont été conçus pour minimiser l'adhésion et favoriser le détachement des organismes marins grâce à leurs propriétés de surface. Un revêtement antifouling commercial à base de PDMS a été utilisé comme référence industrielle. Ces substrats ont été immergés pendant six mois dans de l'eau de mer naturelle afin de favoriser le développement de biofilms matures. A l'issu de cette incubation, un dispositif de rotor a été employé afin de soumettre les surfaces colonisées à une contrainte hydrodynamique, simulant des conditions de détachement dans un contexte antifouling. Les échantillons ont été analysés en combinant des techniques de microscopie, de métabarcoding et de métabolomique afin d'évaluer la composition des communautés colonisatrices et leur état physiologique mais aussi d'étudier leur capacité de rétention sous contrainte mécanique. Cette approche multi-échelle a révélé la croissance de communautés microbiennes hautement diversifiées, avec des réorganisations communautaires et

structurelles après l'application d'une contrainte hydrodynamique de faible intensité. De plus, des profils métabolomiques contrastés entre les types de revêtements ont été observés, suggérant des stratégies d'ancrage différencierées et traduisant des états physiologiques distincts au sein des biofilms. Ainsi, cette étude contribue à enrichir notre compréhension des interfaces entre biofilm et matériau en milieu marin.

Mots-clés : biofouling, communautés microbiennes, surfaces hydrophobes, Fouling Release Coatings (FRC)

Are Bioactive Molecules in Thermal Waters Revolutionizing Cosmetic Products ?

Zeina BOURHANE (zeina.bourhane@univ-pau.fr), Cristiana CRAVO-LAUREAU, Marine MESLIER, Hervé PINALY, Robert DURAN, Hugues PREUD'HOMME

Université de Pau et des Pays de l'Adour, UPPA, CNRS, IPREM, Pau, France

The management and conservation of natural resource is a global challenge to promote environmental and economic sustainability. Pyrenees region is rich in thermal springs with recognized therapeutic properties. These sulfurous waters are distinguished by their varied physical and chemical characteristics, as well as the presence of ions and minerals with interesting effects. However, the microbiome and bioactive metabolites present in these waters and their possible effects on the skin are unknown. Our aim is to characterize the microbial community and their relative metabolites in different thermal waters in the Pyrenees. Finally, the transfer of this scientific knowledge to local cosmetic companies and SPAs will help develop innovative and sustainable dermo-cosmetic products that promote the revitalization of the region.

Samples were collected from 11 thermal sites across the Pyrenean region. Chemical, molecular (16S rRNA gene metabarcoding) and metabolomic approaches were combined in order to have a comprehensive understanding of microbiome functionality in thermal waters. Physicochemical parameters, including temperature, pH, salinity, conductivity, and redox potential, were measured. Additionally, the concentrations of ions and minerals were analyzed in the collected water samples. Microbial community composition and diversity were determined. Bioinformatic and statistical analysis allow to characterize the community. Metabolites were analyzed by using a synergic non-targeted approach with UHPLC (1D and 2D) ESI-timsTOF and by direct infusion on ESI-FTICRMS (12T), both from Bruker Daltonics, to highlight the metabolome of interest by high-resolution profiling.

The microbial communities of thermal water samples were dominated by sulfur-oxidizing bacteria affiliated to *Thiothrix*, *Sulfuricurvum*, *Acinetobacter* and *Limnobacter* genus. Non-metric multidimensional scaling (NMDS) analysis revealed that microbial community diversity was shaped by physicochemical factors such as pH, temperature and chemical ion composition. Linear discriminant analysis effect size (LEfSe) showed a significant difference in taxa abundance according to each thermal water. The characterized metabolites belong to the sterol, organic acid, and fatty acid families. Metabolites with anti-inflammatory and therapeutic potential were identified and linked to specific microbial genera. Glucuronic acid was associated with the *Flavobacterium* genus, phenylglyoxylic acid with *Bacillus*, and hexadecanoic acid with *Thiothrix*. These findings highlight the potential relevance of these bioactive metabolites for further use in cosmetic formulations.

Mots clés : Thermal water - Microbiome - Metabolites - Cosmetics

The CARUSO EFA085/01 project (€1,054,799) is 65% co-financed by the European Union through the Interreg VI-A Spain-France-Andorra program (POCTEFA 2021-2027). The objective of POCTEFA is to strengthen the economic and social integration of the Spain-France-Andorra border area.

Influence de *Candidatus Accumulibacter* sur la formation et la stabilité de granules aérobies

Laëtitia CARDONA⁽¹⁾, Aline ADLER⁽¹⁾, Jaspreet SINGH SAINI⁽¹⁾, Pilar Natalia RODILLA RAMIREZ⁽¹⁾, Christof HOLLIGER⁽¹⁾

⁽¹⁾EPFL - Ecole Polytechnique Fédérale de Lausanne, Laboratoire de Biotechnologie Environnementale, Lausanne, Suisse

Mots-clés : organismes accumulateurs de phosphate ; organismes accumulateurs de glycogène ; *Azonexus*, *Contendobacter* ; métatranscriptomique

Résumé :

Le traitement des eaux usées est nécessaire pour limiter la contamination des écosystèmes récepteurs. Par exemple, le relargage excessif de nutriments tels que l'azote et le phosphore peut entraîner l'eutrophication, développement disproportionné d'algues et de plantes, appauvrissant l'eau en oxygène conduisant à la mort des organismes aquatiques.

Le traitement biologique du phosphate inorganique repose sur l'enrichissement de microorganismes accumulateurs de phosphate (OAP). Parmi ces microorganismes *Candidatus Accumulibacter*, nommé *Accumulibacter* par la suite, est omniprésent dans ces stations. C'est aussi un organisme modèle pour l'étude du métabolisme du stockage du phosphate malgré l'absence de culture pure.

Accumulibacter est souvent retrouvé dans les procédés de boues granulaires aérobies, où la biomasse forme naturellement un biofilm en forme de granule. Ces procédés ont l'avantage de concentrer la biomasse réduisant la taille des bassins de traitements. La formation du biofilm permet aussi une meilleure interaction entre les microorganismes, conduisant à de meilleures performances. Cependant, ces procédés peuvent rencontrer des défaillances et la déformation des granules peut conduire à un lessivage de la biomasse et un arrêt du traitement.

Pour déterminer le rôle d'*Accumulibacter* dans la formation et la stabilité de ces granules, deux réacteurs de laboratoire ont été mis en place. Seule la concentration en phosphate dans le milieu d'alimentation diffère entre les deux réacteurs : une concentration élevée étant connue pour enrichir *Accumulibacter* dans la communauté microbienne (réacteur PAO-en), alors qu'une concentration faible conduit à l'enrichissement d'organismes accumulateurs de glycogène (OAG) (réacteur GAO-en).

L'analyse des performances d'éliminations des nutriments (carbone et phosphate) et de la communauté microbienne par séquençage de l'amplicon 16S (ARN et ADN) (figure 1) ont permis d'identifier les principaux acteurs et métabolismes en place dans chaque réacteur. Dans le réacteur PAO-en, *Accumulibacter* représente environ 30 % de la communauté microbienne active. Cependant, après 100 jours d'opération, l'abondance d'*Accumulibacter* diminue drastiquement pour être remplacé par *Azonexus*. Les performances d'élimination du phosphate et du carbone ont, malgré ce changement, été maintenue. Ce qui peut s'expliquer par le fait que certaines espèces

d'*Azonexus* ont été identifiées comme étant des OAP. Si la communauté microbienne est très dynamique tout le temps où *Accumulibacter* est dominant, elle se stabilise en présence d'*Azonexus*.

Dans le réacteur GAO-en, *Candidatus Contendobacter* (30 %) et *Candidatus Competibacter* (20 %) sont les plus actifs. Tous deux sont des OAG, capable d'éliminer le carbone mais pas le phosphate. Après 133 jours, la concentration de phosphate a été augmenté pour évaluer l'effet sur l'enrichissement microbien et la stabilité des granules. Après le changement, l'abondance des OAG reste similaire alors qu'*Accumulibacter*, peu présent alors dans le réacteur (5 %) augmente (15 %).

La prise d'images tout au long de l'expérience, montre une grande différence dans la formation et la morphologie des granules. Il apparaît que lorsqu'*Accumulibacter* est abondant, des granules rondes et lisses se forment et grossissent rapidement, $>1000\mu\text{m}$ en 40 jours. Quand *Accumulibacter* commence par être remplacé par *Azonexus*, les granules se désintègrent, ce qui pourrait faire partie du cycle normal de vie des granules. Cependant, lorsqu'*Azonexus* devient le microorganisme majoritaire, la biomasse forme des agrégats volumineux mais avec une propriété de sédimentation élevée évitant un lessivage de la biomasse. Enfin, la domination par des OAG entraîne une formation de granules plus lente et de plus petite taille pendant une longue période (400 μm en 40 jours) qui finissent par se regrouper et former des agrégats compacts. Le changement de milieu et l'augmentation d'*Accumulibacter* se traduit par la formation de granules plus rondes et lisses à la fin de l'expérience.

L'analyse des données métatranscriptomiques de différents moments de l'expérience, pourra aider à déterminer les métabolismes, notamment liés à la production des polysaccharides, des différentes populations microbiennes dominantes et les potentielles compositions des granules pouvant expliquer leurs diverses morphologies.

Bioremédiation de sols et sédiments contaminés par l'isoproturon et la sulfaméthazine : une approche alternative pour construire des consortiums microbiens multidégradants

Sylvia Thieffry¹, Axelle Debonnaire¹, Julie Aubert², Marion Devers¹, Fabrice Martin-Laurent¹, Laurent Philippot¹, Stéphane Pesce³, Sana Romdhane¹, Nadine Rouard¹, Mathieu Siol¹, Aymé Spor¹(ayme.spor@inrae.fr)

¹ Université Bourgogne Europe, INRAE, Institut Agro, Agroécologie, 21000 Dijon, France

² Université Paris-Saclay, AgroParisTech, INRAE, UMR MIA Paris-Saclay, 92120 Palaiseau, France

³ INRAE, UMR RiverLy, 69625 Villeurbanne, France

Mots-clés : *bioremédiation, consortium microbien, herbicide, antibiotique, dégradation*

Résumé : L'utilisation récurrente de composés xénobiotiques, tels que les pesticides issus de la synthèse chimique en agriculture conventionnelle et les antibiotiques vétérinaires utilisés en élevage ou apportés via la fertilisation organique des sols, conduit au transfert de ces composés, et/ou de leurs produits de dégradation, vers les eaux de surface et souterraines, et provoque la contamination de ces ressources naturelles. Ces xénobiotiques et leurs produits de transformation peuvent avoir des effets néfastes sur les organismes et sur les fonctions et services écosystémiques auxquels ils contribuent dans les différents compartiments de l'environnement. Par conséquent, le développement d'approches de bioremédiation, s'appuyant sur l'utilisation des capacités de biodégradation des pesticides et d'antibiotrophie de certaines guildes bactériennes pourrait être une solution innovante pour améliorer la résilience et la durabilité des agroécosystèmes en réduisant la persistance de pesticides et d'antibiotiques dans les sols agricoles et dans les cours d'eau récepteurs.

Ici, nous avons concentré nos recherches sur deux xénobiotiques utilisés dans les pratiques agricoles : un herbicide récemment interdit et encore fréquemment retrouvé dans le sol, l'isoproturon (IPU), et un antibiotique vétérinaire fréquemment détecté dans les rivières : la sulfaméthazine (SMZ). Nous présenterons une approche alternative d'ingénierie écologique de consortiums microbiens multidégradants ne nécessitant pas l'isolement et la culture au laboratoire de souches dégradantes. L'efficacité de l'inoculation de ces consortiums microbiens dans des sols et sédiments contaminés sera évaluée et les effets non-intentionnels sur la diversité et la structure des communautés autochtones seront discutés.

Session 3 : Microbiote, fonction écologique et services écosystémiques

Les microorganismes impliqués dans les émissions de méthane dans les sédiments marins côtiers avec et sans herbiers de zostères

(Co) auteur(s) : Marion Dolivet-Maréchal⁽¹⁾ (marion.marechal@univ-lyon1.fr), Carlos Palacín-Lizarbe⁽²⁾, Henri Siljanen⁽²⁾, Dhiraj Paul⁽²⁾, Xavier Le Roux⁽¹⁾, Agnès Richaume⁽¹⁾, Alessandro Florio⁽¹⁾

(Co) auteur(s) : ⁽¹⁾ Laboratoire d'écologie microbienne de Lyon, 16 rue Raphaël Dubois, 69100 Villeurbanne, France ; ⁽²⁾ University of Eastern Finland, 70211 Kuopio, Finlande

Mots-clés : Émissions de méthane, herbiers de zostères, métagénomique ciblée, gaz à effet de serre, service de régulation climatique

Résumé :

Les sédiments côtiers sont des interfaces dynamiques où les facteurs abiotiques et biotiques contribuent conjointement à la régulation des flux de gaz à effet de serre (GES), en particulier le méthane (CH_4). Dans cette étude menée dans le Bassin d'Arcachon, en France, qui abrite le plus vaste herbier de zostère naine (*Zostera noltei*) d'Europe, nous explorons comment les propriétés physico-chimiques des sédiments et la composition des communautés microbiennes interagissent pour moduler la dynamique du CH_4 . À l'aide d'une approche métagénomique ciblée innovante centrée sur les gènes fonctionnels du cycle du méthane (*mcrA*, *mmoX* et *pmoA*), nous avons comparé des sites colonisés par *Zostera noltei* à des zones adjacentes non végétalisées, dans le but d'identifier les principaux déterminants biotiques et abiotiques de ces émissions. Des paramètres clés des sédiments, tels que la texture et la teneur en matière organique, ont été mesurés en parallèle de la diversité et de l'abondance des microorganismes impliqués dans la méthanogenèse et la méthanotrophie, à l'aide de marqueurs génétiques spécifiques. Nos résultats indiquent que les sédiments colonisés par les zostères présentent des flux de CH_4 plus élevés que les zones non végétalisées. De plus, l'analyse métagénomique ciblée a permis d'identifier les genres microbiens les plus abondants et ceux correlés aux flux de CH_4 . Ces observations suggèrent que la présence de zostères pourrait influencer à la fois les émissions de CH_4 et la composition des communautés microbiennes sédimentaires. Comprendre les interactions complexes entre les propriétés abiotiques des sédiments et les processus microbiens est essentiel pour développer des pratiques de restauration côtière efficaces. Notre étude fournit un cadre pertinent pour analyser les compromis entre services écosystémiques dans les environnements côtiers, en conciliant conservation de la biodiversité et objectifs de régulation climatique dans une optique de restauration écologique.

Versatilité métabolique et hétérogénéité phénotypique chez une Diazotrophe Non-Cyanobactérienne marine

Pauline CRETIN,² Louise MAHOUDEAU¹, Aurélie JOUBLIN-DELAVAT¹, Nicolas PAULHAN¹, Elise LABRUNE¹, Julien VERDON³, Isabelle LOUVET⁴, Jean-François MAGUER² and François DELAVAT^{1*}

1 Nantes Université, CNRS, US2B, UMR6286, 44322 Nantes, France

2 Université Bretagne Occidentale, CNRS, IRD, Ifremer, UMR6539, LEMAR, 29280 Plouzané, France

3 Université de Poitiers, CNRS, EBI, UMR7267, 86000 Poitiers, France

4 Nantes Université, CNRS, CEISAM, UMR6230, 44322 Nantes, France

*Contact : francois.delavat@univ-nantes.fr

Mots-clés : Fixation de N₂, bactéries marines, physiologie bactérienne, hétérogénéité phénotypique, microscopie quantitative

Résumé :

Le processus de fixation du diazote (N₂), ou diazotrophie, est à l'origine d'une part importante de la production primaire océanique et est désormais reconnu comme un processus clé dans les cycles biogéochimiques de l'azote et du carbone. La fixation de N₂ est limitée à une certains procaryotes polyphylétiques appelés diazotrophes. La nitrogénase, l'enzyme clé de la diazotrophie, est codée par l'opéron *nif* et convertit le N₂ en ammoniac (NH₃) avec un coût de 16 molécules d'ATP. En raison de cette forte demande énergétique, les diazotrophes connus ont développé des systèmes de régulation génétique pour contrôler la fixation de l'azote. Des preuves récentes ont montré que les Diazotrophes Non Cyanobactériennes (DNCs) marines sont largement répandues dans les océans, mais leurs réponses physiologiques pendant la diazotrophie restent mal comprises. Cette étude combine séquençage à haut débit, génération de mutants, caractérisation physiologique et quantification à l'échelle de la cellule unique de l'expression de la nitrogénase pour étudier les stratégies de *Vibrio diazotrophicus*, un modèle de DNC marine, lors de carence en azote. Nos résultats révèlent que cette DNC marine possède un métabolisme très polyvalent, capable d'utiliser une large gamme de sources d'azote organiques et inorganiques. La microscopie quantitative à fluorescence (Figure) a également révélé que l'expression de la nitrogénase est limitée à une sous-population de cellules et qu'elle est modulée par les concentrations d'ammonium qui influencent à la fois la proportion de cellules exprimant la nitrogénase et le niveau d'expression au sein de cette sous-population (Fig. B et C). Enfin, nous démontrons que cette hétérogénéité phénotypique dans l'expression de la nitrogénase n'est pas limitée à une seule souche, ce qui suggère qu'il s'agit d'un trait conservé parmi les DNCs marines. Ces résultats fournissent de nouvelles informations sur les stratégies des DNCs marines dans des conditions de limitation de l'azote, améliorant de manière significative notre compréhension de ce groupe polyphylétique important sur le plan écologique et pourtant peu étudié.

Fig. Mesure de l'expression de *PnifH* par microscopie à fluorescence quantitative dans des cellules uniques. (A) Construction générale du biorapporteur, avec le gène *mcherry* sous le contrôle d'un promoteur constitutif et le gène *egfp* sous le contrôle du promoteur *PnifH* ; (B et C) Images par épifluorescence du biorapporteur exprimant constitutivement *mcherry* (B) et exprimant *egfp* à partir du promoteur *PnifH* lorsqu'il est cultivé avec N2 comme seule source d'azote (C).

Diversité taxonomique et fonctionnelle des communautés microbiennes impliquées dans le cycle du Fe au niveau d'un site hydrothermal marin profond actif à basse température.

Eva Pouder^(1, 2), Léna Ailliot⁽¹⁾, Ludivine Michaudet^(1, 2), Johanne Aubé^(1, 2), Marie-Anne Cambon⁽³⁾, Olivier Rouxel⁽³⁾, Karine Alain⁽¹⁾ and Sophie Mieszkin^(1, 2)
eva.pouder@univ-brest.fr

(1) Univ Brest, CNRS, IFREMER, EMR 6002 BIOMEX, Unité Biologie et Écologie des Écosystèmes marins Profonds BEEP, F-29280 Plouzané, France

(2) Univ Brest, IFREMER, Unité Biologie et Écologie des Écosystèmes marins Profonds BEEP, F-29280 Plouzané, France

(3) Univ Brest, CNRS, IFREMER, UMR 6538, Laboratoire Geo-Océan, F-29280 Plouzané, France

Mots-clés : Tapis microbiens, Cycle du fer, Environnement hydrothermaux marins profonds, sites actifs à basse température

Résumé :

La diversité des communautés microbiennes retrouvées au niveau des systèmes hydrothermaux est aujourd’hui bien connue. En revanche, les études portent majoritairement sur des sites actifs à haute température, et les sites actifs à basse température ainsi que les dépôts de sulfure massifs inactifs restent peu étudiés. Au niveau du site *Trans-Atlantic Geotraverse* (TAG), situé sur la dorsale médio-Atlantique, le site de Shimmering Mound, récemment découvert, est caractérisé par l’émission de fluides hydrothermaux diffus dont la température est comprise entre 16 et 27°C et par des tapis microbiens enrichis en dépôts d’oxydes de fer et de manganèse (Pelleter *et al.*, 2024). Ce site a donc été retenu pour réaliser la première étude de diversité, taxonomique (*metabarcoding*) et du potentiel fonctionnel (métagénomique) des microorganismes potentiellement impliqués dans le cycle du fer. Pour cela, quatre échantillons ont été collectés au niveau de ce site lors des campagnes HERMINE 2 (HERMINE 2 <https://doi.org/10.17600/18001851> ; ANR-22-MAFM-0001) et BICOSE 3 (BICOSE 3 <https://doi.org/10.17600/18002399> ; ANR-22-POCE-0007)

Deux échantillons présentaient du moirage de fluide hydrothermal (16 et 27°C) alors que les deux autres ne présentaient pas d’émigration de fluide (3°C). L’aspect fonctionnel sera uniquement développé ci-dessous afin de mettre en lumière le potentiel métabolique des communautés microbiennes inféodées à ce site hydrothermal de faible température.

Les analyses de métagénomique ont permis de reconstruire 237 génomes environnementaux consensus (MAGs) de bonne et moyenne qualité dont 208 appartenaient aux *Bacteria* et 29 aux *Archaea*. Parmi les MAGs affiliés aux *Bacteria*, 34 phyla et 65 classes ont été révélés. Parmi les MAGs affiliés aux *Archaea*, 8 phyla, 9 classes et 13 ordres étaient représentés. Cependant ces MAGs d’*Archaea* n’ont pas révélé de données intéressantes concernant les métabolismes du fer. La majorité des MAGs étaient affiliés aux phyla des *Chloroflexota*, des *Planctomycetota* ou des *Pseudomonadota*. Des MAGs affiliés à des classes ou phyla reconnus pour être impliqués dans les processus de Fe(II)-oxydation ou Fe(III)-réduction tels que ceux appartenant aux *Zetaproteobacteria*, *Zixibacteria* ou *Thermodesulfovibrionia*, ont

également été reconstruits. L'utilisation d'outils d'annotation automatique a permis de mettre en évidence la présence respective des voies de l'hétérotrophie mais également la présence des voies de fixation de CO₂ dans respectivement 95,3% et 28,7% des MAGs, suggérant alors la présence de mi- croorganismes autotrophes obligatoires et facultatifs. Les gènes marqueurs des métabolismes de Fe(II)-oxydation et Fe(III)-réduction ont été détectés dans l'ensemble des phyla bactériens représentés, à l'exception des *Patescibacteria*. Cette grande répartition des gènes marqueurs des métabolismes du fer nous amène à revoir nos connaissances de la diversité taxonomique des acteurs bactériens du cycle du fer en environnement hydrothermal marin profond. Plus particulièrement, le gène marqueur de la Fe(II)-oxydation, *cyc2*, a été détecté dans 33% des MAGs reconstruits. Le fait qu'il soit largement réparti dans la communauté bactérienne au niveau de ce site est cohérent avec de précédentes observations suggérant que ce métabolisme est ubiquitaire dans les environnements hydrothermaux et non limité aux organismes autotrophes (McAllister *et al.*, 2021 ; Zhong *et al.*, 2022). Ainsi, l'implication du compartiment microbien dans les processus de Fe(II)-oxydation pourrait être plus importante que ce que l'on connaît à ce jour. Au vu de la grande répartition du gène *cyc2* dans la communauté bactérienne du site de Shimmering Mound, deux hypothèses se posent. La première étant que ce gène pourrait être un gène primitif et la seconde étant que ce gène est soumis à des transferts horizontaux de gènes au sein des tapis microbiens inféodés aux patches d'oxydes de fer (McAllister *et al.*, 2020). Afin de vérifier ces hypothèses, une analyse phylogénétique permettant d'évaluer l'histoire évolutive de *cyc2* par rapport à celle des MAGs codant pour ce gène a été réalisée. Cette analyse a permis de mettre en évidence le manque de cohérence évolutive entre le gène et les MAGs, soutenant l'hypothèse selon laquelle *cyc2* serait soumis à des transferts horizontaux.

Références :

McAllister, S. M., Polson, S. W., Butterfield, D. A., Glazer, B. T., Sylvan, J. B., & Chan, C. S. (2020). Validating the Cyc2 neutrophilic iron oxidation pathway using meta-omics of Zetaproteobacteria iron mats at marine hydrothermal vents. *Msystems*, 5(1), 10-1128.

McAllister, S. M., Vandzura, R., Keffer, J. L., Polson, S. W., & Chan, C. S. (2021). Aerobic and anaerobic iron oxidizers together drive denitrification and carbon cycling at marine iron-rich hydrothermal vents. *The ISME journal*, 15(5), 1271-1286.

Pelleter, E. L., Principaud, M., Alix, A. S., Boissier, A., Cheron, S., Besson, F., ... & Fouquet, Y. (2024). Diversity, spatial distribution and evolution of inactive and weakly active hydrothermal deposits in the TAG hydrothermal field. *Frontiers in Earth Science*, 12, 1304993.

Zhong, Y. W., Zhou, P., Cheng, H., Zhou, Y. D., Pan, J., Xu, L., ... & Xu, X. W. (2022). Metagenomic features characterized with microbial iron oxidoreduction and mineral interaction in southwest Indian ridge. *Microbiology Spectrum*, 10(6), e00614-22.

L'urbanisation et l'intensité de gestion des sols urbains modifient le cycle de l'azote et les fonctions microbiennes.

(Co) auteur(s) : Fadwa KHALFALLAH^{1*}; Jennifer HARRIS¹, Sébastien BONTHOUX^{2,7}, Amélie CANTAREL³, Jean-Christophe CLEMENT⁴, Arnaud FOULQUIER⁵, Catherine JOULIAN¹, Xavier LE ROUX⁶, Thomas POMMIER⁶, Agnès RICHAUME³, Nicolas LEGAY²

*f.khalfallah@brgm.fr

(Co) auteur(s) :

1 Bureau des Ressources Géologiques et Minières, Orléans Cedex 1, France

2 INSA Centre Val de Loire, Université de Tours, UMR 7324 CITERES, Blois, France

3 Microbial Ecology, CNRS, UMR 5557, Université Lyon 1, Villeurbanne, France

4 Univ. Savoie Mont Blanc, INRAE, CARRTEL, Thonon-Les-Bains, France

5 Univ. Grenoble Alpes, Univ. Savoie Mont Blanc, CNRS, LECA, Grenoble, France

6 Université Claude Bernard Lyon 1, Laboratoire d'Ecologie Microbienne, UMR CNRS 5557, UMR INRAE 1418, VetAgro Sup, 69622 Villeurbanne, France

7 UMR 6554 LETG Rennes

Mots-clés : Urbanisation, Cycle de l'azote, Usage de sol, Fonction bactérienne, Intensité de management

Résumé :

L'urbanisation modifie en profondeur les cycles biogéochimiques du sol, notamment celui de l'azote (N), à travers l'usage des sols, l'intensité de leur gestion et les apports exogènes. Ces transformations affectent les communautés microbiennes et le fonctionnement du sol, ce qui peut réduire la fertilité, entraîner des pertes de nutriments et accroître les risques environnementaux (pollution des eaux, émissions de gaz à effet de serre). Cette étude explore comment différents types d'usages des sols urbains – jardins vitrine, parcs, zones arborées, bords de routes, zones résidentielles, terrains de sport et réserves foncières – influencent les processus du cycle de l'azote et la structure fonctionnelle des communautés microbiennes.

L'étude a combiné des approches biogéochimiques (concentrations de NH_4^+ , NO_3^- , azote total), fonctionnelles (taux de minéralisation, nitrification et dénitrification potentielle) et moléculaires (abondance des gènes fonctionnels liés au cycle de l'azote, tels que *amoA*, *nirK*, *nirS*, *nosZI*, *nosZII*) couplées à des analyses de diversité (séquençage Illumina MiSeq) pour caractériser les fonctions microbiennes impliquées dans la transformation de l'azote.

Les résultats montrent une forte variabilité de la dynamique du cycle de l'azote selon l'usage du sol. Les jardins vitrine urbains présentent des concentrations en nitrate significativement plus élevées, attribuées à une fertilisation minérale intense, à une nitrification accrue et à une abondance plus élevée de gènes *amoA*. À l'inverse, le potentiel de dénitrification est plus

marqué dans les parcs, zones résidentielles et bords de route, où les sols sont plus humides et moins aérés ; conditions favorables aux bactéries dénitrifiantes.

La modélisation par équations structurelles (SEM) a permis d'identifier les facteurs clés du fonctionnement du cycle de l'azote en milieu urbain. Le carbone organique du sol (SOC) apparaît comme un déterminant central de la dénitrification, tandis que le pH est fortement corrélé à l'abondance des archées oxydatriques de l'ammonium (AOA).

Sur le plan de la composition des communautés bactériennes, l'étude révèle que les fonctions liées au cycle de l'azote varient selon l'usage du sol. Les zones très peu gérées (réserves foncières) abritent davantage de bactéries fixatrices d'azote, tandis que les zones fortement gérées (jardins vitrine, terrains de sport) montrent une prédominance de bactéries impliquées dans la nitrification. Par ailleurs, l'absence de corrélation significative entre les différentes étapes du cycle (minéralisation, nitrification, dénitrification) dans les zones gérées intensivement indique une rupture du cycle de l'azote, probablement liée à l'aération excessive, au travail du sol et à la faible accumulation de matière organique. Enfin, des différences notables de composition des communautés végétales et de gestion influencent également la dynamique de l'azote.

Ces résultats soulignent la sensibilité du cycle de l'azote à l'usage des sols en milieu urbain et offre des leviers pour une gestion plus durable de ces milieux : limitation de la fertilisation minérale, conservation de la matière organique, réduction du compactage et mise en place d'une végétation plus diversifiée.

Elle plaide pour une meilleure intégration des processus biogéochimiques dans la planification urbaine, afin de renforcer la résilience des écosystèmes urbains face aux pressions anthropiques et climatiques.

Caractérisation des déterminants moléculaires et métaboliques associés à la capacité à altérer les minéraux de la souche mycorhizosphérique *Pseudomonas spelaei* PML3(3)

(Co) auteur(s) : Ségolène BOUCHE^(1,2), Stéphane UROZ^(1,2), Marie-Pierre TURPAULT⁽²⁾
segolene.bouche@inrae.fr

(Co) auteur(s) : ⁽¹⁾ *IAM, UMR1136 INRAE Université de Lorraine, 54280 Champenoux, France* ;
⁽²⁾ *BEF, UR1138 INRAE, 54280 Champenoux, France*

Mots-clés : altération minérale ; bactéries ; *Pseudomonas* ; acidification ; métabolisme

Résumé :

Les forêts des régions tempérées se développent souvent sur des sols acides et rocheux, caractérisés par une faible disponibilité en nutriments. Pour faire face à ces conditions, les arbres ont développé des associations dans leur système racinaire (la mycorhizosphère) avec des champignons symbiotiques et des bactéries. Par leur capacité à altérer les minéraux et à transférer les nutriments libérés à la plante, ces micro-organismes participent à la nutrition et à la santé des arbres. L'enrichissement en bactéries capables d'altérer les minéraux au niveau du système racinaire est considéré comme étant lié aux sources de carbone contenues dans les exsudats fongiques et racinaires des arbres. Dans ces sols acides, les représentants cultivables du genre *Pseudomonas* sont assez rares et seules quelques souches ont été isolées de la mycorhizosphère et analysées pour leur capacité à altérer les minéraux. La caractérisation des mécanismes moléculaires et des gènes impliqués dans ce processus reste à approfondir concernant ce genre. Dans ce contexte, la souche modèle *Pseudomonas spelaei* PML3(3) isolée de l'ectomycorhizosphère chêne (*Quercus petrea*) / *Scleroderma citrinum* a été retenue comme modèle d'étude.

Les objectifs sont i) de décrire la souche *Pseudomonas spelaei* PML3(3) et son écologie, ii) d'évaluer sa capacité à altérer et l'effet du type de source de carbone consommée, et iii) d'identifier les bases génétiques potentielles liées à la capacité à altérer les minéraux chez PML3(3).

La caractérisation de la souche PML3(3) a consisté à séquencer, assembler et analyser le génome de cette souche. En parallèle, des tests d'altération minérale ont été réalisés afin de déterminer la capacité à altérer de la souche *Pseudomonas spelaei* PML3(3). Cette capacité a été déterminée en utilisant un dispositif en microplaquette contenant un minéral (biotine). Les incubations ont été réalisées avec différentes conditions de culture et en considérant 8 sources de carbone, souvent présentes dans les exsudats racinaires. L'empreinte métabolique de la souche PML3(3) a également été déterminée via un test BIOLOG, afin d'étudier la capacité de la souche à utiliser un panel de 71 sources de carbone et 23 composés testant des stress variés.

Nos premiers résultats révèlent que le génome de la souche PML3(3) présente une organisation génomique originale dans le cadre de l'altération minérale vis-à-vis de l'état actuel des connaissances. Nous avons ainsi pu identifier des gènes codant pour différents systèmes impliqués dans l'altération minérale par acidification, notamment un système GDH-PQQ (glucose déshydrogénase) et deux systèmes de type Glucose-Méthanol Choline oxydoréductase (GMC-FAD)

présentant des homologies avec des GDH et GADH (gluconate déshydrogénase). Les tests d'altération ont mis en évidence que la souche PML3(3) est efficace pour altérer la biotine par rapport à des souches de référence. Les tests physiologiques et d'altération réalisés avec différentes sources de C montrent que la souche PML3(3) est très efficace pour altérer, et ce avec différentes sources de C, et que cette efficacité peut varier d'une source de C à une autre. Les résultats confirment que cette souche a un fort potentiel d'altération et soulignent le lien entre cette fonction et le métabolisme.

Analyse fonctionnelle de la succession des guildes microbiennes lors de la décomposition de la nécromasse fongique dans un sol forestier

Elsa HILAIRE⁽¹⁾, Lucas AUER⁽¹⁾, Aurélie CEBRON⁽²⁾, Michaël DANGER⁽²⁾, Laure FAUCHERY⁽¹⁾,
Bernd ZELLER⁽³⁾, Marc BUEE⁽¹⁾

⁽¹⁾Université de Lorraine, INRAE, UMR 1136 Interactions Arbres Microorganismes (IAM), Nancy, F-54000, France, ⁽²⁾CNRS, Université de Lorraine, UMR7360 Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux (LIEC), Faculté des Sciences et Technologies, 54506 Vandoeuvre-les-Nancy Cedex, France, ⁽³⁾INRAE, UR 1138 Biogéochimie des Ecosystèmes Forestiers (BEF), 54280, Champenoux, France

Mots-clés : Champignons ectomycorhiziens, Matière Organique du Sol, Necrobiome, Metamorphiques

Résumé :

Dans les forêts tempérées et boréales européennes, la décomposition des détritus végétaux aériens (feuilles, bois mort, rémanents) est le processus majeur par lequel la matière organique (MO) du sol se forme. Une partie du carbone, de l'azote et du phosphore de cette MO est incorporée dans les consommateurs primaires responsables de cette décomposition, en particulier les champignons saprophytes. Par ailleurs, les racines colonisées par les champignons ectomycorhiziens (ECM) constituent également un pool important de la MO des sols en forêt. Ainsi, ces deux groupes fongiques vont produire une nécromasse de qualité chimique variable, elle-même dégradée par des communautés microbiennes du sol, qui constituent des consommateurs secondaires. La dynamique de décomposition de cette matière organique microbienne, la stabilité relative du C et la biodisponibilité de l'azote (N) et du phosphore (P) de la nécromasse fongique sont encore mal connues.

Nous avons étudié la dynamique de décomposition de la nécromasse fongique enfouie dans un sol de forêt tempérée pendant six mois. Plusieurs paramètres ont été suivis au cours du temps, tels que la perte de masse, les rapports stœchiométriques (C, N et P) et la quantification d'activités enzymatiques microbiennes. La composition taxonomique et la dynamique temporelle des communautés microbiennes associées à la nécromasse fongique (nécrobiome) ont été étudiées par metabarcoding, et les biomasses bactériennes et fongiques ont été estimées par qPCR. Enfin, une étude de méta-transcriptomique a été développée pour révéler les fonctions fongiques impliquées dans les processus de décomposition de la nécromasse.

Notre étude confirme que les caractéristiques biochimiques de la nécromasse fongique, et plus particulièrement son niveau de mélénisation, sont des indicateurs majeurs de son potentiel de biodégradation. De manière plus inattendue, nos résultats ont aussi montré que la biomasse fongique était significativement plus abondante dans la nécromasse fongique que dans les sols, et que la ratio champignons / bactéries du nécrobiome augmentait de manière très significative au cours de la décomposition de cette nécromasse. Parmi les bactéries, la proportion d'espèces copiotrophes a diminué jusqu'à 50% au cours des six mois de décomposition. Parmi les champignons, alors que la famille des *Mortierellaceae* (champignons saprotrophes) dominait les premiers stades de la décomposition, celle des champignons ECM (*Thelephoraceae* et *Russulaceae*) a augmenté significativement dans les derniers stades de dégradation, en particulier dans les résidus de nécromasse récalcitrants, c'est-à-dire relativement riches en mélanine. La nécromasse fongique apparaît comme une niche écologique singulière, où se succèdent des espèces microbiennes et des fonctions spécifiques liées à sa décomposition. Les résultats des

analyses transcriptomiques eucaryotiques mettent en évidence un rôle fonctionnel des champignons ECM dans les stades tardifs de la décomposition de cette nécromasse microbienne et dans la mobilisation de certains éléments, comme peut l'illustrer la surexpression des familles de transporteurs d'azote par les champignons ECM par rapport aux champignons saprophytes. Les connaissances issues des données stœchiométriques, enzymatiques et meta-omiques de cette large étude apportent un éclairage nouveau et original sur le rôle des microorganismes, et tout particulièrement des champignons ectomycorhiziens, dans le processus de décomposition de la MO des sols et la nutrition des arbres. Le statut, facultatif, de consommateur secondaire des champignons symbiotiques ectomycorhiziens sera discuté à travers une vision intégrée du réseau trophique microbien des sols forestiers.

Médiation scientifique "Microbiote vigne et vin"

La biodiversité microbienne des sols au service d'une viticulture durable

Lionel Ranjard

Biographie :

Titulaire d'un doctorat en écologie microbienne du sol de l'université Claude Bernard Lyon 1, Lionel Ranjard a intégré l'INRAE de Dijon en 2001 au sein de l'UMR Microbiologie du sol et de l'environnement. Au sein de l'INRAE il a adapté les outils et les concepts qu'il avait développé en thèse pour étudier la biodiversité des sols des agrosystèmes et l'impact des pratiques agricoles. Depuis 20 ans il a développé la thématique de Biogéographie Microbienne par l'application des outils de métagenomique du sol sur le RMQS (Réseau de Mesures de la Qualité des Sols). Cette approche lui a permis de caractériser la diversité des communautés microbiennes à l'échelle de la France, d'aborder les processus écologiques impliqués dans la distribution à grande échelle des communautés microbiennes et de générer un Atlas national de la diversité microbienne des sols Français. En parallèle, il a profité de l'opportunité de travailler sur un grand nombre de sols pour valider les outils moléculaires de caractérisation de la diversité microbienne du sol en tant que bio indicateur robuste de la qualité des sols. Depuis 2010, il a développé des projets de sciences participatives directement avec les agriculteurs pour les former et les équiper à la biologie du sol afin qu'ils fassent évoluer leurs pratiques dans le contexte de la transition agroécologique. Plus récemment il a coordonné le projet participatif EcoVitiSol qui a permis d'évaluer dans trois territoires Viticoles (Alsace, Bourgogne du nord et du sud, Côtes de Provence, Gironde, Cognac) l'impact des pratiques viticoles et des modes de production sur la qualité microbiologique des sols. A ce jour il a publié plus de 140 articles scientifiques internationaux et fait de plus de 200 communications orales scientifiques et grand public.

L'holobionte vigne : vers une approche intégrée du microbiote pour un agro-écosystème performant et résilient.

Sophie Trouvelot

Biographie :

Sophie Trouvelot est, depuis 2009, **enseignante-chercheuse à l'Institut Universitaire de la Vigne et du Vin** (Université Bourgogne Europe), où elle est responsable de la première année du Master Vigne-Vin-Terroir et élue au Conseil National des Universités (section 68 : Biologie des Organismes). Elle effectue ses travaux de recherche au sein de l'UMR Agroécologie à Dijon, dans le pôle « Interactions Plantes-Microorganismes » et l'équipe « Immunité de la vigne : mécanismes et stimulation ».

Ses recherches visent à **étudier les réponses de l'holobionte-vigne dans des situations sanitaires contrastées** (ceps productifs asymptomatiques vs céps atteints de dépérissement) et à **optimiser la santé de la vigne en ayant recours à des pratiques agroécologiques** (biocontrôle, biostimulation et mycorhization en particulier).

Après avoir travaillé durant ses études sur la mycorhization de la vigne puis le déterminisme moléculaire du pouvoir antagoniste d'une souche de *Fusarium oxysporum*, elle s'est alors intéressée aux réponses immunitaires de la vigne face à différents dépérissements cryptogamiques (mildiou, oïdium, pourriture grise et maladies du bois plus spécifiquement). Dans ce cadre, elle a contribué à la définition de marqueurs (moléculaires, histologiques et phénotypiques) de santé de la vigne, que la plante soit conduite en conditions contrôlées (chambres de culture, serres) ou en situation de production (vignoble). Elle en éprouve d'ailleurs les pertinence et robustesse face à différentes contraintes (biotiques comme abiotiques) ou stimuli (biosolutions). Dans une approche plus intégrative et holistique de la plante cultivée, elle s'est alors intéressée à l'holobionte-vigne comme une unité de fonctionnement physiologique, alliant tant la composante végétale (hôte) que l'ensemble des microorganismes avec lesquels elle interagit et peut vivre en symbiose (commensalisme, mutualisme et parasitisme). Ainsi, depuis 2017 elle cherche à définir des bioindicateurs fonctionnels, végétaux comme microbiens, de l'holobionte-vigne et des pratiques viticoles qui en préserveraient un fonctionnement optimal et durable.

En 2017, elle a reçu le **Prix Scientifique du fonds de dotation Monique et André Boisseaux** pour récompenser et soutenir ses travaux de recherche sur les dépérissements (maladies du bois) de la vigne.

Que nous apprend la connaissance du microbiote du vin ?

Hervé Alexandre

Biographie :

Hervé Alexandre est Professeur de microbiologie et d'œnologie à l'Institut Universitaire de la Vigne et du Vin Jules Guyot à l'Université Bourgogne Europe. Il est responsable de l'équipe AFIM de l'UMR Procédés Alimentaires et Microbiologiques. Ses recherches ont pour objectif de décrypter la nature des mécanismes d'interactions entre microorganismes présents dans les consortiums microbiens du vin. Comprendre la nature de ses interactions permettra à termes de pouvoir piloter l'expression des fonctionnalités microbiennes d'intérêt dans un produit complexe par la compréhension des interactions des micro-organismes avec les composantes qui constituent le procédé de fabrication : la matière première et l'itinéraire technologique.

Il est auteur de plus de 160 publications scientifiques et chapitres d'ouvrages. Il est expert auprès de l'Organisation Internationale de la Vigne et du Vin et délégué scientifique en microbiologie pour la France au sein de cette instance.

Session 4 : Interactions microbiote-hôte et microbiote-microbiote

Microbiote respiratoire du grand dauphin : Évaluation de méthodes de prélèvement du souffle de petits cétacés à des fins de développement de protocole d'échantillonnage non invasif adéquat sur des populations sauvages

(Co) auteur(s) : Élyne DUGÉNY(1), Luca CEOLOTTO(1), Carmen ANDRÈS HERVIAS(2), Eva ALVAREZ(3), Erika ESPOSTI(4), Joan GONZALVO(2), Gaia PESCE(3), Sandro MAZZARIOL(1), Cinzia CENTELLEGHE(1)

*elynedugeny@hotmail.fr

Affiliations: (1) Department of Comparative Biomedicine and Food Science (BCA), University of Padua, Padua (PD), Italy; (2) Tethys Research Institute, Italy; (3) Costa Edutainment, Acquario di Genova, Genova (GE), Italy; (4) Zoosafari di Fasano, Contrada sant'Elia 72015, Fasano (BR), Italy

Mots-clés : microbiote respiratoire ; *Tursiops truncatus* ; échantillonnage drone ; mise au point de protocole; métabarcoding

Résumé :

Les protocoles d'échantillonnage utilisant des drones pour la collecte de souffle de cétacés suscitent un intérêt croissant en raison du caractère non invasif de la méthode, car ils évitent de stresser les animaux par des manipulations. Leur utilisation sur les grands cétacés comme les baleines s'est déve-loppée au cours des dernières décennies pour cette raison et parce qu'ils permettent d'accéder à des échantillons auparavant difficiles à obtenir. Différents travaux ont mis en évidence comment l'échan-tillonnage par drone du souffle de cétacés permet aux chercheurs d'accéder à des informations sur leur santé, comme l'état de leur communauté microbienne associée. Néanmoins, si les baleines sont des animaux pour lesquels ce type d'échantillonnage se prête bien, ce n'est pas nécessairement le cas pour les petits cétacés tels que les dauphins. Des études menées au cours des dix dernières années ont donné des résultats encourageants sur la collecte de souffle de petits cétacés et démontrent l'im-portance d'améliorer les protocoles d'échantillonnage à l'aide de drones.

Le présent travail a été réalisé dans le but de développer un protocole robuste et cohérent pour l'échan-tillonnage de souffles de dauphins à l'aide de drones sur des populations sauvages dans leur milieu naturel. Des essais de différents outils d'échantillonnage ont été réalisés à l'aquarium de Gênes sur des grands dauphins (*Tursiops truncatus*) élevés en captivité. 5 outils de collecte de souffle ont été testés, comprenant deux solutions de stabilisation de l'ADN (DNA/RNA Shield et RNA later), deux types d'éponges d'échantillonnage en cellulose sans biocide (sèche et pré-humidifiées avec tampon neutra-lisant) et des cartes

papier FTA indicatrices (avec indicateur coloré). Les prélèvements ont été réalisés en plaçant les différents outils à 1 mètre au-dessus de 5 dauphins, afin de capturer des microbes de leurs voies respiratoires. Dans l'ensemble, le rendement en ADN après extraction était très faible pour tous les échantillons dû à la faible quantité de matériel capturé lors de la collecte du souffle. Les cartes FTA et la solution de stabilisation DNA/RNA Shield sont les outils qui ont donné les résultats les plus convaincants. Même en tenant compte de la commodité des conditions de stockage sur le terrain pour la carte FTA, qui est l'outil le plus facile à mettre en oeuvre, le DNA/RNA Shield s'est avéré être la meilleure solution pour le stockage ainsi que le rendement en ADN, environ quatre fois supérieur à celui

des autres outils. Les analyses en métabarcoding des communautés microbiennes ont montré que le type d'outil de collecte influence la composition et la structure du microbiote respiratoire des dauphins. Les différences inter-outils s'avèrent plus importantes que les différences inter-individus dans la communauté microbienne, ce qui souligne l'importance du choix de la technique retenue. Compte tenu du rendement en ADN plus élevé du DNA/RNA Shield et de l'absence de fortes contraintes en termes de stockage, celui-ci semble être la méthode la plus fiable pour les analyses communautaires.

A l'issue de ces tests préliminaires, nous avons déployé quelques-uns de ces outils sur des populations de grands dauphins sauvages. Une campagne d'échantillonnage d'une semaine a été menée dans le golfe Ambracique (Grèce) afin de déployer les différentes méthodes de prélèvement sélectionnées (carte FTA, DNA/RNA Shield et éponge sèche) en combinaison avec un drone quadrioptère pour collecter les souffles de grands dauphins (*Tursiops truncatus*) en milieu naturel. Les analyses ultérieures ont corroboré les conclusions précédentes, confirmant que les cartes FTA et le DNA/RNA Shield étaient les outils les plus adaptés pour l'échantillonnage microbien, tout en démontrant l'inadéquation des éponges sèches pour une utilisation dans des conditions de terrain, les conditions de stockage étant trop contraignantes pour être garanties. Conformément aux travaux précédents, l'outil de collecte utilisé force la structure des communautés microbiennes et regroupe les échantillons par type d'outil utilisé plutôt que par origine (dauphin ou contrôle de l'air). Outre leur contribution à l'optimisation du protocole, les résultats de la campagne offrent un aperçu du microbiote respiratoire des populations de dauphins sauvages dans le golfe Ambracique. Dans le but de mettre en place un suivi des populations de cétacés, des campagnes d'échantillonnage répétées sont nécessaires pour suivre l'évolution et la dynamique des communautés microbiennes associées, qui peuvent servir d'indicateurs de leur état de santé.

Dynamique de l'antibiorésistance dans les écosystèmes aquatiques : effets des interactions biofilm-brouteur et de la présence d'antibiotiques

(Co) auteur(s) : Alexandre J. Thibodeau ⁽¹⁾, Florence Mouchet ⁽¹⁾, Van Xuan Nugyen ⁽¹⁾, Thomas Moura ⁽¹⁾, Eric Pinelli ⁽¹⁾ and Maialen Barret ⁽¹⁾
maialen.barret@toulouse-inp.fr

(Co) auteur(s) : ⁽¹⁾Université de Toulouse, Toulouse INP, CNRS, IRD, CRBE, Toulouse, France

Mots-clés : *Xenopus laevis; gènes de résistance; qPCR haut-débit; metabarcoding, microbiote intestinal*

Résumé :

La résistance aux antibiotiques représente un défi croissant pour la santé mondiale, principalement alimenté par l'usage intensif des antibiotiques en agriculture et en médecine. Les compartiments environnementaux tels que les sols, les eaux et les biofilms jouent un rôle essentiel dans la persistance et la dissémination des gènes de résistance aux antibiotiques (ARGs). Dans les écosystèmes aquatiques, les biofilms et la faune sauvage sont reconnus comme des réservoirs importants de bactéries résistantes et de gènes de résistance. Toutefois, les interactions écologiques entre les biofilms et le microbiote intestinal de la faune aquatique sous pression de sélection antibiotique, ainsi que leurs implications dans la dissémination de l'antibiorésistance, restent encore mal comprises.

Cette étude a examiné les effets de concentrations sub-inhibitrices ($10 \text{ } \mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$) de sulfaméthoxazole, ciprofloxacine et triméthoprime sur le résistome d'un système biofilm-brouteur, constitué de biofilms de rivière et de larves de *Xenopus laevis*, en microcosmes et sur une période de 12 jours. Les communautés bactériennes des biofilms et du microbiote des larves ont été caractérisées par séquençage haut-débit d'amplicons du gène codant pour l'ARNr 16S, et par quantification de GRAs et éléments génétiques mobiles (qPCR haut-débit).

Les résultats ont révélé des modifications significatives de la composition bactérienne, tant au sein des biofilms que du microbiote intestinal, sous la pression des antibiotiques. L'analyse comparative des communautés bactériennes suggère une immigration bactérienne entre les compartiments biofilm et intestin, avec une intensification des échanges en présence d'antibiotiques. Une augmentation du résistome a été observée uniquement dans le biofilm. Dans ce système biofilm-brouteur, les processus de sélection dans l'intestin semblent limiter l'entrée des ARGs issus du biofilm, tandis que l'activité de broutage tend à augmenter simultanément l'abondance et la diversité du résistome dans le biofilm.

Cette étude apporte un éclairage original sur l'influence des interactions entre biofilms et faune aquatique sur la dissémination de l'antibiorésistance. Les résultats soulignent la nécessité de recherches complémentaires dans divers contextes écologiques, en particulier en tenant compte des interactions trophiques et plus généralement de la biodiversité dans les écosystèmes aquatiques.

Exposition aux microplastiques et effets sur la santé de la tortue caouanne

Jean-Christophe Auguet^{1,*}, Cécile Bosc¹, Pauline Provin¹, Quentin Schull¹, Jérôme Bourjea¹, Arnaud Charlery-Adèle¹, Fabien Aubret², Claude Miaud³, Sophie Lecompte⁴, Gaëlle Blanvillain⁵, Albert Martinez-Silvestre⁶, Enora Prado¹¹, Maria El Rakwe¹¹, José-Lluis Crespo⁷, Lucia Garrido⁸, Montserrat Sole⁹ et Arnaud Legrand¹⁰

¹CNRS, MARBEC, France (jean-christophe.auguet@cnrs.fr)

²Station d'Ecologie Théorique et Expérimentale (UAR CNRS 2029), Moulis, France (faubret@gmail.com)

³CEFE, Univ Montpellier, CNRS, EPHE-PSL University, IRD, Univ Paul Valéry Montpellier (claude.miaud@cefe.cnrs.fr)

⁴CBMN, UMR 5248 CNRS-University of Bordeaux-IPB (sophie.lecomte@u-bordeaux.fr)

⁵Virginia Polytechnic Institute and State University, Blacksburg, USA (gaelle.blanvillain@gmail.com)

⁶Catalonia Reptile and Amphibian Rehabilitation Center (CRARC), Spain(albertmarsil@hotmail.com)

⁷Fundación Oceanogràfic, Valencia, Spain (jlcrespo@oceanografic.org)

⁸Centro de Recuperación de los Animales Marinos (CRAM), Spain(lucia.garrido@cram.org)

⁹Institut de Ciències del Mar (CSIC) , Spain (msole@icm.csic.es)

¹⁰Nantes Université, CHU Nantes, Direction de La Recherche Et de L'Innovation, 44000, Nantes, France.

(legrandarno@gmail.com)

¹¹IFREMER, LDCM (laboratoire détection, capteurs et mesures), Brest (Maria.El.Rakwe@ifremer.fr)

*jean-christophe.auguet@cnrs.fr

Mots-clés : Microplastiques, tortues caouannes, microbiote, santé

Résumé : Les plastiques représentent environ 75 % des déchets marins, dont une partie se dégrade en microplastiques (MPs ; 0,1 µm–5 mm), omniprésents et persistants dans les écosystèmes marins. Leur ingestion, largement répandue dans la faune marine, est associée à divers effets délétères : perturbations digestives, immunitaires, métaboliques et endocrinianes. En raison de leur biologie et de leur comportement alimentaire, les tortues caouannes (*Caretta caretta*) sont particulièrement vulnérables à cette contamination.

La présente étude vise à (i) quantifier et caractériser la contamination par les MPs chez la tortue caouanne et (ii) évaluer leurs effets sur le microbiote intestinal et sur divers indicateurs de santé

chez des individus de Méditerranée occidentale. À cette fin, des échantillons de fèces, de sang, de salive et d'écailles ont été prélevés sur 114 tortues vivantes le long de la côte est espagnole. L'abondance et la composition des MPs ont été mises en relation avec plusieurs indicateurs de santé, tels que la présence de parasitoses externes, l'efficacité nutritionnelle, la réponse immuno-inflammatoire au niveau de la barrière intestinale, le fonctionnement hépatique, le stress chronique ainsi que la diversité du microbiote intestinal. Soixante-quatorze pour cent des tortues caouannes présentaient une contamination par des MPs, avec une moyenne de $7,90 \pm 10,89$ particules par gramme de fèces. Les polymères les plus fréquemment détectés étaient le polyéthylène (44,82 %), le polyester (27,23 %) et le polyamide (12,11 %). Plusieurs relations significatives ont été mises en évidence entre l'abondance des MPs, la composition du microbiote intestinal, l'abondance de certaines cellules immunitaires ou encore les niveaux de corticostérone, suggérant un impact potentiel des MPs sur la santé des tortues caouannes. En particulier, les MPs semblent modifier la structure des communautés bactériennes intestinales (augmentation de la richesse spécifique), perturber le système immunitaire et influer sur le niveau de stress des tortues.

Comprendre le dépérissement du court-noue à travers l'holobionte-vigne

Pauline BRUYANT⁽¹⁾, Samuel MONDY⁽¹⁾, Jean-Michel HILY⁽²⁾, Lucile JACQUENS⁽¹⁾,
Sophie TROUVELOT⁽¹⁾, Pierre-Emmanuel COURTY⁽¹⁾

pauline.bruyant@inrae.fr

⁽¹⁾ Agroécologie, INRAE, Institut Agro Dijon, Université de Bourgogne Europe - 17 Rue de Sully, F-21000 Dijon, France

⁽²⁾ INRAE, SVQV UMR-A 1131, Université de Strasbourg - 28 rue de Herrlisheim, 68000 Colmar, France

Mots-clés : *Vitis vinifera*, Court-Noué, GFLV, Dysbiose, Microbiome, Métatranscriptome

Résumé :

La vigne (*Vitis vinifera*) est une plante pérenne ligneuse de grande importance économique à l'échelle mondiale. Elle est cependant menacée par des maladies de dépérissement, qui peuvent être d'origine virale comme le court-noué, et qui réduisent la productivité des vignobles français et européens. La maladie du court-noué est associée au Grapevine Fan Leaf Virus (GFLV), pour lequel des variants plus ou moins virulents ont été caractérisés. Ainsi, parmi des plantes atteintes de GFLV (GFLV+), celles qui servent de niche écologique aux variants virulents sont symptomatiques de court-noué, tandis que celles hébergeant les seuls variants hypovirulents ou indemnes de tout variant GFLV se révèlent asymptomatiques de la maladie. Par conséquent, évaluer la structuration et le fonctionnement de l'holobionte-vigne dans des conditions sanitaires contrastées (symptomatique vs asymptomatique et GFLV+ vs GFLV-) pourrait permettre d'acquérir des clés de compréhension de ce dépérissement viral et d'une possible dysbiose associée.

Pour cela, au sein d'une parcelle de Champagne cartographiée depuis plusieurs années pour l'expression de court-noué, nous avons étudié l'holobionte de ceps de vigne, depuis le sol jusqu'aux feuilles. Pour la composante bactérienne et fongique de cet holobionte, nous avons combiné des approches de metabarcoding et de métatranscriptomique afin d'en caractériser et d'en comparer la composition et les fonctions associées pour des plantes symptomatiques et/ou asymptomatiques de court-noué.

Dans ce cadre, nous révélons que la composition globale du microbiote apparaît similaire entre les différents compartiments des plantes symptomatiques et asymptomatiques, probablement en raison d'une variabilité intra-groupe importante. De façon originale, cette variabilité est significativement moins élevée chez les plantes symptomatiques que chez les plantes saines, suggérant une possible convergence du microbiote vers un état associé à l'expression des symptômes. Certains taxons apparaissent néanmoins sporadiquement plus abondants chez les plantes asymptomatiques, tels que le genre d'oomycètes *Peronospora* dans les feuilles ou le genre *Bacillus* dans les racines, ce dernier étant par ailleurs connu pour contenir de nombreuses souches bénéfiques. Des différences plus nettes émergent au niveau de l'activité transcriptionnelle, avec une surreprésentation de transcrits affiliés au genre fongique *Alternaria* dans les feuilles des plantes symptomatiques, indiquant une activité accrue de ce taxon dans les tissus affectés. Nos résultats suggèrent par conséquent que le dépérissement du court-noué pourrait être lié à un déséquilibre

subtil au sein de l'*holobionte-vigne*, impliquant principalement des altérations fonctionnelles plutôt que des modifications strictement compositionnelles.

Valoriser les GEMs ! Quand le microbiote du sol devient déterminant du phénotype de plantes

Samuel Jacquiod⁽¹⁾, Olivier Crépin⁽¹⁾, Milena Gonzalo⁽¹⁾, Cécile Blanchard⁽¹⁾, Olivier Lamotte⁽¹⁾, Manuel Blouin⁽¹⁾
E-mail : samuel.jacquiod@u-bourgogne.fr

⁽¹⁾ Agroécologie, Institut Agro Dijon, INRAE, Université Bourgogne Europe, Dijon, France

Mots-clefs : *Plant-microbiota interactions, rhizosphere, plant biomass, plant resistance, breeding*

Résumé :

Traditionnellement, la génétique quantitative considère que le phénotype d'une plante (P) est déterminé par son génotype (G), les conditions environnementales (E), et l'interaction génotype x environnement (GxE), selon le modèle $P = G + E + GxE$. Ce cadre théorique a orienté la sélection variétale depuis des décennies. Toutefois, il apparaît de plus en plus évident que les communautés microbiennes du sol, via leurs fortes participations dans la constitution du microbiote rhizosphérique, joue un rôle déterminant sur les traits phénotypiques des plantes. Le microbiote du sol est couramment relégué comme une composante de l'environnement, au même titre que d'autres facteurs (pH, nutriments, climat...). Afin de mieux cerner la contribution relative du microbiote (M) sur le phénotype des plantes, il semble pertinent de pouvoir le manipuler au même titre que le génotype et l'environnement. Ainsi, notre objectif a été de réévaluer la vision traditionnelle en intégrant le microbiote comme facteur distinct au sein d'un formalisme élargi, dit modèle « GEM » ($P = G + E + M + GxE + GxM + MxE + GxExM$). Ce modèle ouvre la voie à une approche innovante dans le domaine de la sélection variétale, en considérant le microbiote comme un véritable levier d'action sur performances des plantes. Cette notion est souvent nommée la « microbiabilité » dans la littérature.

Nous avons mis en place un dispositif expérimental factoriel complet, combinant trois génotypes distincts d'*Arabidopsis thaliana* (« G » : accessions Can, Col, Cvi), trois sols différents de Bourgogne-Franche Comté (« E » : Auxonne, Bretenière, Champdôtre), et les microbiotes associés à ces mêmes sols (« M » : microbiotes Auxonne, Bretenière, Champdôtre), réintroduits par inoculation. Deux traits d'intérêt agronomique ont été analysés : la croissance végétative des parties aériennes et la résistance à *Botrytis cinerea*, un phytopathogène foliaire très problématique en agriculture. Les trois génotypes d'*Arabidopsis thaliana* ont été sélectionnés de manière à couvrir une gamme de sensibilité au phytopathogène (Can = très sensible ; Col = modérément sensible ; Cvi = peu sensible). De même, les trois sols ont été choisis pour leurs propriétés physico-chimiques très différentes (pH, nutriment, texture) afin de couvrir une grande gamme de conditions environnementales. La combinaison de ces trois sols et ces trois génotypes permet de cibler une grande gamme de situations différentes afin de tester l'effet des microbiotes sur les deux traits mesurés.

Les analyses de partition de variance révèlent que le microbiote constitue la deuxième source significative de variance pour la croissance des plantes (8,1 %, $p < 0,001$), après l'environnement

(53,4 %, $p < 0,001$), tandis que le génotype arrive troisième (6,1%, $p < 0,001$). L’interaction « GxExM » (4 %, $p = 0,04$) met en évidence que la plasticité phénotypique peut en partie être attribuée au microbiote. L’effet global du microbiote s’est traduit par une variation allant de 28 à 34 % sur la croissance des plantes en fonction du microbiote appliqué, peu importe le sol et le génotype. Dans certains cas spécifiques, des variations allant jusqu’à +314% de biomasse produite ont pu être attribuées aux microbiotes, notamment pour le génotype Can dans le sol sableux d’Auxonne. Concernant la résistance à *B. cinerea*, l’interactions « GxExM » (14,8 %, $p < 0,001$) et GxM (5,6 %, $p < 0,01$) apparaissent respectivement comme les deuxièmes et troisièmes facteurs explicatifs après le génotype (28,9 %, $p < 0,001$). Dans les scénarios les plus contrastés, le microbiote permet de réduire de plus de la moitié la taille des nécroses foliaires (de -53% à -55.7%), surtout pour le génotype modérément sensible, Col. Aucun effet du microbiote n’a pu être montré sur le génotype le plus résistant, Cvi.

Nos résultats soulignent de manière inédite le potentiel du microbiote du sol comme facteur modulable dans l’amélioration des performances des plantes. L’introduction de la notion de « microbiabilité » dans un nouveau formalisme « GEM » permet de proposer un paradigme innovant en sélection variétale et complémentaire à la sélection génétique traditionnelle. Cette approche peu se révélé prometteuse dans le contexte actuel de changements globaux arrivant rapidement. Néanmoins, cette approche fondamentale questionne sur notre capacité concrète à piloter les microbiotes des sols afin de bénéficier de leurs effets sur les plantes.

Rôle des Vésicules Extracellulaires de phytobactéries dans les interactions avec la plante

Auteurs : **Fanny NAZARET¹, Timothée ZANNIS-PEYROT¹, Deniz SARIGOL¹,**
Vincent GAILLARD¹, Jeanne DORE¹, Pierre-Yves DUGAS², Matthieu
GAUCHER³, Fabiola BASTIAN⁴, Isabelle KERZAON¹, Gilles COMTE¹, Céline
LAVIRE^{1,*}, Ludovic VIAL^{1,*}.

1 Université Claude Bernard Lyon 1, UMR 5557 Ecologie Microbienne, CNRS, INRAE, VetAgro Sup, UCBL, F-69622, VILLEURBANNE, Lyon – France ; **2** Université Claude Bernard Lyon 1, CNRS, CPE Lyon, UMR 5128, Laboratoire Catalyse, Polymérisation, Procédés et Matériaux (CP2M), 69616 VILLEURBANNE, Lyon – France ; **3** IRHS-UMR1345, Université d'Angers, INRAE, Institut Agro, SFR 4207 QuaSaV, F-49071, BEAUCOUZE – France ; **4** DTAMB, FR BioEEVis, Université Claude Bernard Lyon 1, Lyon – France ;
* : Les deux auteurs ont participé de façon équitable aux travaux.

Mots-clés : Vésicules extracellulaires, interactions plante-bactéries, *Agrobacterium fabrum*.

Résumé :

Les Vésicules Extracellulaires (EV) sont de petites navettes moléculaires, formées par une bicoche lipidique et produites par l'ensemble des cellules vivantes. Véritables vecteurs de communication intercellulaire, elles sont impliquées dans le transport dynamique de protéines, de métabolites, de lipides et d'acides nucléiques à distance de la cellule productrice. En particulier, les EV bactériennes sont reconnues comme des acteurs clés dans les interactions entre les micro-organismes et leur environnement. La majorité des connaissances sur les EV bactériennes sont basées sur l'étude de bactéries pathogènes infectant les mammifères, telles que *Pseudomonas aeruginosa* ou encore *Vibrio cholerae*¹. Mais depuis peu, des travaux sur les EV de phytobactéries ont permis de démontrer l'importance des EV bactériennes dans la colonisation et la modulation de la physiologie de la plante hôte ou encore l'induction de réponses immunitaires^{2,3}.

Dans ce contexte, nos recherches sur les EVs de phytobactéries s'articulent autour de trois grandes questions : **i)** Comment l'environnement (en particulier les métabolites produits par la plante) et/ou le mode de vie de la bactérie modifient-ils le contenu des EV ? ; **ii)** Comment ces EV au contenu varié peuvent-elles moduler la physiologie végétale ; **iii)** La plante réagit-elle de la même manière lorsqu'elle est exposée à des bactéries ou uniquement à des EV ? Pour y répondre, nous avons choisi de caractériser le contenu et le rôle des EV de la bactérie *Agrobacterium fabrum* C58. Cette dernière est capable de vivre aussi bien en tant que commensale de la rhizosphère ou comme phytopathogène – lorsqu'elle héberge le plasmide pTi – responsable de la formation de tumeurs racinaires responsable de la maladie de la « Galle du collet » chez de nombreuses espèces végétales^{4,5}. L'analyse des EV d'*A. fabrum* C58 a permis de montrer que des conditions mimant l'environnement végétal modifie le contenu moléculaire des EV produites par *A. fabrum*, tant au niveau du contenu protéique, que métabolique et lipidique. Par ailleurs, il s'avère que les EV d'*A. fabrum* ont également des effets sur la réponse de la plante, distincts de ceux observés avec les cellules

bactériennes. Dans leur ensemble, ces résultats offrent une première carte d'identité fonctionnelle des EV de la phytobactérie *A. fabrum* C58 et ouvre plus généralement à de nouvelles perspectives pour comprendre le rôle des EV bactériennes dans les interactions plante–bactéries.

Références :

1. Sartorio, M. G., Pardue, E. J., Feldman, M. F. & Haurat, M. F. Bacterial Outer Membrane Vesicles: From discovery to applications. *Annu. Rev. Microbiol.* 75, 609–630, (2021).
2. Janda, M., Ludwig, C., Rybak, K., Meng, C., Stigliano, E., Botzenhardt, L., et al. Biophysical and proteomic analyses of *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* DC3000 extracellular vesicles suggest adaptive functions during plant infection. *mBio.* 14, e0358922, (2023). during plant infection. *mBio.* 14, e0358922, (2023).
3. McMillan, H. M., Zebell, S. G., Ristaino, J. B., Dong, X. & Kuehn, M. J. Protective plant immune responses are elicited by bacterial outer membrane vesicles. *Cell Rep.* 34, 108645, (2021).
4. Nester, E. W. *Agrobacterium*: nature's genetic engineer. *Front. Plant Sci.* 5, (2015).
5. Meyer, T., Renoud, S., Vigouroux, A., Miomandre, A., Gaillard, V., Kerzaon, I., et al. Regulation of hydroxycinnamic acid degradation drives *Agrobacterium fabrum* lifestyles. *Mol. Plant-Microbe Interactions.* 31, 814–822, (2018).

Eco-evolutionary dynamics of *Pisum*-Bacteria interactions mediated by reciprocal selection

Victor Angot¹, Yanis Bouchenak-Khelladi¹

¹UMR Agroécologie, Université Bourgogne Europe, INRAE, Institut Agro Dijon, Dijon, France,
17 Rue de Sully

Corresponding author: victor.angot@inrae.fr

Mots-clés : Evolutionary ecology, plant-microbiota interactions, *Pisum* spp., phylogenetics

Résumé :

Plant-microbiota interactions play a key role in plant adaptation by improving plant nutrient acquisition, abiotic and biotic stress resilience, and overall fitness. While these interactions are receiving growing attention in agriculture and conservation efforts, the ecological and evolutionary processes governing the assembly and function of plant-associated microbial communities are poorly understood. Emerging evidence indicates that these associations may be shaped by co-evolutionary processes whereby host evolutionary history explain its microbiota composition and function. However, these evidences remain limited with much of the recent work focusing on phylosymbiosis. While phylosymbiosis can reflect the influence of host phylogeny on the ecological structure of associated microbiota, it is essential to determine whether it also shapes the phylogenetic structure of the host-associated microbial community and whether closely related hosts associate with closely related microorganisms. Such co-phylogenetic patterns would inform to which extend the plant-microbiota interactions have driven the diversification and adaptation of both partners. We conducted a greenhouse experiment with 24 *Pisum* spp. accessions, comprising a total of 240 individual plants, to study plant-bacteria interactions across different plant-associated microhabitats. Bacterial DNA was extracted from bulk soil, rhizosphere, rhizoplane, endosphere and nodules microhabitats, resulting in the characterization of over 800 bacterial communities with full-length 16SrRNA gene sequencing. Through an integrative framework combining plant and bacterial phylogenetics, bacterial community ecology, bacterial functional traits and plant growth kinetics, we tested whether these interactions may reflect pairwise coevolution. We show that bacterial communities significantly differ across *Pisum* genotypes and reflect phylosymbiosis, with closely related hosts hosting more similar communities. Furthermore, phylogenetic structure of bacterial communities across host genotypes and plant-associated microhabitats reveals significant clustering, suggesting that plant-bacteria associations selectively favour specific bacterial lineages. Shifts in bacterial community composition and phylogenetic structure were coupled with changes in bacterial functional gene expressions, especially in nitrogen cycling, highlighting that host-driven filtering of microbial taxa may modulate ecosystem functions. Given that host phylogeny best explained the variation in plant developmental rate, we evaluate the degree to which this plant-specific trait relates to the structure and function of bacterial communities. Altogether, these findings suggest that both the host plants and their associated microbial communities act as niche constructors, with reciprocal effects on each other's fitness as reflected in the evolutionary patterns of their interactions. This study significantly enhances our understanding of plant-bacteria interactions by integrating ecological, evolutionary and functional perspectives, and opens new avenues for investigating their coevolution with potential implications for plant adaptation and microbiome-based innovations.

Session 5 : Microbiote, Anthropocène et changement climatique

Dynamiques microbiennes dans les estuaires souterrains et contributions au devenir des contaminants organiques émergents

Nicolas GALLOIS⁽¹⁾ [\[galloisnicolas.ng@gmail.com\]](mailto:galloisnicolas.ng@gmail.com), Leopold MATTHYS⁽²⁾, Jean-Luc BOUDENNE⁽³⁾, Virginie SANIAL⁽²⁾, Benjamin MISSON⁽²⁾

⁽¹⁾ Aix Marseille Univ., Université de Toulon, CNRS, IRD, MIO, Toulon, France;

⁽²⁾ Université de Toulon, Aix Marseille Univ., CNRS, IRD, MIO, Toulon, France

⁽³⁾ Aix Marseille Univ, LCE, Marseille, France

Mots-clés :

Estuaire souterrain ; zone de réactivité ; assemblages microbiens ; produits pharmaceutiques et de soins per-sonnels; géohydrologie

Résumé :

À l'interface terre-océan, les plages et leurs estuaires souterrains sont des liens essentiels entre les environnements aquatiques terrestres et marins. Ces environnements biogéochimiquement dynamiques offrent des habitats uniques et abritent diverses communautés microbiennes qui participent à d'importants services écosystémiques. Ces zones côtières déterminent le devenir des nutriments et des contaminants chimiques avant qu'ils n'atteignent les eaux côtières. Elles sont cependant de plus en plus impactées par les activités humaines en général. L'augmentation constante de la population humaine autour des côtes méditerranéennes exacerbe cette situation pour les plages méditerranéennes. Dans ce contexte, les plages de Marseille, situées au cœur de la ville et très fréquentées tout au long de l'année, représentent des plages méditerranéennes occidentales soumises à une forte influence humaine. Parmi les contaminants anthropogéniques, les produits pharmaceutiques et de soins personnels (PPCP) suscitent des inquiétudes croissantes en raison de leur persistance et de leurs effets écotoxicologiques potentiels. Parmi les multiples menaces, les contaminants chimiques libérés directement sur la plage, tels que les filtres UV des crèmes solaires, représentent une préoccupation émergente.

Cette étude vise à quantifier les flux d'eaux souterraines qui s'écoulent sous une plage urbanisée vers l'océan et à déchiffrer les structures des communautés microbiennes et leur potentiel de bioremédiation. Pour cela, elle combine des observations de terrain à la plage des Catalans à Marseille avec des expériences en laboratoire pour explorer le potentiel de dégradation de contaminants organiques modèles.

Deux campagnes de terrain ont été menées en août 2024 et janvier 2025. Trois transects (deux perpendiculaires et un parallèle au rivage) ont été effectués pour collecter des échantillons d'eau interstitielle et de sable immergé en surface de la nappe d'eau souterraine. L'influence des gradients de salinité, des conditions d'oxydoréduction, des nutriments et des PPCP sur la diversité microbienne a été suivie en utilisant la cytométrie en flux, la PCR quantitative et métabarcoding, la distribution et les diversités taxonomiques des procaryotes hétérotrophes et des eucaryotes sont évaluées pour localiser le champ de réaction microbiologique et ses moteurs environnementaux.

Les résultats ont mis en évidence un large gradient de salinité sous cette plage, allant de l'eau douce ($<1 \text{ g.L}^{-1}$) à l'eau de mer ($>38 \text{ g.L}^{-1}$) confirmant la présence d'un estuaire souterrain. Les vitesses d'écoulement ont été estimées entre 11 et 60 m/j. Une zone de réactivité a été identifiée dans la plage de salinité intermédiaire ($5-15 \text{ g.L}^{-1}$), caractérisée par une abondance accrue de procaryotes hétérotrophes, une élévation de la concentration en ammonium et une diminution de celle en nitrates/nitrites. Les analyses de métabarcoding ont montré une modification progressive de la structure des communautés procaryotes et eucaryotes le long du gradient de salinité, aussi bien dans l'eau interstitielle que dans le sable. La zone de réactivité, observée à salinité intermédiaire, était cependant caractérisée par un enrichissement en taxa spécifique, dont des eucaryotes et procaryotes inconnus.

Deux expériences en microcosmes ont été effectuées pour comparer les réponses et la capacité de biodégradation de communautés microbiennes souterraines prélevées à salinité intermédiaire vis à vis d'un filtre UV (octocrylène) ou de trois produits pharmaceutiques (azithromycine, érythromycine et fluoxétine). L'expérience avec l'octocrylène a révélé une stimulation significative de la croissance des procaryotes hétérotrophes dès le premier jour d'exposition, suggérant un potentiel de dégradation rapide. Cependant, la communauté retourne à son état initial après cinq jours, indiquant une dynamique transitoire et potentiellement spécifique. Les expériences avec les PPCP sont en cours, mais les premiers résultats suggèrent une réponse fonctionnelle rapide de certaines populations microbiennes.

La présence d'une zone de réactivité à une salinité intermédiaire offre la possibilité d'une biorestauration naturelle de certains contaminants organiques. L'identification de taxons spécifiques et la démonstration d'une réponse fonctionnelle aux filtres UV encouragent la poursuite des recherches sur les liens entre structure et fonction dans ces habitats peu explorés. L'intégration d'approches multi-échelles (terrain - microcosme - multi-omique) nous permettra de mieux prédire le devenir des contaminants dans les zones côtières urbanisées.

Potentiel de l'approche PICT pour fournir un référentiel d'analyse pour le diagnostic de la pression toxique dans les milieux aquatiques

Laura Kergoat ^{(1)*}, Vincent Tardy ⁽¹⁾, Chloé Bonnineau ⁽²⁾, Jérôme Labanowski ⁽³⁾, Leslie Mondamert ⁽³⁾, Bernadette Volat ⁽¹⁾, Lysiane Dherret ⁽¹⁾, Alexandra Gruat ⁽¹⁾, Loïc Richard ⁽¹⁾, Thomas Chapuis ⁽¹⁾, Cécile Miège ⁽¹⁾, Stéphane Pesce ⁽¹⁾

1. INRAE, UR RiverLy, Villeurbanne

2. INRAE, UR EABX, Cestas

3. IC2MP, UMR CNRS/Université de Poitiers, Poitiers

* kergoatlauralk@gmail.com

Mots-clés : écotoxicologie microbienne, pollution induced community tolerance, diagnostic, sédiment, périphyton

Résumé :

Les outils de biosurveillance des cours d'eau reposent majoritairement sur l'utilisation de macro-organismes. En dehors de l'indice biologique diatomées, les micro-organismes sont encore peu mobilisés malgré leur fort potentiel. En effet, leur temps de génération court et leur réaction rapide aux changements environnementaux en font de bons indicateurs écologiques. Lorsque les communautés microbiennes sont exposées de manière chronique à un contaminant, elles peuvent développer une tolérance à sa toxicité, liée généralement à la disparition d'espèces sensibles au profit d'espèces plus adaptées. Ce phénomène représente le socle de l'approche **PICT** (*Pollution-Induced Community Tolerance*). Celle-ci est de plus en plus reconnue par la sphère scientifique et opérationnelle comme un outil pertinent pour mettre en évidence les effets de la pression toxique dans les milieux aquatiques. Basée sur l'étude des communautés microbiennes naturellement présentes dans le milieu (principalement sous forme de biofilms, dans les sédiments de surface ou à la surface de substrats immergés), elle permet en effet d'établir des liens robustes entre le type de contamination (familles de substances) et les réponses biologiques observées. Grâce à des développements méthodologiques progressifs depuis plus de 15 ans, elle a ainsi été appliquée avec succès dans différents écosystèmes aquatiques pour mettre en évidence *in situ* l'impact de différents herbicides, du cuivre ou de diverses substances pharmaceutiques (antibiotiques, anti-inflammatoires non stéroïdiens, bêtabloquants, etc.) sur les communautés microbiennes présentes dans les eaux de surface (biofilms périphytiques) et dans le compartiment sédimentaire. A ce jour, l'un des principaux verrous pour son déploiement et son utilisation opérationnelle à large échelle concerne l'absence d'un référentiel d'interprétation qui permettrait de s'affranchir de la nécessité de disposer d'un site de référence pour chaque suivi réalisé.

Le projet **DiagnoPICT**, financé par l'Office Français de la Biodiversité (OFB) a été conçu pour répondre à ce besoin. Il vise à évaluer le potentiel de l'approche PICT comme outil de diagnostic de l'état écologique des cours d'eau en couplant à large échelle spatiale la caractérisation des réponses PICT (à partir de mesures de tolérance des communautés microbiennes périphytiques et sédimentaires à différentes familles de substances modèles - herbicide, métal, antibiotiques, anti-inflammatoires non stéroïdiens, anti-hypertenseur) et d'autre part, la réalisation d'empreintes

chimiques à partir du dosage d'un large panel de substances dans l'eau, les sédiments et le périphyton.

L'étude a été menée sur 20 stations réparties dans 10 cours d'eau situés en région Auvergne-Rhône-Alpes. Ces stations présentent des profils de contamination variés, comme le confirment les résultats des analyses chimiques réalisées dans les différents compartiments aquatiques. Les niveaux de tolérance des communautés microbiennes sont variables selon le type de toxique pris en considération pour la mesure PICT, la matrice (sédiment ou périphyton) et le type de compartiment microbien pris en considération (phototrophe ou hétérotrophe), ainsi que la station d'origine. Ces différents facteurs conditionnent le niveau de corrélation entre la réponse PICT (i.e., l'existence ou non d'une acquisition de tolérance microbienne) et les concentrations en toxiques mesurées *in situ*. Des paramètres physico-chimiques, tels que la granulométrie ou la teneur en matière organique des sédiments, semblent également interagir avec les contaminants et influencer les réponses biologiques.

Dans cette présentation, nous discuterons des pistes proposées pour standardiser la méthode PICT et tendre vers un référentiel d'interprétation des résultats obtenus. Pour ce faire, il est notamment nécessaire de tenir compte des facteurs environnementaux afin d'augmenter la robustesse de la démarche et contribuer ainsi à la biosurveillance des milieux aquatiques contaminés et au diagnostic de la pression chimique et de ses impacts écologiques.

Apport de l'écologie microbienne inversée pour la biosurveillance et l'évaluation des perturbations anthropiques

Mélusine MENDES⁽¹⁾, Elisabeth NAVARRO⁽¹⁾, Clara DIGNAN⁽¹⁾, Elisa CATAO⁽²⁾, Annick ORTALO-MAGNE⁽²⁾, Natacha JEAN⁽¹⁾, Véronique LENOBLE⁽¹⁾, Gaël DURRIEU⁽¹⁾, Jean-François BRIAND⁽²⁾, Benjamin MISSON⁽¹⁾

misson@univ-tln.fr

⁽¹⁾Université de Toulon, Aix Marseille Univ, CNRS, IRD, MIO, Toulon, France

⁽²⁾Laboratoire MAPIEM, Université de Toulon, Toulon, France

Mots-clés : milieu marin, pressions anthropiques, métagénomique, bioindication

Résumé :

Dans un contexte environnemental naturellement hétérogène et très dynamique, les communautés microbiennes côtières font face à des pressions anthropiques multiples, sources de perturbations dont les influences respectives sont difficiles à hiérarchiser. La compréhension des réponses microbiennes à ces pressions, de la hiérarchie des facteurs de contrainte et l'établissement d'indicateurs spécifiques constituent des perspectives nécessaires au développement d'opérations de biosurveillance et d'actions de gestion priorisées et ciblées.

La rade de Toulon est un environnement où de multiples gradients de contaminations chimiques inorganiques et organiques se superposent aux variations naturelles. Diverses communautés microbiennes (phytoplancton, procaryotes hétérotrophe) peuplant différents compartiments de l'écosystème côtier (sédiments, colonne d'eau) voient leur structure taxonomique modifiée le long de ces gradients, avec des amplitudes variées et des causes hypothétiques différentes.

Pour améliorer notre compréhension des réponses des communautés microbiennes côtières, une observation des variations spatiales de la diversité taxonomique et fonctionnelle des procaryotes a été réalisée sur trois sites disposés le long de gradients de pression anthropique. L'environnement abiotique est apparu hétérogène. Si la température et la salinité variaient peu, des gradients de ressources nutritives et de contaminants chimiques ont été mesurés dans l'eau comme dans les sédiments, avec de nombreuses co-variations. Le gradient de pressions anthropiques correspondait à des enrichissements sédimentaires importants en HAP (x 50), en métaux (x 8-26), en azote (x 2) et en carbone (+ 65 %) entre les sites les plus contrastés. De même, dans la zone la plus exposée aux activités humaines, la colonne d'eau était contaminée en métaux (x 5-20), en HAP (x 6) et en nitrates (x 5), enrichie en azote organique dissous (+ 25%) et en carbone organique dissous (+ 10%) par rapport à la zone de référence.

Les réponses et le potentiel d'indication de pressions anthropiques des procaryotes hétérotrophes planctoniques, des biofilms et des sédiments ont été comparés. La diversité alpha de la communauté planctonique semblait répondre plus fortement aux pressions anthropiques que celle des biofilms ou des sédiments. Des liens forts entre similarité biologique des communautés et

similarité de composition chimique dans le compartiment environnemental correspondant ont été observés, avec plus de reproductibilité pour le plancton. Les nombreuses co-variations abiotiques limitaient la possibilité d'établir une hiérarchie de pressions, quelle que soit la communauté considérée. De nombreux taxa présentaient un potentiel de bio-indication de perturbation, dans chaque communauté, sans possibilité de mettre en évidence des biomarqueurs spécifiques de contaminations particulières. Des approches similaires basées sur les données de métagénomique fonctionnelle ont mené à des conclusions proches, démontrant un potentiel d'application pour la biosurveillance dont la spécificité reste à démontrer.

Les données fonctionnelles ont également été utilisées pour une approche d'écologie inversée. La comparaison des métagénomes a permis de mettre en évidence des enrichissements et des appauvrissements relatifs dans de nombreuses catégories fonctionnelles. Le métabolisme du carbone est apparu particulièrement impacté pour les trois communautés microbiennes, avec des modifications importantes d'utilisation potentielle des glucides, lipides et protéines. Les interactions biotiques semblaient également impactées dans les trois communautés, avec un enrichissement important en éléments génétiques mobiles et prophages au site exposé à la plus forte pression anthropique. L'analyse du résistome microbien a mis en évidence que des gènes de résistance à des métaux, à des antibiotiques et des voies de dégradation des hydrocarbures étaient également impactés. Le résistome de la communauté planctonique est apparu davantage modifié que celui des deux autres communautés, biofilms et communautés sédimentaires semblant mieux adaptées au contexte historique de contamination. Les procaryotes planctoniques semblaient répondre davantage aux contaminations en HAP et en métaux qu'à l'enrichissement en substances azotées. Des évidences de réponse à des modifications abiotiques non mesurées ou non mesurables (disponibilité en phosphore, antibiotiques, ...) ont pu être observées.

Ainsi les communautés microbiennes planctoniques, des biofilms et des sédiments présentent des potentialités intéressantes mais contrastées de bioindication et d'établissement de hiérarchies de pressions anthropique. Si les approches traditionnelles d'écologie basées sur des corrélations sont rapidement limitées par les covariations, une approche d'écologie inversée à partir d'analyses fonctionnelles fournit des résultats encourageants.

Mangroves de l'Ogooué (Gabon) : Communautés microbiennes entre terre et mer

Eleonord Deaud'seyh Mayissah Moungues^{1,2,3}, Estelle Dumont¹, Anaëlle Genève³, Adélaïde Nieguitsila¹, Madi Guirema Abaker¹, Christian Martino³, Christophe Le Poupon², Benjamin Misson³, Stéphane Mounier³, Joseph Privat Ondo², Elisabeth Navarro³

¹Laboratoire de Recherche Multidisciplinaire en Environnement (LARME), Université des Sciences et Techniques de Masuku, Franceville, Gabon

²Laboratoire de REcherche en BIOchimie (LAREBIO), Université des Sciences et Techniques de Masuku, Franceville, Gabon

³Institut Méditerranéen d'Océanologie (MIO), Université de Toulon, La Garde, France

Résumé :

Les mangroves sont des écosystèmes forestiers particuliers adaptés à l'alternance eaux douces - eaux salées. Ces écosystèmes sont de véritables puits de carbone, ils jouent un rôle primordial pour la régulation du climat et pour la protection des environnements côtiers. Ce bassin versant est riche en ressources métallurgiques et pétrolières qui sont exploitées ou en voie de l'être. Les principales mines sont celles d'extraction du manganèse, mais on trouve aussi des mines d'uranium, de fer, d'or, de niobium sont également présentes ainsi que de nombreux sites d'orpailage illégal qui sont des sources de contamination en mercure. L'exploitation pétrolière est également une importante source de contamination à cause d'incidents (fuite de citernes, de pipelines) qui provoquent la contamination des ressources en eau (fleuve, lacs) et des sols. Les mangroves, situées à l'interface entre milieux marins et terrestres, deviennent ainsi le réceptacle de toutes les pollutions transportées par le fleuve Ogooué. C'est dans ce contexte écologique, que la diversité taxonomique des communautés microbiennes (archées, bactéries, eucaryotes) en relation avec les facteurs abiotiques est appréhendée. Pour ceci, des prélèvements de sédiments de mangroves ont été réalisés le long de la côte gabonaise, allant de Port Gentil à Olendé. Quatre zones d'échantillonnage ont été choisies allant d'une zone urbaine, une sur forte influence de l'Ogooué à des zones situées dans un environnement semblant moins impacté. Ceci devrait nous permettre d'obtenir un gradient de contamination. Nous avons appréhendé dans un premier temps, l'influence des facteurs abiotiques (contaminants métalliques traces en particulier) sur la structuration des communautés microbiennes. Dans un deuxième temps, nous avons identifié des populations microbiennes pouvant être des biomarqueurs de l'anthropisation. Par ailleurs, ce travail a identifié de nombreuses sources d'anthropisation dans le bassin versant de l'Ogooué et ses mangroves. Cette approche, inédite au Gabon, qui explore les relations entre les communautés microbiennes et leur environnement, a permis de mettre en évidence des taxons biomarqueurs de l'état de santé de l'écosystème des Mangroves.

Mots-clés : Mangroves, Gabon, paramètres environnementaux, communautés microbiennes, biomarqueurs

Les communautés de diatomées des biofilms marins plus sensibles aux HAP que les bactéries

(Co) auteur(s) : Tobias SERVULO (1), Alix DOMENGIE (1), Abel BARRE (1), Raphaëlle Barry-Martinet (1), Elisa CATÃO (1), Marc BOUCHOUCHA (2), Jean-François BRIAND (1)

Contact : tobias-servulo-rodrigues-de-sousa@etud.univ-tln.fr

(Co) auteur(s) : (1) *Laboratoire MAPIEM, Université de Toulon, Toulon, France.* ; Ifremer, COAST, F-83500 La Seyne-sur-Mer, France (2)

Mots-clés : Micro-organismes ; Mésocosmes ; Pollution ; Hydrocarbure Aromatique Polycyclique

Résumé :

Les biofilms sont des communautés microbiennes formées de procaryotes et eucaryotes qui colonisent les surfaces biotiques et abiotiques. Parmi les eucaryotes, les diatomées sont l'un des groupes les plus abondants, connues pour leur sensibilité aux variations environnementales et largement utilisées comme bioindicateurs de la pollution en eau douce. Les hydrocarbures aromatiques polycycliques (HAP) comptent parmi les contaminants les plus présents le long de la côte méditerranéenne, avec en particulier le phénanthrène (PHE), l'un des composés les plus fréquents et abondants. Sa structure chimique lui confère une plus grande solubilité par rapport à d'autres HAP, en faisant un modèle idéal pour des expériences en mésocosmes.

L'objectif de cette étude était de découpler l'effet d'un contaminant chimique présent en mer en évaluant les effets du PHE sur les communautés de procaryotes et de diatomées présentes dans des biofilms marins côtiers. Les biofilms ont été échantillonnés en Méditerranée française sur deux sites distincts distants de 10 km : la Petite Rade de Toulon (PR), site très anthropisé, et le Cap Sicié (CS), considéré comme un site de référence, sans contamination avérée en HAP. Sur chacun de ces sites, quatre plaques ont été immergées pendant 30 jours entre février et mars pour PR et mars et avril pour CS. Les biofilms formés ont été transférés dans des aquariums contenant de l'eau de mer prélevée *in situ*, filtrée et oxygénée, et exposées à différentes concentrations de PHE : 0 ng.L⁻¹ (contrôle, HAP0), 1 ng.L⁻¹ (HAP1), 10 ng.L⁻¹ (HAP10) et 500 ng.L⁻¹ (HAP500). Les mésocosmes ont été maintenus pendant 9 jours dans un phytotron, en conditions environnementales contrôlées similaires à celles mesurées *in situ* (température et luminosité) avec un renouvellement continu de l'eau de mer.

À la fin de l'expérience, l'ADN des échantillons de biofilms a été extrait et deux marqueurs génétiques ont été analysés par PCR : l'ADNr 16S (régions V4-V5) pour les procaryotes et le gène *rbcL* pour les diatomées. Les séquences obtenues ont été analysées avec la pipeline DADA2, l'affiliation taxonomique réalisée via FROGS à l'aide des bases de données *Silva* 132 (gène ARNr 16S) et *Diat.barcode* (gène *rbcL*), et des analyses statistiques de diversité alpha et bêta ont été conduites.

Pour les procaryotes, les indices Chao1 et Shannon ont montré des valeurs significativement supérieures pour le site anthropisé PR. L'analyse de la diversité bêta entre les sites CS et PR a mis en évidence des communautés distinctes associées aux différentes conditions d'exposition. Un gradient non significatif dans la composition microbienne en fonction de l'augmentation de la concentration de PHE a été identifié uniquement sur le site CS.

En termes de composition, la communauté procaryote était dominée par trois groupes principaux : les Flavobacteriaceae, les Hypomonadaceae et les Rhodobacteraceae. Sur le site PR, les Flavobacteriaceae représentaient jusqu'à 48 % de la communauté, tandis que sur le site CS, l'abondance était plus répartie entre les trois familles. Une différence significative dans l'abondance

relative des principaux groupes en fonction des niveaux de contamination a été observée uniquement sur le site CS, avec une augmentation des Pseudomonadales et une diminution des Rhodobacteraceae et des Saprospiraceae à mesure que la concentration de PHE augmentait, suggérant que les communautés du site PR seraient déjà adaptées à ces concentrations de polluants.

Concernant les diatomées, l'indice Chao1 n'a pas montré de différences significatives entre les traitements pour le site PR. Toutefois, avec une analyse comparative, l'indice de Shannon a indiqué une variation significative entre HAP0 et HAP1. La PERMANOVA a révélé des différences significatives de diversité bêta entre les traitements, mais les tests *post hoc* n'ont pas confirmé de différences entre les paires, ce qui pourrait être lié à la variabilité entre triplicatas en raison de l'hétérogénéité du biofilm sur les plaques. Au niveau de la composition spécifique, deux espèces — *Entomoneis paludosa* et *Berkeleya hyalina* — ont présenté une augmentation d'abondance proportionnelle à la concentration de PHE, tandis que *Nitzschia cf. longissima* a diminué. Contrairement aux procaryotes, qui n'ont présenté des effets liés à l'augmentation de la concentration de PHE que dans la zone la moins polluée, les communautés de diatomées ont également montré des variations significatives sur le site PR, suggérant une plus grande sensibilité, une moindre capacité d'adaptation aux contaminants et un pouvoir de bioindication plus élevé.

Effets des stress climatiques et de leur chronologie sur la résistance et la résilience des communautés microbiennes des sols

(Co) auteur(s) : Mathilde Jeanbille *(1), Sana Romdhane(1) , Marie-Christine Breuil(1), Aymé Spor(1), Laurent Philippot(1)

(Co) auteur(s) : (1) *Université Bourgogne Europe, Institut Agro Dijon, INRAE, UMR agroécologie, Dijon, France;*

* mathilde.jeanbille@inrae.fr

Mots-clés : perturbations multiples, sécheresse, réchauffement, communautés fongiques, communautés bactériennes

Résumé :

Le changement climatique provoque une augmentation en fréquence et en intensité des sécheresses et des vagues de chaleur, qui peuvent survenir de manière indépendante, simultanée ou successive. Cependant la compréhension de la réponse des communautés microbiennes des sols à ces perturbations multiples reste limitée, bien qu'elle soit fondamentale pour prédire les effets du changement climatique sur les fonctions écosystémiques des sols. L'objectif de cette étude a été d'analyser les effets des perturbations multiples liées au changement climatique et de leur chronologie sur les communautés microbiennes des sols. Pour cela, des microcosmes contenant 3 sols de nature contrastée (argileux, limon argileux et limon argilo-sableux) ont été soumis à des perturbations de type sécheresse (S ; 15-25 % de la capacité de rétention en eau) et réchauffement (R ; + 5°C). Les perturbations ont été appliquées (i) indépendamment (S ou R), (ii) simultanément (S+R) et (iii) successivement avec deux chronologies différentes (S puis R, ou R puis S). Les réponses des communautés fongiques et bactériennes ont été caractérisées immédiatement après les séquences de perturbations et après 6 semaines supplémentaires. Dans le sol limono-argileux, les diversités bactériennes et fongiques, en termes de richesse et d'équitabilité, ont montré une résistance importante au stress, tout comme la diversité fongique dans le sol limono-argilo-sableux. En contraste, les diversités fongique et bactérienne étaient plus faibles dans le sol argileux dans le traitement S puis R en comparaison de R puis S, mettant ainsi en évidence l'importance de la chronologie des perturbations. Concernant la β -diversité, les communautés bactériennes étaient plus résistantes aux perturbations que les communautés fongiques dans le sol argileux et le sol limono-argileux. En revanche, les communautés bactériennes du sol limono-argilo-sableux n'ont pas montré de résistance ni de résilience aux stress, excepté pour le réchauffement seul, à la différence des communautés fongiques peu résistantes mais résilientes. Dans ce sol, un effet significatif de la chronologie des perturbations a également été observé avec un impact plus important du traitement S puis R par rapport à R puis S sur les communautés bactériennes. En particulier, des taxons bactériens dominants ont été impactés négativement dans les traitements S, S+R et S puis R, et ne se sont pas rétablis. Nos résultats montrent que la chronologie des stress climatiques affecte la résistance et la résilience des communautés microbiennes, qu'elles soient fongiques ou bactériennes, et ce, dans divers types de sols. Ce travail souligne l'importance d'intégrer cette composante pour mieux comprendre et prédire l'impact du changement climatique sur les sols.

Interactions entre bactéries et champignons lignivores durant la biodégradation aérobie de triazoles dans des microcosmes contenant du bois traité

Marceau LEVASSEUR ^(1,2), Gaurav PANDHARIKAR ⁽¹⁾, Mélanie MOREL-ROUHIER ⁽¹⁾, Vincent CARRÉ ⁽²⁾, Aurélie DEVEAU ⁽¹⁾
marceau.levasseur@univ-lorraine.fr

⁽¹⁾ Université de Lorraine, INRAE, IAM, F-54000 Nancy, France ; ⁽²⁾ Université de Lorraine, Laboratoire de Chimie Physique – Approche Multi-Échelles des Milieux Complexes, 57070 Metz, France

Mots-clés : *Interactions bactéries-champignons ; biodégradation ; triazoles ; bioremédiation*

Résumé : Les bactéries et les champignons partagent des microhabitats où ils forment des communautés dont la structure et la dynamique sont influencées par des facteurs spatio-temporels, ainsi que par les interactions biotiques et abiotiques. La nature des interactions bactéries-champignons (BFI) dépend fortement du contexte environnemental. Dans des niches partagées, la compétition pour des ressources limitées tend à favoriser les interactions antagonistes, tandis que des environnements hostiles ou toxiques peuvent promouvoir des relations mutualistes, pouvant se traduire par l'élimination de toxines, le transport ou l'agrégation de micro-organismes. Comprendre la plasticité des BFI est crucial pour appréhender la stabilité des écosystèmes soumis à des stress extrêmes.

Notre étude explore ces mécanismes d'interaction en condition de stress chimique, en s'intéressant aux relations entre champignons dégradeurs de bois et bactéries hyphosphériques exposés à du bois traité. L'utilisation croissante d'essences peu durables a conduit à l'emploi de produits de préservation biocides, tels que le Tanalith-E3474, un traitement contenant du carbonate de cuivre, du tébuconazole et du propiconazole, des composés connus pour leur toxicité et leur persistance. Des travaux récents dans notre équipe ont mis en évidence des capacités différentielles de tolérance chez deux espèces fongiques majeures dégradeurs de bois : *Phanerochaete chrysosporium* (pourriture blanche) et *Rhodonia placenta* (pourriture brune).^{1,2}

Des microcosmes ont été établis avec l'un ou l'autre des champignons, en présence ou non d'un consortium de dix espèces bactériennes hyphosphériques. La phase solide était constituée de sciure de pin imprégnée de Tanalith-E3474, et la phase liquide contenait un extrait de malt. Après incubation à 28 °C pendant 10 jours, les triazoles ont été quantifiés par chromatographie liquide couplée à un spectromètre de masse (LC-MS), et les produits de dégradation ont été annotés par LC-MS/MS.

Dans les microcosmes fongiques, seul *P. chrysosporium* a démontré une capacité de biodégradation, réduisant de 50% les concentrations initiales en triazoles en 10 jours. En revanche, *R. placenta* ne présentait pas d'activité de dégradation, mais favorisait le transfert des triazoles de la phase solide vers la phase liquide. L'introduction du consortium bactérien a permis d'accélérer la biodégradation, divisant par 10 le temps de dissipation 50%. Par ailleurs, la mesure de l'activité antifongique a montré une toxicité initiale des triazoles significativement atténuée après 24 h d'incubation en présence des bactéries.

Nos résultats suggèrent que *R. placenta* lixivie les triazoles, *P. chrysosporium* initie leur dégradation et les bactéries accélèrent et participent activement à ce processus. En parallèle, nous avons annoté plusieurs voies de biodégradation initiées par les consortiums bactério-fongique, qui pourraient être utilisés comme outils de bioremédiation. Enfin, une espèce bactérienne du consortium a été identifiée pour sa capacité à dégrader les triazoles, favorisant ainsi la survie et

l'activité des champignons dégradeurs de bois. Cette observation met en évidence une interaction positive indirecte, médiée par cette bactérie, au bénéfice des champignons.

Bibliographie :

1. Pandharikar, G., et al. (2022). *Journal of Fungi* 8, 706. <https://doi.org/10.3390/jof8070706>.
2. Vandekerkhove, C., et al. (2025). *Journal of Hazardous Materials* 486, 136934. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2024.136934>.

Comment l'exploitation d'un bassin versant par l'industrie minière a-t-elle façonné les communautés microbiennes côtières à l'échelle de l'Anthropocène ?

M. Meyneng ⁽¹⁾, H. Lemonnier ⁽²⁾, D. Ansquer ⁽²⁾, F. Antypas ⁽²⁾, N. Briant ⁽³⁾, D. Dissard ⁽⁴⁾, A. Ehrhold ⁽⁵⁾, T. Haize ⁽²⁾, G. Jouet ⁽⁵⁾, F. Juillot ^(6,7), C. Lavignon ⁽⁴⁾, P. Le Roy ⁽⁵⁾, S. Schmidt ⁽⁸⁾, R. Siano ⁽¹⁾

Contact : mathisse.meyneng@ifremer.fr

¹ Ifremer, DYNECO, 29280, Plouzané, France

² French Institute for Research in the Science of the Sea (IFREMER), Research Institute for Development (IRD), University of New Caledonia, University of Reunion, CNRS, UMR 9220 ENTROPIE, Nouméa, New Caledonia

³ Ifremer, BE, 44311 Nantes, France

⁴ IRD/UMR LOCEAN (IRD-CNRS-MNHN-Sorbonne Université), Centre IRD de Nouméa, 101 Promenade Roger Laroque, Nouméa, 98848, New Caledonia

⁵ Ifremer, Géosciences Marines, 29280, Plouzané France

⁶ Institut de Recherche pour le développement (IRD), UMR 206/UMR 7590 IMPMC, 98848 Nouméa, New Caledonia

⁷ Institut de Minéralogie, de Physique des Matériaux et de Cosmochimie, IMPMC, UMR 7590 CNRS, Sorbonne Université, MNHN, IRD, 75005 Paris Cedex 05, France

⁸ UMR5805 EPOC, CNRS, OASU, Université de Bordeaux, 33615 Pessac, France

Mots-clés : ADN sédimentaire ancien, dégradation environnementale, résilience, continuum terre-mer

Résumé :

Les activités humaines ont profondément modifié l'environnement à l'échelle mondiale, engendrant une grande diversité d'impacts. Parmi celles-ci, l'exploitation minière se distingue notamment par ses effets directs sur les écosystèmes terrestres, via la destruction et la fragmentation d'habitats naturels. Mais cette activité peut aussi avoir des conséquences indirectes sur les écosystèmes marins adjacents, par le biais de processus tels que l'érosion accrue, le ruissellement de sédiments, ou le transfert de polluants chimiques vers le littoral. Or, ces impacts indirects sont encore peu quantifiés au sein du continuum terre-mer.

Dans ce contexte, cette étude se concentre sur les impacts environnementaux d'une mine de nickel à ciel ouvert, localisée dans le bassin versant de Thio, sur la côte Est de la Grande Terre (Nouvelle-Calédonie, sud-ouest de l'océan Pacifique). Ce site abrite la plus ancienne exploitation mondiale de nickel, exploitant des sols ultramafiques riches en métaux. Les archives historiques

montrent que l'exploitation minière a commencé dans le bassin versant de Thio en 1875, avec deux tournants majeurs qui ont profondément modifié son fonctionnement : l'introduction d'outils mécanisés après la Seconde Guerre mondiale et la mise en place des premières réglementations environnementales en 1975. En adoptant une approche paléoécologique multi-proxy, cette étude vise à reconstituer la réponse de l'écosystème marin côtier à ces transformations et à évaluer l'influence de la connectivité terre-mer sur la trajectoire de la biodiversité marine. Elle interroge également l'efficacité des mesures de gestion environnementale à travers l'analyse de la résilience de l'écosystème.

Pour cela, une carotte sédimentaire de 226 cm a été prélevée près de l'embouchure de la rivière de Thio pour suivre les changements de biodiversité en lien avec les périodes d'exploitation minière. Les échantillons couvrent plus de 1 200 ans de changements environnementaux, bien avant le début de l'exploitation minière sur le territoire. Les changements de biodiversité ont été évalués par le séquençage d'amplicons de l'ADN ancien sédimentaire (sedaDNA), ciblant les communautés de microeucaryotes (ADNr 18S-V4), ainsi que l'identification morphologique des communautés de foraminifères. Les modifications environnementales ont été caractérisées par la variabilité de la quantité et de la composition des sédiments, leur origine géologique et leur granulométrie au cours du temps. Les résultats montrent une augmentation marquée du taux de sédimentation, provenant des sols ultramafiques exploités, modifiant la contribution des apports sédimentaires naturels. Une baisse significative de la biodiversité y est associée, avec une diminution de 37 % de la diversité des microeucaryotes et de 30% de celle des foraminifères pendant le pic des activités minières non régulées dans les années 1960. Malgré l'introduction de réglementations environnementales après 1975, les conditions et les communautés pré-impact ne sont pas retrouvées. Bien que les concentrations de nickel aient diminuées, les taux de sédimentation et l'apport de matière d'origine ultramafique restent élevés. La composition des communautés modernes montre l'absence de retour pour de certains taxa impactés, et la prévalence de taxa opportunistes qui ont bénéficiés de ces impacts. Notamment, on observe une diminution de la richesse des foraminifères qui s'accentue, et une augmentation de la proportion des Fungi dans les sédiments les plus récents. Ces changements de richesse et de composition des communautés microbiennes côtières reflètent les conséquences de l'érosion accrue des sols, entraînant une accumulation de matière d'origine terrestre dans les zones côtières et le développement de nouvelles communautés.

Cette approche paléoécologique met en évidence que l'écosystème côtier a subi des altérations biologiques majeures, probablement irréversibles. Ce travail illustre comment une activité humaine prolongée et peu encadrée peut transformer durablement les paysages terrestres, avec des répercussions significatives sur les écosystèmes côtiers.

L'élévation de la température de l'eau réduit la complexité et la robustesse des réseaux bactériens dans les biofilms fluviaux

Vincent TARDY ⁽¹⁾, **Emilie LYAUTHEY** ⁽²⁾, **Arnaud FOULQUIER** ⁽³⁾, **Bernadette VOLAT** ⁽¹⁾,
Stéphane PESCE ⁽¹⁾

⁽¹⁾ INRAE, UR RiverLy, 69625 Villeurbanne, France

⁽²⁾ Université Savoie Mont Blanc, INRAE, CARRTEL, 74200 Thonon-les-Bains, France

⁽³⁾ Université Grenoble Alpes, CNRS, LECA, Grenoble, France

Email : vincent.tardy@inrae.fr

Mots-clés : Réseaux microbiens, température, périphyton, écologie fluviale, sédiments

Résumé :

Dans un contexte de changement climatique, les systèmes fluviaux européens sont de plus en plus exposés à des élévations de température marquées, notamment lors d'épisodes de canicule au cours desquels des températures extrêmes de l'eau sont fréquemment atteintes. Si les effets du réchauffement sur les macro-organismes aquatiques (poissons et invertébrés en particulier) et les microorganismes phototrophes (phytoplancton et cyanobactéries) sont bien documentés, les réponses des communautés bactériennes restent encore insuffisamment caractérisées. Ces communautés jouent pourtant un rôle central dans le fonctionnement des écosystèmes fluviaux, *via* le recyclage des nutriments et la décomposition de la matière organique.

Cette étude explore les réponses des communautés bactériennes à un gradient de température dans deux compartiments clés du continuum fluvial : les sédiments et les biofilms périphytiques. Deux expériences de réchauffement contrôlé ont été menées à partir de sédiments et de périphyton prélevés en début et fin d'été sur deux stations du Rhône (France), situées respectivement dans sa zone française amont (Bugey) et aval (Tricastin). Les sédiments et biofilms ont été incubés en mésocosmes, avec l'eau de rivière spécifique à chaque site, et soumis à quatre traitements de température (20 – correspondant à la température du milieu lors des prélèvements, 25, 30 et 35 °C) pendant trois semaines.

A partir des résultats de séquençage du gène codant l'ARNr 16S, une approche de réseaux écologiques a été développée afin d'évaluer l'organisation et la stabilité des communautés bactériennes en réponse au stress thermique. Des réseaux de co-variation entre taxons bactériens ont été construits pour chaque condition expérimentale, puis comparés selon leurs propriétés topologiques (connectivité, modularité, centralité, etc.). La robustesse de ces réseaux face aux pertes de diversité a également été analysée à l'aide de trois scénarios d'attaques ciblées, basées sur le degré et la centralité, ou aléatoires, de manière stochastique, sur les nœuds.

Nos résultats montrent que l’élévation de température entraîne une réduction significative de la complexité des réseaux bactériens dans les biofilms périphytiques, caractérisée par une baisse du nombre d’interactions et de la connectivité moyenne. Cette simplification structurelle s’accompagne d’une diminution de la robustesse écologique, traduisant une sensibilité accrue à des perturbations externes. Par ailleurs, les réseaux périphytiques deviennent plus spécialisés, comme en témoigne une augmentation de la modularité et du nombre de taxons qualifiés de spécialistes, au détriment des généralistes. Ces modifications topologiques sont significativement corrélées à une diminution des activités bactériennes mesurées, notamment la respiration, la photosynthèse et la dénitrification, suggérant une altération du fonctionnement écologique des biofilms sous contrainte thermique. En revanche, les réseaux bactériens issus des sédiments apparaissent globalement stables : les paramètres topologiques sont peu affectés par les variations de température, et aucune altération fonctionnelle n’a été détectée sur les activités bactériennes associées.

Ces résultats suggèrent que les communautés périphytiques sont plus vulnérables aux hausses de température que les communautés sédimentaires. Cette différence pourrait s’expliquer, en partie, par une structure initiale plus dense et connectée des réseaux sédimentaires, conférant à ces derniers une meilleure résistance face au stress thermique. La perte de complexité et de robustesse des réseaux périphytiques pourrait ainsi compromettre, à terme, le maintien des fonctions écologiques dans les milieux aquatiques soumis à un réchauffement accru. Enfin, cette étude souligne l’intérêt des approches par réseaux et de leurs métriques pour évaluer la stabilité des communautés microbiennes face aux changements globaux.

COMMUNICATIONS ECRITES

Session 1 : Écologie des communautés microbiennes

Diversité des entérobactéries résistantes aux antibiotiques de la classe des céphalosporines de 3^e génération (EB-C3GR) dans les sédiments, le périphyton et l'eau d'une rivière urbaine : Le Tillet (Aix-les-Bains, France)

(Co) auteur(s) : Elodie BARBIER⁽¹⁾, Géraldine DEPRET⁽¹⁾, Laura KERGOAT⁽²⁾, Arnaud MAGALLON^(1,3), Erine SEGHERS⁽¹⁾, Murielle ROCHELET⁽¹⁾, Alain HARTMANN⁽¹⁾, Stéphane PESCE⁽²⁾, Lucie AMOUREUX^(1,3)

lucie.amoureaux@chu-dijon.fr

⁽¹⁾ AgroEcologie, UMR 1347, INRAE-UBE-IAD, 17 rue Sully, BP 86510, 21065 Dijon Cedex, France

⁽²⁾ UR RiverLy, INRAE, 5 rue de la Doua, CS 20244, 69625 Villeurbanne Cedex, France

⁽³⁾ Laboratoire de Bactériologie du CHU de Dijon, BP 37013, 21070 Dijon CEDEX France

Mots-clés : *Escherichia coli*, résistance aux antibiotiques, rivière, sédiments, biofilm périphytique

Résumé

La pollution microbiologique des écosystèmes aquatiques par des bactéries résistantes aux antibiotiques (BRA) critiques pour la santé humaine d'après l'OMS (« WHO bacterial priority pathogens list »), est particulièrement importante autour des zones anthropisées. Les facteurs responsables de la dissémination, l'installation et l'adaptation des bactéries résistantes aux antibiotiques au sein des rivières urbaines sont encore mal connus.

Les objectifs de ce travail (partie du projet PharmOneHealth⁽¹⁾) étaient de rechercher et caractériser les entérobactéries résistantes aux céphalosporines de 3^{ème} génération (EB-C3GR) ou à l'imipénème (EB-IPMR), ainsi que *Pseudomonas aeruginosa* résistant à la ceftazidime (Pa-CAZR) dans l'eau, les sédiments et les biofilms périphytiques de la rivière Tillet traversant la ville d'Aix-les-Bains.

Trois sites présentant des niveaux différents de pression anthropique ont été échantillonnés au printemps et en automne 2024: un en amont de la ville d'Aix les bains (« amont ») et deux dans la ville (« buse » et « port »). Les prélèvements de biofilm périphytique et de sédiments ont été réalisés en triplicats sur chaque site puis mis en culture sur milieux sélectifs (géloses ou bouillons d'enrichissement additionnés de C3G ou IPM). Les souches isolées ont fait l'objet d'un antibiogramme ciblant 16 antibiotiques et pour certaines d'un séquençage du génome.

Des souches d'EB-C3GR (la majorité produisant des beta-lactamases à spectre élargi) ont été détectées dans toutes les matrices : *Escherichia coli* (n = 84), *Klebsiella pneumoniae* (n = 30) et *Enterobacter cloacae* complex (n = 3) tandis qu'aucune souche d'EB-IPMR ou Pa-CAZR n'a été isolée. Concernant *E. coli*-C3GR, le plus grand nombre de souches a été retrouvé dans la buse et au port (n = 47 et n = 30), par rapport à l'amont (n = 7). Ces variations spatiales témoignent de l'impact de la pression anthropique sur les rivières en milieu urbain. Des variations temporelles ont

également été observées avec un plus grand nombre de souches détectées dans les prélèvements de l'automne quels que soient la matrice ou le site de prélèvement, ceci étant lié probablement en partie aux conditions météorologiques. Parmi *E. coli*-C3GR, 77 % (65/84) des souches isolées présentaient des résistances à au moins l'une des 6 autres classes d'antibiotiques testées, et 18 % (15/84) à plus de 3 autres classes. Ces résistances concernaient les quinolones (50 % des souches résistantes à l'acide nalidixique, 21 % à l'ofloxacine), les tétracyclines (41 %), les sulfamides (33 %), le cotrimoxazole (38 %), les aminosides (60 % à la streptomycine, 13 % à la gentamicine, mais aucune résistance à l'amikacine), et le chloramphénicol (6 %). Au total, 50 profils de résistance différents ont été identifiés, témoignant ainsi d'une grande diversité phénotypique des souches présentes sur les 3 sites étudiés. De plus, les premières données de séquençage de génomes confirment cette diversité au niveau génétique.

Par ailleurs, des profils similaires de *E. coli*-C3GR ont été détectés dans différentes matrices et sur plusieurs sites à un temps donné (2 phénotypes au printemps et 10 en automne), suggérant la circulation possible des isolats entre ces différents réservoirs. Un profil de résistance particulier (résistance aux quinolones, aminosides, tétracyclines) a notamment été retrouvé à la fois dans les biofilms et sédiments des sites « buse » et « aval ». Cependant aucun phénotype commun n'a été détecté lors des 2 campagnes de prélèvements.

Ce résultat suggère que les souches isolées ne sont pas implantées de manière durable dans la rivière, mais qu'elles proviennent de rejets urbains en continu. Afin de confirmer cette hypothèse et de caractériser davantage ces souches, une analyse de génomes est actuellement en cours.

⁽¹⁾ Projet financé par le *Programme National de Recherche Environnement-Santé-Travail de l'Anses* avec le soutien des ministères chargés de l'environnement, de l'agriculture et du travail (ANSES-22-EST-066).

Utilisation de mutants de *Phanerochaete chrysosporium* résistants à la rapamycine pour étudier les molécules antifongiques produites par des souches de *Streptomyces*.

(Use of *Phanerochaete chrysosporium* mutants resistant to rapamycin to study the antifungal molecules produced by *Streptomyces* strains)

Cintia Blanco Nouche¹, Delphine Noel¹, Duy Vuong Nguyen¹, Abdoul-Razak Tidjani², Cyril Bontemps², Rodnay Sormani¹

cintia.blanco-nouche@univ-lorraine.fr

¹ Université de Lorraine, INRAE, IAM, F-54000 Nancy, France

² Université de Lorraine, INRAe, DynAMic, Nancy, F-54000, France

Mots clés : Rapamycin, *Streptomyces*, Metabolites, Antifungique

Resumé :

La plupart des antibiotiques, antifongiques et composés pharmaceutiques utilisés aujourd'hui proviennent du métabolisme secondaire des micro-organismes. Parmi ceux-ci, la rapamycine, un composé macrolide synthétisé par *Streptomyces hygroscopicus*, a initialement été identifiée grâce son activité antifongique. La rapamycine agit en inhibant l'activité kinase d'une protéine cible de la rapamycine : TOR (Target Of Rapamycin), qui est conservée chez les eucaryotes. Cette protéine est au centre d'une voie de signalisation, la voie de TOR, qui intègre des signaux nutritionnels et hormonaux pour adapter la croissance cellulaire et le métabolisme aux ressources disponibles pour la cellule. Au-delà de ses effets antifongiques, la rapamycine est aujourd'hui largement utilisée pour ses propriétés anti-inflammatoires, immunsuppressives et anticancéreuses. Les bactéries du genre *Streptomyces* sont connues pour leur production importante et variée de composés bioactifs. Ces bactéries sont omniprésentes dans les écosystèmes du sol. Afin d'identifier de nouvelles molécules antifongiques présentant un potentiel intérêt pharmaceutique, nous avons ciblé une collection de 20 souches de *Streptomyces* isolées à partir de sol forestier. Des tests de confrontation ont été réalisé entre ces souches et une collection de souches du champignon *Phanerochaete chrysosporium* RP78. En plus d'une souche sauvage, cette collection est constituée de différents mutants résistants à la rapamycine portant des mutations non-sens et faux-sens dans des gènes codant différents composants de la voie de signalisation TOR. Cette série de confrontation nous a permis de déterminer rapidement si le mécanisme d'action antifongique était dépendant ou indépendant de la voie de TOR. De plus, pour maximiser l'activation des potentiels groupes de gènes biosynthétiques cryptiques, les souches de *Streptomyces* ont été cultivées dans différentes conditions. Les métabolites bioactifs produits seront soumis à une analyse chimique par chromatographie liquide à haute performance (HPLC) couplée à la spectrométrie de masse (MS) afin d'identifier et de caractériser les composés.

La bêta-lactamase de *Pectobacterium versatile*, un bien commun du complexe d'espèces *Pectobacteriaceae* responsables du symptôme de pourriture molle (SRP)

Lorang Camille, Canto Pierre-Yves, Dutey Elena, Pétron Jacques and Barny Marie-Anne

Contact : pierre-yves.canto@sorbonne-université.fr

Sorbonne Université, IEES-Paris, 4, place Jussieu, 75005 Paris, France

Mots-clés : *Pectobacterium*, antibiotique, bêta-lactamase, bactéries phytopathogènes

Résumé :

Le rôle des antibiotiques dans les écosystèmes microbiens en l'absence de pression antibiotique clinique est peu connu. Le complexe d'espèces *Pectobacteriaceae* (SRP) comprend 37 espèces bactériennes qui sont collectivement responsables de la pourriture sévère de nombreuses cultures. Au sein de ce complexe, les souches de *Pectobacterium versatile* possèdent une β -lactamase appelée BlaPEC-1. Le but de ce travail est d'analyser le rôle de BlaPEC-1 lors de l'infection de plantes. Pour ce faire, deux souches déletées du gène *bla*PEC-1 ont été comparées à leurs génotypes sauvages *in vitro* et dans des infections de tubercules de pomme de terre simple ou en consortium avec différentes souches de SRP. *In vitro*, BlaPEC-1 permet à *P. versatile* de résister à l'ampicilline ou au carbapénème produit par *Pectobacterium brasiliense*. Dans les mono-infections de tubercules de pomme de terre, les souches déletées du gène *bla*PEC-1 ne sont pas affectées dans leur virulence, leur aptitude ou leur association avec des commensaux bactériens. Dans les infections mixtes, BlaPEC-1 est nécessaire à la coexistence de *P. versatile* avec la souche productrice de carbapénèmes et protège les souches sensibles aux carbapénèmes à la fois *in vitro* et *in planta*. La protection est observée malgré le fait que 1) le gène *bla*PEC-1 est réprimé *in planta* et 2) les bactéries exprimant BlaPEC1 sont minoritaires dans les symptômes. Ces résultats indiquent que BlaPEC-1 exerce une véritable fonction de β -lactamase au cours du processus d'infection et agit comme un bien public du complexe d'espèces SRP pour maintenir la diversité des souches.

Diversité et dynamique temporelle à long terme des microsporidies dans le lac d'Aydat par une approche de paléogénomique

Léa COMBES⁽¹⁾ (Lea.COMBES@uca.fr), Marina CHAUDET⁽²⁾, Arthur MONJOT⁽²⁾, Anne-Isabelle MONÉ⁽¹⁾, Caroline PONT⁽³⁾, Carol MOREAU⁽³⁾, Frédéric DELBAC⁽¹⁾, Marie DIOGON⁽¹⁾, Cécile LEPÈRE⁽¹⁾.

⁽¹⁾ CNRS/UCA, UMR 6023 Laboratoire Microorganismes : Génome et Environnement, Université Clermont Auvergne, 63000 Clermont-Ferrand, France.

⁽²⁾ Ifremer, UMR 6538 Geo-Ocean, DYNÉCO, 29280 Plouzané, France

⁽³⁾ INRAE/UCA, UMR 1095 GDEC, PALÉOEVO, 63000 Clermont- Ferrand, France

Mots-clés : ADN sédimentaire, Microsporidies, Eucaryotes unicellulaires, Lac

Résumé :

La diversité des parasites a longtemps été sous-estimée, et ce, malgré leur rôle central dans le fonctionnement des écosystèmes. L'avènement du séquençage à haut débit a considérablement enrichi notre compréhension des communautés microbiennes eucaryotes aquatiques, révélant que les parasites pourraient représenter entre 30 et 71 % de la diversité d'un écosystème. Cependant, certains groupes, tels que les microsporidies (parasites intracellulaires d'invertébrés et de vertébrés, y compris l'humain), demeurent peu étudiés en raison de leur importante divergence génétique avec les autres eucaryotes. Des travaux récents menés au laboratoire ont mis en évidence une diversité insoupçonnée de microsporidies dans les milieux aquatiques, suggérant un impact potentiel sur les réseaux trophiques en raison de leur large spectre d'hôtes. Néanmoins, la dynamique temporelle à long terme de ces parasites et leur évolution en lien avec l'histoire des lacs et les variables environnementales demeurent inconnues. Dans ce contexte, cette étude vise à étudier leur dynamique dans un lac soumis à l'influence anthropique (lac d'Aydat, Auvergne), en adoptant une approche de paléogénomique. Des analyses de métabarcoding ciblant les microsporidies et leurs hôtes eucaryotes potentiels ont été réalisées sur une carotte sédimentaire couvrant environ 100 ans d'accumulation. Ces analyses ont mis en évidence de fortes variations de diversité et d'abondance parmi trois genres dominants de microsporidies : *Crispospora*, *Pseudoberwaldia* (parasites d'arthropodes) et *Vittaforma* (parasite humain). La détection de plusieurs OTUs (Operational Taxonomic Units) affiliées à un même genre, alors que chaque genre ne contient qu'une seule espèce connue, suggère la possible existence de nouvelles espèces encore non identifiées. Enfin, la construction d'un réseau de cooccurrence a permis de révéler de potentielles interactions inattendues avec des hôtes eucaryotes, y compris du phytoplancton et d'autres parasites tels que les chytrides. La dynamique temporelle de ces hôtes potentiels pourrait expliquer celle des microsporidies identifiées.

***Phreatobacter putealis* HK31-P^T sp. nov., une bactérie mixotrophe, microaérophile, et ferro-oxydante isolée à partir d'un aquifère Islandais.**

Marc Cozannet⁽¹⁾, Ludivine Michaudet⁽¹⁾, Erwann Vince⁽¹⁾, Rawane Hamze⁽¹⁾, Amaury Le Vern⁽¹⁾, Ashley Grosche⁽¹⁾, Loïs Maignien⁽¹⁾, Mohamed Jebbar⁽¹⁾, Karine Alain⁽¹⁾ et Sophie Mieszkin⁽¹⁾

(Adresse mail : marc.cozannet@gmail.com)

(1) Univ Brest, CNRS, Ifremer, EMR 6002 BIOMEX, IRP 1211 MicrobSea, Unité Biologie et Ecologie des Ecosystèmes marins Profonds BEEP, F-29280 Plouzané, France

Le CO₂ est un puissant gaz à effet de serre impliqué dans le dérèglement climatique actuel. Face à cette problématique, le projet Carb-Fix (Islande, EU, France) vise à étudier et optimiser la séquestration du CO₂ sous forme de carbonate dans les couches basaltiques du système volcanique du Hengill (Islande). Ce site d'aquifères comporte un puits d'injection de CO₂ et 10 puits témoins, dont le puits HK-31. Environ 12 L d'eau (24,1°C, pH = 8,78) provenant de ce dernier ont été échantillonnés en juillet 2019 avec, en autres, pour objectif d'identifier les communautés microbiennes cultivables résidants dans l'aquifère.

Tout d'abord, des sous-échantillons ont été enrichis dans des tubes de milieux de culture semi-gélosés, en conditions microaérophiles, avec un gradient de fer ferreux (Fe(II)). Ensuite, une approche par dilutions à l'extinction suivie de séries d'étalements sur gélose (R2A) ont mené à l'isolement en culture clonale d'une nouvelle espèce appartenant au genre *Phreatobacter* (*P. putealis* HK31-P^T). Il s'agit d'une bactérie Gram négatif, mésophile (*T*_{opt.} = 35 °C), neutrophile (pH opt. = 8), se développant à de faibles concentrations (0–0,5%) en NaCl, et mixotrophe. L'annotation du génome indique que *P. putealis* HK31-P^T serait capable de réduire le sulfate et le nitrate. La capacité d'oxyder le Fe(II) n'a jamais été démontrée chez les représentants de ce genre. La mise en évidence de cette propriété chez *P. putealis* HK31-P^T a été testée *in vitro* en conditions autotrophes, en microaérophilie (donneur d'e⁻ = O₂) et en anaérobiose (NO₃⁻). Si les résultats montrent que la souche HK31-P^T est bien capable d'oxyder le Fe(II) en conditions microaérophiles, aucune voie complète de ferro-oxydation n'a pu être identifiée dans son génome. Cela questionne ainsi nos connaissances sur la diversité des voies et l'importance de ce métabolisme. Néanmoins, cela souligne la versatilité métabolique de cette nouvelle espèce.

Mots clefs : *Phreatobacter*, ferro-oxydation, microaérophilie, aquifère, Islande

Anthracnose des légumineuses en France : analyse de la présence, de la diversité de *Colletotrichum* et du microbiote associé – Le projet COLLEG

Maël CULUS⁽¹⁾, Kevin FERNANDES⁽¹⁾, Anne MOUSSART⁽²⁾, Bastien REMURIER⁽²⁾,
Klervi CRENN⁽³⁾, Hélène BAUDET⁽⁴⁾, Benjamin RICHARD⁽⁵⁾, Gaétan LE FLOCH⁽¹⁾,
Christophe LEMAY⁽⁶⁾ Adeline PICOT⁽¹⁾, Flora PENSEC⁽¹⁾
mael.culus@free.fr

⁽¹⁾ Univ Brest, INRAE, Laboratoire Universitaire de Biodiversité et Écologie Microbienne, F-29280 Plouzané, France ; ⁽²⁾ Terres Inovia ; ⁽³⁾ Vegenov, 29250 Saint Pol de Léon, France ;
⁽⁴⁾ UNILET ; ⁽⁵⁾ ISARA ; ⁽⁶⁾ IGEPP, INRAE, Institut Agro Rennes-Angers, Univ. Rennes

Mots-clés : anthracnose, légumineuses, microbiote, diversité

Résumé :

Parmi les maladies touchant les légumineuses au niveau mondial, l'anthracnose est décrite comme étant de plus en plus prévalente dans la majorité des pays producteurs. Cette maladie participe à la limitation du développement de ces cultures, primordiales pour assurer la souveraineté protéique. Chez les plantes touchées, les pertes de rendement peuvent atteindre 60% à 100% du potentiel. En France, la maladie est décrite depuis plus de 30 ans sur lupin et a été identifiée récemment sur pois, en 2020, avec depuis, une prévalence et une agressivité jamais observée jusqu'alors. Afin de mieux comprendre le développement de cette maladie émergente sur certaines légumineuses, le projet COLLEG vise à évaluer la présence de *Colletotrichum* sur les légumineuses cultivées en France et à caractériser le microbiote et les pratiques agricoles associées. En s'appuyant sur un réseau de parcelles couvrant le territoire français (5 à 15 parcelles par culture, pour 7 légumineuses différentes), l'analyse comparée du microbiote des parcelles sera réalisée sur des plantes symptomatiques et asymptomatiques via une double approche culture-dépendante et -indépendante. Les premiers résultats des mises en culture indiquent un niveau très faible de contamination en 2025 avec une présence plus importante d'autres agents pathogènes. Dans un deuxième temps, nous évaluerons la diversité génétique et physiologique des souches de *Colletotrichum* collectées sur le terrain. Il s'agira donc de caractériser la diversité génétique (par marqueurs Single Nucleotide Polymorphism, SNP) puis phénotypique des souches de *Colletotrichum* en évaluant leur agressivité sur diverses légumineuses pour estimer le risque d'élargissement de la gamme d'hôtes. Enfin, les conditions favorisant l'implantation de ces souches et leur potentiel d'adaptation (température, humidité et résistance aux traitements fongicides) seront évaluées par néphéломétrie laser. L'organisation et les objectifs du projet ainsi que les premiers résultats obtenus durant la première année seront présentés dans ce poster.

Impact de l'activité touristique sur l'écosystème et la qualité bactériologique de l'environnement marin de la baie de Dakhla au Sud du Maroc (Période : 2021-2024)

Mina Della¹, A. El Kilani¹, I. Kabiri¹, A. Gjije², A. Mhanni³.

1 : Laboratoire de Surveillance et Suivi du Milieu marin, du Centre Régional de l'INRH DAKHLA – Km 7, Rute de Boujdour - BP 127 Bis CIV-73000- Dakhla -Maroc ;

2 : Centre Régional de l'INRH Dakhla – Km 7, Rute de Boujdour -BP 127 Bis CIV-73000- Dakhla -Maroc ;

3 : Laboratoire de Surveillance et Suivi du Milieu marin, INRH, Oualidia - [CR INRH](#) CASABLANCA-2 Boulevard Sidi Abderrahmane, Casablanca 20250, Maroc.

Mots clés : [Mollusques bivalves](#), [Salmonelles](#), [Escherichia Coli](#), [Coliformes fécaux](#), [Tourisme](#).

Résumé

La baie de Dakhla est un milieu précieux distingué par différentes potentialités, notamment la pêche, l'aquaculture, le sport nautique et le tourisme, Cependant, le développement de ces activités humaines, peut engendrer des impacts négatifs sur ce milieu, qui peuvent constituer une menace pour la santé humaine. Ceci nécessite une attention particulière à ce milieu par la mise en place d'un programme de protection et de préservation de cet écosystème. Ce projet est ancré dans cette mission de monitoring, destinée à réaliser une étude intégrée de surveillance de l'environnement marin de la baie de Dakhla. L'objectif de cette étude est de chercher des solutions de protection du milieu marin quant à la contamination bactérienne de cet écosystème marin. A cet effet, une évaluation de l'impact du tourisme sur ce milieu est réalisée, par la recherche des bactéries pathogènes notamment les salmonelles et le dénombrement des bactéries indicatrices de contamination fécale notamment *Escherichia Coli* et les Coliformes fécaux, dans l'eau de mer et les mollusques bivalves, des zones à risques de cet écosystème. Durant la période d'étude (2021 – 2024), les résultats des analyses effectuées dans l'eau de mer et les mollusques bivalves, dénotent une absence des salmonelles dans ce milieu. En revanche, le dénombrement d'*Escherichia Coli* et des Coliformes fécaux, réalisé dans l'eau de mer et les coquillages, au cours de l'année 2024, est marqué par la confirmation de la stabilité de l'état de salubrité dans certaines zones à risque et par une dépollution d'autres zones de cet écosystème.

En conclusion, les résultats notés encouragent le maintien du monitoring environnemental, afin d'apporter de l'aide aux décideurs, à prendre les mesures nécessaires pour la protection de cet écosystème, des différentes agressions polluantes.

Les dessous de la litière : capacité d'adhésion et dynamique de décomposition en conditions stressantes

Titouan DIONET^(1,2), Daphnée CAUX⁽¹⁾, Joséphine LEFLAIVE⁽³⁾, Jérémie JABIOL^(3, 4),
Aurélie CEBRON⁽¹⁾, Martin LAVIALE^(1,2), Michaël DANGER^(1,2)

*titouan.dionet@univ-lorraine.fr

(1) Université de Lorraine, CNRS, LIEC, F-57000 Metz, France (ou F-54000 Nancy)

(2) LTSER Zone Atelier Moselle, F-54500 Vandœuvre-lès-Nancy, France

(3) CRBE, UMR 5300 Université de Toulouse, CNRS, F-31062 Toulouse, France

(4) HYFE, F-31000 Toulouse, France

Mots-clés: *hyphomycètes aquatiques, diatomées, décomposition, colonisation microbienne, stresseurs environnementaux*

Résumé :

Les microorganismes des cours d'eau, notamment les hyphomycètes aquatiques, les diatomées et les bactéries, jouent un rôle central dans la décomposition de la litière végétale. Pourtant, l'impact des stresseurs environnementaux sur la colonisation microbienne et les processus de décomposition reste encore mal connu. Cette étude vise à évaluer dans quelle mesure une exposition préalable des communautés de microorganismes à des stresseurs affecte leur capacité de colonisation de la litière et *in fine* la dynamique de décomposition de celle-ci.

Dans ce cadre, quatre assemblages microbiens ont été constitués : (i) bactéries seules, (ii) bactéries-diatomées, (iii) bactéries-hyphomycètes, et (iv) un assemblage complet (bactéries, diatomées, hyphomycètes). Tout d'abord, les microorganismes ont été acclimatés en conditions stressantes (carences en azote et en phosphore, exposition à 10 µg/L de tébuconazole, un fongicide). Les assemblages ont ensuite été réalisés puis mis en contact, en conditions non stressantes, avec des disques de feuilles d'érable stériles pendant 1,5 j. Enfin, les disques ont été récupérés et incubés pendant 30 j, toujours en conditions non stressantes. Des échantillonnages ont été réalisés à 1,5, 10 et 30 j pour évaluer le taux de décomposition, les ratios élémentaires (C:N:P) et la composition des communautés (qPCR).

Les premiers résultats indiquent un effet significatif de la composition initiale des assemblages microbiens sur la décomposition, avec une efficacité accrue lorsque hyphomycètes et diatomées sont associés, suggérant une complémentarité fonctionnelle entre ces groupes. L'analyse stœchiométrique montre également des effets différenciés des assemblages sur la dynamique de fixation de l'azote et du phosphore dans les feuilles. En revanche, les conditions stressantes appliquées en phase de culture ne semblent pas altérer significativement les capacités de décomposition, suggérant une résilience des communautés microbiennes ou des mécanismes de récupération. Afin de compléter ces résultats, des analyses qPCR sont en cours pour caractériser la succession microbienne et identifier les mécanismes de colonisation différenciée. Ces résultats contribueront à améliorer la compréhension des liens entre structure des communautés microbiennes et processus de décomposition dans un contexte de stress environnemental.

Impact de la désoxygénation sur la répartition et la dynamique des microorganismes impliqués dans la production de gaz à effet dans le lac d'Aydat

(Co) auteur(s) : Sarah DONNADIEU (sarah.donnadieu@uca.fr), Léa COMBES, Damien COURTINE, Anne MONÉ, Maïlycia SCHEEPERS, Cécile LEPÈRE, Corinne BIDERRE-PETIT

CNRS/UCA, UMR 6023 Laboratoire Microorganismes : Génome et Environnement, Université Clermont Auvergne, 63000 Clermont-Ferrand, France.

Mots-clés : Lac - Désoxygénation - Gaz à effet de serre - Communautés microbiennes – Marqueurs fonctionnels

Résumé :

Depuis l'avènement de l'ère industrielle, les activités humaines sont les principales causes du réchauffement climatique, avec des impacts importants sur de nombreux écosystèmes et organismes. Pour les milieux aquatiques, un des impacts visibles est la réduction du taux de dioxygène (O_2). Cette désoxygénation, d'abord observée dans les océans, s'installe également dans les milieux d'eau douce où elle semble plus accentuée. En effet, l'analyse de centaines de lacs tempérés a montré une perte moyenne d' O_2 dissous de plus de 5% en surface et de plus de 18% en profondeur au cours des 45 dernières années (Jane et al., 2021). Selon les modèles climatiques, cette tendance pourrait s'accentuer au cours des prochains siècles et être à l'origine d'événements comparables à ceux responsables d'extinctions massives (Breitburg et al., 2018). Ce phénomène engendre en effet une perte de biodiversité et une modification des habitats ce qui affecte les chaînes trophiques et les services écosystémiques. Bien qu'encore peu étudiés, les impacts sur les communautés microbiennes pourraient être importants avec des répercussions sur leur diversité, leurs interactions, les phénomènes de migration et de remplacement d'espèces. L'augmentation des zones dépourvues en O_2 pourrait également favoriser les émissions de gaz à effet de serre (GES), les processus microbiens responsables de leur production se déroulant principalement dans les compartiments anoxiques.

Dans ce contexte, le travail réalisé dans le cadre du projet ANR DIAMOND (pour « Diversity and metabolic Adaptation of Microorganisms in increasing OxygeN Depleted freshwaters », 2024-2028) vise, notamment, à mieux comprendre l'effet de la désoxygénation sur la structure et la distribution des populations microbiennes en lien avec la production de GES (méthane (CH_4) et protoxyde d'azote (N_2O)) dans la colonne d'eau d'un lac modèle, le lac d'Aydat (Auvergne). Les approches mises en place pour déchiffrer ce phénomène sont des approches moléculaires (PCR, RT-PCR, qPCR, qRT-PCR) ciblant des gènes phylogénétiques (gènes codant l'ARNr 16S) et fonctionnels (*mcrA* et *pmoA* pour le CH_4 ; *amoA*, *hao*, *narG*, *nirS*, *nirK*, *norB* et *nosZ* pour le N_2O) et de séquençage massif (metabarcoding) à partir d'échantillons prélevés tous les 15 jours et tous les mètres. Ces données sont complétées par des données de paramètres environnementaux mesurés *in situ* à l'aide de capteurs et *ex situ* par des approches analytiques. Les résultats issus de ce travail permettront de proposer une image complète et précise de la distribution et de l'évolution des groupes microbiens

responsables de la production et de la consommation de GES dans l'espace et au cours du temps en fonction de la concentration en O₂ dissous.

Breitburg D, Levin LA, Oschlies A, *et al.* Declining oxygen in the global ocean and coastal waters.

Science. 2018; 359(6371):eaam7240. doi: 10.1126/science.aam7240

Jane SF, Hansen GJA, Kraemer BM, *et al.* Widespread deoxygenation of temperate lakes. *Nature*.

2021; 594(7861):66-70. doi: 10.1038/s41586-021-03550-y

Caractérisation physiologique de l'isolat dénitritifiant *Pseudomonas veronii*

Laëtitia Dréville, Valérie Gouesbet, Céline Roose-Amsaleg, Anniet M. Laverman
laetitia.drevillon@univ-rennes.fr

UMR 6553 Ecobio, 263 AV Général Leclerc, 35700 Rennes

Mots-clés : caractérisation physiologique, dénitritification, *Pseudomonas veronii*

Résumé :

Nous avons étudié les caractéristiques physiologiques de *Pseudomonas veronii*, une bactérie dénitritifiante isolée à partir d'un sédiment de rivière. Cet isolat est capable de réaliser une dénitritification complète du nitrate (NO_3^-) jusqu'à l'azote gazeux (N_2). La croissance et l'activité dénitritifiante de *P. veronii* ont été évaluées à différentes concentrations de nitrate et à diverses températures. Pour cela, la souche a été cultivée dans un milieu minéral, en conditions anoxiques favorables à la dénitritification.

Nos résultats montrent que *P. veronii* présente une croissance optimale entre 25 et 28 °C, tandis que sa croissance à 37 °C est très limitée. Par ailleurs, l'étude de la croissance en fonction des concentrations en nitrate révèle une cinétique de type Michaelis-Menten, avec une vitesse maximale de réduction du nitrate (V_{max}) de 0,15 mmol NO_3^- /h et une constante d'affinité (K_m) de 1 mM.

Ces résultats permettent de définir les conditions optimales pour suivre la réduction du nitrate à température optimale et d'envisager l'analyse de la production intermédiaire de N_2O lors d'expériences futures. L'objectif sera notamment d'évaluer la sensibilité de ce dénitritifiant à divers polluants environnementaux, tels que les antibiotiques, les biocides et les pesticides.

Virulence de *Nocardia cyriacigeorgica* en milieu urbain influence des polluants et implication du gène *hbha* dans le processus infectieux

Imane El Idrissi ⁽¹⁾, Emmanuelle Bergeron ⁽¹⁾, Delphine Mounié ⁽¹⁾, Aurélien Funffrock ⁽¹⁾, Baptiste Luton ⁽¹⁾, Alain Géloën ⁽¹⁾, Benoit Cournoyer ⁽¹⁾, Emmanuelle Berger ⁽¹⁾, Veronica Rodriguez-Nava ⁽¹⁾

Mail auteur : imane.el-idrissi@univ-lyon1.fr

⁽¹⁾ Université Claude Bernard Lyon 1, UMR Ecologie Microbienne (LEM), CNRS 5557, INRA 1418, Research Team "Bacterial Opportunistic Pathogens and Environment" (BPOE), Lyon France

Mots - clés : *Nocardia* ; *Polluant* ; *Virulence* ; *Environnement urbain*

Résumé

Avec l'augmentation des populations urbaines, il devient crucial de mieux comprendre les risques sanitaires liés à la vie en ville, notamment ceux associés aux agents infectieux. *Nocardia cyriacigeorgica*, bactérie opportuniste responsable de nocardiose, est l'une des espèces les plus courantes en milieu clinique. Elle est également présente dans des environnements urbains fortement pollués. Cette étude a pour objectif d'évaluer le potentiel infectieux de souches de *N. cyriacigeorgica* prélevées sur des surfaces urbaines à Lyon, ainsi que l'effet de polluants urbains sur leur virulence. Des souches cliniques et environnementales de *N. cyriacigeorgica*, isolées à différentes périodes et sur des surfaces urbaines de lieux emblématiques de Lyon, ont été comparées. Des tests antimicrobiens ont permis d'identifier des polluants urbains auxquels ces souches sont résistantes. L'impact de ces polluants sur la virulence de ces souches a ensuite été évalué par co-culture avec des cellules pulmonaires humaines A549. Enfin, des analyses par PCR ciblant le gène *hbha*, codant pour une adhésine, ont été réalisées afin d'explorer les mécanismes d'adhésion et de colonisation impliqués dans le processus infectieux. Les résultats montrent que toutes les souches de *N. cyriacigeorgica* résistent à de fortes concentrations de polluant, notamment la 1,4-naphtoquinone, polluant aérosol et dérivé d'hydrocarbure. La pré-exposition des cellules A549 à une concentration non cytotoxique de ce polluant exacerbé la virulence de souches urbaines, suggérant une interaction polluant-hôte-pathogène. Ces résultats montrent également que les souches urbaines présentent une virulence significativement plus élevée que la souche clinique hautement virulente utilisée comme référence. Enfin, les analyses PCR du gène *hbha* ont révélé sa présence chez toutes les souches de *N. cyriacigeorgica* et son absence chez les espèces non pathogènes, renforçant son intérêt comme marqueur de pathogénicité. Cette étude démontre l'importance d'intégrer les risques infectieux dans les réflexions sur la qualité de l'environnement urbain et la santé publique.

Réponse génétique de *Pseudomonas putida* KT2440 à la toxicité des terres rares : Approche par RB-TnSeq

Théophile FRANZINO ⁽¹⁾, Charly DUPONT ⁽¹⁾, Nohlan BERCEAUX ⁽¹⁾, Patrick BILLARD ⁽¹⁾.

Theophile.franzino@univ-lorraine.fr

⁽¹⁾ Université de Lorraine, CNRS, LIEC, F-54000, Nancy, France

Mots-clés : Terres rares, *Pseudomonas putida*, Toxicité, Tolérance, RB-TnSeq.

Résumé :

Les terres rares (TR), suscitent un intérêt croissant en raison d'une demande accrue de l'industrie de haute technologie et d'une pollution émergente de l'environnement liée aux activités anthropiques (1, 2). Bien qu'initialement considérés comme non essentiels pour les microorganismes, leur rôle émergeant en tant que cofacteurs enzymatiques chez certaines bactéries telles que *Methylacidiphilum fumariolicum* SolV et *Pseudomonas putida* KT2440 a récemment ouvert un nouveau domaine de la physiologie microbienne (3, 4). *P. putida* KT2440, possède deux alcools déshydrogénases, PedE et PedH, utilisant respectivement le calcium et les TR légères comme cofacteurs (4). De premiers résultats ont montré l'implication du phosphate sur la tolérance des TR légère mais aussi des lourdes. De plus, la toxicité des TR lourdes est 100 fois supérieur en présence d'alcool qu'en présence d'une autre source de carbone neutre vis-à-vis de l'utilisation des TR (tel que le succinate).

L'objectif de cette étude est d'identifier les mécanismes impliqués dans la tolérance de *P. putida* aux TR. Pour cela, une approche multiomique combinant RB-TnSeq (Random Barcode Transposon Sequencing, (5)) et protéomique ont été réalisés afin de cibler les systèmes potentiellement impliqués dans cette réponse.

Pour ce faire, des cultures de *P. putida* KT2440 ont été réalisées en présence de Néodyme (TR légère) ou de Dysprosium (TR lourde) et suivant deux sources de carbone différente l'une neutre vis-à-vis des TR comme le succinate, tandis que le 2-phénylethanol, substrat nécessitant une alcool déshydrogénase, permet d'établir le lien entre métabolisme et TR.

D'une part, l'analyse RB-TnSeq a révélé divers systèmes potentiellement impliqués dans la réponse de la bactérie aux TR. Une analyse phénotypique de mutants de délétion a été réalisé afin de confirmer le rôle des différents gènes candidats. D'autre part, les données protéomique ont révélé les acteurs majeurs de la réponse direct de la bactérie suite à une exposition toxique aux terres rares. Ces résultats démontrent une nouvelle fois la capacité de *P. putida* à acclimater son métabolisme vis-à-vis de son environnement chimique. Cette étude jette un nouveau regard sur l'impact écologique des terres rares et sur l'adaptabilité des bactéries environnementales face à ces éléments métalliques, amorçant ainsi les bases de futures études écotoxicologie et applications biotechnologiques.

1. Haxel, G.; Hedrick, J.; Orris, J. Rare Earth Elements Critical Resources for High Technology (PDF); United States Geological Survey: Reston, VA, USA, 2006; USGS Fact Sheet: 087-02. Archived (PDF) from the original on 14 December 2010. Retrieved 19 April 2008

2. Yan D, Ro S, Sunam O, Kim S. 2020. On the Global Rare Earth Elements Utilization and Its Supply-Demand in the FutureIOP Conference Series: Earth and Environmental Science. Institute of Physics Publishing.
3. Pol A, Barends TRM, Dietl A, Khadem AF, Eygensteyn J, Jetten MSM, Op den Camp HJM. 2014. Rare earth metals are essential for methanotrophic life in volcanic mudpots. *Environ Microbiol* 16:255–264.
4. Wehrmann M, Billard P, Martin-Meriadec A, Zegeye A, Klebensberger J. 2017. Functional Role of Lanthanides in Enzymatic Activity and Transcriptional Regulation of Pyrroloquinoline Quinone-Dependent Alcohol Dehydrogenases in *Pseudomonas putida* KT2440.
5. Wetmore KM, Price MN, Waters RJ, Lamson JS, He J, Hoover CA, Blow MJ, Bristow J, Butland G, Arkin AP, Deutschbauer A. 2015. Rapid quantification of mutant fitness in diverse bacteria by sequencing randomly bar-coded transposons. *mBio* 6:1–15.

Approche multiomique avec protéomique

Évaluation des mécanismes biotiques et abiotiques impliqués dans l'altération des minéraux d'une cheminée hydrothermale dans un contexte de réduction d'activité : approche par bioréacteur

Maxime FUSTER^(1,2), Olivier ROUXEL⁽³⁾, Alix ROSSI⁽¹⁾, Ludivine MICHAUDET^(1,2), Léna AILLIOT⁽²⁾, Johanne AUBE^(1,2), Erwan ROUSSEL^(1,2), Anne GODFROY^(1,2), Karine ALAIN⁽¹⁾, Sophie MIESZKIN^(1,2)

⁽¹⁾ Univ Brest, CNRS, IFREMER, EMR 6002 BIOMEX, Unité Biologie et Écologie des Écosystèmes marins Profonds BEEP, F-29280 Plouzané, France

⁽²⁾ Univ Brest, IFREMER, Unité Biologie et Écologie des Écosystèmes marins Profonds BEEP, F-29280 Plouzané, France

⁽³⁾ Univ Brest, CNRS, IFREMER, UMR 6538, Laboratoire Geo-Océan, F-29280 Plouzané, France

Courriel : maxime.fuster@univ-brest.fr

Mots-clés : activité hydrothermale, bioréacteurs, altération minérale, diversité microbienne

Les cheminées hydrothermales océaniques profondes sont des écosystèmes complexes caractérisés par de nombreuses contraintes, notamment des gradients chimiques, des températures extrêmes, des pressions élevées et des interactions entre les fluides hydrothermaux et l'eau de mer. Les systèmes hydrothermaux fournissent tous les composants nécessaires à la chimiosynthèse, ce qui permet à la vie de se développer en l'absence de lumière. Alors que l'activité des cheminées hydrothermales est principalement définie par les émissions de fluides, la littérature ne contient que peu d'informations sur les processus biologiques et chimiques qui se déroulent dans les cheminées hydrothermales pendant les périodes d'activité réduite, telles que les baisses de température. De plus, ces environnements constituent également des sources importantes de ressources minérales de plus en plus recherchées. Pour combler ce manque de connaissances et contribuer à la protection de ces écosystèmes, l'objectif principal de cette étude est d'élucider les mécanismes biotiques et abiotiques impliqués dans l'altération des minéraux au sein des écosystèmes hydrothermaux marins profonds. Grâce à une combinaison d'approches originales, nous cherchons à comprendre le rôle de ces mécanismes lors d'une diminution de l'activité hydrothermale et à démontrer leur importance dans le fonctionnement des cycles biogéochimiques.

Dans le cadre de cette étude, une cheminée hydrothermale active et les fluides associés (échantillonnés à deux températures distinctes : 90 °C et 30 °C) ont été prélevés dans le champ hydrothermal TAG, sur la ride médio-atlantique, au cours de la campagne océanographique BICOSE 3. Les expériences à bord ont été menées à l'aide de deux bioréacteurs gas-lift, maintenus dans des conditions contrôlées (80 °C en conditions anoxiques et 20 °C en conditions microoxiques) comme décrit par Godfroy *et al.* (2006). Le fragment de cheminée collecté a été réparti entre les deux bioréacteurs, qui ont été alimentés en fluides hydrothermaux pendant 30 jours. Des échantillons de phase liquide et solide ont été prélevés périodiquement dans chaque bioréacteur afin de suivre l'évolution de la densité cellulaire, de la diversité microbienne (taxonomique et fonctionnelle), de la composition minérale et des éléments chimiques au fil du temps.

Les résultats préliminaires révèlent des différences significatives dans la composition des communautés microbiennes lors de la réduction de l'activité. En outre, les données suggèrent un

turnover des communautés microbiennes au fil du temps dans les systèmes présentant des conditions d'activité stables. Les analyses géochimiques indiquent quant à elles une évolution de la composition minérale des phases solides et liquides dans les bioréacteurs. Les analyses statistiques démontrent que l'assemblage des communautés au cours du temps est étroitement lié aux différents facteurs chimiques dans le bioréacteur, notamment la composition en soufre. Ces premiers résultats indiquent que les communautés microbiennes sont étroitement liées aux niveaux d'activité hydrothermale et à la disponibilité des ressources minérales au cours du temps. Afin de comprendre les processus biotiques impliqués dans ces bioréacteurs, des analyses métagénomiques nous ont permis d'obtenir 236 MAGs de bonne qualité (*i.e.* 70% de complémentation, < 5% de redondance). La suite des analyses nous permettra de définir les différents métabolismes potentiellement présents dans ces bioréacteurs. Ces résultats nous permettent donc de mettre en évidence le lien étroit entre les communautés bactériennes et la composition géochimique des environnements hydrothermaux. Dans un contexte écologique de plus en plus préoccupant, ils soulignent également la vulnérabilité des écosystèmes des grands fonds marins à l'exploitation potentielle des ressources minérales. Enfin, ce travail contribue à une initiative scientifique plus large (LIFEDEEPER, ANR France 2030), qui vise à souligner l'importance de la conservation des sites hydrothermaux de faible activité et de la protection de ces écosystèmes fragiles.

Diversité des amibes et des bactéries dans l'environnement de troupeaux de bovins, atteints par la tuberculose bovine.

Amélie Jessu^{1,3}, Thierry Cochard², Mélanie Burtin¹, Stéphanie Crapart¹, Vincent Delafont¹, Ascel Samba-Louaka¹, Franck Biet², Jean-Louis Moyen³, Yann Héchard^{1*}

¹Université de Poitiers, Laboratoire Ecologie et Biologie des Interactions, UMR Centre National de la Recherche Scientifique 7267, Equipe Microorganismes, Hôtes, Environnement Poitiers, France,

² Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement, Université de Tours, UMR 1282, Infectiologie et Santé Publique, Nouzilly, France

³Laboratoire Départemental d'Analyse et de Recherche de la Dordogne, Coulounieix-Chamiers, France

* yann.hechard@univ-poitiers.fr

Mots clés : amibes, bactéries, tuberculose bovine

Les amibes libres sont des protistes phagotrophes qui se nourrissent de bactéries. Cependant, certaines bactéries sont capables de résister à leur phagocytose, ainsi qu'à la phagocytose des cellules immunitaires. Les amibes sont alors décrites comme des réservoirs environnementaux de bactéries pathogènes. Dans l'environnement, la survie de *Mycobacterium bovis* (*Mbo*) et de *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (*Map*), responsables respectivement de la tuberculose et de la paratuberculose bovine, reste mal comprise et est considérée comme potentiellement problématique pour l'éradication et le contrôle de ces maladies. Notre objectif était de tester si les amibes pouvaient jouer un rôle dans la persistance de *Mbo* et de *Map* dans l'environnement.

Dans cette étude, 90 échantillons, d'eau et de sol, ont été prélevés dans des troupeaux atteints de l'une ou des deux maladies. Les amibes ont été cultivées et leur ADN a été extrait. Afin d'étudier la diversité des amibes et des bactéries associées, un séquençage des amplicons des gènes codant les ARNr 16S et 18S a été réalisé par Nanopore. Des amibes ont été détectés dans tous les échantillons et l'analyse du séquençage a révélé qu'*Acanthamoeba*, *Copromyxa*, *Naegleria* et *Vermamoeba* étaient les genres de FLA les plus représentés. Concernant les bactéries, les séquences de *Pseudomonadota* étaient les plus fréquemment retrouvées et certaines avaient déjà été décrites dans des études antérieures comme associées à des FLA. *Mycobacterium* n'a pas été retrouvé dans ces séquences. Cependant, une recherche spécifique par ddPCR de l'ADN de *Mbo* et de *Map* a permis de détecter des traces de ces ADNs dans certains échantillons.

En conclusion, nous avons décrit une grande diversité des amibes et de bactéries associées dans cet environnement. Les traces d'ADN *Map* ou *Mbo* détectées par ddPCR suggèrent que ces bactéries pourraient être présentes en association avec des FLA, mais en très faibles quantités dans nos échantillons. Cela pourrait être dû à une faible association dans l'environnement ou à un biais d'échantillonnage, car nous cherchons une aiguille dans une meule de foin. D'autres expériences sont en cours pour mieux comprendre si les amibes peuvent participer à la survie et à la transmission de *Mbo* ou *Map* dans l'environnement.

Impact d'une perturbation sismique sur la dynamique des communautés microbiennes du lac Dziani Dzaha

H. Agogué¹, C. Bernard², M. Troussellier³, A. Vigneron⁴, L.A. Cloarec⁴, C. Roques³, M. Bruto⁵, P. Oger⁴, S. Duperron², A. Groleau⁶, D. Jézéquel^{6,7}, C. Leboulanger³, M. Ader⁶, M. Hugoni^{4,8}

helene.agogue@univ-lr.fr

mylene.hugoni@univ-lyon1.fr

¹LIENSs, UMR7266, La Rochelle Université - CNRS, La Rochelle, France

²UMR 7245 Molécules de Communication et Adaptation des Microorganismes MNHN-CNRS, Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris, France

³MARBEC, Univ Montpellier, IRD, CNRS, Ifremer, Sète, France

⁴INSA Lyon, Université Claude Bernard Lyon 1, CNRS, UMR5240 Microbiologie Adaptation et Pathogénie, Villeurbanne, France

⁵Université de Lyon, VetAgro Sup, Anses, UMR Mycoplasmoses Animales, F-69280 Marcy l'Etoile, France

⁶Institut de Physique du Globe de Paris, Université Paris Cité, CNRS, Paris, France

⁷UMR CARRTEL, INRAE-USMB, Thonon, France

⁸Institut Universitaire de France (IUF)

Mots-clés : Écosystème extrême, Diversité microbienne, Perturbation environnementale

Résumé :

Le lac Dziani Dzaha, situé sur l'île de Petite Terre, dans l'archipel des Comores à Mayotte, est un écosystème dont l'eau marine originelle a dérivé depuis sa formation, il y a environ 7000 ans (Zinke *et al.*, 2003), vers des caractéristiques extrêmes (Sarazin *et al.*, 2021). Le lac présente un ensemble de signatures géochimiques uniques, notamment des stromatolites en croissance ou une signature enrichie des isotopes lourds du carbone et de l'azote, une anoxie et une absence de lumière sous 1,5m de profondeur et de forts gradients verticaux (i.e. température, salinité, O₂, H₂S/HS⁻) fonction de la saisonnalité (saison sèche *versus* humide) (Leboulanger *et al.*, 2017). Cet écosystème présente également des caractéristiques biologiques originales, telles qu'une biomasse photosynthétique importante et pérenne, et une biodiversité restreinte aux microorganismes (il n'y a pas de métazoaires aquatiques classiques dans le lac).

Le lac est étudié par le Consortium Dziani depuis 2008 et, jusqu'en 2017, il a été montré que la diversité était semblable à celle peuplant d'autres milieux hypersalins (Leboulanger *et al.*, 2017, Hugoni *et al.*, 2018, Bernard *et al.*, 2019). Parmi ces microorganismes figurent les producteurs

primaires *Picocystis salinarum* (un picoeucaryote) et *Limnospira platensis* (une cyanobactérie), des archées telles que *Woesearchaeota*, ou encore des bactéries hétérotrophes (Hugoni *et al.*, 2018, Bernard *et al.*, 2019). La structure des communautés microbiennes, conditionnée par les gradients physico-chimiques verticaux, présentait jusqu'en 2017 une récurrence interannuelle et l'écosystème semblait avoir atteint un état de climax écologique (Vigneron *et al.*, 2024).

Cette stabilité a été profondément modifiée par les évènements séismo-volcaniques survenus dans le Canal du Mozambique de 2018 à 2020 à l'Est de l'archipel des Comores (www.ipgp.fr/revosima). Cette perturbation a conduit à une homogénéisation des gradients environnementaux en lien avec un dégazage de CO₂ d'origine magmatique et la mise en place de cellules de convection (Cadeau *et al.*, 2022). La déstratification de la colonne d'eau a induit des modifications de la structure des communautés microbiennes, incluant une diminution de la richesse spécifique de celles-ci. Une réponse à court terme des taxa les plus abondants a été identifiée. Le suivi post-perturbation, de 2020 à 2022, a montré la mise en place d'un état alternatif microbien et une réponse à moyen terme des taxa rares et/ou dormants (Vigneron *et al.*, 2024).

Ces résultats montrent que les crises sismiques auraient indirectement un rôle majeur dans l'évolution des communautés microbiennes des milieux aquatiques, conduisant peut-être à leur diversification au cours des échelles de temps géologiques.

Références

Zinke J *et al.* 2003. Systems tracts sedimentology in the lagoon of Mayotte associated with the Holocene transgression. *Sediment Geol* 160: 57–79.

Leboulanger C *et al.* 2017. Microbial Diversity and Cyanobacterial Production in Dziani Dzaha Crater Lake, a Unique Tropical Thalassohaline Environment. *PLoS ONE* 12, e0168879.

Bernard C *et al.* 2019. Very Low Phytoplankton Diversity in a Tropical Saline-Alkaline Lake, with Co-dominance of *Arthrosira fusiformis* (Cyanobacteria) and *Picocystis salinarum* (Chlorophyta). *Microbial Ecology*. *Microbial Ecol* 78:603-617

Hugoni M *et al.* 2018. Spatiotemporal variations in microbial diversity across the three domains of life in a tropical thalassohaline lake (Dziani Dzaha, Mayotte Island). *Molecular Ecology*. 27(23) 4775-4786

Sarazin, G. *et al.* Geochemistry of an endorheic thalassohaline ecosystem: the Dziani Dzaha crater lake (Mayotte Archipelago, Indian Ocean). *Comptes Rendus Géoscience* 0, 1–19 (2021).

Vigneron A. *et al.* Seismic events as potential drivers of the microbial community structure and evolution in a paleo-ocean analog. *Communications Earth and Environment*.5, 504. (2024)

Cadeau. P *et al.* Impact of the seismo-volcanic crisis offshore Mayotte on the Dziani Dzaha Lake. *Comptes Rendus Géoscience* 354, 299–316 (2022).

Relation entre les modèles de distribution des métaux dans les sols de l'Est de Bahia au Brésil et les communautés microbiennes

Madeline JN Simon^{1,2}, Cristiana Cravo-Laureau¹, Taise Bomfim de Jesus²

madelinejeansimon90@gmail.com, cristiana.cravo-laureau@univ-pau.fr, taise@uefs.br

¹ Université de Pau et des Pays de l'Adour, UPPA, IPREM CNRS 5254, Pau, France

² Universidade Estadual de Feira de Santana, PPGM-LGCA, 44036900, Bahia, Brasil

Mots-clés : ADN environnemental (ADNe), bioindicateurs, réseaux microbiens

La région de l'Est de Bahia, caractérisée par des sols en dépression et un climat sémi-aride, présente une forte variabilité géochimique. Cette hétérogénéité influence la distribution des métaux dans les sols, mais ses effets sur les communautés microbiennes édaphiques demeurent peu étudiés. Ce travail vise à explorer les relations entre la distribution de ces métaux et la structure des communautés microbiennes en mettant en évidence les impacts potentiels des métaux sur la biodiversité microbienne dans des environnements tropicaux vulnérables. Les principaux types de sols rencontrés sont Luvisols, Plannosols et Neosols. Des échantillons de sol ont été prélevés à différentes profondeurs (0-20 et 50-70 cm) au cours des saisons sèche et humides, à partir des 5 sous échantillons repétés tous les 10 m, dans des zones non-végétalisées, peu impactées par les activités anthropiques. Les paramètres physico-chimiques des sols incluant le pH, la capacité d'échange cationique (CEC), la teneur en carbone organique, l'acidité résiduelle, la couleur et la texture, ont été déterminés selon des protocoles standardisés. La caractérisation de la diversité microbienne sera réalisée par le séquençage des ADNr 16S et 18S. La corrélation de ces données avec les facteurs physico-chimiques permettra de déterminer les paramètres qui structurent les communautés microbiennes. De plus, l'indice de qualité relative (IQR) sera utilisé pour intégrer les paramètres microbiologiques, physico-chimiques et géochimiques afin d'évaluer les impacts écotoxicologiques sur le microbiote du sol. La présence des métaux, qu'ils soient d'origine naturelle ou issus de l'agriculture ou de l'industrie, peuvent modifier la diversité microbienne favorisant les espèces résistantes. On s'attendra à des changements dans la composition microbienne avec une réduction de la diversité et/ou une augmentation des espèces résistantes. Cette étude contribuera à une meilleure compréhension des effets résultant de la présence de métaux dans les sols, à l'identification des zones à risques et contribuera à la préservation des écosystèmes.

Des légionnelles qui disparaissent : signe de liaisons cachées dans les tuyaux ?

Stefaniya HANTOVA ⁽¹⁾, Thomas ROUSSEAU ⁽¹⁾, Agnès COTALLORDA ⁽²⁾, Léna VACARESSE ⁽²⁾, Estelle JUMAS-BILAK ⁽³⁾,

Patricia LICZNAR-FAJARDO ^{(3)*}

⁽¹⁾ HSM, Université de Montpellier, CNRS, IRD, Montpellier, France

⁽²⁾ SPIR, CHU Montpellier, Montpellier, France

⁽³⁾ HSM, Université de Montpellier, CNRS, IRD, CHU Montpellier, Montpellier, France

Patricia Licznar-Fajardo : patricia.licznar-fajardo@umontpellier.fr

Mots-clés : Legionella pneumophila ; réseau d'eau ; interactions bactériennes ; normes

La prévention du risque lié aux légionnelles dans les établissements de santé repose sur la maîtrise réglementée de la contamination des réseaux d'eau chaude sanitaire (ECS). Cette réglementation impose la recherche et le dénombrement de *Legionella* sp. et *Legionella pneumophila*. Respectant la norme NF T90-431, 2017, la recherche et dénombrement de légionnelles sont réalisées sur 0,2mL d'eau prélevée mais aussi sur 2 concentrats obtenus par filtrations. Dans certains cas, on observe une discordance de dénombrements entre les concentrats. L'hypothèse formulée ici est que des bactéries hydriques, lorsqu'elles sont concentrées, inhibent la culture de légionnelles.

L'objectif est d'étudier les capacités inhibitrices de bactéries hydriques isolées en même temps que *L. pneumophila* dans des échantillons d'ECS où l'anomalie de dénombrement est observée.

Des prélèvements d'ECS sont réalisés et analysés selon la norme NF T90-431 (2017). Des bactéries hydriques sont isolées et identifiées par spectrométrie de masse (Maldi-Tof). Sur la base des données de la bibliographie et de la cartographie des espèces isolées, des isolats à tester sont choisies : *Pseudomonas aeruginosa* (n=5), *Acinetobacter pittii* (n=1), *Cupriavidus metallidurans* (n=1) et *Brevundimonas aurantiaca* (n=1). Des co-cultures par dépôt en spot de chacun des isolats sur tapis de légionelle sont réalisées et les zones d'inhibition mesurées et suivies dans le temps.

Quatre souches de *P. aeruginosa* testées présentent une zone d'inhibition comprise entre 20 et 25 mm, les 2 souches de légionnelles testées ne présentant pas la même sensibilité. Les souches d'*A. pittii* et de *C. metallidurans* induisent une zone d'inhibition plus étroite (5 et 6 mm).

En conclusion, un des axes de recherche prioritaire à développer pour une meilleure maîtrise du risque de légionellose et une meilleure prédition de l'évolution de la contamination devrait reposer sur des approches intégrées d'écologie microbienne.

Plastisphère et antibiorésistance : focus sur le genre *Vibrio*

Yen VO-HOANG ⁽¹⁾, FABIEN GAUVRY ⁽²⁾, Agnès MASNOU ⁽²⁾, Mylène TOUBIANA ⁽²⁾, Nicolas LECONTE ⁽²⁾, Patrick MONFORT ⁽²⁾, Estelle JUMAS-BILAK ⁽¹⁾, Patricia LICZNAR-FAJARDO ⁽¹⁾

⁽¹⁾ HSM, Université de Montpellier, CNRS, IRD, CHU Montpellier, Montpellier, France

⁽²⁾ HSM, Université de Montpellier, CNRS, IRD, Montpellier, France

Patricia Licznar-Fajardo : patricia.licznar-fajardo@umontpellier.fr

Mots-clés : plastisphère ; zone portuaire ; biofilm ; antibiorésistance ; écosystème anthropisé

Malgré les efforts d'aménagement du territoire et de recyclage des déchets, de nombreux déchets plastiques se retrouvent dans les écosystèmes naturels, se dirigeant via les cours d'eaux et les eaux de ruissellement vers les mers et océans. Le plastique est donc désormais un polluant omniprésent dans tous les écosystèmes aquatiques. Cette contamination a non seulement un impact sur la biodiversité marine mais constitue aussi un habitat pour le développement de nouveaux écosystèmes : la plastisphère.

L'objectif de cette étude est de suivre la dynamique d'installation de bactéries du genre *Vibrio* et de gènes de résistance aux carbapénèmes (résistance préoccupante en santé publique) au sein de la plastisphère en fonction de la nature du plastique.

Le site d'étude choisi est la zone côtière méditerranéenne (port de plaisance de Port-Camargue, eaux soumises à des contaminations/pressions anthropiques). Des plastiques en polyéthylène (PE) et polyamide de nylon (PA) ainsi qu'un témoin négatif (coquille de moule) sont immersés dans les eaux du port et les communautés bactériennes se développant sur ces supports sont prélevées à intervalles de temps régulier et comparées, par approches culturelle (culture sur milieux sélectifs, dénombrements, identification par spectrométrie de masse, antibiogrammes) et moléculaire (qPCR).

Afin de caractériser l'impact des plastiques comme matrice d'interactions, les cinétiques d'installation des communautés bactériennes se développant sur PE, PA et CM, notamment celles présentant une résistance à 0,125 mg/L et à 0,5 mg/L de méropénème (antibiotique de dernier recours en cas d'infections par des bactéries multirésistantes) et les bactéries présomptives du genre *Vibrio* sont suivies, ainsi que les gènes de résistance aux carbapénèmes.

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

Léopoldine Taïrou^{1*}, Olivia Renard^{1,2*}, Sonia Binali Ali¹, Émeraude Kuoch¹, Pierre-Yves Canto¹, Véronique Vaury^{1,3}, Laure Cordier⁴,
Julie Leloup^{1@} & Dominique Lamy^{1@}

¹ UMR 7618 iEES-Paris, Sorbonne Université, 4 place Jussieu, 75252 Paris cedex 05, France

²Université de Pau et des Pays de l'Adour, E2S UPPA, CNRS, IPREM-MIRA, UMR5254, 64600 Anglet, France

³Centre de Recherche sur la Biodiversité et l'Environnement, IRD, Université Toulouse III – Paul Sabatier, CNRS, Institut National Polytechnique, 31000 Toulouse

⁴ Université Paris Cité, Institut de Physique du Globe de Paris, 1 rue Jussieu, 75238, Paris cedex 05

*first co-authors

@corresponding authors : dominique.lamy@sorbonne-universite.fr ;
julie.leloup.1@sorbonne-universite.fr

Mots-clés : communautés bactériennes et fongiques, antibiotique, température, résilience, écosystèmes lacustres

Résumé :

La réponse des communautés microbiennes aux perturbations anthropiques, en termes de résistance et de résilience, est un trait-clé qui sous-tend le devenir du fonctionnement des écosystèmes. Dans un contexte de changement climatique marqué par des événements extrêmes plus fréquents, il existe un intérêt croissant de comprendre les effets de perturbations multiples et successives. Cette étude cible les trajectoires adaptatives de communautés microbiennes aquatiques soumises à deux stress anthropiques séquentiels en conditions contrôlées : un stress antibiotique suivi d'un stress thermique. Des communautés naturelles ont été exposées pendant 5 jours à l'ofloxacine, un antibiotique couramment utilisé. Après 10 jours sans nouveau stress, la température d'incubation a été augmentée progressivement jusqu'à +7 °C et maintenue pendant 3 jours. La dynamique des abondances procaryotes et virales (cytométrie en flux), des biomasses bactérienne et fongique totales (ADN) et actives (ARN), ainsi que la structure des communautés bactériennes (ADNr 16S) et fongiques (ITS-2), a été suivie sur 25 jours. Les pools de matière organique dissoute et particulaire ont également été caractérisés quantitativement (C, N) et qualitativement (propriétés optiques de la MOD colorée).

L'antibiotique diminue la richesse et la diversité bactériennes, altérant durablement la structure des communautés, sans résilience après 25 jours. Certaines classes disparaissent, tandis que d'autres résistent voire émergent. Chez les fungi, l'antibiotique augmente l'abondance et l'équitabilité, sans effet significatif sur la diversité ni la structure des communautés, bien que certaines classes, comme *Dothideomycetes* et *Rozellomycotina*, deviennent plus dominantes.

Le stress thermique appliqué successivement réduit également la richesse et la diversité bactériennes, conduisant ainsi à des communautés encore moins riches, moins diversifiées et encore moins résilientes si elles ont déjà subi un stress antibiotique préalable.

Ces résultats soulignent la vulnérabilité des communautés microbiennes aquatiques face à des perturbations anthropiques successives, soulignant des réponses différenciées entre bactéries et fungi et la nécessité d'intégrer les effets cumulatifs et séquentiels des stress anthropiques dans l'étude de la résilience des écosystèmes face au changement climatique.

Enrichissement et isolement de deux nouvelles souches thermophiles de *Clostridia* issues de sources géothermales terrestres des îles Kerguelen.

Sébastien LE GUELLEC⁽¹⁾, Marc COZANNET⁽¹⁾, Mélanie LE MOIGNE⁽¹⁾, Ludivine MICHAUDET⁽¹⁾, Marc LE ROMANCER⁽²⁾, Karine ALAIN⁽¹⁾ & Sophie MIESZKIN⁽¹⁾

(Adresse mail : sebastien.leguellec@univ-brest.fr)

(1) Univ Brest, CNRS, Ifremer, EMR 6002 BIOMEX, IRP 1211 MicrobSea, Unité Biologie et Ecologie des Ecosystèmes marins Profonds BEEP, F-29280 Plouzané, France ;

(2) UBO, UFR Sciences et Techniques, UR 7462, Laboratoire Géoarchitecture, Territoires, Urbanisation, Biodiversité, Environnement, Brest, France

Mots-clés : *Clostridia*, *thermophile*, *Kerguelen*, *Thermaanaeromonas*, *Thermoanaerobacter*

Les îles Kerguelen, situées au-delà de la convergence antarctique dans le sud de l'océan Indien, constituent des sanctuaires de biodiversité particulièrement préservés car largement épargnées des impacts anthropiques en raison de leur isolement géographique. Cet archipel fait partie de l'ensemble des territoires insulaires français d'outre-mer de l'océan Indien occidental administrés par les Terres Australes et Antarctiques Françaises (TAAF). Il constitue la partie émergée du plateau volcanique sous-marin Kerguelen-Heard et abrite de nombreuses sources géothermales présentant des conditions physico-chimiques contrastées. Depuis 2006, l'Institut Paul-Émile Victor (IPEV) a déployé plusieurs missions scientifiques sur le terrain (HOTVIR en 2006-2007 ou plus récemment SEKMET en 2023-2024) avec pour objectif d'étudier les communautés microbiennes inféodées aux sources hydrothermales terrestres et marines. C'est dans ce contexte que des cultures d'enrichissement de micro-organismes chimio-organo-hétérotrophes ont été réalisées sur des milieux non sélectifs (e.g. milieu de Ravot) à partir d'échantillons prélevés sur plusieurs sources terrestres situées sur la péninsule Rallier du Baty, en zone de protection intégrale.

Deux souches bactériennes hétérotrophes anaérobies et thermophiles ont pu être isolées et identifiées. Elles appartiennent toutes les deux à la classe des *Clostridia* du phylum *Bacillota* (anciennement *Firmicutes*). Isolée dès 2006, la première souche (UBOCC-M-3159) est capable de respirer le fer(III) et est affiliée au genre *Thermoanaerobacter* (98,1% de similarité de la séquence du gène codant pour l'ARNr 16S de *Tb. brockii* subsp. *finnii* Ako-1). La seconde souche, isolée en 2025, appartient au genre *Thermaanaeromonas* (97,3% de similarité de la séquence du gène codant pour l'ARNr 16S de *T. toyohensis* ToBE^T) et réalise la réduction du thiosulfate. Les représentants cultivés de ces deux genres ont été isolés d'environnements similaires et possèdent la capacité de **sporuler**, ce qui pourrait constituer un avantage pour leur dispersion dans ces environnements extrêmes. Des analyses approfondies (phénotypiques, génomiques, physiologiques et chimiottaxonomiques) sont en cours pour décrire formellement ces deux potentielles nouvelles espèces.

Influence des activités hydrothermales, tectoniques et volcaniques à travers le temps sur les communautés microbiennes de subsurface du lac de Kleifarvatn en Islande

Mélanie LE MOIGNE ⁽¹⁾, Jérôme GOSLIN ^{(2) #}, Antoine CREMIERE ^{(2) #}, Viggó Þór MARTEINSSON ⁽³⁾, Steffen Leth JØRGENSEN ⁽⁴⁾, Xavier PHILIPPON ⁽¹⁾, Alexandra M. KLONOWSKI ⁽³⁾, Thomas GIUNTA ⁽²⁾, Françoise LESONGEUR ⁽¹⁾, Pauline VANNIER ⁽⁵⁾, Thibaut BARREYRE ⁽²⁾, Marina RABINEAU ⁽²⁾, Laurent GEOFFROY ⁽²⁾ & Karine ALAIN ⁽¹⁾.

[#]Ces auteurs ont contribué de manière égale à ce travail

(1) Univ Brest, CNRS, Ifremer, EMR 6002 BIOMEX, IRP 1211 MicrobSea, Unité Biologie et Ecologie des Ecosystèmes marins Profonds BEEP, F-29280 Plouzané, France; (2) Geo-Ocean, UMR 6538 Ifremer, Université de Bretagne Occidentale, CNRS, F-29280 Plouzané, France; (3) Exploration & Utilization of Genetic Resources, Matís ; Faculty of Food Science and Nutrition, University of Iceland, Reykjavík, Islande ; (4) Centre for Deep Sea Research, University of Bergen, 5007 Bergen, Norvège ; (5) Laboratoire MAPIEM, E.A.4323, Université de Toulon, CS 60584, 83041 Cedex 9 Toulon, France. Contact : mlemoigne1@univ-brest.fr

Mots-clés : Hydrothermalisme, volcano-tectonisme, communautés microbiennes, subsurface lacustre, métagénomique.

La péninsule de Reykjanes, située au sud-ouest de l'Islande, est la prolongation de la ride médiо-atlantique. Elle est associée à une forte activité sismique et à un volcanisme fissural actif, ainsi qu'à une importante circulation hydrothermale dans la croûte supérieure. Au niveau de cette péninsule, le lac endoréique de Kleifarvatn d'une superficie de 9,7 km² et d'une profondeur maximale de 97 mètres, est situé en partie au-dessus de la zone hydrothermale de Krysuvik associée à des fluides de haute température. En juin 2000, un séisme de magnitude estimée à Mw 5,8 a provoqué la migration des fluides hydrothermaux dans la croûte supérieure par augmentation de la perméabilité crustale, amenant à un abaissement spectaculaire du niveau du lac de 12% sur une période d'un an et demi. Une étude de sismologie a montré que ces fluides étaient impliqués dans un système convectif profond pendant 5-6 ans à l'endroit du réservoir magmatique profond et étaient responsables, lors de leur retour à la surface, d'une augmentation très significative de l'activité hydrothermale avec un changement significatif de composition chimique et de température. L'objectif de cette étude est d'explorer dans le temps les relations cycliques entre les processus volcano-tectoniques, l'activité hydrothermale et la distribution verticale des microorganismes en termes d'abondance, de diversité taxonomique et de potentiel génomique fonctionnel et adaptatif dans les sédiments de subsurface du lac.

En mai 2024, des carottages sédimentaires ont été effectués sur deux sites sous influence hydrothermale dans la partie sud du lac, et sur un site de référence en dehors de la zone d'influence hydrothermale au nord du lac. Des carottes de 80cm à 120cm de long ont été sous-échantillonnées

pour un panel d'analyses géochimiques (composition ionique de l'eau interstitielle, gaz, isotopie, nutriments...), lithologiques/paléoenvironnementales (XRD, XRF, paléoséismites, datations...), et microbiologiques (métataxonomie, métagénomique, qPCR, dénombrements cellulaires).

L'identification taxonomique des communautés microbiennes a révélé la présence de communautés microbiennes bactériennes et archéennes diversifiées, ainsi qu'une augmentation de l'abondance relative des archées avec la profondeur. Ces procaryotes appartenaient à des lignées impliquées dans les cycles biogéochimiques de l'azote (anammox, comammox, nitrification, dénitrification...), du méthane (méthanogenèse, oxydation anaérobiose du méthane...) et du soufre (sulfato- et sulfo-réduction...) qui se retrouvent couramment dans les environnements sédimentaires. Dans certains horizons riches en métaux typiques des fluides hydrothermaux, des séquences de taxons thermophiles communément rencontrés dans les environnements hydrothermaux étaient présentes (*Thermaanaerobaculum*, *Thermofilum*, "Candidatus Hadarchaeales"...), suggérant que les dépôts sédimentaires correspondant à l'extrusion hydrothermale ont conservé son empreinte sur le contexte environnemental d'habitabilité et indirectement sur la composition taxonomique des communautés microbiennes. L'étude des fonctions et adaptations des microbiomes des différents horizons sédimentaires codée dans les génomes est en cours dans le cadre d'une approche en métagénomique « génome-centrée ».

L'analyse des gaz dissous des carottes a montré la présence de CO₂ et d'H₂ dans toutes les carottes et la présence de méthane dans les carottes des sites sous influence hydrothermale. L'analyse de la composition isotopique du méthane indique qu'il est principalement d'origine microbienne, avec des valeurs de $\delta^{13}\text{C-CH}_4$ comprises entre -62,2‰ et -94,1‰ pour le site le plus proche des émissions hydrothermales, et des valeurs comprises entre -70,2‰ et -80,5‰ pour le second site sous influence hydrothermale, ce qui est cohérent avec l'abondance relative élevée des archées méthanogènes provenant de ces sites.

La caractérisation géochimique des eaux interstitielles des sédiments a indiqué la présence d'une zone de transition méthane-sulfate marquée, à quelques centimètres de profondeur, pour les carottes prélevées dans la zone à proximité des sorties hydrothermales, ainsi que la présence de sulfate à la base des carottes, suggérant des apports profonds. Des morceaux de téphras (cendres volcaniques, fragments de basalte, etc.) ont également été retrouvés dans les carottes sédimentaires des 3 sites, et sont actuellement analysés afin de déterminer s'ils proviennent d'évènements volcaniques historiques islandais répertoriés. Les datations des horizons sédimentaires sont également en cours ainsi que la recherche de paléoséismites qui sont des traces d'anciens séismes laissés dans des dépôts géologiques.

A terme, la comparaison de l'ensemble des données des sédiments du lac de Kleifarvatn devrait permettre de déterminer s'il existe des corrélations entre les processus volcano-tectoniques actifs, l'activité hydrothermale et les patrons de diversité microbienne dans ce système particulièrement original.

Influence des paramètres physico-chimiques et lithologiques sur la composition, la structuration et les fonctions de communautés microbiennes de sources hydrothermales marines et terrestres des Terres Australes et Antarctiques Françaises

Mélanie LE MOIGNE ⁽¹⁾, Gaëtan BURGAUD ⁽²⁾, Célia TALLEC ⁽¹⁾, Damien GUILLAUME ⁽³⁾, Xavier PHILIPPON ⁽¹⁾, Yann MOALIC ⁽⁴⁾, Antoine CREMIERE ⁽⁵⁾, Thomas GIUNTA ⁽⁵⁾, Mickaël BAQUE ⁽⁶⁾, Erwann VINCE ⁽¹⁾, Pauline VANNIER ⁽⁷⁾, Marc LE ROMANCER ⁽⁸⁾, & Karine ALAIN ⁽¹⁾.

(1) Univ Brest, CNRS, Ifremer, EMR 6002 BIOMEX, IRP 1211 MicrobSea, Unité Biologie et Ecologie des Ecosystèmes marins Profonds BEEP, F-29280 Plouzané, France; (2) Univ Brest, INRAE, Laboratoire Universitaire de Biodiversité et Écologie Microbienne, F-29280 Plouzané, France ; (3) UJM, CNRS, LGL-TPE UMR5276, 42023 Saint-Étienne, France ;

(4) LabISEN, Yncréa Ouest, Brest, France ; (5) Geo-Ocean, UMR 6538 Ifremer, Université de Bretagne Occidentale, CNRS, F-29280 Plouzané, France ; (6) Planetary Laboratories Department, German Aerospace Center (DLR), Institute of Space Research, Berlin, Germany ; (7) Laboratoire MAPIEM, E.A.4323, Université de Toulon, CS 60584, 83041 Cedex

9 Toulon, France ; (8) UBO, UFR Sciences et Techniques, UR 7462, Laboratoire Géoarchitecture, Territoires, Urbanisation, Biodiversité, Environnement, Brest, France
Contact : mlemoigne1@univ-brest.fr

Mots-clés : Source hydrothermale, communautés microbiennes, diversité cultivable, physico-chimie, subpolaire.

L'archipel Kerguelen et l'île Saint-Paul, appartenant aux Terres Australes et Antarctiques Françaises, sont des environnements subpolaires protégés et isolés géographiquement. Une quarantaine de sources hydrothermales terrestres ont été identifiées sur les îles Kerguelen, et 4 sources marines sur l'île Saint-Paul. Ces sources présentent des paramètres physico-chimiques très contrastés, avec des températures comprises entre 4 et 100°C, des pH allant de l'acide (3,2) à l'alcalin (10,3), et une composition minérale très diversifiée. L'accès à ces sites extrêmement isolés, situés dans des zones protégées, explique que très peu d'études aient été menées sur la diversité microbienne de ces sources hydrothermales. Les principaux objectifs de cette étude sont d'explorer la diversité taxonomique et fonctionnelle des microbiomes de 32 sources hydrothermales subantarctiques, d'évaluer leur contribution à l'arbre phylogénomique du vivant, puis de mettre en évidence les patrons de cooccurrence, et enfin d'identifier les paramètres physico-chimiques majeurs contraignant leur structuration.

Des échantillons de sédiments de ces sources ont été prélevés en 2023 et 2024 et leurs paramètres *in situ* mesurés, puis analysés par approches de métataxonomie, métagénomique, culture et caractérisation géochimique et minéralogique.

Une grande diversité bactérienne et archéenne a été mise en évidence au niveau des sources marines de l'île Saint-Paul par approche culturale et par métataxonomie, avec une abondance relative élevée de représentants des phyla des *Actinobacterota*, *Bacteroidota* et *Pseudomonadota*. Des représentants d'une quinzaine de nouveaux taxons représentant de nouvelles espèces, nouveaux genres, et nouvelles familles de procaryotes (bactéries et archées) ont été isolés. La diversité taxonomique des communautés microbiennes de Kerguelen identifiée par *metabarcoding* dière en

fonction de la source, avec une grande richesse et des micro-organismes qui paraissent fortement influencés par les conditions *in situ*.

L'étude du potentiel génomique codé dans les génomes des souches isolées et dans les métagénomes est en cours d'analyse, et permettra d'identifier les gènes impliqués dans l'adaptation aux conditions extrêmes de ces habitats uniques.

Transport des communautés microbiennes dans les sédiments éoliens au Sahel : un co-voiturage sélectif

Thomas LERCH ⁽¹⁾, Rachel DELATTRE ⁽¹⁾, Naoise NUNAN ⁽¹⁾, Jean-Louis RAJOT ⁽¹⁾, Caroline PIERRE ⁽¹⁾

⁽¹⁾ Institut d'Écologie et des Sciences de l'Environnement de Paris (CNRS-SU-IRD-UPC-INRAE-UPEC), Sorbonne Université, 4 place Jussieu 75005

L'ampleur de la dégradation des terres induite par l'érosion éolienne au Sahel est encore largement méconnue. A l'échelle locale, l'essentiel de la masse de sédiments transportés par l'érosion éolienne est redistribué au sein du paysage à travers des flux horizontaux. A plus large échelle spatiale, des flux verticaux peuvent mettre en suspension les particules du sol les plus fines dans l'atmosphère puis les transporter par le vent parfois jusqu'à plusieurs milliers de kilomètres des zones sources. Au Sahel, les pertes potentielles de sol dues à la redistribution intra-paysagère sous forme de flux horizontaux (plusieurs dizaines de t/ha/an de sédiments en zone cultivée) sont plus importantes que celles liées aux transports verticaux. Si la nature physique et chimique des sédiments éoliens est en passe d'être de mieux en mieux caractérisée, les informations sur les communautés microbiennes qu'ils contiennent sont rares. Or, les micro-organismes contenus dans ces flux éoliens jouent très certainement un rôle dans les cycles biogéochimiques, impactant ainsi potentiellement la fertilité des sols. A notre connaissance, aucune étude ne s'est encore portée sur la composante microbienne des flux de sédiments éoliens à l'échelle intra-paysagère et sur leur lien aux sols dont ils proviennent. Afin de répondre à ce manque de connaissance, nous avons mené une étude sur une parcelle agricole instrumentée à Bambey, au Sénégal. Des échantillons de sols et de sédiments éoliens ont été prélevés à différents emplacements (sources, flux, dépôts), puis caractérisés d'un point de vue minéral (DRX, MEB, XRF), organique (MIRS, C, N, $\delta^{13}\text{C}$..) et microbien (qPCR, NGS, Biolog...). Les résultats révèlent que les sédiments éoliens collectés à 5 et 10 cm de hauteur ont une composition minéralogique majoritairement siliceuse (sable), avec une prédominance de quartz plus élevée dans les flux et les dépôts que dans les zones sources. Si les teneurs en matière organique des sédiments éoliens restent similaires aux zones sources et des dépôts, leur composition moléculaire diffère significativement. Les résultats de qPCR montrent une diminution significative de l'abondance en bactéries, champignons et archées dans les flux et dépôts par rapport aux sols sources, particulièrement dans la surface nord-est, peu exposée au vent. Une baisse de la diversité génétique et fonctionnelle est également observée dans les sédiments transportés par le flux horizontal avec une richesse taxonomique réduite de moitié par rapport aux sols d'origine. Ces différences, attribuées à la sélection physique des particules transportées par le vent, favorisent certains phyla, comme les actinobactéries, les protéobactéries ou les firmicutes chez les bactéries, ou les ascomycètes chez les champignons. Ces résultats suggèrent que l'érosion éolienne, en particulier via les flux horizontaux, peut contribuer non seulement à redistribuer des éléments minéraux et organiques à l'échelle intra-paysagère, mais aussi certains microorganismes, sélectionnés selon la nature des sédiments transportés.

Mots-clés : Erosion éolienne, Flux horizontaux, Sols sahéliens, Diversité microbienne

More than just disorder - metabolite diversity of *Microcystis* strains shows tight correspondence to genotype and may contribute to ecotype specificities

Aurore Huré^{1,2}, Jean-Pierre Bouly¹, Charlotte Duval¹, Manon Quiquand¹, Michella Dawra¹, Lou Mary¹, Muriel Gugger³, Sébastien Halary¹, Benjamin Marie^{1,*}

¹ Muséum National d'Histoire Naturelle, UMR 7245, CNRS, MNHN Molécules de Communication et Adaptation des Micro-organismes (MCAM), équipe "Cyanobactéries, Cyanotoxines et Environnement", 12 rue Buffon - RDC bâtiment de cryptogamie - CP 39, 75231 Paris Cedex 05, France

² UMR-I 02 SEBIO, Université de Reims-Champagne-Ardennes, BP 1039, 51687 Reims Cedex 2, France

³ Institut Pasteur, Université Paris Cité, Collection des Cyanobactéries, 28 rue du Dr Roux, 75724 Paris Cedex 05, France

* Correspondence: benjamin.marie@mnhn.fr

Keywords: cyanobacteria, accessory metabolites, diversity, ecology, cultures.

Microcystis is one of the most common bloom-forming cyanobacteria in freshwater ecosystems worldwide. This species remarkably produces numerous bio-active accessory metabolites, which are believed to be potentially involved with different ecological and/or physiological processes. Their genuine contribution to the evolutive success of *Microcystis* blooms remains undetermined.

To better depict the potential relation between the local genetic diversity of blooming *Microcystis* populations and the respective associated chemical diversity, we conducted a joined genomic and metabolomic analysis of 65 *Microcystis* strains collected from various lakes from France and European countries. Interestingly, both core- and noncore-gene phylogenetic analysis place 59 of these strains in 12 distinct genetic clades of at least 2 genomes, being widely distributed along the whole *Microcystis* phylogeny and presenting specific signatures of accessory metabolite biosynthesis. The chemical analysis of metabolite diversity produced by these strains, cultured under lab conditions, reveals the production of stable metabolite corteges, beyond little variations along replication, growth phases and culture conditions. Indeed, these strains belonging to 12 different genotypes correspond to 13 distinct metabotypes according to an accurate one-metabotype-for-one-genotype rule. This observation reveals that *Microcystis* collected from certain environments present a large set of genetic and subsequent corresponding metabotype diversity, whereas all strains originating from certain other lakes present a net genetic uniformity.

Overall, our investigations reveal that the production of accessory metabolites constitute well conserved chemical traits across the different *Microcystis* genetic clades, suggesting these molecules may be involved in key adaptative and selective processes, that still remains unspecified.

Acknowledgements and Funding

This work was supported by the ANR MC-Tox project, grant ANR CE34-SJ 11008-22 of the French Agence Nationale de la Recherche. The Paris Muséum Collection (PMC) and the Pasteur Cultures of Cyanobacteria (PCC) collection are funded by the MNHN and the Institut Pasteur, respectively. The mass spectrometry analyses were acquired at the Plateau technique de spectrométrie de masse bio-organique, Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris, France.

Variabilité spatiotemporelle et effets écologiques d'un estuaire souterrain méditerranéen sur les communautés microbiennes côtières

(Co) auteur(s) : Léopold MATTHYS ⁽¹⁾, Nicolas GALLOIS ⁽¹⁾, Mélusine MENDES ⁽¹⁾, Benjamin MIS-SON ⁽¹⁾, Virginie SANIAL ⁽¹⁾
leopold.matthys@gmail.com

(Co) auteur(s) : ⁽¹⁾ Université de Toulon, Aix Marseille Univ., CNRS, IRD, MIO, Toulon, France

Université de Toulon, Institut Méditerranéen d'Océanologie, Bâtiment R, Avenue de l'Université 83130 La GARDE.

Mots-clés : transformations biogéochimiques, estuaire souterrain, décharge d'eau souterraine, macronutriments, phytoplancton

Résumé :

Situés à l'interface entre continent et océan, les estuaires souterrains (subterranean estuary, STE) sont constitués d'une zone de mélange dynamique d'un point de vue hydro-biogéochimique. Cette zone de mélange est d'intérêt pour la compréhension du fonctionnement biogéochimique des zones côtières. En effet, les estuaires souterrains transforment et transfèrent des solutés dans l'eau douce et l'eau de mer circulant en milieu souterrain, se mélangeant et s'écoulant vers l'environnement côtier. Les défis actuels consistent à caractériser les transformations biogéochimiques médiées par les microorganismes se produisant dans les STE et leur variabilité spatio-temporelle, ainsi qu'à évaluer le potentiel de ces eaux souterraines riches en nutriments à contribuer au fonctionnement du réseau trophique côtier en cas de décharge d'eau souterraine.

La variabilité spatio-temporelle hydrologique et biogéochimique d'un STE superficiel en Méditerranée a été évaluée au cours de neuf campagnes d'échantillonnage réalisées en 2023 et 2024. La salinité variait de 1 à 40, avec une diversité de situations suggérant à la fois une intrusion d'eau de mer et un rejet dans les eaux côtières, résultant en des contextes de mélange très variables. Dans ces conditions variables, le temps de résidence de l'eau dans le STE a été estimé entre 1 et 20 jours grâce à l'analyse des isotopes du radium. Les niveaux d'oxygénation variaient d'une quasi-saturation à une anoxie complète. Les concentrations en macronutriments étaient très élevées comparées à celles de l'eau de mer, en particulier pour l'ammonium et les phosphates (jusqu'à 220 et 7 µM respectivement), ainsi que pour le carbone organique et inorganique dissous (jusqu'à 1,5 et 33 mM respectivement). Les nitrates et ammonium se sont avérés non conservatifs le long de l'estuaire, indiquant que cette zone de mélange est active d'un point de vue biogéochimique. Une première caractérisation de la diversité taxonomique des procaryotes et microeucaryotes a été évaluée par métabarcoding sur l'eau circulante ainsi que les sédiments. Cette analyse a permis de mettre en

évidence la grande variabilité spatiotemporelle de composition des assemblages microbiens, en plus de cooccurrences entre groupes anaérobies strictes (e.g., *Desulfosarcinaceae*) et des groupes aérobies (e.g., *Flavobacteriaceae*, *Sphingomonadaceae*). La détection de groupes procaryotiques associés au cycle de l'azote (e.g., *Nitrosopumilaceae*, *Rhodocyclaceae*, *Nitrosomonadaceae*) ainsi que des groupes eucaryotiques en lien avec le recyclage du carbone (e.g., *Vannelidae*, *Sordariomycetes*, *Thraustochytriaceae*) est une première étape vers la compréhension du rôle des microorganismes dans les transformations biogéochimiques de ces STE.

Par ailleurs, la sensibilité de la base microbienne du réseau trophique planctonique côtier à des apports représentatifs d'eaux souterraines a été évaluée expérimentalement. A partir de la salinité mesurée dans le STE et dans l'eau de mer à proximité, la contribution des eaux souterraines a été estimée jusqu'à 8,5 % des eaux côtières. Pour assurer la représentativité de cette estimation dans nos expériences, de l'eau de mer côtière et sa communauté microbienne naturelle ont été exposées à 0 à 20 % d'eau souterraine. Une modélisation dose-réponse a révélé des concentrations minimales d'effet observé dès 0,1 % après 24 heures pour le phytoplancton, avec des réponses presque linéaires en fonction de la proportion d'eau souterraine. Une expérience similaire a permis de mettre en évidence que l'ammonium déversé par les STE influençait plus la croissance de certains groupes phytoplanctoniques que les nitrates.

Étude de la diversité taxonomique et fonctionnelle des communautés microbiennes marines retrouvées au niveau de tapis riches en oxydes de fer et associés à la zone de faible activité hydrothermale MIR (champs hydrothermal TAG).

Ludivine Michaudet^(1,2), Eva Pouder^(1,2), Françoise Lesongeur⁽²⁾, Cyril Noël⁽³⁾, Olivier Rouxel⁽⁴⁾, Karine Alain⁽¹⁾, Marie-Anne Cambon⁽²⁾ and Sophie Mieszkin^(1,2)

ludivine.michaudet@univ-brest.fr

⁽¹⁾ Univ Brest, CNRS, IFREMER, EMR 6002 BIOMEX, Unité Biologie et Écologie des Écosystèmes marins Profonds BEEP, F-29280 Plouzané, France

⁽²⁾ Univ Brest, IFREMER, Unité Biologie et Écologie des Écosystèmes marins Profonds BEEP, F-29280 Plouzané, France

⁽³⁾ Ifremer, IRSI, SeBiMER Service de Bioinformatique de l'Ifremer, F-29280 Plouzané, France

⁽⁴⁾ Univ Brest, CNRS, IFREMER, UMR 6538, Laboratoire Geo-Océan, F-29280 Plouzané, France

Mots-clés : cycle du fer, tapis microbiens, faible activité hydrothermale, Zetaproteobacteria

Résumé :

Les environnements hydrothermaux marins profonds (> 1 000 m) abritent des écosystèmes uniques encore peu connus. Ce sont des environnements soumis à de fortes pressions hydrostatiques, des températures élevées (300 – 400 °C), ainsi qu'à de forts différents gradients physico-chimiques (pH, redox, métaux et O₂). Au sein d'un champs hydrothermal il existe également des zones, moins étudiées, de moindre activité (\pm 15 °C), voir inactives. Ces zones sont aujourd'hui ciblées par les compagnies minières pour l'exploitation de leurs ressources. La communauté internationale scientifique est unanime sur l'urgence de mieux comprendre le fonctionnement de ces écosystèmes (géologie, géochimie, biologie, microbiologie) afin de mettre en place des directives internationales pour la délivrance d'autorisation d'exploitation minière.

Pour améliorer nos connaissances des zones faiblement actives, notre étude porte sur une zone à basse température (MIR) du champs hydrothermal TAG (dorsale médo-Atlantique ; 26°N, 45°W). Au niveau de la zone MIR, quatre échantillons de tapis microbiens riches en oxydes de fer ont été prélevés par deux méthodes différentes au cours de deux campagnes océanographiques de l'Ifremer (HERMINE 2 <https://doi.org/10.17600/18001851> et BICOSE 3 <https://doi.org/10.17600/18002399>). La méthode dénommée **PBT** a permis de prélever 2 échantillons (BICOSE3_PBT3 et HERMINE2_PBT2) de tapis microbiens, avec les sédiments sous-jacents, par l'utilisation d'une pince dirigée par le sous-marin « *Nautile* ». La seconde méthode de prélèvement consistait en l'aspiration de l'eau de mer et de tapis microbien par l'outil **PLUME** et qui a permis de prélever 2 échantillons supplémentaires (BICOSE3_PLUME4 et BICOSE3_PLUME6). La température de ces tapis pouvait atteindre 29 °C, avec une concentration en fer dissous située entre 1,08 µM à 32,78 µM.

Les micro-organismes capables de se développer dans ces tapis microbiens riches en fer basent leurs métabolismes sur la chimiosynthèse en oxydant le fer (Martin *et al.* 2008). Néanmoins, les microorganismes ayant un métabolisme centré sur l'utilisation du fer sont encore peu connus car difficilement cultivables. Ainsi, afin de mener une étude exhaustive de la

diversité microbienne inféodée à ces tapis, des approches omiques de *métabarcoding* et de métagénomique ont été réalisées (financé par ANR-22-POCE-0007 et ANR-22-CE01-0013).

Les analyses de *métabarcoding* ont permis de démontrer que les classes majoritaires composant les quatre tapis microbiens étaient les *Alphaproteobacteria*, les *Gammaproteobacteria*, les *Phycisphaerae* et les *Zetaproteobacteria*. En ce qui concerne les classes associées à l'oxydation du fer, les *Acidimicrobia* comptant quelques espèces ferro-oxydantes représentaient environ 1 % de l'abondance relative bactérienne des tapis. L'abondance relative des *Leptospirillia* était variable, de 1,9 % pour l'échantillon HERMINE2_PBT2, et pouvant atteindre 10,20 % pour l'échantillon BICOSE3_PBT3. Le phylum candidat Ca. 'Zixibacteria' était aussi retrouvé avec une prédominance dans l'échantillon HERMINE2_PBT2 (10,17 %). Pour finir, la classe des *Zetaproteobacteria* considérée comme des architectes des tapis microbiens pouvaient atteindre jusqu'à 47 % de l'abondance relative bactérienne. Cette classe est majoritairement retrouvée dans les échantillons prélevés par aspiration (PLUME) et en moindre abondance dans les échantillons prélevés avec la pince (PBT). Les *Zetaproteobacteria* décrits comme les acteurs de la ferro-oxydation présentaient une grande diversité, puisque l'outil Zetahunter (McAllister *et al.* 2018) a permis d'identifier la présence de 18 ZetaOTU (regroupant les ASV ayant plus de 97% de similarité entre elles) dont 7 nouvelles (non affiliées aux ZetaOTU de la base de données). Cet outil a permis d'identifier notamment le genre *Ghiorsea* (ZetaOTU9) ayant pour premier représentant cultivable l'espèce *Ghiorsea bivora*, isolée au niveau de TAG (Mori *et al.* 2017). La ZetaOTU15 représentait 14 % de l'abondance bactérienne de l'échantillon BICOSE3_PLUME6. Elle figure ainsi comme un acteur clef dans la structuration des tapis. Cette ZetaOTU a été identifiée précédemment comme étant associée à des fluides sous-marins et assignée au genre *Mariprofundus* (McAllister *et al.* 2019).

Ainsi, nous avons mis en évidence la présence de nombreuses classes jouant un rôle dans l'oxydation du fer avec notamment une dominance de la classe des *Zetaproteobacteria* dans les zones micro-oxiques (PLUME). Nous avons également mis en évidence l'importante diversité taxonomique de cette classe au sein d'un même tapis microbial, laissant supposer leur implication dans la structuration de ces tapis. En complément de ces analyses, 22 MAGs de cette classe ont été reconstruits et sont en cours d'analyse afin d'étudier leur potentiel métabolique.

MARTIN, William, BAROSS, John, KELLEY, Deborah, *et al.* Hydrothermal vents and the origin of life. *Nature Reviews Microbiology*, 2008, vol. 6, no 11, p. 805-814

MCALLISTER, Sean M., MOORE, Ryan M., et CHAN, Clara S. ZetaHunter, a reproducible taxonomic classification tool for tracking the ecology of the *Zetaproteobacteria* and other poorly resolved taxa. *Microbiology Resource Announcements*, 2018, vol. 7, no 7, p. 10.1128/mra.00932-18

MCALLISTER, Sean M., MOORE, Ryan M., GARTMAN, Amy, *et al.* The Fe (II)-oxidizing *Zetaproteobacteria*: historical, ecological and genomic perspectives. *FEMS microbiology ecology*, 2019, vol. 95, no 4, p. fiz015.

MORI, Jiro F., SCOTT, Jarrod J., HAGER, Kevin W., *et al.* Physiological and ecological implications of an iron-or hydrogen-oxidizing member of the *Zetaproteobacteria*, *Ghiorsea bivora*, gen. nov., sp. nov. *The ISME journal*, 2017, vol. 11, no 11, p. 2624-2636.

Décrypter les changements de communautés biologiques le long du littoral breton au cours de l'Anthropocène par des approches de paléogénomique

A. Monjot¹, D-I. Skouroliakou², M. Meyneng², T. Haize³, J. Pawłowska⁴, P. Bertucci⁵, A. Penaud¹, R. Siano² et le consortium du projet TREC-Paleocore

¹ Université de Bretagne Occidentale, CNRS, IRD, Ifremer, UMR6538 Geo-Ocean, Plouzané, 29280, France

² Ifremer, DYNECO F-29280 Plouzané, France

³ EMBL, Heidelberg, 69117, Germany

⁴ Institute of Oceanology PAN, Powstancow Warszawy 55, 81-712, Sopot, Poland

⁵ EMBL, Barcelona, 08003, Spain

L'Anthropocène, définie comme la période au cours de laquelle l'impact des activités humaines est devenu significatif à l'échelle planétaire, se caractérise par de profondes altérations de la biodiversité. Ces perturbations ont pu être documentées grâce aux avancées majeures de la génomique environnementale. En particulier, l'étude de l'ADN ancien extrait des sédiments (sedaDNA) permet une évaluation fine et exhaustive de ces dynamiques, à différentes échelles temporelles (i.e. allant jusqu'à plusieurs millénaires) et géographiques (e.g. océan profond, pergélisol, fjords et lacs).

Dans ce contexte, et afin d'évaluer l'impact des pressions anthropiques mais également climatiques sur la biodiversité au cours des 100 dernières années en région Bretagne, nous avons initié une étude de paléogénomique. L'aquaculture, les pratiques agricoles intensives, ainsi que l'urbanisation et l'industrialisation accélérées après la Seconde Guerre mondiale, propre à cette région, ont sans aucun doute profondément influencé la biodiversité locale.

Dans le cadre des projets *Pacte*, *PaleoBreizh* et de l'expédition européenne TREC, plusieurs carottes de sédiments d'environ 1 mètre de long ont été prélevées en Rade de Brest, dans la Baie de Lorient et à Roscoff. La situation géographique de ces sites, chacun associé à un bassin versant distinct, permet de considérer ces archives sédimentaires comme de précieux témoins de l'impact des activités humaines. Par ailleurs, les datations radio isotopiques ont confirmé que l'ensemble des carottes couvre des périodes associées à des événements de pollution et/ou à des changements écosystémiques. L'étude de la diversité microbienne a alors été initiée par séquençage d'amplicon (ADNr 18S V4, V9 et 16S V4-V5) en sélectionnant des échantillons correspondant à des périodes marquées par les activités humaines, telles que corroborées par les profils de contaminants.

Des comparaisons inter-sites permettront de tester plusieurs hypothèses concernant (i) l'érosion de la biodiversité, (ii) les trajectoires convergentes des communautés face à des pressions anthropiques spécifiques, et (iii) la dynamique temporelle régionale des espèces non indigènes. Les résultats préliminaires issus de ce projet seront présentés et discutés dans le contexte plus large des changements globaux liés à l'anthropisation des milieux.

Liens entre communautés bactériennes et profils lipidiques le long d'un transect altitudinal de sols des Alpes françaises

Juanita MORA-GOMEZ^(1*), Arnaud FOULQUIER⁽²⁾, Sylvie COLLIN⁽¹⁾, Adrienne KISH⁽³⁾ Pierre VEQUAUD⁽¹⁾, Pierre SABATIER⁽⁴⁾, Jérôme POULENARD⁽⁴⁾, Delphine RIOUX⁽²⁾, Christian MIQUEL⁽²⁾, Arnaud HUGUET⁽¹⁾

⁽¹⁾ Sorbonne Université, CNRS, EPHE, PSL, UMR METIS, Paris, France, ⁽²⁾ Univ. Grenoble Alpes, Univ. Savoie Mont Blanc, CNRS, LECA, Grenoble, France, ⁽³⁾ Muséum National d'Histoire Naturelle, CNRS, UMR MCAM, Paris, France, ⁽⁴⁾ Univ. Savoie Mont Blanc, CNRS, EDYTEM, F-73376 Le Bourget du lac, France,

Les communautés microbiennes produisent une diversité de lipides membranaires dont la composition présente une sensibilité remarquable aux fluctuations environnementales. Les profils lipidiques des sols sont ainsi de plus en plus utilisés pour reconstituer les changements de température ou du pH dans les environnements passés. Cependant, la contribution relative de la plasticité phénotypique et des changements de composition des communautés microbiennes sur la distribution des profils lipidiques dans les environnements naturels reste encore mal comprise. Afin de mieux appréhender le rôle des changements de composition des communautés bactériennes dans la modulation des profils lipidiques des sols, 49 échantillons de sol superficiel (de 0 à 10 cm de profondeur) ont été prélevés dans les Alpes françaises en octobre 2017 le long d'un gradient altitudinal de 232 à 2700 m d'altitude (Véquaud et al., 2021). Ce gradient couvre une diversité de types de végétation et de conditions édaphiques. Pour chaque échantillon, la composition de la communauté bactérienne (par métabarcoding de l'ARNr 16S), le profil lipidique (tétraéthers de glycérol ramifiés (brGDGT) et acides gras 3-hydroxylés (3-OH FA)) ainsi que les caractéristiques environnementales (pH, température moyenne annuelle de l'air (TMAA), rapport Organique/N, teneurs en sable et en limon) ont été mesurés.

Le long du gradient altitudinal, la composition des communautés bactériennes est principalement influencée par le type de végétation et par des variables telles que le pH, la TMAA, la granulométrie et l'humidité du sol. Des corrélations entre certains phyla bactériens et les différents lipides étudiés ont pu être identifiées, suggérant des réponses métaboliques différentes aux variations de température et de pH. Par exemple, l'augmentation de la température est positivement corrélée à l'abondance du brGDGT monocylique et tetraméthylé Ib ainsi qu'à celle de phyla tels que *Thermodesulfobacteriota* et le phylum *NB1-j* en silva (dans phylum *Myxococcota* en GTDB), tandis que le brGDGT acyclique et hexaméthylé IIIa, corrélé négativement à la température, est associé au phylum *Chloroflexota*. De même, au niveau des acides gras 3-hydroxylés qui sont produits par les bactéries à Gram négatif, l'abondance relative de l'homologue *iso-C*₁₂ augmente avec le pH du sol et est significativement corrélée au phylum *Candidatus Latescibacterota*.

L'analyse de l'influence relative des communautés bactériennes et des caractéristiques environnementales sur la variabilité des profils lipidiques a révélé que la composition des communautés bactériennes explique par elle-même une proportion importante de la variation des profils lipidiques, tant pour les brGDGT (62 %) que pour les 3-OH-FA (32 %). Les résultats indiquent un effet indirect des variables environnementales sur les profils lipidiques à travers leur influence sur la composition des communautés bactériennes.

Nos résultats soutiennent l'idée d'un rôle prépondérant de la composition des communautés bactériennes dans la détermination des profils lipidiques dans les sols, bien que cette influence varie

selon les différents groupes lipidiques et les taxons bactériens qui les produisent. Cet aspect est important à prendre en compte lors de l'étude des profils lipidiques dans diverses applications.

*juanita.mora_gomez@sorbonne-universite.fr

Référence :

Véquaud P., Derenne S., Anquetil, C., Collin S., Poulenard J., Sabatier P., Huguet A., 2021. Influence of environmental parameters on the distribution of bacterial lipids in soils from the French Alps: Implications for paleo-reconstructions. *Org. Geochem.* 153, 104194

Mots-clés : adaptation bactérienne ; changements environnementaux ; lipides membranaires ; métabarcoding

Impact de produits à base d'extraits végétaux sur les communautés microbiennes du sol en culture de sapin de Noël

Maria OSIPENKO¹, Rachel DRABBE¹, Elise LHOSTE², Thomas DEMORTIER³, Marie-Laure FAUCONNIER⁴,
Haissam M. JIJAKLI³, Caroline DE CLERCK¹.

1 : Plant Sciences, Gembloux Agro-Bio Tech, ULiege, 2: University of Quebec at Montreal, 3: Integrated and Urban Plant Pathology Laboratory, Gembloux Agro-Bio Tech, ULiege, 4 : Chemistry for Sustainable Food and Environmental Systems (CSFES), Gembloux Agro-Bio Tech, ULiege.

Dans un contexte de transition vers une agriculture plus durable, les produits biologiques tels que les biopesticides, biofertilisants et biostimulants connaissent une croissance rapide. Pourtant, leur impact sur la structure et le fonctionnement des communautés microbiennes du sol reste peu documenté. Dans le cadre du projet européen X-Tree (EUROSTAR), visant à développer un itinéraire cultural durable pour la production de sapins de Noël, une solution biosourcée combinant un bioherbicide (à base d'huiles essentielles) et un biostimulant (issu d'extraits végétaux) est étudiée.

Le but de mes travaux en doctorat consiste à explorer les effets de ces produits sur la dynamique des communautés microbiennes du sol, en termes d'abondance, de diversité taxonomique et fonctionnelle, et d'activité biologique. Des expérimentations sont menées à différentes échelles (laboratoire, serre et champ) en combinant des approches biochimiques (respiration du sol, activité enzymatique), moléculaires (séquençage haut débit, qPCR) et chimiques (chromatographie).

L'objectif est de mieux comprendre comment ces intrants naturels influencent les communautés microbiennes et les fonctions écosystémiques associées. Cette recherche contribue à éclairer les mécanismes de réponse des communautés microbiennes aux nouvelles pratiques culturales.

La diversité intraspécifique du pathobiote influence-t-elle le succès d'invasion ?

M. Papin¹, R. Duflos¹, C. Fuertes¹, A. Vajou¹, R. Lion¹, S. Silva¹, B. Mayjonade¹, P. Duran¹, F. Roux¹, F. Vailleau¹

¹ Laboratoire des Interactions Plantes-Microbes-Environnement (LIPME), INRAE, CNRS, Castanet Tolosan, France

Contact : marine.papin@inrae.fr

Mots-clés : Co-infection, Diversité intraspécifique, Invasion, SyncCom, Niche écologique, *Arabidopsis thaliana*

Le microbiote végétal constitue la première barrière de défense contre l'invasion par des bactéries pathogènes. L'invasibilité d'une communauté bactérienne dépend d'une part de la diversité et de la composition du microbiote résident et d'autre part, des caractéristiques de la communauté introduite. De précédents travaux ont mis en évidence la co-évolution d'une diversité intraspécifique de *Pseudomonas syringae*, espèce potentiellement phytopathogène, au sein de populations naturelles d'*Arabidopsis thaliana*. L'influence de cette diversité sur le succès d'invasion reste encore largement méconnue. Nos travaux visent à évaluer le succès d'invasion de communautés composées de différentes souches de *P. syringae* sur des plantes d'*A. thaliana* pré-inoculées avec une communauté synthétique (SyncCom). Nous disposons de collections de 918 bactéries commensales, et de 84 souches de *P. syringae*, toutes isolées à partir de populations naturelles d'*A. thaliana* de l'ex-région Midi-Pyrénées. Une première inoculation a été réalisée avec cinq SyncComs de 20 bactéries commensales sur une accession d'*A. thaliana* cultivée *in vitro*. Puis, une seconde inoculation avec 150 communautés de *P. syringae* barcodées, de diversité intraspécifique croissante (1 à 20 souches) a été réalisée. Un total de 7300 plantes a ainsi été inoculé. L'installation des SyncComs, puis l'impact de la deuxième inoculation sur l'abondance et la composition des communautés ont été évalués par séquençage. La croissance des plantes a également été mesurée avec une méthode d'imagerie automatisée. Par cette étude, nous posons l'hypothèse qu'une augmentation de la diversité intraspécifique des communautés de *P. syringae* favorisera leur abondance et accentuera l'impact sur les SyncComs commensaux. Nous chercherons par ailleurs à savoir si le succès d'invasion est corrélé au recouvrement de niche écologique entre les SyncComs et les communautés de *P. syringae*, par l'évaluation des profils métaboliques (Ecoplates®). Ces résultats contribueront à une meilleure compréhension des facteurs favorisant la co-évolution de souches pathogènes multiples, à la lumière de l'écologie de l'invasion.

Impact des pratiques agricoles sur la composition et la dynamique microbienne dans les sols et leur capacité à protéger les plantes

Imen BELGACEM⁽¹⁾, Juliette LINGLIN⁽²⁾, Christophe LANGRUME⁽²⁾, Bruno BIGHIGNOLI⁽¹⁾, Claire PREVOST⁽¹⁾, Kevin GAZENGEL⁽²⁾, Lionel LEBRETON⁽²⁾, Gaetan LE FLOCH⁽¹⁾, Christophe MOUGEL⁽²⁾, Flora PENSEC⁽¹⁾
flora.pensec@univ-brest.fr

⁽¹⁾ Univ Brest, INRAE, Laboratoire Universitaire de Biodiversité et Écologie Microbienne, F-29280 Plouzané, France ; ⁽²⁾ IGEPP, INRAE, Institut Agro Rennes-Angers, Univ. Rennes

Mots-clés : résilience, sols, microbiote, agroécologie

Résumé :

Les prévisions liées au changement climatique indiquent que davantage de périodes estivales chaudes et sèches sont à prévoir dans les décennies à venir. Il est donc primordial aujourd’hui de concevoir des systèmes agricoles plus résilients face à ces conditions stressantes pour les cultures. Pour évaluer l’impact de conduites agricoles sur la résilience des microorganismes des sols, nous avons conduit une expérience en conditions contrôlées à partir de deux types de sols maraîchers de Saint-Pol-de-Léon, soumis à long terme à des pratiques agroécologiques ou conventionnelles. L’objectif était double : suivre la dynamique temporelle des communautés microbiennes et tester l’effet protecteur contre un agent pathogène sur les plantes. Les stress simulés durant 21 jours consistaient en un séchage des sols à 10 % d’humidité combiné ou non à l’application d’une température de 30°C, en comparaison avec un témoin (50% d’humidité et 20°C). Suivait ensuite une période de 43 jours de réhumectation. Les échantillons, prélevés à différentes dates durant et suite au stress, ont été analysés par qPCR et métagénomique (ARN et ADN) pour étudier la dynamique microbienne et déduire des indicateurs de résistance et résilience. A l’issue de la réhumectation, les sols ont été utilisés pour évaluer leur capacité à améliorer la résistance de plantules de brocoli à *Rhizoctonia solani*, agent de la fonte des semis. Les résultats montrent que les sols agroécologiques limitent mieux l’agressivité de *R. solani* sur les plantules de brocoli en cas de stress combiné (30°C, 10 % d’humidité). Les indices de résistance et de résilience des communautés microbiennes révèlent une meilleure adaptation des sols agroécologiques, en particulier pour les champignons. La diversité fongique et l’abondance de certains taxons y sont plus stables, tandis que les sols conventionnels voient leur microbiome perturbé. Ces résultats soulignent l’importance des pratiques agricoles sur la santé des sols et leur capacité à atténuer les effets des stress climatiques.

Étude du microbiome de la lentille d'eau : comparaison des méthodes d'extraction de l'ADN et d'amplification du gène 16S rRNA pour le séquençage du microbiome associé

(Co) auteur(s) : François Prudot⁽¹⁾⁽²⁾, Lusine Ghazaryan⁽²⁾, Osnat Gillor⁽²⁾ and Romain Barnard⁽¹⁾
fprudot@gmail.com

(Co) auteur(s) :

¹Université Bourgogne Europe, Institut Agro, INRAE, UMR Agroécologie, Dijon, France

²Zuckerberg Institute for Water Research, Blaustein Institutes for Desert Research, Ben-Gurion University of the Negev, 8499000, Israel

Mots-clés : Lentille d'eau, Endophytes, 16S rRNA , Amplicon sequencing

Résumé : Le microbiome de la lentille d'eau joue un rôle central dans plusieurs processus clés, notamment la bioremédiation, la fixation de l'azote et la production de biomolécules essentielles. Malgré son importance, la composition et la dynamique du microbiome de la lentille d'eau restent mal comprises. La méthode la plus courante pour étudier ces communautés microbiennes est le séquençage des amplicons du gène de l'ARN ribosomique (ARNr) 16S bactérien.

Cependant, les choix méthodologiques peuvent affecter la précision de l'évaluation des communautés microbiennes, les facteurs plus importants étant : i) la méthode d'extraction de l'ADN, ii) la région hypervariable ciblée du gène 16S ARNr, et iii) les amores utilisées pour l'amplification. De plus, l'un des plus grands défis consiste à obtenir de l'ADN bactérien de haute qualité à partir de matrices végétales, qui sont principalement composées d'ADN de chloroplastes et de mitochondries.

Notre étude vise à évaluer l'impact de ces facteurs sur l'extraction et l'amplification de l'ADN afin d'obtenir la représentation la plus précise possible du microbiome de la lentille d'eau. Dans le modèle *Spirodela polyrhiza*, nous avons comparé trois méthodes d'extraction d'ADN: deux kits commerciaux disponibles et la méthode standard au phénol-chloroforme. Nous avons ensuite testé l'amplification de l'ADN avec et sans agents bloquants (PNA et LNA), en utilisant quatre paires d'amores ciblant différentes régions du gène codant pour l'ARNr 16S (V3-V4, V4 et V5-V6).

Nos résultats ont montré que l'évaluation la plus précise du microbiome de la lentille d'eau a été obtenue en utilisant l'un des kits commerciaux, ciblant la région V3-V4 avec une paire d'amores excluant l'ARNr 16S des chloroplastes. Dans ces conditions optimisées, l'utilisation d'agents bloquants s'est avérée inutile, réduisant ainsi considérablement le coût et la complexité de l'analyse. Des travaux supplémentaires sont actuellement en cours pour généraliser cette approche à d'autres espèces de lentilles d'eau, et potentiellement à d'autres plantes aquatiques, afin d'évaluer leur phyllosphère.

Effets croisés de la contamination métallique et de l'espèce végétale sur les communautés microbiennes dans des systèmes de traitement vertical des eaux pluviales

(Co) auteur(s) : Manon SABATHE ⁽¹⁾, Godecke BLECKEN ⁽²⁾, Anne-Kristel BITTEBIERE ⁽³⁾, Maarja OPIK ⁽⁴⁾, Katharina TONDERA ⁽⁵⁾

Manon Sabathé : manon.sabathe@entpe.fr

⁽¹⁾Laboratoire d'Ecologie des Hydrosystèmes Naturels et Anthropisés, Ecole Nationale des Travaux Publics de l'Etat, 3, rue Maurice Audin 69518 Vaulx-en-Velin ; ⁽²⁾Department of Civil, Environmental and Natural Resources Engineering of Luleå University of Technology, Luleå, Sweden ; ⁽³⁾Laboratoire d'Ecologie des Hydrosystèmes Naturels et Anthropisés, Université Lyon 1, Villeurbanne, France ; ⁽⁴⁾University of Tartu (Tartu Ülikool), Tartu, Estonia ; ⁽⁵⁾Laboratoire d'Ecologie des Hydrosystèmes Naturels et Anthropisés, Ecole Nationale des Travaux Publics de l'Etat, 3, rue Maurice Audin 69518 Vaulx-en-Velin

Mots-clés : communauté microbienne, eaux pluviales, éléments traces métalliques, solutions fondées sur la nature

Les solutions fondées sur la nature pour le traitement de l'eau de pluie en écoulement vertical sont en expansion. Ces structures (bassins de biorétention, noues, tranchées d'infiltration) permettent une augmentation de la perméabilité des milieux urbains, une meilleure gestion des intempéries ainsi que la stabilisation de métaux présents dans l'eau de ruissellement provenant de parkings, de routes, de toitures ou encore d'anciens bâtiments (Liu et al., 2015; Malaviya & Singh, 2011). Ces infrastructures sont composées d'une succession de substrats en profondeur et de végétation en surface qui permettent, grâce à leurs interactions avec les microorganismes rhizosphériques et endophytiques, une diminution de la concentration des contaminants dans les effluents (Scholes et al., 1998; Walaszek et al., 2018; Walker & Hurl, 2002). De nombreux facteurs biotiques et abiotiques conditionnent ces interactions (Moënne-Loccoz et al., 2015; Singh et al., 2009) ; cependant dans les milieux de traitement de l'eau pluviale par écoulement vertical, les paramètres influençant les communautés bactérienne et fongique en interaction avec les plantes sont encore peu étudiés. L'objectif de cette étude est de déterminer, en laboratoire, si les changements et les évolutions dans les communautés microbiennes rizosphériques et endophytiques sont plutôt corrélées à l'espèce végétale présente et/ou à l'enrichissement en éléments traces métalliques (ETM) induit par l'eau de pluie. Pour cela, une expérience sur deux durées (21 jours et 90 jours) reproduisant les structures d'écoulement vertical, a été menée en microcosmes constitués de tube de PVC remplis en profondeur de gravier, de sable puis d'un mélange de sédiments, issus de trois bassins de rétention et de plusieurs noues dans Lyon intrinsèquement contaminés en métaux. Deux espèces de plantes ont été testées, *Phragmites australis*, généralement plantée lors de la construction des bassins et *Plantago lanceolata* qui colonise spontanément ces milieux. Tous les microcosmes ont été arrosés avec une solution faible en nutriments dont la moitié contenait en plus, du cadmium, du nickel, du cuivre et du zinc à des concentrations moyennes retrouvées dans les eaux pluviales urbaines (Becouze et al., 2009; Gasperi et al., 2014; Tondera et al., 2018). Des microcosmes témoins sans plantes ont été réalisés. Après 21 jours (T1) et 90 jours (T2), des extractions d'ADN ont été faites sur les racines et les sols rhizosphériques, puis les communautés bactériennes et fongiques ont été déterminées par séquençage des régions V3 et

V4 de l'ADN 16S et la région ITS (internal transcribed spacer) respectivement. Les séquençages sont en cours et les analyses des communautés, des indices de diversité et des corrélations avec les conditions sont à faire. Les résultats attendus sont des changements dans les communautés : pour les microcosmes enrichis en métaux, une diminution de la diversité causée par le développement plus important des microorganismes les plus tolérants aux ETM comme *Basidiomycota* pour les champignons ainsi que *Proteobacteria* et *Acidobacteria* pour les bactéries (Geronimo et al., 2022; Wiener et al., 2024). Pour les microorganismes endophytes, les champignons *Penicillium spp.* et *Trichoderma spp.* pourraient être détectés ainsi que les bactéries *Pseudomonas spp.* et *Bacillus sp.* (Deng & Cao, 2017; Ma et al., 2016). L'espèce de plante devrait également influencer l'abondance et la composition des communautés de microorganismes (Wiener et al., 2024). Néanmoins il sera difficile de déterminer si un des paramètres a un effet plus important sur les communautés.

Bibliographie :

Deng, Z., & Cao, L. (2017). Fungal endophytes and their interactions with plants in phytoremediation: A review. *Chemosphere*, 168, 1100–1106. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2016.10.097>

Geronimo, F. K., Guerra, H., Jeon, M., Reyes, N. J., & Kim, L.-H. (2022). Influence of bacterial community to the water quality performance of urban stormwater nature-based solutions. *Ecological Engineering*, 183, 106761. <https://doi.org/10.1016/j.ecoleng.2022.106761>

Ji, Z., Tang, W., & Pei, Y. (2022). Constructed wetland substrates: A review on development, function mechanisms, and application in contaminants removal. *Chemosphere*, 286, 131564. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2021.131564>

Liu, A., Liu, L., Li, D., & Guan, Y. (2015). Characterizing heavy metal build-up on urban road surfaces: Implication for stormwater reuse. *Science of The Total Environment*, 515–516, 20–29. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2015.02.026>

Ma, Y., Rajkumar, M., Zhang, C., & Freitas, H. (2016). Beneficial role of bacterial endophytes in heavy metal phytoremediation. *Journal of Environmental Management*, 174, 14–25. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2016.02.047>

Malaviya, P., & Singh, A. (2011). Constructed Wetlands for Management of Urban Stormwater Runoff. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*. <https://doi.org/10.1080/10643389.2011.574107>

Moënne-Locoz, Y., Mavingui, P., Combes, C., Normand, P., & Steinberg, C. (2015). Microorganisms and Biotic Interactions. In J.-C. Bertrand, P. Caumette, P. Lebaron, R. Matheron, P. Normand, & T. Sime-Ngando (Eds.), *Environmental Microbiology: Fundamentals and Applications: Microbial Ecology* (pp. 395–444). Springer Netherlands. https://doi.org/10.1007/978-94-017-9118-2_11

Scholes, L., Shutes, R. B. E., Revitt, D. M., Forshaw, M., & Purchase, D. (1998). The treatment of metals in urban runoff by constructed wetlands. *Science of The Total Environment*, 214(1), 211–219. [https://doi.org/10.1016/S0048-9697\(98\)00072-2](https://doi.org/10.1016/S0048-9697(98)00072-2)

Singh, B. K., Dawson, L. A., Macdonald, C. A., & Buckland, S. M. (2009). Impact of biotic and abiotic interaction on soil microbial communities and functions: A field study. *Applied Soil Ecology*, 41(3), 239–248. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2008.10.003>

Walaszek, M., Del Nero, M., Bois, P., Ribstein, L., Courson, O., Wanko, A., & Laurent, J. (2018). Sorption behavior of copper, lead and zinc by a constructed wetland treating urban stormwater. *Applied Geochemistry*, 97, 167–180. <https://doi.org/10.1016/j.apgeochem.2018.08.019>

Walker, D. J., & Hurl, S. (2002). The reduction of heavy metals in a stormwater wetland. *Ecological Engineering*, 18(4), 407–414. [https://doi.org/10.1016/S0925-8574\(01\)00101-X](https://doi.org/10.1016/S0925-8574(01)00101-X)

Wiener, E. A., Ewald, J. M., & LeFevre, G. H. (2024). Fungal diversity and key functional gene abundance in Iowa bioretention cells: Implications for stormwater remediation potential. *Environmental Science: Processes & Impacts*, 26(10), 1796–1810. <https://doi.org/10.1039/D4EM00275J>

Structure des communautés microbiennes de sédiments lacustres à travers des gradients physico-chimiques extrêmes de l'Altiplano andin

Co-auteurs: Agathe STRUILLOU⁽¹⁾ (agathe.struillou@universite-paris-saclay.fr), Miguel INIESTO⁽¹⁾, Maria CIOBANU⁽¹⁾, Julie MONTAGNA⁽¹⁾, Paola BERTOLINO⁽¹⁾, Pablo AGUILAR⁽²⁾, David MOREIRA⁽¹⁾, Purificación LOPEZ-GARCIA⁽¹⁾

Co-auteurs: ⁽¹⁾Ecologie Société Evolution UMR 8079, Université Paris-Saclay, CNRS, AgroParisTech, Gif-sur-Yvette, France ; ⁽²⁾Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chili

Mots-clés : composition microbienne ; metabarcoding 16S ; analyses multivariées ; salars andins ; gradients physico-chimiques

Résumé : La composition des communautés microbiennes résulte de l'interaction entre facteurs biotiques et abiotiques (profondeur, oxygène, lumière, température, salinité, alcalinité, composition chimique, etc.). Si ces communautés s'organisent selon des gradients spatiaux de conditions physico-chimiques, l'influence de ces facteurs reste encore mal comprise. La caractérisation des interactions entre les différents membres des communautés microbiennes et les paramètres physico-chimiques est essentielle pour mieux comprendre l'écologie de ces systèmes complexes. Dans cette optique, nous étudions les communautés microbiennes de sédiments lacustres (et tapis microbiens sus-jacents) issus de zones contrastées de l'Altiplano andin de haute altitude (~4000m). Des carottes sédimentaires ont été collectées dans des salars et systèmes hydrothermaux le long d'un transect nord-sud d'environ 1100 km lors de missions menées au Chili en 2022 et 2023. Cette région, à cheval entre celles d'Antofagasta et d'Atacama, est marquée par un climat hyperaride (puna aride) ayant conduit à la formation de dépôts salins (salar) par évaporation intense de bassins endoréiques, ainsi que par une activité hydrothermale liée à la subduction active. Ces systèmes se caractérisent aussi par l'exposition à des fortes concentrations de métaux et métalloïdes, notamment l'arsenic ou le lithium. En tout, nous avons étudié 62 carottes provenant de 28 salars et 5 systèmes hydrothermaux. Après purification de l'ADN des différentes couches de chaque carotte, nous avons appliqué des approches de type *metabarcoding* (séquençage d'amplicons d'ARNr 16S) en utilisant des amores universelles pour les procaryotes pour caractériser la composition des communautés bactériennes et archéennes. Des méthodes d'analyses statistiques multivariées nous ont permis d'évaluer l'influence des conditions environnementales locales sur la composition microbienne et d'en identifier les déterminants majeurs. Nous mettrons en relief les corrélations les plus marquées entre les paramètres physico-chimiques mesurés sur place, les analyses hydrochimiques et les taxons identifiés.

Impact de la colonisation microbienne sur les matériaux constituant les éoliennes flottantes en mer: enjeux environnementaux et implications pour la durabilité des structures

Océane THIBAULT(1)*, Marine BAYLE(2), Deeksha-Arya MARGAPURAM(3), Lucas LEROY (1), Carole VECKERLE(1), Fanny CLERGEAUD(1), Alexandra BERTRON(3), Benjamin ERABLE(4), Raphaël LAMI(1)

*thibault.oceane@obs-banyuls.fr

1 : Sorbonne Université, UPVD, CNRS, Laboratoire de Biodiversité et Biotechnologies Microbiennes, LBBM, F-66650 Banyuls-sur-Mer, France

2 : A-Corros Expertise, Arles, France

3 : LMDC, Université de Toulouse, UPS, INSA, Toulouse, France

4 : Laboratoire de Génie Chimique, Université de Toulouse, CNRS, INPT, UPS, Toulouse, France

Mots-clés :

Biofilms – Biofouling, Ecologie microbienne, Ecotoxicologie, Vieillissement des matériaux

Résumé :

Dans un contexte de transition énergétique, l'essor de l'éolien offshore flottant (EOF) impose des exigences croissantes en matière de durabilité et de performance des matériaux immersés. Si les propriétés mécaniques et la résistance à la corrosion ont fait l'objet de nombreuses études, le rôle des communautés microbiennes dans ces environnements reste largement sous-exploré. La colonisation des structures par des biofilms et biofouling marins pourrait en effet moduler les processus de dégradation, en induisant soit une corrosion accélérée, soit à l'inverse un effet protecteur, avec des conséquences à la fois structurelles et environnementales. Ces processus biologiques peuvent notamment affecter la longévité des infrastructures, la sécurité des installations, ainsi que les coûts de maintenance associés. Par ailleurs, les matériaux pourraient induire des rejets de substances potentiellement toxiques ou perturbatrices dans le milieu marin, soulevant des enjeux de compatibilité écologique.

Inscrit dans le cadre du projet Région Occitanie DuMaCoBio, financé par le GDR OMER (CNRS), ce travail de thèse vise à caractériser la diversité, la dynamique et les effets des communautés microbiennes colonisant différents matériaux de construction (matériaux cimentaires et aciers, protégés ou non) immersés en mer. L'objectif est d'évaluer dans quelle mesure ces communautés influencent la dégradation ou la stabilisation des matériaux, et si les propriétés physico-chimiques des substrats favorisent la sélection de certains groupes de micro-organismes ou espèces spécifiques au détriment d'autres. L'approche mobilise plusieurs niveaux d'analyse : quantification microbienne, diversité taxonomique et fonctionnelle, ainsi que des tests écotoxicologiques.

Nos premiers résultats de ces travaux de thèse montrent (i) que les protections de surface testées, qu'il s'agisse d'un revêtement actif avec des peintures anticorrosion ou d'un revêtement passif par protection cathodique, influencent peu la colonisation microbienne: malgré des compositions chimiques différentes, les biofilms formés restent similaires en termes de densité et de diversité microbienne (ii) que certains des matériaux testés génèrent des impacts toxiques

mesurables par nos biotests microbiens : ces effets se manifestent par une inhibition de la bioluminescence chez *Aliivibrio fischeri* (test microtox), ainsi que par l'induction de stress au niveau cellulaire (biosenseurs microbiens): témoignant d'une réponse biologique à des composés potentiellement perturbateurs de la communication microbienne par quorum sensing. Ces données soulignent l'intérêt d'intégrer une perspective microbienne et écotoxicologique dans l'évaluation de la durabilité des matériaux destinés aux structures marines.

Ce travail multidisciplinaire, à l'interface entre microbiologie, écotoxicologie, science des matériaux et écologie marine, permettra à terme une meilleure compréhension des interactions entre substrats et microbiomes marins. Il vise à produire des données utiles au développement de matériaux à plus faible impact environnemental, adaptés aux exigences de durabilité dans un contexte de transition énergétique maritime. À terme, ces connaissances pourraient orienter le développement de stratégies de conception innovantes, telles que l'utilisation de matériaux bio-inspirés ou la co-conception d'infrastructures compatibles avec les dynamiques écologiques locales.

Interactions inter-espèces au cours de la dégradation des macroalgues par les communautés microbiennes marines

François THOMAS⁽¹⁾, Camila ARAVENA⁽¹⁾, Maéva BRUNET⁽¹⁾, Nolwen LE DUFF⁽¹⁾, Angélique GOBET⁽²⁾, Małgorzata ZORA⁽³⁾, & Bernhard FUCHS⁽³⁾
francois.thomas@sb-roscoff.fr

(1) Sorbonne Université, CNRS, Laboratory of Integrative Biology of Marine Models (LBI2M), Station Biologique de Roscoff (SBR), 29688 Roscoff, Bretagne, France

(2) MARBEC, Ifremer, IRD, Université de Montpellier, CNRS, 34203, Sète, France

(3) Department of Molecular Ecology, Max Planck Institute for Marine Microbiology, Bremen, Germany

Mots-clés : microbiomes marins, dégradation de biomasse, interactions bactériennes

Résumé :

Les macroalgues sont des producteurs primaires majeurs en milieu marin, avec une biomasse globale estimée à plusieurs centaines de mégatonnes. Les micro-organismes jouent un rôle crucial dans le cycle du carbone en reminéralisant une grande partie de cette matière organique stockée principalement sous forme de glycanes. Des centaines d'espèces microbiennes d'écotypes différents coexistent, entre lesquelles s'établissent des interactions métaboliques. Des études récentes montrent que seule une fraction des micro-organismes marins est spécialisée dans la dégradation des glycanes algaux. Agissant comme pionniers de la dégradation, ils produisent des métabolites qui alimentent des consommateurs microbiens secondaires, appelés cross-feeders. Malgré leur impact sur le devenir du carbone séquestré par les algues, ces interactions restent encore peu documentées. Nous présenterons ici des résultats récemment publiés et des données préliminaires de nos approches pour caractériser ces interactions inter-espèces au sein de communautés bactériennes dégradant la biomasse d'algues brunes, incluant à la fois des études de terrain sur le microbiote naturel et des expériences en laboratoire sur des souches cultivées. Les résultats mettent en évidence des interactions métaboliques croisées entre différentes espèces bactériennes présentant des répertoires contrastés d'enzymes cataboliques ciblant les glycanes algaux.

Biogéographie des communautés microbiennes planctoniques au travers de fractions de taille dans l’Océan Pacifique

Manon Thueux¹, Nicolas Henry², Colomban De vargas³ et Pierre E. Galand¹

Contact : thueux@obs-banyuls.fr

¹ Sorbonne Université, CNRS, Laboratoire d’Écogéochimie des Environnements Benthiques (LECOB), Observatoire Océanologique de Banyuls, France

² CNRS, Sorbonne Université, FR2424, ABIMS, StaJon Biologique de Roscoff, France

³ Sorbonne Université, CNRS, UMR7144, AD2M/ECOMAP, StaJon Biologique de Roscoff, France

Mots-clés : plancton, biogéographie, effet d’îles

Les symbioses jouent un rôle clé dans le fonctionnement des écosystèmes océaniques, mais les facteurs écologiques des interactions structurant les communautés planctoniques à grande échelle restent encore mal compris. L’objectif de cette étude était d’identifier les associations possibles entre eucaryotes et procaryotes à travers les fractions de taille du plancton, et d’identifier les facteurs qui les structurent. Nous avons analysé 1200 communautés de plancton de surface, issues de quatre fraction de taille (0,2-3 µm, 3-20 µm, 20-2000 µm, >300 µm), échantillonnées sur 32 îles et 249 stations océaniques lors de l’expédition Tara Pacific (2016-2018). En utilisant l’ARNr 16S (procaryotes) et l’ARNr 18S (eucaryotes), nous avons étudié les facteurs expliquant la biogéographie des communautés microbiennes dans les différentes fractions de taille, en particulier l’effet des îles et les changements associés des paramètres environnementaux. Nous avons identifié des différences de communautés entre les fractions de taille et également entre les différents types d’eau (lagun, océan ouvert et influencée par les îles). La variabilité de la composition de la communauté augmentait avec la taille de la fraction de taille. En outre, les différences de composition des communautés entre les environnements récifaux autour des îles et les environnements oligotrophes étaient plus importantes pour les plus grandes fractions de taille. Ces motifs semblaient être largement déterminés par la composante bactérienne des communautés, qui est la plus abondante. En identifiant des motifs d’interactions planctoniques à grande échelle, nous visons à proposer de nouvelles hypothèses sur les facteurs structurant le plancton à l’échelle globale.

La plastisphère des grands fonds à 750 et 1750 mètres de profondeur dans l'océan Atlantique

Pauline VANNIER⁽¹⁾, Emma PREVOST⁽¹⁾, Alexandre CHAMLEY^(2,3), Jean-François BRIAND⁽¹⁾, Raphaëlle BARRY-MARTINET⁽¹⁾, Floriane FREYERMOUTH⁽²⁾, Peter DAVIES⁽⁴⁾ et Christophe BALEY⁽³⁾.

pauline.vannier@univ-tln.fr

¹ Matériaux Polymères Interfaces Environnement Marin (MAPIEM - UR4323), Toulon, France; ² Thales – Brest, France; ³ Institut de Recherche Dupuy de Lôme, Université Bretagne Sud – Lorient, France ; ⁴ IFREMER – Brest, France

Mots-clés : plastisphère, océan profond, communautés microbiennes, métabarcoding

Résumé :

A l'échelle mondiale, la quantité de plastique dans les océans est estimée entre 75 et 199 millions de tonnes, soit 85% des déchets marins. Le plastique dans les océans a un impact néfaste sur la biodiversité marine après ingestion ou entravant la faune et la flore marine (noyade, étranglement, arrachage). Les déchets plastiques constituent aussi des supports pour la colonisation de micro-organismes. La plastisphère est ainsi définie comme l'ensemble des communautés microbiennes colonisant les surfaces polymériques. La structure et la composition de ces communautés microbiennes sont dorénavant bien étudiées en surface, or très peu d'études se sont penchées sur la colonisation des plastiques dans l'océan profond. Quelles sont les communautés microbiennes qui composent la plastisphère des grands fonds marins ? Quelles sont leurs interactions avec les différents types de polymères à de telles profondeurs ? L'étude de la plastisphère des milieux profonds permettrait de comprendre si certaines communautés microbiennes sont capables de dégrader les déchets plastiques qui s'accumulent au fond de nos océans.

Différents polymères, dont le poly(acide 3-hydroxybutyrique-acide co-3-hydroxyvalérique) (PHBV), le polybutylène succinate (PBS), les composites à base de fibres de lin, le Makroblend®, le nylon et la rayonne, ont été immergés en 2022 sur deux sites: l'un à 780 m de profondeur (EMSO-Molène) et l'autre à 1 750 m de profondeur (EMSO-Azores) dans l'océan Atlantique. Après un an d'immersion, la structure et les communautés microbiennes ont été analysées par le séquençage des gènes codant pour l'ARNr16S et 18S. Une analyse préliminaire des résultats a montré une différence significative des communautés microbiennes entre les sites avec une diversité des communautés plus hétérogène au niveau du site le plus profond. Une richesse spécifique des communautés a été observée pour certains matériaux biodégradables (PBS/lin, rayonne). Les communautés microbiennes de la plastisphère semblent donc se spécifier en fonction de la biodégradabilité potentielle des matériaux et de la pression hydrostatique. L'étude de la composition des communautés microbiennes est en cours et montre une majorité de taxons affiliés aux *Proteobacteria* et *Bacteroidota* quelque soit le site tandis que le site EMSO-Molène est enrichi en *Actinobacteria* et le site EMSO-Azores en *Chloroflexi*.

Uncovering leaf and root microbiomes of mangrove trees in french guiana

Mathilde VIGNERON⁽¹⁾, Sébastien HALARY⁽²⁾, Sandrine CROCHEMEORE⁽¹⁾,
Laetitia PLAISANCE⁽³⁾, Nathalie PARTHUISOT⁽⁴⁾, Yvan BETTAREL⁽¹⁾.

⁽¹⁾ MARBEC, Université de Montpellier, CNRS, Ifremer, IRD, Place Eugène Bataillon – Bat 24, 34095 Montpellier, France ; mathilde.vigneron@ird.fr

⁽²⁾ Molécules de Communication et Adaptation des Microorganismes, UMR 7245 CNRS, Muséum National d'Histoire Naturelle, 75005 Paris, France

⁽³⁾ Laboratoire Evolution et Diversité Biologique, CNRS/UPS, Toulouse, France

⁽⁴⁾ Centre de Recherche sur la Biodiversité et l'Environnement (CRBE), Université de Toulouse, CNRS, IRD, Toulouse INP, Université Toulouse 3–Paul Sabatier (UT3), UMR 5300, Toulouse, France

Mots-clés :

microbiome ; mangrove ecosystem ; French Guiana ; bacteria ; metabarcoding.

Résumé :

Microorganisms are now widely recognized for their role in the health and resilience of coastal ecosystems. Among these, mangroves remain relatively understudied from a microbiological perspective, despite the numerous ecological and economical services they provide. Only a few studies have focused on microbial communities present in mangrove soils and waters, and even less is known about microbial assemblages associated with mangrove trees themselves. In this study, we examined the bacteriome of the rhizosphere and the phyllosphere of two mangrove tree species: *Avicennia germinans* and *Rhizophora mangle*, both sampled along the banks of the Sinnamary estuary, French Guiana. Interestingly, the microbiomes varied notably between the two compartments and between tree species. On average, 99.7% of ASVs differed between leaves and roots, and 97.8% between *A. germinans* and *R. mangle*. Taxonomic differences were mainly characterized by a significant presence of Rhodothermia and Bacteroidia in the leaf microbiome and Cyanobacteria and Planctomycetia in the root microbiome. Furthermore, our results showed that the root microbiome was only weakly influenced by the surrounding water and sediment, sharing on average less than 0.7% of ASVs. Despite their high abundance in water and sediment, Gammaproteobacteria were observed at very low levels (<3%) in both leaves and roots. Our study thus revealed a strong specificity in the bacterial communities of both the phyllosphere and rhizosphere of mangrove trees, with distinct patterns also observed between the two species. It also raises questions regarding the near absence of Gammaproteobacteria, which remains to be elucidated. By highlighting the specific bacterial communities hosted by mangrove trees, this study enhances our understanding of the microbial diversity associated with mangroves.

Mise en place de procédés de phytoremédiation assistée par les microbiomes pour gérer la contamination en hydrocarbures, PCB et métaux des sols d'un atoll de Polynésie française

Mathilde VINCENT⁽¹⁾, Damien BLAUDEZ⁽¹⁾, Thierry BEGUIRISTAIN⁽¹⁾, Marie LE JEAN⁽²⁾, Jean-Yves MEYER⁽³⁾ et Aurélie CEBRON⁽¹⁾

⁽¹⁾ Université de Lorraine, CNRS, LIEC, 54000 Nancy, France

⁽²⁾ Université de Lorraine, CNRS, LIEC, 57000 Metz, France

⁽³⁾ Délégation à la Recherche de la Polynésie française & UMR SECOPOL, Tahiti, Polynésie française.

Mathilde.vincent@univ-lorraine.fr

Mots-clés :

Phytoremédiation, Contaminants, Plantes, Microorganismes, Île du Pacifique

Résumé :

L'occupation de sites par des activités militaires engendre une dégradation des milieux environnants. Ainsi, la présence militaire en Polynésie française pendant une quarantaine d'années a laissé des zones durablement perturbées. En effet, une contamination des sols par des métaux lourds, hydrocarbures et polychlorobiphényles (PCB) a été mise en évidence sur un atoll de Polynésie française.

Notre projet, financé par le Ministère des Armées, a pour objectif de trouver des solutions de remédiation afin de réhabiliter les zones polluées. La phytoremédiation repose sur l'action des plantes et de leur microbiome associé pour stabiliser, extraire ou biodégrader les contaminants. La phytoremédiation peut être optimisée par l'inoculation de microorganismes aux plantes ou sols, favorisant la croissance végétale (effet « Plant-Growth Promoting » - PGP), la tolérance aux contaminants ou leur biodégradation. Pour sélectionner les microorganismes d'intérêt, des enrichissements microbiens vont être réalisés en utilisant des milieux de culture contaminés, permettant de sélectionner des microorganismes tolérants et potentiellement dégradants les contaminants organiques. Des microorganismes endophytes seront également isolés à partir de racines de plantes récoltées sur l'atoll et leur tolérance aux polluants sera testée en laboratoire. Six espèces végétales indigènes communes, observées sur les sites pollués, ont été sélectionnées et leur tolérance aux contaminants sera testée pour choisir les meilleures candidates à la phytoremédiation.

Une première mission de caractérisation des sites d'étude a été réalisée en 2025 et a permis l'échantillonnage de sols sur trois zones, révélant des contaminations organiques (alcanes, hydrocarbures aromatiques polycycliques (HAP), et PCB) et métalliques (zinc, cadmium, plomb, cuivre). En parallèle, des échantillons de sols nus et rhizosphériques ont été collectés sur ces

zones. L'abondance et la diversité des microorganismes ont été estimées par qPCR et séquençage Illumina des ADNr 16S bactériens et des ITS fongiques.

Cultivable microbial diversity in the Atlantis massif subseafloor (IODP 399 expedition)

Axel Zarzuelo¹, Marc Garel¹, Florian Haitz¹, Christian Tamburini¹, Gaël Erauso¹, Anne Postec¹,
Marianne Quéméneur¹

(1) Aix-Marseille Univ, Univ Toulon, CNRS, IRD, MIO UM 110, Marseille, France

axel.zarzuelo@mio.osupytheas.fr

Mots-clés : serpentinization, subsurface, piezophile, anaerobic, deep biosphere.

Résumé :

The Atlantis Massif (30°N, Mid-Atlantic Ridge) hosts the Lost City Hydrothermal Field (LCHF), discovered in 2001 at 750 m depth near the summit. This hydrothermal system is driven by serpentinization, a geochemical process that generates hyperalkaline fluids enriched in H₂, CH₄, and small organic compounds, sustaining a unique community of chemolithotrophic microorganisms [1]. The IODP Expedition 399 “Building Blocks of Life, Atlantis Massif” (12 April-12 June 2023) aimed to recover fluids and rocks from the subseafloor. Fluids were sampled from the existing Hole U1309D using temperature-sensitive tools [2], prior to deepening the hole. A second borehole (U1601C), drilled near LCHF, reached a depth of 1268 m, recovering serpentinized peridotites interbedded with gabbros, the deepest section ever drilled in mantle rocks [3].

This study aimed to cultivate indigenous anaerobic microorganisms (fermenters, autotrophic and heterotrophic sulfate-reducers) from 96°C hydrothermal fluids sampled at 2600 m depth (1500 mbsl + 1100 mbfs) using a hyperbaric culture system. Microbial diversity and activity were assessed via 16S rRNA gene and cDNA (16S rcDNA) analyses. On board the R/V JOIDES Resolution, a hyperbaric conditioning system was used to store samples of fluids and rocks under high hydrostatic pressure (up to 30 MPa), as previously carried out during the previous IODP 357 expedition [4].

Enrichment cultures were performed at 30, 60, 90, and 120°C, under 0.1 and 30 MPa, using three media targeting fermenters, heterotrophic, and autotrophic sulfate-reducers. Growth and H₂S production were observed at 60°C and 0.1 MPa, with active Desulfobacterota (8%). Arcobacteraceae (50%) and Sulfurimonadaceae (12%) dominated cultures at both pressures, reflecting adaptation to environmental shifts. Geopsychrobacteraceae (7%) and Terasakiellaceae (10%) were exclusive to 0.1 MPa, while Magnetospiraceae (4%) and Mariprofundaceae (4%) were specific to 30 MPa, suggesting piezophilic traits. These enrichments point to thermo- and piezo-tolerant microbial activity in subsurface hydrothermal environments.

Future work will focus on U1601C samples under hyperalkaline conditions to further explore serpentinization-hosted communities

Remerciements

This research used samples and data provided by the International Ocean Discovery Program (IODP). We thank the co-chief scientists Susan Lang and Andrew Mc Caig of IODP 399 expedition, Peter Blum, and the captain and crew of the JOIDES Resolution. We also thank the other members of the shipboard scientific team (especially W. Brazelton, J. Robare, and F. Wang) who enabled the collection of the samples used in

this study. We would like to thank the ORIGINS Institute, for funding the internship of A. Zarzuelo, and the ANR HOT DOG.

Références

- [1] *DS. Kelley, JA. Karson, DK. Blackman, GL. Früh-Green, DA. Butterfield, MD. Lilley, EJ. Olson, MO. Schrenk, KK. Roe, GT. Lebon, P. Rivizzigno, AT3-60 Shipboard Party, An off-axis hydrothermal vent field near the MidAtlantic Ridge at 30 degrees N, Nature 412:145-149, (2001)*
- [2] *C. Wheat, G. Kitts, C. Webb, R. Stolzman, A. McGuire, T. Fournier, T. Pettigrew and H. Jannasch, A new high-temperature borehole fluid sampler: the Multi-Temperature Fluid Sampler. Sci. Drill., 28, 43-48, (2020)*
- [3] *C.J. Lissenberg, A.M. McCaig, S.Q. Lang, P. Blum, N. Abe, W.J. Brazelton, R. Coltart, J.R. Deans, K.L. Dickerson, M. Godard, B.E. John, F. Klein, R. Kuehn, K.Y. Lin, H. Liu, E.L. Lopes, T. Nozaka, A.J. Parsons, V. Pathak, M.K. Reagan, J.A. Robare, I.P. Savov, E.M. Schwarzenbach, O.J. Sissmann, G. Southam, F. Wang, C.G. Wheat, L. Anderson & S. Treadwell. A long section of serpentinized depleted mantle peridotite. Science, 385(6709), 623-629 (2024).*
- [4] *M. Quéméneur, G. Erauso, E. Frouin, E. Zeghal, C. Vandecasteele, B. Ollivier, C. Tamburini, M. Garel, B. Ménez, A. Postec, Hydrostatic Pressure Helps to Cultivate an Original Anaerobic Bacterium From the Atlantis Massif Subseafloor (IODP Expedition 357): Petrocella atlantisensis gen. nov. sp. nov., Frontiers in Microbiology 10, (2019).*

Session 2 : Biotechnologies microbiennes pour la durabilité

Etude des mécanismes de régulation croisée contrôlant la dégradation de la biomasse algale chez une flavobactérie marine.

Co-auteurs: Meryem BELFQUIH (1), Maéva BRUNET (1), Diane JOUANNEAU (1), Tatiana ROCHAT (2), François THOMAS (1).

Adresse e-mail : mbelfquih@sb-roscff.fr

(Co) auteur(s) : ⁽¹⁾ Sorbonne University, Group Bacterial Bioconversion of Macroalgae, CNRS, UMR 8227, SBR, CS 90074 Roscoff, Bretagne, France; ⁽²⁾ Paris-Saclay University, Group Fish Infection and Immunity, INRAE, UVSQ, VIM, 78350 Jouy-en-Josas, France.

Mots-clés : *Zobellia galactanivorans* *DsijT* : Utilisation d'Alginat : Régulation : Métabolismes : Gé-nomique fonctionnelle.

Résumé :

Les **macroalgues** sont des producteurs primaires majeurs dans les environnements côtiers, fixant une grande quantité de carbone sous forme de polysaccharides. Pour être ré-injectée dans les réseaux trophiques, une part importante de cette ressource doit préalablement être **transformée par des bactéries marines hétérotrophes**, qui la rendent accessible aux organismes consommateurs du milieu. Ces bactéries jouent donc un rôle crucial pour l'écosystème, en contrôlant une partie des flux de matière.

La flavobactérie marine *Zobellia galactanivorans* *DsijT* constitue un modèle intéressant pour étudier les mécanismes et les fonctions liés à la dégradation des polysaccharides d'algues. Cette souche bactérienne possède de nombreux gènes dédiés à l'utilisation de l'alginate, un polysaccharide issu des algues brunes, dont la majorité est regroupée au sein d'un unique locus appelé **Alginat Utilization Locus (AUL)**. Cependant, certaines fonctions impliquées dans l'utilisation de ce substrat sont codées en dehors de ce locus, ce qui suggère l'existence de mécanismes de régulation croisée permettant à un substrat de moduler l'expression de voies métaboliques qui ne lui sont pas directement liées. Afin de mieux comprendre ces mécanismes de régulation complexes et les fonctions associées à l'utilisation de l'alginate, nous avons tout d'abord réalisé une analyse transcriptomique (RNAseq) de cellules cultivées en milieu minimum supplémenté en Alginat, comparée au transcriptome de bactéries cultivées avec du Maltose. Une approche de caractérisation physiologique a ensuite été mise en place afin d'étudier la dynamique d'utilisation de l'alginate et de la laminarine, un polysaccharide de réserve également présent dans les tissus d'algues brunes. Une étude de génomique fonctionnelle a été initiée pour cartographier les voies de régulation de l'AUL et identifier les gènes co-régulés localisés en dehors du locus. Ces avancées dans la compréhension des systèmes cataboliques bactériens marins de l'alginate mettent en lumière l'interdépendance entre la régulation de plusieurs métabolismes et de gènes impliqués dans différentes voies associées à la consommation de ce substrat au cours de la croissance bactérienne.

Dynamiques hôte-virus dans les digesteurs anaérobies confrontés à une inhibition abiotique

Marion COVES ⁽¹⁾, Cédric MIDOUX ^(1, 2, 3), Julien LOSSOUARN ⁽⁴⁾, Mahendra MARIADASSOU ^(2, 3), Ludwig JARDILLIER ⁽⁵⁾, Mart KRUPOVIC ⁽⁶⁾, Olivier CHAPLEUR ⁽¹⁾, Laurent MAZEAS ⁽¹⁾, Ariane BIZE ⁽¹⁾
ariane.bize@inrae.fr

⁽¹⁾ Université Paris-Saclay, INRAE, PROSE, 92761, Antony, France ; ⁽²⁾ Université Paris-Saclay, INRAE, BioinfOmics, MIGALE Bioinformatics Facility, 78350, Jouy-en-Josas, France ; ⁽³⁾ Université Paris-Saclay, INRAE, MalAGE, 78350, Jouy-en-Josas, France ; ⁽⁴⁾ Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, Micalis Institute, 78350, Jouy-en-Josas, France ; ⁽⁵⁾ Ecologie Systématique Evolution, CNRS, Université Paris-Saclay, AgroParisTech, 91190, Gif-sur-Yvette, France ; ⁽⁶⁾ Institut Pasteur, Université de Paris, CNRS UMR6047, Cell Biology and Virology of Archaeal Virology Unit, 75015, Paris, France

Mots-clés : méthanisation, écologie virale, archées méthanogènes, métagénomique, biotechnologies environnementales

Résumé : La méthanisation est un procédé d'une grande importance économique, mais il est très sensible aux perturbations. Celles-ci peuvent inhiber le processus et entraîner une perte de production de méthane. Les virus sont abondants et diversifiés au sein des méthaniseurs et jouent certainement un rôle majeur dans le contrôle de la structure, de la dynamique et des fonctions des communautés microbiennes de la DA. Une meilleure compréhension de ces interactions, en lien avec les conditions opératoires, est nécessaire afin de pouvoir optimiser finement le procédé.

Nous avons étudié les effets de diverses perturbations abiotiques sur la composition des microbiomes et des viromes, ainsi que sur les performances du processus, au sein de microcosmes de méthanisation. La diversité des procaryotes et des virus était élevée, Clostridiales dominant la communauté procaryote et *Caudoviricetes* dominant les viromes. Nous avons identifié 132 contigs viraux et 19 genres prokaryotes qui étaient différemment abondants lors des perturbations. Des observations en microscope électronique ont révélé la présence de divers virions, notamment des particules tête-queue typiques de *Caudoviricetes*, mais aussi des particules sphériques, en forme de bâtonnets et en forme de fuseaux typiques des virus archéens. Nous présentons notamment une nouvelle famille de virus, *Eurekaviridae*, comportant des virus fusiformes associés aux archées méthanogènes.

Aucun impact significatif des stress abiotiques testés n'a été observé sur l'induction de provirus, ce qui suggère que les virus ont eu des effets modérés et continus sur la dynamique des populations hôtes, plutôt qu'un effet brutal dû à une induction massive des provirus. De nombreux gènes métaboliques auxiliaires ont été détectés dans les contigs viraux, suggérant que les virus pourraient affecter les flux métaboliques au cours du processus par divers mécanismes.

Notre étude élargit les connaissances sur la diversité et la dynamique du microbiome et du virome lors de la méthanisation.

Évolution des communautés microbiennes et des fonctionnalités PGP (Plant Growth Promoting) au sein de lignes de lombricompostage à flux continu

Amandine CHEVALIER (1,2), amandine.chevalier@veragrow.fr, Mélanie BRESSAN (1), Maxime GOTTE (2), Isabelle TRINSOUTROT-GATTIN (1)

(4) Institut Polytechnique UniLaSalle, SFR NORVEGE FED 4277, AGHYLE UP 2018.C101, 76130 Mont Saint Aignan, France

(5) Société Veragrow, Parc d'activités du Vauvray, 1 voie des Vendaises, 27100 Val-de-Reuil

Mots clés : Lombricompost, biostimulation, Plant Growth Promoting Microorganisms, agroécologie

Abstract :

Le lombricompost, issu de la dégradation de la matière organique par l'action conjointe des vers de terre et de leur microbiote intestinal, constitue un amendement organique complexe, reconnu pour sa richesse en micro-organismes *Plant Growth Promoting (PGP)*. Dans un contexte de transition agroécologique, la valorisation du potentiel microbiologique du lombricompost pour la production de biostimulants efficaces apparaît comme une alternative prometteuse dans le but d'améliorer la santé des plantes et des sols, tout en contribuant à la réduction de l'usage des intrants chimiques.

Ces travaux, menés dans le cadre d'un procédé industriel de lombricompostage en flux continu, visent à caractériser l'organisation bio-physico-chimique du lombricompost produit, afin de comprendre les processus responsables des dynamiques de transformation de la matière, et de l'évolution des communautés microbiennes associées.

Afin d'explorer cette dynamique microbienne, une approche stratigraphique par carottage a été mise en œuvre au sein de la ligne de production de la société Veragrow. Les propriétés de quatre strates distinctes ont été étudiées selon des indicateurs physicochimiques et microbiologiques, combinant des approches de culturomique et de biologie moléculaire. La diversité fonctionnelle potentielle de la communauté bactérienne a également été explorée par comparaison des profils métaboliques obtenus selon l'approche Biolog®. En parallèle, un focus a été porté sur l'évaluation des fonctionnalités *PGP* potentielles - telles que la solubilisation du phosphore, la production de sidérophores et d'auxine, ou encore la fixation de l'azote - à travers des approches qualitatives et quantitatives.

Cette approche a permis de documenter la dynamique microbienne et fonctionnelle au cours du processus de formation et de maturation du lombricompost. L'accent mis sur l'évaluation de la dynamique du potentiel microbiologique vis-à-vis de la promotion de la croissance des plantes contribuera à une meilleure compréhension et maîtrise des processus de lombricompostage, en vue d'optimiser la durabilité et l'efficacité des biosolutions appliquées à la santé des sols.

Stratégie d'isolation de consortiums bactériens-fongiques pour le biocontrôle des pathogènes fongiques du sol

Mots-clés : Consortium, Autoroute fongique, Biocontrôle, Phytopathogène fongique

Résumé :

Lisa Cresp(1), Giulia Capella(2), Alexandra Kämpfer-Homsy(3), Edith Laux(3), Laure Jeandupeux(3), Jérémie Forney(4), Vincent Doimo(5), Victor Egger(6), Thomas Junier(1),⁷ Ilona Palmieri(1), Empar Meyer(1), Melissa Cravero(1), Natacha Bodenhausen(2), Saskia Bindschedler(1)

(6) : Laboratory of Microbiology, University of Neuchâtel (LAMUN), Neuchâtel

(7) : Department of Soil Sciences, Research Institute of Organic Agriculture (FIBL), Frick

(8) : Haute Ecole Arc (HE-Arc), University of Applied Sciences Western Switzerland, Neuchâtel

(9) : Institute of Ethnology / Centre d'excellence et de compétence pour le développement de systèmes agroécologiques durables dans l'Arc jurassien dans un contexte de changement climatique (CEDD-Agro-Eco-Clim), University of Neuchâtel

5 : Office technique Maraîcher (OTM), Morges

6 : Fédération Rurale Interjurassienne (FRI), Courtemelon

Chaque année, les pathogènes fongiques causent 10 à 23% de pertes agricoles. Ceux transmis par le sol sont difficiles à contrôler car ils peuvent infecter plusieurs espèces de plantes. Certains peuvent également former des structures de résistance tels que les scléroties, leur permettant de persister parfois plus de 10 ans sans hôte. Les fongicides de synthèse demeurent les moyens de lutte les plus efficaces, mais leur utilisation entraîne le développement de résistances et des effets néfastes sur l'environnement et la santé humaine. Ainsi, développer des moyens de lutte alternatifs est urgent.

Des solutions de biocontrôle à base de microorganismes existent déjà, mais leur efficacité reste inférieure à celle des fongicides classiques. Dans le sol, ces agents de biocontrôle entrent en concurrence avec les autres microbes, limitant leur croissance, leur dispersion et finalement leur action de biocontrôle. Une approche prometteuse consiste à utiliser un consortium de microorganismes plutôt qu'un seul. Cette stratégie permet de cumuler différents modes d'action, engendrer des synergies entre souches microbiennes et améliorer leurs persistances en champs. Dans ce projet, nous associons bactérie et champignon afin d'exploiter le mécanisme des autoroutes fongiques, où le champignon sert de vecteur pour transporter et délivrer les bactéries au sein du sol et vers les racines de la plante à protéger.

La sélection de tels consortia nécessite des méthodes fiables d'isolation et de validation. Nous utilisons pour cela des colonnes à autoroutes fongiques, qui permettent un criblage ciblé d'associations bactérie-champignon. Toutefois, plusieurs défis persistent : maintenir des souches stables sans perte de leur potentiel de biocontrôle, et réduire le coût en temps et en ressources de ces procédures. Ainsi, ma recherche s'appuie sur le développement de systèmes expérimentaux miniaturisés, basés sur l'impression 3D et la microfluidique, capables de reproduire certaines propriétés des environnements naturels et d'accélérer l'identification de consortia microbiens efficaces.

Isolement et caractérisation de trois souches de *rhodococcus* spp. capables de dégrader l'herbicide métamitron

Marion Devers-Lamrani ⁽¹⁾, Delphine Ravaglione ^(2,3), Fabrice Martin-Laurent ⁽¹⁾, Sana Romdhane ⁽¹⁾, Nadine Rouard ⁽¹⁾, Marie-Virginie Salvia ⁽³⁾, Aymé Spor ⁽¹⁾

⁽¹⁾ Université Bourgogne Europe, Institut Agro, INRAE, UMR Agroécologie, Dijon, France.

⁽²⁾ Plateau technique MSXM, Plateforme Bio2Mar, Université de Perpignan, 52 Avenue Paul Alduy, 66860 Perpignan Cedex, France.

⁽³⁾ PSL Université Paris: EPHE-UPVD-CNRS, UAR3278 CRIODE, Université de Perpignan, 52 Avenue Paul Alduy, 66860 Perpignan Cedex, France.

Auteure principale : marion.devers@inrae.fr

Mots-clés : Herbicide, Métamitron, Biodégradation

Résumé :

Le métamitron est un herbicide systémique appartenant à la famille des triazinones, utilisé en pré- et/ou post-émergence, notamment dans le désherbage des cultures de betteraves et d'épinards. En raison de sa stabilité chimique et de sa forte mobilité, il est fréquemment retrouvé dans les sols et les eaux, qu'il contribue à contaminer. La bioaugmentation à l'aide de bactéries dégradant cet herbicide pourrait constituer une stratégie efficace pour remédier à ces environnements pollués. Dans ce contexte, l'objectif de ce travail est d'isoler des souches bactériennes capables de dégrader le métamitron et de les caractériser.

Tout d'abord, à l'aide d'une technique de radiorespirométrie basée sur la mesure de la minéralisation du ¹⁴C-phényl-métamitron en ¹⁴CO₂, trois sols maraîchers italiens contenant des communautés microbiennes capables de dégrader cet herbicide ont été identifiés. Des cultures d'enrichissement et des repiquages successifs ont ensuite permis d'isoler, à partir de chacun de ces sols, une souche bactérienne capable de le dégrader. Ces trois souches ont toutes démontré une aptitude à dégrader jusqu'à 100 mg/L de métamitron en moins de cinq jours, et à l'utiliser comme source de carbone et d'azote pour leur croissance. L'analyse cinétique des surnageants de culture par UHPLC-HRMS indique une accumulation seulement transitoire de deux produits de transformation du métamitron. L'ensemble de ces données permet de proposer une voie métabolique plausible pour la dégradation du métamitron et suggère que ces souches sont capables de le dégrader complètement sans accumulation de produits de transformation. Enfin, le séquençage du génome complet de ces souches révèle qu'elles appartiennent toutes au genre *Rhodococcus* spp., mais qu'elles sont génétiquement distinctes. La comparaison de leurs génomes avec ceux d'autres *Rhodococcus* disponibles dans les banques de données a permis d'identifier une séquence conservée de 35 kbp qui coderait les enzymes responsables de la dégradation de cet herbicide.

Targeted Enrichment of Methanogenic Archaea from Lake Pavin for the Development of Stable Biomethane-Producing Consortia

Auteurs: Karima FIGUIGUI¹, Ophélie URIOT², Sylvain DENIS², Mailysia SCHEEPERS¹, Eva PONNELLE-DANJEAN¹, Viviane RAVET¹, Khaled FADHLAOUI^{1,2}

¹Université Clermont Auvergne, CNRS, LMGE, F-63000 Clermont-Ferrand, France

²UMR 454-MEDIS- UCA/INRAE, F-63001 Clermont-Ferrand, France

Email: karima.figuigui@uca.fr

Mots-clés: *Biomethanation, methanogenic Archaea, Lake Pavin, mesophilic conditions, synthetic consortium*

Résumé: The persistent increase in global energy needs, coupled with the finite nature of fossil fuel reserves, is driving a fundamental transformation in how energy is produced worldwide. This shift has made it increasingly clear that prioritizing investment in renewable energy production is essential. Among the most promising approaches, methanation has gained significant importance in recent years. This process enables the direct production of methane (CH_4) from its precursors, hydrogen and carbon dioxide, using either chemical catalysts or methanogenic archaea (MA). However, the highest bio- CH_4 production rates are typically obtained under extreme conditions by (hyper)thermophilic MA, highlighting the need for alternative strategies adapted to lower temperatures. To address this challenge, we hypothesize that mesophilic environments with naturally high methane production can provide microbial consortia capable of initiating biomethanation. In this context, we focus on Lake Pavin, a mesophilic, meromictic freshwater lake located in a well-preserved volcanic crater in France known for its substantial in situ CH_4 generation under low-temperature conditions. To investigate its biomethanation potential, enrichment strategies were designed to replicate the lake's methane production ex-situ under controlled laboratory conditions. The goal was to assess methanogen cultivability while maintaining methane production capacity. Two enrichment types were performed: (i) direct methanation precursors (H_2/CO_2 , acetate, methylated compounds) in batch cultures, and (ii) simple or complex sugars to simulate organic matter degradation, using batch and continuous stirred-tank reactors (CSTR). Preliminary results show that establishing a methanation process directly in CSTR from lake samples is challenging, as no significant methane was produced after one month. However, batch enrichments yielded detectable methane, ranging from 5% to 30% in the gas. These findings highlight the potential of batch enrichment strategies as an effective first step toward cultivating methanogens, enabling the development of a strategy to design a well-adapted or synthetic consortium ensuring substantial and stable biomethane production.

Efficacité de la biolixiviation de déchets miniers sulfurés à faible pH avec un consortium microbien modéré thermophile

Catherine JOULIAN, Douglas PINO-HERRERA, Jérémie ENGEVIN, Françoise BODENAN, Anne-Gwénaëlle GUEZENNEC

BRGM, Geomicrobiology and environmental monitoring unit, Orléans, F-45060, France

* c.joulian@brgm.fr

Mots-clés :

Biolixiviation, déchets minier, bactéries acidophiles, pH acide, oxydation, métaux, procédé

Résumé :

L'Union Européenne est confrontée à une demande croissante de matières premières critiques pour une transition énergétique durable, et les déchets issus de l'exploitation minière constituent aujourd'hui une ressource pour leur approvisionnement. Dans le cas du retraitement de résidus pyritiques sulfurés, la biolixiviation apparaît comme une technologie alternative plus économique et écologique que d'autres techniques d'exploitation conventionnelles, notamment du fait des faibles teneurs en métaux d'intérêt de ces déchets. Elle implique des procaryotes acidophiles extrêmes, autotrophes et mixotrophes, qui oxydent le fer ferreux et le soufre conduisant à la dissolution des phases minérales porteuses et à la solubilisation des métaux.

La biolixiviation des déchets miniers sulfurés provenant de la ceinture pyritique ibérique a été étudiée dans le cadre du projet H2020 RAWMINA. Le pH est un paramètre clé pour l'efficacité du procédé. Il doit être contrôlé dans une plage compatible d'une part avec la solubilisation des métaux et, d'autre part, avec le maintien de l'activité et la croissance des bactéries. Ceci requiert généralement l'ajout de réactifs alcalins pour compenser la baisse de pH induite par la production d'acide sulfurique résultant de la biooxydation des sulfures. L'utilisation de ces réactifs peut représenter un coût opérationnel non négligeable. Le principal réactif est la calcite qui libère des quantités importantes de CO₂ dans l'atmosphère ce qui contribue au changement climatique. Dans ce contexte, l'objectif de cette étude a été de déterminer le pH minimal permettant de maintenir les performances du procédé, tout en limitant les coûts économiques et environnementaux liés à la régulation du pH.

L'étude a été conduite à 42°C avec le consortium biolixivant BRGM-KCC composé des bactéries Fell- et/ou S-oxydantes *Leptospirillum ferriphilum*, *Acidithiobacillus caldus* et *Sulfobacillus* spp. La première étape a consisté à adapter le consortium au nouveau substrat, le déchet minier sulfuré riche en pyrite, dans un milieu de base (0Km, pH 1,2). Cette adaptation a été faite en flacons agités avec 3% de solide, puis avec 5% de solide dans un réacteur batch de 2 L, aéré (air + 1% CO₂ comme seule source de carbone) et agité (STR). A partir de R1, deux réacteurs ont été inoculés : R2A sans régulation de pH, et R2B avec une régulation de pH à 1,2 assurée par l'ajout de calcite. Ces deux réacteurs ont ensuite permis d'inoculer deux nouveaux réacteurs dans les mêmes conditions respectives : R3A, sans régulation de pH, et R3B, avec régulation de pH à 1,2. Le pH, le potentiel oxydoréduction (Eh, utilisé comme proxy de l'oxydation du fer), la biomasse et la dissolution des métaux ont été suivis quotidiennement. La diversité de la

communauté microbienne a été déterminée à la fin de chaque expérience. Les résultats montrent que, malgré une activité d'oxydation du fer partiellement inhibée et une croissance microbienne réduite, une solubilisation significative des métaux est encore possible dans des conditions fortement acides ($\text{pH} < 1$).

Dans le réacteur R3A, une dissolution de 88 % du Co et de 82 % des sulfures a été observée, avec un pH atteignant des valeurs aussi basses que 0,6. Cela suggère que des consortia microbiens enrichis en espèces tolérantes à une acidité extrême comme *At. caldus* et *L. ferriphilum*, peuvent maintenir leur activité dans des conditions acides plus extrêmes après acclimatation.

Optimisation de l'étape d'oxydation du fer à pH acide d'un procédé de biolixiviation *in situ*

Catherine JOULIAN, Benjamin MONNERON-ENAUD, Douglas PINO-HERRERA, Anne-Gwénaëlle GUEZENNEC

BRGM, Orléans, F-45060, France

* c.joulian@brgm.fr

Mots-clés :

Bioprocédé ; Oxydation du fer ; *Leptospirillum ferriphilum* ; Acidophile ; Biolixiviation *in situ*

Résumé :

La biolixiviation est une technologie plus économique et écologique que les technologies pyrométallurgiques et hydrométallurgiques conventionnelles pour l'exploitation des minéraux à faible teneur en métaux. Elle repose sur des processus biologiques naturels impliquant des bactéries acidophiles extrêmes ($\text{pH} < 3$) qui oxydent le fer ferreux et le soufre conduisant à la dissolution des minéraux sulfurés et la solubilisation des métaux critiques et stratégiques qu'ils contiennent. Dans le cadre du projet Horizon Europe XTRACT, il s'agit de l'implémenter *in situ* dans un gisement polymétallique (principalement Zn, Sn, Cu, In) souterrain. Dans ce cas, un lixiviant acide riche en Fell est produit en bioréacteur par des bactéries acidophiles Fell-oxydantes, puis percolé à travers la roche forée pour lixivier les métaux.

L'objectif a été d'optimiser l'étape d'oxydation du Fell. Une colonne (400 mL) a été opérée en continu après une phase en batch de colonisation du support (coupons de nylon) par *Leptospirillum ferriphilum*, autotrophe Fell oxydant obligatoire issu du consortium biolixiviant BRGM-KCC. La colonne a été alimentée par le bas avec un milieu de base à pH 1,2 contenant 9 g/L de Fell et de l'air enrichi en CO_2 (1% v/v, source de carbone pour *L. ferriphilum*). Les paramètres suivants ont été testés pour mesurer leur impact sur le maintien d'une biomasse active, la consommation d'oxygène et de CO_2 , la vitesse d'oxydation du fer : diminution progressive du temps de séjour de 2,5 jours à 12h, retrait de coupons pour obtenir un régime hydrodynamique de type « airlift », transfert de gaz et % de CO_2 injecté. Le but est d'identifier les paramètres limitants et d'optimiser la cinétique du procédé, prérequis nécessaire pour l'optimisation du procédé et son dimensionnement pour une implémentation sur site.

Les paramètres testés ont permis d'oxyder 100% du Fell et d'atteindre un Eh très élevé, supérieur à 900 mV SHE, ce qui représente des conditions idéales pour l'étape suivante d'oxydation des minéraux sulfurés. Aucun lessivage de la biomasse n'a été observé malgré le temps de séjour très inférieur au temps de génération de *L. ferriphilum* ($\sim 24\text{h}$).

Stratégies multiéchelles de recyclage de déchets miniers riche en tungstène : du réacteur de laboratoire au pilote de terrain.

Elia LAROCHE^{1*}, Lorenzo SPADINI¹, Laurent OXARANGO¹, Armelle CROUZET¹, et Jean M.F. MARTINS¹

¹ Univ. Grenoble Alpes, CNRS, G-INP, IRD, IGE, F-38000 Grenoble, France

(*correspondence: elia.laroche@univ-grenoble-alpes.fr)

Mots-clés : *biolixiviation, métaux critiques, déchet minier, éco-ingénierie.*

Résumé :

L'exploitation des ressources primaires ne cesse d'augmenter pour satisfaire une demande mondiale en métaux croissante. Les conséquences sont à la fois une criticité des métaux et la production de déchets miniers représentant un danger sanitaire et écologique. Une approche innovante consiste à considérer les déchets de l'exploitation minière dans un concept d'économie circulaire, en tant que matières premières secondaires. L'objectif du projet REVIVING est de développer un procédé de recyclage efficace des métaux d'intérêt (Cu, Mn, Mg, Zn et W) à partir de déchets miniers riches en tungstène (Panasqueira, Portugal). Peu d'expériences ont été menées à ce jour pour traiter les résidus miniers de tungstène par biolixiviation microbienne due à la complexité du matériau. Nous avons donc exploité une série de réacteurs de laboratoire à des échelles expérimentales croissantes (réacteurs batch de 10g ; x200 : réacteurs colonnes à flux continu de 2 Kg) avant une mise à l'échelle du procédé in situ (x100 : réacteur colonne à flux continu de 200 Kg). Un suivi similaire des paramètres physico-chimiques et biologiques (pH, O₂, concentrations des métaux, DNA-metabarcoding ...) a été effectué sur les différents réacteurs. Les premiers résultats de laboratoire ont permis de sélectionner un consortium microbien d'intérêt biotechnologique. Son optimisation par biostimulation et/ou bioaugmentation a ensuite permis la récupération, parfois totale, de plusieurs métaux d'intérêts. Les analyses sont actuellement en cours pour comprendre l'impact de la mise à l'échelle sur le procédé. L'ensemble du processus devrait répondre aux objectifs de l'économie circulaire en valorisant les déchets miniers à la fois par la production secondaire de métaux critiques et de matériaux minéraux exempts de métaux pour des applications potentielles en génie civil.

Evolution adaptative de SynComs bactériens dégradant simultanément l'atrazine, le 2,4-D et le métamitron

Amélie POLROT ⁽¹⁾, Maxime GUGLIELMINETTI ⁽¹⁾, Marie-Christine BREUIL ⁽¹⁾, Marion DEVERS-LAMRANI ⁽¹⁾, Nadine ROUARD ⁽¹⁾, Aymé SPOR ⁽¹⁾

⁽¹⁾Université Bourgogne Europe, institut Agro, INRAE, Agroécologie, Dijon, France.

Mots-clés : SynComs – Multi dégradation – Herbicides – Interactions

Résumé :

La contamination des sols par les herbicides constitue un problème environnemental majeur¹. L'utilisation de méthodes innovantes comme la bioremédiation et plus précisément la bioaugmentation représente une stratégie prometteuse face aux alternatives coûteuses et impactantes classiquement utilisées pour traiter les sols pollués². Traditionnellement, cette bioaugmentation repose sur l'emploi de souches microbiennes isolées ciblant un seul contaminant³. Or, l'environnement est souvent exposé à des mélanges de polluants⁴. Il est donc pertinent d'explorer l'utilisation de consortiums capables de dégrader simultanément plusieurs composés.

Dans ce contexte, cette étude visait à créer, stabiliser et optimiser des communautés microbiennes synthétiques (SynComs) capables de dégrader trois herbicides fréquemment retrouvés dans l'environnement : l'atrazine, le 2,4-dichlorophénoxyacétique (2,4-D) et le métamitron. 27 Syncoms ont été créés en réalisant toutes les combinaisons possibles de trois souches, chacune dégradant l'un des herbicides, à partir des 9 souches disponibles (3 par herbicides). Ces SynComs ont été mises en culture dans deux milieux minimums : l'un contenant une source de carbone et d'azote assimilable par toutes les souches, l'autre contenant en plus les trois herbicides. Après trois cycles de cultures les capacités de minéralisation ont été mesurées. Sept SynComs performant ou intéressant dans leur composition ont ensuite été sélectionnés pour une phase d'évolution de 10 semaines dans 9 milieux de complexité croissante (de 0 à 3 herbicides). Les capacités de minéralisation avant et après évolution des SynComs ont été analysées et comparées avec celles des souches cultivées individuellement dans les mêmes conditions.

Cette approche a permis de révéler des interactions variées entre souches, allant d'antagonismes à des synergies fonctionnelles. Après évolution, plusieurs SynComs ont montré une activité de minéralisation dépassant celle des souches en monoculture. Ces résultats soulignent l'intérêt des communautés synthétiques pour la bioremédiation de milieux contaminés complexes, en valorisant les dynamiques évolutives et les interactions entre espèces.

Références :

1. Tang, F. H. M., Lenzen, M., McBratney, A. & Maggi, F. Risk of pesticide pollution at the global scale. *Nat. Geosci.* **14**, 206–210 (2021).

2. Irfan, S. et al. Bioremediation of Soil: An Overview. in *Advances in Bioremediation and Phytoremediation for Sustainable Soil Management: Principles, Monitoring and Remediation* (ed. Malik, J. A.) 1–16 (Springer International Publishing, Cham, 2022). doi:10.1007/978-3-030-89984-4_1.
3. Cycoń, M., Mrozik, A. & Piotrowska-Seget, Z. Bioaugmentation as a strategy for the remediation of pesticide-polluted soil: A review. *Chemosphere* **172**, 52–71 (2017).
4. Tang, F. H. M. & Maggi, F. Pesticide mixtures in soil: a global outlook. *Environ. Res. Lett.* **16**, 044051 (2021).

Stabilité et impact écotoxicologique de deux biocomposites dégradant le 2,4-D dans différents types de sol

Sana ROMDHANE¹, Sakineh ABBASI¹, Fatima MEITE², Marion DEVERS-LAMRANI¹, Fabrice MARTIN-LAURENT¹, Caroline MICHEL², Nadine ROURAD¹, Aymé SPOR¹

sana.romdhane@inrae.fr

¹ Université Bourgogne Europe, Institut Agro, INRAE, UMR Agroécologie, Dijon, France

² BRGM, Direction Eau, Environnement, Procédés et Analyses (DEPA), 3 avenue Claude Guillemin, 45100 Orléans, France

Résumé :

La bioaugmentation par inoculation de micro-organismes dégradant constitue une stratégie prometteuse pour la bioremédiation des sols contaminés avec des pesticides. Cependant, ses performances restent à améliorer, notamment en termes d'efficacité des inoculants. Pour pallier ces limitations, l'utilisation de supports pour formuler des biocomposites dégradants apparaît comme une approche pertinente pour favoriser l'installation et l'activité des inoculants microbiens dans le sol. Dans cette étude, nous avons développé deux biocomposites composés de biofilms de la souche *Cupriavidus necator* JMP134 déposés sur deux supports : une zéolite brute et une zéolite modifiée par un revêtement en hydroxydes doubles lamellaires (LDH). Notre hypothèse est que l'utilisation de ces supports, en particulier celui modifié, permettrait d'améliorer la stabilité et l'efficacité de la souche dégradante, et que la performance des biocomposites dépendrait des propriétés des sols.

Une expérimentation en microcosmes a été mise en place pour déterminer l'efficacité de la souche apportée sans support et sous la forme de biocomposites à minéraliser le 2,4-D marqué au ¹⁴C dans trois sols avec des propriétés physico-chimiques contrastées, et évaluer les impacts éventuels des deux modes d'inoculation sur les communautés bactériennes natives des sols par séquençage d'amplicons du gène 16S rDNA.

Nos résultats montrent que l'inoculation par *Cupriavidus necator* JMP134, sous forme libre ou en biocomposite, augmente la minéralisation du 2,4-D, dans les sols non pré-exposés à cet herbicide. Cet effet, indépendant du type de support et du sol testé, persiste jusqu'à 15 et 55 jours après inoculation. Dans les sols pré-exposés, l'effet de l'inoculation est moins marqué, probablement en raison de la stimulation préalable de la communauté microbienne dégradante indigène. L'évaluation des effets non intentionnels des biocomposites montre une modification de la structure et une diminution de la diversité bactérienne, principalement liées à l'inoculation, sans effet notable du type de support. Nos résultats apportent une évaluation complète de l'efficacité et de l'impact écotoxicologique des biocomposites dégradant le 2,4-D dans trois sols différents.

Mots-clés : Biocomposites, Microbiome, Pesticide, Bioremédiation

Session 3 : Microbiote, fonction écologique et services écosystémiques

Sous les buttes, la vie : matière organique et écosystèmes microbiens en permaculture

Valentine FRIPIAT ⁽¹⁾, Camille GOURMET ⁽¹⁾, Lola LEROGERON ⁽¹⁾, Ophélie GROSSEMY ⁽¹⁾, Florence JACQUES ⁽¹⁾, Marie DINCHER ⁽²⁾, Hadrien NUYDT ^(1,3), Pierre DELAPLACE ⁽¹⁾, Aurore DEGRE ⁽²⁾, Gilles COLINET ⁽²⁾, M. Haissam JIJAKLI ⁽³⁾, Caroline DE CLERCK ^{(1)*}

(1): Plant Sciences, Gembloux Agro-Bio Tech, ULiege, Passage des Déportés, 2. 5030 Gembloux, Belgique

(2): Soil-water-plant exchanges, Gembloux Agro-Bio Tech, Uliege. Passage des Déportés, 2. 5030 Gembloux, Belgique

(3): Integrated and Urban Plant Pathology Laboratory, Gembloux Agro-Bio Tech, Uliege. Passage des Déportés, 2. 5030 Gembloux, Belgique

*Caroline.declerck@uliege.be

Mots-clés : buttes de culture, qualité des sols, permaculture, microbiote

Résumé

L'agriculture conventionnelle se trouve à un tournant critique, confrontée à une crise économique, sociale et environnementale sans précédent, dans un contexte de changement climatique, d'érosion de la biodiversité et de dégradation rapide des sols. Face à ces enjeux, des approches innovantes telles que la permaculture et les technosols construits pourraient offrir des alternatives durables et résilientes. Parmi celles-ci, les buttes de culture d'inspiration permacole, majoritairement composées de matière organique, apparaissent comme une solution prometteuse pour maintenir la fertilité des sols à long terme, stimuler l'activité biologique et améliorer les rendements, notamment dans des contextes de sols urbains pauvres ou pollués.

Cette étude évalue la fertilité de quatre types de buttes de culture, différenciées par leur composition (bottes sandwich, bottes lasagne, hugelkultur, bottes en terre), ainsi que celle de témoins non buttés, sur une période de quatre ans. Elle comble un manque dans la littérature scientifique en analysant l'effet de ces configurations sur divers indicateurs de qualité des sols, en intégrant leurs propriétés physiques, chimiques et biologiques.

Dès la quatrième année, toutes les buttes intégrant de la matière organique présentent des teneurs plus élevées en nutriments disponibles, en carbone organique et en respiration microbienne que les buttes composées uniquement de terre. Elles affichent également des rendements supérieurs à ceux des buttes en terre et des témoins non buttés, dépassant même la moyenne régionale observée pour les cultures conventionnelles en Wallonie. Si les témoins non buttés retiennent davantage l'humidité que les buttes surélevées, les buttes riches en matière organique conservent mieux l'humidité que celles composées uniquement de terre. Toutefois, les buttes constituées exclusivement de résidus lignocellulosiques riches en carbone souffrent d'une carence en azote au cours des deux premières années, entraînant des rendements nettement plus faibles durant cette période.

Après quatre années de suivi, les tendances observées confirment que les buttes enrichies en matière organique favorisent des sols plus fertiles, soutenant à la fois la productivité agricole et la qualité biologique des sols. Le suivi se poursuivra dans les années à venir afin de déterminer, pour chaque type de butte, la durée de cette « période fertile » avant un éventuel déclin de fertilité. De manière générale, ces résultats enrichissent nos connaissances sur les technosols et ouvrent des perspectives concrètes pour une production alimentaire durable en milieux urbains et périurbains.

Transformation microbienne des pesticides dans les sols agricoles et les captages d'eau potable

(Co) auteur(s) : Olivia RENARD⁽¹⁾, Bastien REDON⁽²⁾, Théo MAURA⁽¹⁾, Marie MOERE⁽³⁾,
Mathilde MONPERRUS⁽³⁾, Mathieu SEBILLO⁽²⁾, Rémy GUYONEAUD⁽¹⁾

Adresse e-mail de l'autrice principale : olivia.renard@univ-pau.fr

Affiliations des co-auteurs :

⁽¹⁾ Institut des Sciences Analytiques et de Physico-Chimie pour l'Environnement et les Matériaux (IPREM) – CNRS / Université de Pau et des Pays de l'Adour (UPPA) – UMR 5254 – 6400 Pau, France

⁽²⁾ Institut d'écologie et des sciences de l'environnement de Paris (iEES Paris) – CNRS / Sorbonne Université (SU) – UMR 7618 – 75005 Paris, France

⁽³⁾ Institut des Sciences Analytiques et de Physico-Chimie pour l'Environnement et les Matériaux (IPREM) – CNRS / Université de Pau et des Pays de l'Adour (UPPA) – UMR 5254 – 64600 Anglet,

France

Mots-clés : pesticides, dégradation microbienne, souches, consortium reconstitué

Résumé :

Les pratiques agricoles intensives actuelles entraînent des apports importants de pesticides et d'azote dans les sols, qui sont susceptibles d'être lessivés avec leurs produits de dégradation/transformation jusqu'aux aquifères, posant un risque de contamination des ressources en eau potable. Les communautés microbiennes du sol et de l'eau souterraine jouent un rôle clé dans le devenir et la transformation de ces contaminants, influençant ainsi la qualité de l'eau. Notre étude cible quatre molécules d'intérêt : l'Atrazine, le S-métolachlore, le Chlorothalonil et le Diméthénamide-P. Ces molécules ont été sélectionnées pour la récurrence de leurs produits de transformation dans les eaux souterraines et leurs statuts réglementaires contrastés. En Europe, l'Atrazine est interdite depuis plus de 20 ans, les autorisations d'utilisation du Chlorothalonil et du S-métolachlore ont été retirées plus récemment (respectivement en 2019 et 2024), tandis que le Diméthénamide-P est encore en usage.

Trois sites agricoles dans le Sud-Ouest de la France (Béarn et Landes) présentant des captages d'eau potable historiquement pollués en pesticides et en nitrates ont été sélectionnés. Des échantillons d'eau souterraine au niveau des captages, et de sol sur deux parcelles agricoles par site, ont été collectés tout au long de l'année 2024. Le calendrier de prélèvements a été organisé pour tenir compte à la fois des dynamiques hydrologiques (hautes et basses eaux) et des périodes d'amendement (avec ou sans épandages récents de pesticides et d'azote). Ces échantillons ont permis, par séquençage Illumina MiSeq, une comparaison de la diversité et des fonctions microbiennes (PICRUSt2) entre les sites et au cours du temps.

Un de ces sites a été choisi comme référence en raison des concentrations passées et présentes particulièrement élevées en pesticides azotés retrouvées dans son captage d'eau potable. Les concentrations mesurées *in situ* fin 2023 atteignaient en effet 3,4 µg/L de métolachlore ESA et 0,04 µg/L d'atrazine-déséthyl. Des échantillons de sol et d'eau souterraine y

ont été collectés pour servir d'inocula pour des cultures d'enrichissement, en vue de l'isolement de souches bactériennes et fongiques. La diversité microbienne issue de ces enrichissements a aussi été caractérisée par séquençage MiSeq. Des souches microbiennes ont ainsi été isolées à partir d'enrichissements réalisés dans un milieu minimum contenant un pesticide cible comme seule source de carbone (400 mg/L et 800 mg/L) ou bien dans un milieu enrichi en carbone et supplémenté en pesticide (500 mg/L et 1g/L) (et en antibiotiques pour les cultures dédiées aux fungi). Une démarche d'enrichissements suivis d'isolements de souches a été menée pour chacun des pesticides ciblés par l'étude. Les souches obtenues ont ensuite été identifiées par séquençage Sanger. Elles appartiennent à plusieurs genres bactériens notamment *Pseudomonas*, *Sphingomonas*, *Variovorax*, *Caulobacter*, *Rhodanobacter* et *Burkholderia*, et fongiques notamment *Fusarium*, *Trichoderma*, *Gibellulopsis*, *Candida*, *Mucor*, *Alternaria* et *Filobasidium*.

Les souches isolées sur S-métolachlore ont été évaluées pour leur potentiel de dégradation. Des souches des genres *Pseudomonas*, *Variovorax*, *Caulobacter* et *Alternaria* ont ainsi montré une capacité de dégradation allant de 20 à 60 % en 21 jours, dans un milieu de culture enrichi en carbone et avec 1 mg/L de S-métolachlore. Un consortium microbien combinant plusieurs de ces souches a ensuite été constitué et testé pour sa capacité de dégradation en laboratoire. Pour approfondir les observations issues des analyses *in situ* et évaluer les capacités de dégradation de ce consortium microbien dans des conditions se rapprochant de celles retrouvées *in situ*, des expériences en microcosmes ont été réalisées avec des slurries de sol agricole issu du site de référence. Ces tests ont également permis d'évaluer l'influence de certains paramètres (concentrations en nitrates et en pesticides, pesticides seuls ou en cocktails) sur les communautés impliquées et les cinétiques de dégradation.

L'ensemble de ces travaux contribue à une meilleure compréhension du devenir des pesticides étudiés dans les sols et les eaux souterraines, en soulignant le rôle des communautés microbiennes, et en intégrant l'effet des fertilisants azotés. L'étude vise aussi à identifier des voies de dégradation du S-métolachlore, spécifiques aux bactéries et aux champignons isolés, et à explorer l'effet des interactions microbiennes sur les dynamiques de dégradation. Des approches protéomiques et transcriptomiques seront envisagées pour cibler les enzymes et gènes impliqués dans ces processus.

Conséquences imprévues d'amendements en probiotiques et prébiotiques sur un reboisement en pin de douglas de sols agricoles

(Co) auteur(s) :

Romain DARRIAUT⁽¹⁾, Pauline LENFANT⁽¹⁾, Noémy PIETRUSZKA⁽¹⁾, Arnaud DE GRAVE⁽²⁾, Cécile MONARD⁽¹⁾, Céline ROOSE-AMSALEG⁽¹⁾

Celine.amsaleg@univ-rennes.fr

⁽¹⁾Univ Rennes, CNRS, ECOBIO (Ecosystèmes, biodiversité, évolution) - UMR 6553, F-35000 Rennes ; ⁽²⁾EcoTree, 38 quai de la Douane, 29200 Brest, France

Le reboisement de sols agricoles peut s'avérer plus difficile du fait de l'altération de propriété physico-chimiques et (micro)biologiques du sol ou encore de la compétition avec les herbacées. C'est pourquoi de plus en plus d'exploitants forestiers se tournent vers des interventions ciblant le microbiome du sol, notamment en amendant en probiotiques et prébiotiques. Cependant, les impacts écologiques de tels apports restent mal connus.

Dans ce projet, nous avons étudié les effets d'amendements de prébiotiques et probiotiques commerciaux sur des sapins de Douglas dans trois types d'anciennes parcelles agricoles en Bretagne : prairie, lande et champs de céréales. Pendant un an, nous avons suivi 90 arbres, évaluant à la fois la physiologie des plants, la chimie du sol ainsi que ses communautés bactériennes et fongiques par séquençages d'amplicons.

Contrairement aux attentes, les traitements ont déclenché une cascade d'effets négatifs. Les plants traités ont rapidement montré un état de stress sévère avec une réduction des pigments photosynthétiques et une mortalité accrue. Les amendements ont provoqué une accumulation d'ammonium et des variations de pH. Dès le premier mois, les analyses microbiennes ont révélé une dysbiose sévère caractérisée par un déclin des champignons symbiotiques coïncidant avec un enrichissement des champignons pathogènes. Les activités enzymatiques des cycles du carbone, de l'azote et du phosphore ont été considérablement perturbées. Malgré une récupération microbienne partielle au bout de six mois, le stress des plants a persisté un an, indiquant une résilience écosystémique limitée. Les sols des prairies ont montré la plus grande vulnérabilité, soulignant l'influence de l'historique de l'usage des sols.

Ces résultats remettent en question les hypothèses concernant les bénéfices universels des amendements microbiens commerciaux. Les résultats soulignent la nécessité d'une évaluation spécifique au site et suggèrent que la restauration du microbiome indigène pourrait être plus durable que les produits commerciaux pour réussir le reboisement.

Mots-clés : probiotique, reboisement, dysbiose, communautés microbiennes

Phytostabilisation des résidus miniers riches en arsenic : impact des activités microbiennes sur la mobilité et la biodisponibilité de l'arsenic et des métaux pour les plantes

Hugues THOUIN¹, Marina LE GUEDARD², Lydie LE FORESTIER³, Hafida TRIS¹, Mickaël CHARRON¹, Cléa DANLOS¹, Ulysse MOREAU^{1,3}, Louis DE LARY DE LATOUR¹, Catherine JOULIAN^{1*}, Fabienne BATTAGLIA-BRUNET¹

¹ BRGM, Orléans, F-45060, France

² LEB Aquitaine Transfert – ADERA, CS20032, 33140 9, Villenave d'Ornon, France

³ UMR 7327 Institut des Sciences de la Terre d'Orléans, Université d'Orléans–CNRS/INSU–BRGM, 45071 Orléans, France

* c.joulian@brgm.fr

Mots-clés :

Processus microbiens ; Mobilité arsenic et métaux ; Résidus miniers ; Phytostabilisation

Résumé :

La sécurisation des résidus miniers représente un enjeu environnemental majeur, et la phytostabilisation est une option à coût modéré pour atténuer l'érosion et la dispersion des particules contaminées. Dans le cadre du projet interdisciplinaire oMIMo (ANR-22-CE04-0012-0), un scénario contrôlé de phytostabilisation assistée a été étudié en serre en pots de 20 L, sur deux résidus riches en arsenic provenant d'anciennes mines d'argent et de plomb (Pontgibaud) et d'étain (Abbaretz). Les résidus, plantés ou non avec *Festuca rubra*, une herbacée présente sur les deux sites, ont été amendés avec du compost et du calcaire pour apporter des nutriments organiques aux plantes et réguler le pH et arrosés régulièrement avec de l'eau de source imitant la pluie naturelle.

Le suivi des pots, réalisé tous les six mois sur deux ans, a combiné l'évolution de la communauté procaryote (abondance par NPP des bactéries oxydant ou réduisant As ou fer (Fe), oxydant le soufre (S) ou réduisant les sulfates (SO₄); diversité de la communauté active par séquençage des ARNr 16S), de la géochimie de l'eau interstitielle (pH, Eh, conductivité, chimie, spéciation de l'As et du Fe), et de la biodisponibilité et toxicité de l'As et des métaux pour les plantes (teneur en As et métaux dans les feuilles, indice oméga-3). Les principaux résultats montrent que *Festuca rubra* s'est développée dans les résidus amendés. Les abondances par NPP ont montré une cohabitation des bactéries oxydantes et réductrices ciblées. La diversité de la communauté procaryote active, dominée par des bactéries du compost à T0, a évolué différemment selon le résidu, avec cependant une dominance des Cyanobacteria qui se développent à la surface des pots. Fe et As, essentiellement sous forme d'AsV, ont été mobilisés dans l'eau porale du résidu Abbaretz, phénomène probablement lié à l'activité des bactéries Fe(II)- et As(V)-réductrices dont l'abondance a augmenté à six mois dans ce résidu, alors qu'As et Fe sont restés piégés dans le résidu Pontgibaud. L'évolution sur deux ans de l'ensemble des paramètres géochimiques et biologiques doit apporter une compréhension plus approfondie des mécanismes (notamment microbiens) influençant le devenir de l'As et des métaux dans les résidus, leur impact sur les plantes, l'objectif final étant, à terme, de développer un modèle de transport réactif pour prédire la mobilité et la disponibilité de l'As et des métaux pour les plantes dans les déchets miniers phytostabilisés riches en As.

Towards a better understanding of the molecular mechanisms used by bacteria to weather and interact with minerals in forest soils

Stéphane UROZ^(1,2), Cintia BLANCO NOUCHE^(1,2), Sérgolène BOUCHE^(1,2),
Laura PICARD^(1,2), Tiphaine DHALLEINE⁽¹⁾, Emmanuelle Morin⁽¹⁾, Cédric PARIS⁽³⁾, Jean
ARMENGAUD⁽⁴⁾, Philippe OGER⁽⁵⁾, Marie-Pierre TURPAULT⁽²⁾

e-mail : stephane.uroz@inrae.fr

⁽¹⁾ Université de Lorraine, INRAE, « UMR1136 Interactions Arbres-Microorganismes », Nancy, France ; ⁽²⁾ INRAE, UR1138 « Biogéochimie des Ecosystèmes Forestiers », Champenoux, France ; ⁽³⁾ Université de Lorraine, EA 4367 « Laboratoire d'Ingénierie des Biomolécules », Ecole Nationale Supérieure d'Agronomie et des Industries Alimentaires (ENSAIA), Vandoeuvre-lès-Nancy, France ; ⁽⁴⁾ CEA, INRAE, Département Médicaments et Technologies pour la Santé (DMTS), Université Paris Saclay, SPI, 30200 Bagnols-sur-Cèze, France. ; ⁽⁵⁾ INSA Lyon, Université Claude Bernard Lyon 1, CNRS UMR5240, Villeurbanne, France

Mots-clés : sol forestier ; bactérie ; processus d'altération ; minéralogie/géochimie ; génomique

Résumé :

Rocks and minerals are usually considered as inert substrates in soil microbial ecology, while they are the main components of the soil, they represent important reactive interfaces and particular microbial habitats (i.e., the mineralosphere). In nutrient-poor soils such as in forests developed on acidic soils, they represent important reservoirs of nutritive elements (e.g., K, Mg, Fe or P) necessary for the replenishment of available soil nutrients and the maintenance of tree growth. However, these nutrients are not readily available for living organisms. Their release depends on physical (i.e., fragmentation) and chemical (i.e., dissolution) reactions. To deal with these conditions, plant-associated microorganisms (e.g., fungi, bacteria) have developed different strategies in order to directly or indirectly mobilize nutrients from minerals and transfer them to the plants. This is the case of bacteria for which the ability to weather minerals has been demonstrated for representatives of diverse taxa (e.g., *Bacillus*, *Caballeronia*, *Pseudomonas*). The effectiveness at weathering minerals of certain bacteria and their enrichment on minerals according to their physico-chemical properties suggest the deployment of a complex dialogue between bacteria, minerals and the soil conditions, and the use of particular molecular mechanisms to weather these minerals.

In this context, our goals are to investigate i) how mineral properties condition the mineral weathering ability of bacteria and ii) which molecular responses are employed by bacteria to interact and weather minerals. In this context, our work focused on effective MWe model bacterial strains (*Caballeronia mineralivorans* PML1(12) and *Collimonas pratensis* PMB3(1)) to decipher the molecular mechanisms employed by these strains during the interaction with a mineral and depending on the concentration of key nutrients.

Through the combination of OMICs, geochemistry and mineralogy we provided an integrative and understandable view of the molecular mechanisms regulated according to nutrient availability and mineral properties. We also identified a new class of enzyme associated to the ability to weather minerals that was not known before: the glucose-methanol-choline oxidoreductase.

Session 4 : Interactions microbiote-hôte et microbiote-microbiote

Loss of autonomy in the elderly: relationships between intestinal microbiota and mycobiota diversity, nutrition, and cognitive and sensorimotor impairments in "light eaters" and "non-light eaters".

Eloïse Bailly¹, Farah Belbaghdadi², Patrick Manckoundia², Virginie Delannoy², and Frédéric Dalle^{1,3}.

¹ Laboratoire de parasitologie mycologie, CHU Dijon Bourgogne – CHU Dijon – France

² Pôle Personnes Âgées 1824, CHU Dijon Bourgogne, F-21000, Dijon, France – CHU Dijon – France

³ Procédés Alimentaires et Microbiologiques [Dijon] – Institut National de Recherche pour l’Agriculture – INSTITUT AGRO DIJON – France

* eloise.bailly@chu-dijon.fr

Mots-clés : Gut mycobiota, Gut microbiota, Elderly, Nutrition, Cognition

Résumé :

The intestinal microbiota and mycobiota (IMM) play a central role in regulating diverse physiological functions, including immunity, metabolism, cognition, and motricity. In elderly people, a decline in microbial diversity is commonly observed and is often associated with chronic inflammation and overall health deterioration. Admission to a long-term care facility, with the dietary changes that this implies, may significantly influence these microbial ecosystems.

This study aims to investigate the relationships between the diversity and composition of IMM, diet, and cognitive and motor functions in long-term care facility residents, distinguishing between "poor eaters" (PE) and "non-poor eaters" (non-PE). Participants are followed during one year from admission, with clinical and biological measures every three months. IMM analysis is conducted using Illumina sequencing targeting the V3–V4 region (bacteria) and ITS2 (fungi).

Several research axes are explored: Does institutional nutrition lead to a homogenization of IMM? Does a characteristic microbial profile appear in individuals with PE over time, and at what kinetics? Are these changes associated with variations in cognitive and motor functions, and/or inflammation ?

Furthermore, the impact of intercurrent events—such as infections, diarrhea, or antibiotics—will also be analyzed to better understand their role in shaping microbiota dynamics over the course of the year.

Finally, these data will provide a better understanding of health and IMM of elderly residents living in long-term care facility. Such understanding is essential for developing relevant and effective strategies, including nutritional interventions, to preserve their quality of life.

Impact of agricultural chemical inputs on the intestinal microbiota at both microbial and fungal level

Louise Basmaciyan^{*1,2}, Eloise Bailly^{1,2}, Amandine Ducreux¹, Fabienne Bon¹, and Frédéric Dalle^{1,2}

⁽¹⁾Procédés Alimentaires et Microbiologiques – Institut National de Recherche pour l’Agriculture, l’Alimentation et l’Environnement, INSTITUT AGRO DIJON, Université Bourgogne Europe – France

⁽²⁾Service Microbiologie et Agents Transmissibles - CHU DIJON – CHU Dijon – France

* louise.basmaciyan@u-bourgogne.fr

Mots-clés : *gut microbiome; gut mycobiome; Fipronil; Pesticide exposure; Human health*

Résumé :

The gut microbiome (GM) is a complex and dynamic ecosystem, where microbial interactions are crucial for maintaining host health. Among these, the gut mycobiota significantly influences bacterial community structure and function, contributing to intestinal homeostasis. Dysbiosis, an imbalance in GM composition, can disrupt this equilibrium and is linked to the onset and progression of various diseases. Environmental factors, including pesticide exposure, have emerged as important modulators of GM stability. In this study, we investigated the impact of fipronil, a phenylpyrazole-class pesticide, on the mammalian GM, with a focus on bacterial and fungal communities. Preliminary findings revealed that fipronil enhances the fitness and virulence of *Candida albicans*, increasing its ability to invade and damage intestinal epithelial cells. Additionally, fipronil, like many other pesticides, has previously been identified as a cause of GM dysbiosis in invertebrates, including honeybees. Based on these findings, we used high-throughput sequencing (metabarcoding) to analyze the GM composition of mice that were exposed to chronic, sublethal doses of fipronil through oral gavage or drinking water. Our results indicate that fipronil significantly alters bacterial and fungal populations in the gut, suggesting a disturbance in interkingdom microbial interactions. These findings highlight the potential of environmental pesticides to disrupt the balance of gut microbes and emphasize the importance of evaluating their overall impact on host health.

Quand inoculer quoi ? Effets croisés du stade de développement du maïs et de l'âge du microbiote sur le succès de l'inoculation

Manon BICHEMIN⁽¹⁾, Claire VARLET⁽¹⁾, Thérèse LUCOTTE⁽¹⁾, Dominique GARMYN⁽¹⁾, Samuel JACQUIOD⁽¹⁾, Manuel BLOUIN⁽¹⁾

⁽¹⁾UMR Agroécologie, INRAe DIJON, 17 rue Sully 21000 DIJON

Manon Bichemin : manonbichemin@gmail.com

Mots-clés : microbiote rhizosphérique, inoculation croisée, maïs, âge des plantes, interactions plante-microbiote

Résumé :

Le microbiote rhizosphérique joue un rôle central dans le développement et la santé des plantes, influençant l'acquisition des nutriments, la signalisation hormonale et la tolérance aux stress. La relation plante-microbiote est essentiellement dynamique. La plante se développe, passant par différents stades programmés génétiquement, au cours desquels sa morphologie, notamment racinaire, et son profil de rhizodéposition (exsudats, cellules mortes) changent. La structure du microbiote change également au cours du temps, du fait d'une dynamique interne traduite par des variations d'abondance et des remplacements d'espèces, selon un processus appelé succession écologique. Ces dynamiques de développement de la plante et de succession du microbiote ne sont pas déterminées uniquement par des facteurs internes : elles s'influencent réciproquement. Dans cette étude, nous avons transplanté des microbiotes rhizosphériques par inoculations successives, en manipulant le stade du microbiote à inoculer et l'âge à laquelle la plante est exposée à ce microbiote, afin de répondre aux questions suivantes : Quel est l'effet de l'âge de la plante au moment de l'inoculation sur l'efficacité de l'inoculation ? Quel est l'effet du stade du microbiote inoculé ? L'effet de l'âge de la plante est-il le même selon le stade du microbiote ? On peut émettre l'hypothèse que la synchronicité entre l'âge de la plante et le stade du microbiote pourrait améliorer l'efficacité de l'inoculation. Pour répondre à ces questions, une expérimentation factorielle croisée a été mise en place. Des microbiotes rhizosphériques ont été collectés sur des plants de maïs (*Zea mays L.*, lignée MBS847) âgés de 2, 4 ou 6 semaines et inoculés sur des plantes âgées de 0, 2 ou 4 semaines, dans un sol préalablement autoclavé. Les plantes ont été suivies pendant six semaines, avec des mesures hebdomadaires (hauteur, surface foliaire, nombre de feuilles, chlorophylle, sénescence) et des mesures destructives à la récolte (biomasse aérienne et racinaire). Les analyses par modèles linéaires généralisés montrent un effet significatif de l'âge de la

plante sur plusieurs traits : la taille, la surface foliaire, la concentration de chlorophylle et la senescence foliaire (p -value < 0.05). Aucun effet du stade du microbiote n'a été observé, si ce n'est sur la concentration en chlorophylle ($p < 0.01$) et sur la senescence ($p < 0.01$). Une interaction entre l'âge de la plante et le stade du microbiote inoculé a également été observée sur plusieurs traits morphologiques et phénologiques, notamment sur la biomasse racinaire ($p < 0.01$), le ratio biomasse aérienne/racinaire ($p < 0.001$), la sénescence ($p < 0.01$) et la chlorophylle ($p < 0.01$). Chez les plantes inoculées jeunes (P0), plus le microbiote est mature, plus la biomasse racinaire est importante par rapport à la biomasse aérienne. Cette réallocation pourrait être due à la capacité accrue d'un microbiote mature à exploiter les exsudats racinaires, voire à détourner les flux de ressources de la plante à son propre avantage, en particulier lorsque la plante est jeune. À l'inverse, chez les plantes plus âgées (inoculées à 2 ou 4 semaines), les microbiotes matures semblent favoriser une meilleure concentration en chlorophylle et limitent la sénescence foliaire, suggérant une capacité de la plante à éviter le détournement de ses ressources lorsqu'elle est plus âgée. L'âge de la plante reste néanmoins le déterminant principal de la réponse à l'inoculation. La réponse de la structure du microbiote, analysée par barcoding ARNm 16S et ITS, est en cours d'analyse. Nous serons donc en mesure de montrer l'impact de l'âge de la plante et du stade du microbiote sur la modification de la structure du microbiote inoculé. Ces résultats soulignent la nécessité de prendre en compte l'âge de la plante et le stade du microbiote dans les stratégies d'inoculation. Ils démontrent qu'un microbiote de stade avancé peut avoir des effets opposés sur une plante selon son âge.

Distinguer les populations variable et porteuse pour la sélection de plantes, de microbiotes et d'holobiontes.

Manuel BLOUIN¹, Victor ANGOT¹, Samuel JACQUIOD¹, Yanis BOUCHENAK-KHELLADI¹, Angela KENT^{2,3,4}

¹Agroécologie, Institut Agro Dijon, INRAE, Université Bourgogne Europe, Dijon, France

²Department of Natural Resources and Environmental Sciences, University of Illinois, Urbana-Champaign, Urbana, IL, USA

³Center for Advanced Bioenergy and Bioproduct Innovation, Department of Energy, Urbana, IL, USA

⁴Carl R. Woese Institute for Genomic Biology, University of Illinois, Urbana-Champaign, Urbana, IL, USA

Correspondance: Manuel Blouin, manuel.blouin@agrosupdijon.fr

Mots-clés : cadre conceptuel ; sélection variétale ; sélection de microbiotes ; sélection d'holobionte

Résumé :

Dans un contexte où les interactions plantes–microbiotes sont de plus en plus considérées comme un levier pour une agriculture durable, il est devenu essentiel de clarifier comment ces partenaires peuvent être sélectionnés pour améliorer la résilience et la performance des agroécosystèmes. Si des stratégies de sélection sur la plante ou sur les microorganismes existent depuis longtemps, la reconnaissance de l'holobionte (plante et microorganismes associés) comme unité de sélection ouvre de nouvelles perspectives — mais conduit aussi à de nombreuses ambiguïtés. Nous proposons un cadre conceptuel innovant basé sur une distinction fondamentale entre deux rôles dans toute démarche de sélection : (i) la population variable (ou « varying population), c'est-à-dire l'entité sur laquelle porte la variation héréditaire sujette à sélection ; (ii) la population porteuse (ou carrying population), sur laquelle est mesuré le trait sélectionné. Ce cadre permet de classer de manière rigoureuse les différentes stratégies de sélection, qu'elles soient classiques ou émergentes, et d'identifier les situations dans lesquelles la sélection porte réellement sur l'holobionte, plutôt que sur l'un ou l'autre de ses partenaires. Nous distinguons cinq grands cas : (1) Sélection végétale classique ; (2) Amélioration de microorganismes ; (3) Sélection végétale pour moduler les fonctions microbiennes ; (4) Sélection microbienne pour moduler un trait végétal ; (5) Sélection d'holobionte. Notre cadre conceptuel permet de dissiper les confusions fréquentes dans la littérature, notamment entre effets directs et effets en cascade. Par exemple, sélectionner des bactéries produisant de l'IAA dans l'espoir d'améliorer la croissance végétale ne relève pas d'une sélection sur plante–microbiote (cas 4), mais d'un effet indirect du cas 2. Inversement, vouloir sélectionner des plantes sur la base de traits racinaires ou de profils d'exsudation, dont on suppose qu'ils influenceront le microbiote sans avoir mesurer ces changements microbiens, relève du cas 1 et non du 4. Il permet également d'attirer l'attention sur les répercussions potentielles, volontaires ou involontaires, qui peuvent survenir chez le deuxième partenaire, suite à la sélection du premier ; un exemple classique est la perte de fonctions microbiennes d'intérêt au cours de la domestication des plantes. Il met en évidence des opportunités à saisir, comme le fait de mobiliser les liens fonctionnels entre plantes et microbiotes, même dans les cas où la sélection ne porte que sur un des deux partenaires. L'apport majeur est probablement le fait de fournir la première définition de ce que pourrait être la sélection d'holobionte : une approche dans laquelle la population variable est nécessairement constituée à la fois de la plante et du microbiote, sans que les deux soient nécessairement la population porteuse.

Selon la nature de la population variable de plantes et de microorganismes (variants naturels, obtenus par évolution dirigée, hybrides, mutants, organismes synthétiques), on peut théoriquement générer un très grand nombre de combinaisons croisées, permettant d'envisager un grand nombre d'approches pour la sélection d'holobionte. Penser en termes de population variable et population porteuse offre une grille de lecture puissante pour orienter la sélection dans les systèmes plante–microbiote. Cela permet d'éviter les malentendus, d'optimiser les leviers existants, et d'ouvrir la voie à de nouvelles formes de sélection pour l'agroécologie.

Déterminants génétiques du blé tendre pour le recrutement de microorganismes phytobénéfiques dans un sol résistant à la fusariose du collet

Alix CATRY ⁽¹⁾ (alix.catry@univ-lyon1.fr), Danis ABROUK ⁽¹⁾, Richard BLANC ⁽²⁾, Justin BLANCON⁽²⁾, Thierry LANGIN ⁽²⁾, Daniel MULLER ⁽¹⁾, Yvan MOËNNE-LOCCOZ ⁽¹⁾

⁽¹⁾ UMR CNRS 5557 Ecologie Microbienne, Université Lyon 1, 43 Bd du 11 novembre 1918, 69622 Villeurbanne, France

⁽²⁾ INRAE/Université Clermont Auvergne, UMR 1095 Genetics Diversity and Ecophysiology of Cereals (GDEC), F-63000 Clermont-Ferrand, France

Mots-clés : GWAS ; métagénomique ; rhizosphère ; blé ; fusariose

Résumé : Le génotype d'une plante influence la composition de son microbiote racinaire, en modulant sa capacité à recruter des microorganismes bénéfiques ; cette différence est observée entre espèces de plantes [1] mais aussi entre génotypes d'une même espèce [2]. Ces microorganismes peuvent interagir avec les pathogènes telluriques, et, dans les sols dits résistants, contribuer activement à la réduction de l'incidence ou de la sévérité des maladies racinaires [3]. Pourtant, les bases génétiques du recrutement de microorganismes phytobénéfiques par la plante, ainsi que les taxons et fonctions microbiens impliqués dans la résistance des sols aux maladies restent encore largement inconnus. Dans le cadre du projet ANR DEEP IMPACT (“Deciphering plant-microbiome interactions to enhance crop defense to bioagressors”, ANR 20-PCPA-0004), nous faisons l'hypothèse que l'efficacité d'une communauté microbienne protectrice issue d'un sol résistant dépend du génotype de la plante, et que certains loci du blé sont associés à la capacité de recruter ces partenaires bénéfiques. Pour tester cette hypothèse, 50 sols provenant de champs en France ont été ciblés pour leur résistance à la fusariose du collet, une maladie du blé tendre (*Triticum aestivum*) causée par le pathogène fongique *Fusarium graminearum*. Dans un second temps, un panel de 241 lignées de blé tendre a été cultivé sous serre dans un sol composite résistant à la fusariose du collet. La sévérité de la maladie, causée par *Fusarium graminearum*, a été notée après 8 semaines, et l'ADN de la rhizosphère a été analysé en métagénomique shotgun. Les taxons microbiens et fonctions génétiques associés à la résistance à la maladie sont utilisés comme phénotypes intermédiaires pour identifier, par GWAS (Genome-Wide Analysis Study) [4], les déterminants génétiques du blé impliqués dans leur recrutement. Ces résultats ouvriront la voie à une sélection variétale intégrant les interactions bénéfiques avec le microbiote.

(10) Gruet et al. Wheat genome architecture influences interactions with phytobeneficial microbial functional groups in the rhizosphere. *Plant, Cell & Environment*, 46:1018-1032 (2023).

(11) Valente et al. Symbiotic variations among wheat genotypes and detection of quantitative trait loci for molecular interaction with auxin-producing Azospirillum PGPR. *Microorganisms*, 11:1615 (2023).

(12) Schlatter et al. Disease suppressive soils: new insights from the soil microbiome. *Phytopathology*, 107:1284-1297 (2017).

(13) Beilsmith et al. Genome-wide association studies on the phyllosphere microbiome: embracing complexity in host–microbe interactions. *The Plant Journal*, 97:164-181 (2019).

Le microbiote de l'anémone de mer *Radianthus magnifica* et du poisson-clown *Amphiprion chrysopterus* présentent des réponses contrastées face à un épisode de blanchissement

(Co) auteur(s) : Camille Clerissi ⁽¹⁾, Ricardo Beldade ⁽²⁾, Anouar Mejait ⁽¹⁾, Anne Haguenauer ⁽¹⁾, Edouard Jobet ⁽¹⁾, Benjamin M. Titus ⁽³⁾, Suzanne Mills ⁽⁴⁾

Merci de souligner le nom de l'auteur principal et d'indiquer son adresse e-mail

Camille Clerissi : camille.clerissi@ephe.psl.eu

(Co) auteur(s) : ⁽¹⁾ CRIobe, EPHE, Université PSL, UPVD, CNRS, UAR CRIobe, 52 Avenue Paul Alduy,

66860 Perpignan Cedex, France ; ⁽²⁾ Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago de Chile ; ⁽³⁾ Department of Biological Sciences, University of Alabama, Tusca-loosa, AL, 35487 USA ; ⁽⁴⁾ CRIobe, EPHE, Université PSL, UPVD, CNRS, UAR CRIobe, BP1013, 98729 Mo'orea French Polynesia

Mots-clés : Bactéries, Symbiodiniaceae, metabarcoding, cnidaires, holobiontes

Résumé :

Les anémones de mer sont des holobiontes complexes qui comprennent non seulement des micro-organismes (microbiote), mais aussi des métazoaires, comme les poissons-clowns. Des études antérieures ont révélé l'impact significatif des épisodes de blanchissement sur le microbiote des anémones et sur leur physiologie. Cependant, cet impact reste peu étudié sur le microbiote des poissons-clowns, alors que le phénomène de dysbiose microbienne pourrait favoriser l'émergence d'agents pathogènes et/ou opportunistes potentiellement néfastes pour les poissons-clowns.

Pour répondre à cette problématique, nous avons échantillonné *in situ* le microbiote d'anémones saines et blanchies de l'espèce *Radianthus magnifica*, ainsi que celui des poissons-clowns associés de l'espèce *Amphiprion chrysopterus* lors du blanchissement de 2019 dans le lagon de Mo'orea, en Polynésie française. Le metabarcoding a été utilisé pour examiner la diversité des communautés de Symbiodiniaceae et bactériennes.

Nos résultats ont révélé des différences significatives pour les communautés de Symbiodiniaceae et de bactéries entre les anémones saines et blanchies. Plus précisément, la diversité alpha de ces communautés microbiennes était plus élevée chez les anémones blanchies, suggérant une dysbiose microbienne et une augmentation en abondances de taxons opportunistes. En revanche, aucune différence n'a été observée dans les assemblages bactériens des poissons-clowns associés aux anémones saines et blanchies. Malgré cette absence de corrélation entre le microbiote des poissons-clowns et le blanchissement des anémones, nous avons constaté que les poissons-clowns vivant sur la même anémone présentaient néanmoins des communautés bactériennes similaires. Par conséquent, nous avons émis l'hypothèse que le blanchissement des anémones n'a pas d'impact significatif sur le microbiote des poissons-clowns et que le contact direct entre poissons était le principal facteur influençant la composition de leur microbiote.

Le miARN 159c est-il impliqué dans la résistance des plantes au stress hydrique via la régulation du rhizomicrobiote ?

(Co) auteur(s) : Virginie DABURON⁽¹⁾, Harriet Middleton⁽¹⁾, Abdelhak El Amrani⁽¹⁾, Cécile Monard⁽¹⁾

Merci de souligner le nom de l'auteur principal et d'indiquer son adresse e-mail
virginie.daburon@univ-rennes.fr

⁽¹⁾ ECOBIO UMR 6553 CNRS Université Rennes
263 Avenue du Général Leclerc, CS 74205
35042 RENNES CEDEX

Mots-clés : *miARN 159c, miPEP, stress abiotique, rhizomicrobiote*

Résumé :

Les plantes, en tant qu'holobiontes, ont la capacité de s'adapter aux changements environnementaux en mobilisant leur microbiote. Cette adaptation pourrait être liée à une nouvelle voie de communication entre les plantes et leur rhizomicrobiote faisant intervenir des miARNs, dont l'expression est elle-même régulée par des micropeptides (miPEPs). Nous avons récemment montré que les miARN des plantes régulent la diversité et l'activité du rhizomicrobiote. Parmi ces miARNs, la famille des miARN 159 joue un rôle crucial dans la croissance et le développement des plantes, ainsi que dans leur réponse aux stress biotique et abiotique. Nous avons montré que le miARN 159c de la plante est présent de manière stable dans la rhizosphère mais son rôle reste inconnu dans ce compartiment. Nous faisons ainsi l'hypothèse que le miARN 159c est impliqué dans la résistance au stress hydrique des plantes via la régulation de leur rhizomicrobiote. Différentes expérimentations *in vitro* et *in planta* ont été réalisées, et nous avons montré que i) l'expression du miARN 159c est induite dans la rhizosphère suite à l'application du miPEP correspondant, ii) un traitement miPEP de plantes induit un changement de structure du rhizomicrobiote et une modification de l'expression des gènes chez une bactérie modèle et iii) en condition de stress hydrique, des plantes traitées au miPEP présentent une meilleure résistance.

L'ensemble de ces données nous invite à explorer les mécanismes mis en jeu pour améliorer la résistance des plantes à un stress abiotique, avec l'utilisation du couple miPEPs/ miARNs en passant par des changements de la composition et de l'activité du rhizomicrobiote.

Détournement de la boucle microARN–microPEP des plantes hôtes par les microorganismes pathogènes pour favoriser l'infection

Emmanuel Clostres⁽¹⁾, Christophe Penno^(1,2), Abdelhak El-Amrani⁽¹⁾, Virginie Daburon⁽¹⁾, Kévin Ga-zengel⁽³⁾, Cécile Monard^{#(1)} and Stéphanie Daval^{#(3)}

cecile.monard@univ-rennes.fr stephanie.daval@inrae.fr

⁽¹⁾ Univ Rennes, CNRS, ECOBIO - UMR 6553, 35000, Rennes, France

⁽²⁾ APC Microbiome Ireland, University College Cork, Cork, Ireland

⁽³⁾ IGEPP, INRAE, Institut Agro, Univ Rennes, Le Rhei 35653, France.

Mots-clés : Ribo-seq; *Plasmodiophora brassicae*; *Brassica napus*; bioinformatique

Résumé :

Les microARN (miARN) sont de petits ARN non codants contrôlant l'expression des gènes qu'ils ciblent. Leurs rôles chez les plantes varient de la régulation des processus de développement à la réponse aux stress abiotiques et biotiques. Par ailleurs, les transcrits des microARNs codent pour des micropeptides (miPEPs) qui stimulent la production de leurs miARNs correspondants. Dans les interactions hôtes-pathogènes, chaque partenaire développe des stratégies sophistiquées pour leurrer les mécanismes de défense et de contre-défense de l'un et de l'autre. Dans ce contexte de course à l'armement, nous faisons l'hypothèse que les microorganismes pathogènes de plantes ont la capacité de produire des miPEPs similaires à ceux de leur hôte afin de détourner son système immunitaire. Ces miPEPs que nous avons nommés 'pathoPEP', agissent sur la plante en contrôlant spécifiquement l'expression de miARNs et des gènes ciblés par ces miARNs. Pour vérifier cette hypothèse, nous avons mené une analyse bioinformatique à partir de données de RNA-seq du pathosystème *Brassica napus* – *Plasmodiophora brassicae* complétée par une analyse Ribo-seq réalisée sur ce même modèle. Notre étude a montré un lien robuste entre le niveau d'infection de *B. napus* et l'expression à la fois des pathoPEPs et des gènes de miARN végétaux ciblés par ceux-ci, l'expression de ces deux derniers étant inversement corrélée. L'analyse Ribo-seq a validé la réalité de l'expression et de traduction de ces pathoPEPs. Trois pathoPEPs ont été identifiés et prédits comme régulant les miR156, miR158, and miR172. Certains gènes prédits comme cibles de ces miARN eux-mêmes régulés par les trois pathoPEPs ont des niveaux d'expression (RNA-seq) et de traduction (Ribo-seq) différents entre deux conditions d'infection, forte ou faible. Ces gènes ciblés, impliqués dans la voie de l'auxine, la défense immunitaire, l'architecture racinaire ou le métabolisme des glucides, sont supposés permettre à *P. brassicae*, via ses pathoPEPs, de détourner les voies métaboliques de la plante (voies hormonales, synthèse des sucres, morphologie racinaire), facilitant ainsi sa progression invasive. Pour la première fois, cette étude propose l'implication de miPEPs de microorganismes pathogènes dans le détournement des voies de régulation post-transcriptionnelle des plantes hôtes, apportant de nouvelles connaissances dans les interactions hôtes-pathogènes.

Roles of salicylates in the regulation of poplar microbiome colonization: from defence signalling molecule to carbon source

Aurélie DEVEAU⁽¹⁾, Marceau LEVASSEUR^(1,2), Félix FRACCHIA⁽¹⁾, Chloé KAMMERER⁽¹⁾, Vincent CARRÉ⁽²⁾, Dale PELLETIER⁽³⁾, Nancy ENGLE⁽³⁾, Timothy TSCHAPLINSKI⁽³⁾, Claire VENEAULT-FOURREY⁽¹⁾

aurelie.deveau@inrae.fr

⁽¹⁾ Université de Lorraine, INRAE, IAM, F-54000 Nancy, France ; ⁽²⁾ Université de Lorraine, Laboratoire de Chimie Physique – Approche Multi-Échelles des Milieux Complexes, 57070 Metz, France ; Biosciences Division, Oak Ridge National Laboratory, Oak Ridge, USA

Mots-clés : Poplar ; Microbiome ; Salicylates

Résumé : The initial assembly of the tree microbiota from root to shoot, and its link to root exudates and tissue metabolites, is not fully understood. Poplar serves as a model for studying these processes, as it can be clonally propagated in sterile conditions and genetically modified. Using a mesocosm device in which sterile poplar cuttings can be cultivated on sterile gamma irradiated or microbially colonized soils, we demonstrated by combining metabarcoding and confocal microscopy approaches that root microbial colonisation exhibited a dynamic response, initially involving saprophytic microorganisms and later transitioning to endophytes and symbionts^(1,2). We further characterised how fungal and bacterial communities are altering root exudates as well as root and shoot metabolomes by gas chromatography-mass spectrometry. Microbial colonisation triggered rapid and substantial alterations in both the composition and quantity of root exudates, with over 70 metabolites exclusively identified in remarkably high abundances in the absence of microorganisms, including defence compounds of the salicylate family. Those later were strongly depleted in the root's exudates in the presence of microorganisms, suggesting the rewiring of root metabolism and/or a metabolization by the microorganisms. On this basis, we hypothesized that salicylates play a role in structuring of the colonization of poplar roots by microorganisms and that some saprophytic microorganisms which are early colonizers of the rhizosphere could metabolize salicylates and by doing so allow the growth of sensitive late comers. To test this hypothesis, we measured the sensitivity of a collection of bacteria and of fungi isolated from the rhizosphere of poplars and we tested their ability to metabolize salicylates. Results indicate that these abilities differ depending on compounds and microbial strains suggesting that different salicylates play distinct roles in shaping poplar microbial communities.

Bibliographie :

- 1 - Fracchia, F., Guinet, F., Engle, N.L. et al. Microbial colonisation rewrites the composition and content of poplar root exudates, root and shoot metabolomes. *Microbiome* 2024, 12, 173.
- 2 - Fracchia, F., Mangeot-Peter, L., Jacquot, L., Martin, F., Veneault-Fourrey, C., Deveau, A. Colonization of Naive Roots from *Populus tremula* × *alba* Involves Successive Waves of Fungi and Bacteria with Different Trophic Abilities. *Applied and Environmental Microbiology*, 2021, 87 (6).

Description des cellules eucaryotes et procaryotes du liquide cœlomique chez l'holothurie *Holothuria forskali*, un singulier holobionte marin

(Co) auteur(s) : Fanny GAILLARD⁽¹⁾, Pierrick FUMEL⁽²⁾, Hélène LAGUERRE⁽²⁾, Patrick LE CHEVALIER⁽²⁾

(Co) auteur(s) : ⁽¹⁾CNRS, EMR 6076 rue de l'Université Quimper ; ⁽²⁾UBO, EMR 6076 rue de l'Université Quimper

fanny.gaillard@cnrs.fr

Mots-clés : *liquide cœlomique, Holothuria forskali, bactériote*

Résumé :

Les holothuries ou concombres de mer habitent les fonds marins du monde entier (Brusca et Brusca, 2005). Outre leur rôle environnemental et leur importance économique comme aliments, les holothuries suscitent l'intérêt scientifique en raison de leur biologie encore peu caractérisée et notamment leur liquide intérieur, qui baigne les organes. Ce liquide cœlomique abrite les cellules immunitaires de l'hôte ainsi qu'un microbiote.

Nous avons décrit dans un premier temps les différents types de cœlomocytes dans le liquide cœlomique, par des approches de microscopie et cytométrie en flux. Les principaux types cellulaires sont au nombre de cinq : les sphérulocytes (dont des types amoéboïdes), les cellules de type morula, les cellules fusiformes, les phagocytes et les cellules de type lymphoïde.

Dans un second temps, nous avons inventorié par une approche de métagénomique ciblée (métabarcoding 16S) la composante bactérienne du microbiote. En termes d'abondance relative, le phylum des *Pseudomonadota* occupe plus de 50 % de la niche, 15 % pour les *Bacteroidota*, 10% pour les *Actinomycetota* et 10% pour les *Bacillota*. Au sein de chaque phylum, la biodiversité de ce bactériote varie en fonction des paramètres environnementaux, mais aussi en fonction de l'état physiologique de l'hôte (Laguerre, 2021).

Cet ensemble de résultats illustre la théorie de l'hologéome, qui considère l'hôte et les micro-organismes associés (microbiote) comme un super-organisme appelé holobionte, au sein duquel les relations symbiotiques mutuelles assurent une résilience accrue face aux fluctuations environnementales (Guerrero et al., 2013, Rosenberg et Zilber-Rosenberg, 2018). L'ensemble de ce « bactériote » résidentiel composé de genres bactériens marins ubiquistes doit vraisemblablement jouer un rôle essentiel dans l'homéostasie de cet holobionte.

Nos axes de recherche actuels visent à comprendre la manière dont interagissent, au sein du liquide cœlomique, les cellules eucaryotes de l'hôte - impliquées dans l'immunité – et ces bactéries, visiblement impliquées dans l'homéostasie de leur hôte.

Brusca R., Brusca G. (2005), Invertebrados, (2da edición), McGraw Hill, Interamericana de España, S. A.

Laguerre H. (2021) Microbiote des Echinodermes: spécificité et plasticité des microbiotes chez *Holothuria forskali* (Echinodermata, Holothuroidea). Thèse de doctorat. Brest.

Rosenberg, E., and Zilber-Rosenberg, I. (2018). The hologenome concept of evolution after 10 years. *Microbiome* 6.

Guerrero R, Margulies L, Berlanga M. (2013). Symbiogenesis: the holobiont as a unit of evolution. *International Microbiology* 16: 133–143.

Impact de l'éco-exposome sur les juvéniles de poissons des récifs artificiels portuaires : approche holistique « une seule santé »

Le Dourin, Louis¹ ; Doaa Sabouni Yacho³ ; Aubert, Dominique¹; Sotin, Christine¹ ; Henry, Manuel^{1,2}; Charrière, Bruno^{1,2}; Raviglione, Delphine^{3,4} ; Kotarba, Jules^{3,4} ; Kunesch, Stephane¹; Desmalades, Martin^{1,2} ; Lucchini, Nicolas^{1,2}; Saragoni, Gilles^{1,2}; Lenfant, Philippe^{1,2} ; Marie-Virginie Salvia³ ; Bonnard, Isabelle^{3,4} ; Palacios, Carmen¹

1: Centre de Formation et de Recherche sur les Environnements Méditerranéens, Université de Perpignan Via Domitia (UPVD), UMR 5110 CNRS INEE INSU

2: Plateau technique plateforme CREM, Université de Perpignan Via Domitia, Perpignan Cedex 9, France

3: PSL Research University: EPHE-UPVD-CNRS, UAR 3278 CRIODE, Laboratoire d'Excellence CORAIL, Université de Perpignan Via Domitia, 58 Avenue Paul Alduy, 66 860 Perpignan Cedex, France

4: Plateau technique MSXM, plateforme Bio2Mar, Université de Perpignan Via Domitia, Perpignan Cedex 9, France

Mots-clés : nurseries artificiels; poissons côtiers; sciences omiques; polluants organiques et inorganiques

Résumé :

Les ports ont fait l'objet de travaux de restauration écologique pour compenser le déclin des ressources halieutiques. Les récifs artificiels installés à cette fin dans des nombreux ports français sont utilisés comme nurseries par les poissons côtiers, recrutés au stade larvaire dans les zones littorales et ne migrant vers le large qu'une fois adultes. Plusieurs études ont évalué l'efficacité des récifs sur la base d'indicateurs mesurés au niveau de l'individu (croissance et condition) et de la population (abondance). Ainsi, le recrutement des poissons est près de cinq fois plus élevé dans les récifs artificiels portuaires que dans les zones naturelles voisines, confirmant la contribution positive de la restauration effectuée.

Cependant, on sait que la qualité de l'eau portuaires est fortement perturbée par des polluants chimiques et biologiques libérés par les activités portuaires et les eaux de ruissellement.

Dans ce contexte, les parties prenantes, en particulier celles en charge de ces infrastructures, souhaiteraient évaluer l'impact de l'éco-exposome sur les juvéniles des poissons portuaires. L'éco-exposome étant les polluants auxquels les organismes sont soumis tout au long de leur développement. Pour répondre à cette demande sociétale, une approche holistique et interdisciplinaire, dans un contexte « Une Seule Santé », est nécessaire.

Cette présentation portera sur le travail effectué pour approfondir sur cette question chez l'espèce de poisson côtier *Diplodus vulgaris* dans deux zones d'étude, contrastées écologiquement, se situent dans le port de Port-Vendres (Pyrénées-Orientales) et dans une nurserie naturelle proche. Les captures ont été effectuées par plongée à différents stades de développement sur deux années. Les analyses du métabolome par métabolomique non ciblée et du microbiote par métabarcoding du gène 16S rRNA ont été réalisées. Un comptage des gènes liés à la résistance à la pollution a également été réalisé par PCR digitale. Les données issues de ces méthodologies seront mises en relation avec les données de l'éco-exposome, issues de l'étude de l'ADN environnemental (metabarcoding et gènes liés aux résistances) et l'analyse des polluants mesurés en continu par des échantillonneurs passifs (inorganiques) ou ponctuels (organiques) présents dans la colonne d'eau.

Les résultats montrent que les juvéniles de la zone portuaire présentent des profils métaboliques et microbiens différents des poissons de la zone naturelle en milieu et fin de développement. Le métabolisme des plusieurs acides aminés ainsi que d'autres molécules pas encore identifiées, était sous-exprimé dans la zone portuaire. Le microbiote associé aux poissons portuaires se différencie de ceux de la zone naturelle, à la fin du développement, sans pour autant présenter des différences significatives en termes de quantité de gènes de résistance aux polluants, quelque soit la zone, bien qu'une tendance à la diminution de la résistance a été observé les deux années. Ce résultat est en contradiction avec d'une présence significativement plus importante des métaux dans les organes des poissons portuaires en fin de développement.

Par rapport au éco-exosome portuaire, une différence dans la structure des communautés microbiennes des eaux entre les zones a été observée beaucoup plus remarquable lors d'un échantillonnage lors des pluies intenses. Cette pluie à en plus modifié la diversité et les fonctions étudiées. Concernant les concentrations en polluants, les éléments traces métalliques étaient significativement plus importantes dans le port. La présence de polluants émergents (caféine et théophylline), a pu être observée dans les deux zones mais à une plus forte concentration dans le port. D'autres polluants (pesticides et produits pharmaceutiques) ont pu être observés dans le port uniquement lors d'un échantillonnage pendant une pluie intense.

Les résultats obtenus jusqu'à présent sont prometteurs en termes des méthodologies employées et de leur capacité à nous informer sur le métabolisme et le microbiote des poissons et de l'exosome auquel ils sont soumis pendant leur développement dans les récifs artificiels portuaires. Ils montrent que la pollution du port pourrait influencer le microbiote et perturber certaines fonctions physiologiques essentielles, avec des réponses parfois contradictoires. Des études complémentaires vont se poursuivre afin de mieux comprendre l'impact de l'éco-exosome portuaire sur la santé de ces poissons. Par ailleurs, ces études pourraient *in fine* permettre d'identifier des biomarqueurs biologiques et biochimiques de réponse et d'adaptation physiologique des poissons portuaires, qui s'ajouteraient aux indicateurs actuellement utilisés et cités précédemment, pour évaluer l'efficacité des restaurations écologiques.

Detection and spread of carbapenemase genes in marine food webs: a model using *Ruditapes philippinarum*

Sauvann PAULINO⁽¹⁾, Fabien AUJOULAT⁽²⁾, Clément LE GOC⁽³⁾, Victor SIMON⁽³⁾, Solen LOZACH⁽³⁾, Manon BOUVIER⁽³⁾, Gwenaëlle LE BLAY⁽¹⁾, Stefaniya HANTOVA⁽²⁾, Patricia LICZNAR-FAJARDO⁽⁴⁾, Dominique HERVIO HEATH⁽³⁾

⁽¹⁾Univ Brest, CNRS, IRD, Ifremer, LEMAR, IUEM, F-29280 Plouzané, France

⁽²⁾HSM, University of Montpellier, CNRS, IRD, 34090 Montpellier, France

⁽³⁾IFREMER, Univ Brest, CNRS, IRD, LEMAR, IUEM, F-29280 Plouzané, France

⁽⁴⁾HSM, University of Montpellier, CNRS, IRD, CHU Montpellier, 34090 Montpellier, France

Sauvann Paulino : sauvann.paulino@univ-brest.fr

Antimicrobial resistance (AMR) has emerged as one of the most pressing global public health challenges of the 21st century. Over the past decades, the widespread and often inappropriate use of antibiotics—both in human medicine and veterinary practice—has significantly accelerated the development of resistant bacterial strains (Talebi Bezmin Abadi *et al.*, 2019). If current trends continue unchecked, it is estimated that by 2050, up to 10 million deaths annually could be attributed to infections caused by antibiotic-resistant bacteria (O'Neill *et al.*, 2016). This looming crisis underscores the urgent need for a coordinated, multidisciplinary response that recognizes the deep interconnections between human, animal, and environmental health. The "One Health" approach, now widely endorsed by major health organizations and scholars alike, advocates for integrated strategies encompassing rational antibiotic use, enhanced microbial surveillance, and sustainable ecosystem management (Aguirre *et al.*, 2019). Among the various forms of antimicrobial resistance, resistance to carbapenems is particularly alarming. Carbapenems are considered last-resort antibiotics due to their broad-spectrum activity against both Gram-positive and Gram-negative bacterial pathogens, including those resistant to other major classes of antibiotics (Aurilio *et al.*, 2022). A major mechanism conferring this resistance is the production of carbapenemases—a subclass of β -lactamases primarily found in Gram-negative bacteria—that confers resistance by hydrolyzing most β -lactam antibiotics, including carbapenems (Sawa *et al.*, 2020). These enzymes are encoded by various genes, often located on mobile genetic elements such as plasmids, accelerating the spread of resistance across clinical, animal and environmental settings (Mills and Lee, 2019). This resistance is predominantly found in *Enterobacteriaceae*, with carbapenem-resistant strains distributed on a global scale (Ma *et al.*, 2023). The identification of *Escherichia coli* B28, isolated from an urban river in Montpellier and carrying the IncX3 plasmid pTsB26 harboring the *bla*_{NDM-5} gene, highlights the ability of such resistance determinants to persist in natural environments (Hammer-Dedet *et al.*, 2022).

Building on this observation, the present study investigates the presence and potential trophic transfer of carbapenem resistance in coastal marine environments, a compartment still largely understudied despite its potential role as a reservoir for antibiotic resistance genes. To assess the risk of dissemination through the marine food web, we first isolated bacteria from the digestive microbiota of a clam to test their ability to receive the IncX3 plasmid pTsB26 harboring

the *bla*_{NDM-5} gene previously described. A transconjugant isolate of *Rahnella aquatilis* carrying this plasmid has been selected for the further *in vivo* tests. We then conducted controlled bathing experiments using *Ruditapes philippinarum* (Manila clams). The bathing experiments aimed to determine (1) whether the transconjugant *R. aquatilis* could be detected in the clam microbiota after exposure, and (2) whether the carbapenem resistance determinant could be horizontally transferred to native bacterial populations within the clam's digestive gland. Preliminary qPCR analyses targeting both the resistance gene and the plasmid confirmed the absence of *bla*_{NDM-5} in wild clams prior to the experiment. Following two independent bathing trials, the *R. aquatilis* transconjugant was successfully recovered from the clam microbiota, indicating its persistence post-exposure. In addition, several other isolates showed evidence of potential resistance acquisition. MALDI-TOF mass spectrometry identification revealed a broader-than-expected taxonomic spectrum of putative recipients, including not only *Gammaproteobacteria* such as *Shewanella* spp., but also *Actinomycetota* like *Microbacterium* spp. These preliminary findings suggest that horizontal gene transfer of carbapenemase resistance genes may occur across diverse bacterial taxa within marine bivalve microbiota. As a next step, clams will be used as vectors in trophic transfer experiments involving the digestive microbiota of seabream (*Sparus aurata*), to further investigate the dissemination dynamics of carbapenem resistance along the marine food web.

This highlights the relevance of trophic interfaces in the dissemination of critical resistance genes and underscores the need to incorporate marine ecosystems into integrated One Health AMR surveillance strategies.

Le microbiote édaphique impacte la bioactivité de rhizobactéries promotrices de la croissance de plantes (PGPR)

Martin QUIÉVREUX ^(1,2,3), Caroline DE CLERCK ⁽¹⁾, Philippe JACQUES ⁽²⁾,
Pierre DELAPLACE ^(1,*) & Sébastien MASSART ^(3,*)

Contact : martin.quievreux@uliege.be

* Ces auteurs ont contribué de manière équivalente.

⁽¹⁾ Plant Sciences axis, TERRA Research Centre, Gembloux Agro-Bio Tech, Université de Liège

⁽²⁾ Microbial Technologies axis, TERRA Research Centre, Gembloux Agro-Bio Tech, Université de Liège

⁽³⁾ Sustainable Management of Bio-Aggressors axis, TERRA Research Centre, Gembloux Agro-Bio Tech, Université de Liège

Adresse postale : Gembloux Agro-Bio Tech, université de Liège

Passage des Déportés 2
5030 Gembloux - Belgique

Mots-clés : interaction plante-microorganismes, PGPR, *Bacillus velezensis*, microbiote édaphique, biostimulation

Résumé :

Les rhizobactéries promotrices de croissance des plantes (Plant Growth Promoting Rhizobacteria, PGPR) constituent une solution prometteuse pour renforcer la résilience et la durabilité des agrosystèmes. Ces bactéries stimulent la croissance végétale en colonisant la rhizosphère et peuvent également améliorer la tolérance des plantes aux stress biotiques et abiotiques. Malgré la commercialisation de plusieurs souches, leur efficacité reste souvent peu reproductible sur le terrain. Parmi les facteurs explicatifs, l'interaction avec les communautés microbiennes du sol (microbiote) demeure peu explorée, bien qu'elle soit déterminante pour l'implantation, la survie et l'activité des PGPR.

Notre étude vise à mieux comprendre les interactions entre plusieurs microbiotes édaphiques et une souche de *Bacillus velezensis*, ainsi que leurs impacts sur la bioactivité de cette bactérie sur la physiologie du froment de printemps. Une première expérimentation a été menée dans des mini-écosystèmes, en conditions gnotobiotiques et non-gnotobiotiques. Des graines de différentes variétés de froment ont été inoculées avec des souches de *B. velezensis*, puis semées sur des sols agricoles, stérilisés ou non. Après deux semaines de croissance, les plants ont été récoltés afin de mesurer leur biomasse et d'analyser l'architecture de leur système racinaire. Les résultats ont montré i) qu'en conditions gnotobiotiques, certaines souches favorisent la croissance des plantes, et ii) que cette promotion est atténuée en présence du microbiote natif. Ces données ont permis d'identifier une combinaison variété-souche pertinente pour les expérimentations suivantes.

En parallèle, treize sites agricoles ont été sélectionnés sur la base de la physico-chimie de leurs sols et de leur historique agronomique, afin de représenter la diversité des agrosystèmes wallons. Leurs microbiotes ont été isolés et caractérisés sur les plans taxonomique

(communautés bactériennes et fongiques) et fonctionnel (Community Level Physiological Profiling, CLPP).

Suivant le même protocole expérimental, le potentiel de promotion de croissance d'une souche de *B. velezensis* a été évalué sur une variété de froment avec ces treize sols, en comparant des échantillons stériles (effet physico-chimique) et non stériles (effet microbiologique). La biomasse et l'architecture racinaire des plantules ont été analysées, et des échantillons de sols ont été prélevés en début et en fin d'essai.

Les résultats de l'ensemble de ces essais, ainsi que la caractérisation taxonomique et fonctionnelle des communautés microbiennes, seront présentés à l'audience. Enfin, un aperçu de notre approche intégrée et des dispositifs expérimentaux prévus pour obtenir des informations mécanistiques sera également partagé.

Interactions fongo-bactériennes induites par les HAPs dans les anthrosols des surfaces de la ville de Lyon le long d'un gradient de typologies urbaines

Co-auteurs : **Guillaume Schwob⁽¹⁾**, Wessam Galia⁽¹⁾, Baptiste Luton⁽¹⁾, Sihem Guesmi⁽¹⁾, Veronica Rodriguez-Nava^(1,2), Delphine Mounié⁽¹⁾, Laurence Fraissinet-Tachet⁽¹⁾, Emmanuelle Bergeron⁽¹⁾, Emmanuelle Danty-Berger⁽¹⁾, Benoit Cournoyer⁽¹⁾

Co-auteurs : ⁽¹⁾*Université Claude Bernard Lyon 1, UMR Ecologie Microbienne, CNRS 5557, INRAE 1418, VetAgro Sup, 1 Av. du Bourgelat, 69280 Marcy L'Etoile, France*, ⁽²⁾*Laboratoire de Biologie Médicale de Référence des Nocardioses, Institut des Agents Infectieux, Hôpital de la Croix-Rousse, Hospices Civils de Lyon, Lyon, France*

Mots-clés : Microbiome urbain, Anthrosols, Hydrocarbures aromatiques polycycliques (HAPs), Interactions fongo-bactériennes, Risque sanitaire en milieu urbain.

Résumé :

Les anthrosols urbains qui s'accumulent sur les surfaces de voirie constituent des réservoirs persistants de polluants environnementaux ainsi que des assemblages microbiens complexes, incluant des bactéries pathogènes. Cependant, les mécanismes écologiques régissant la dynamique de ces organisations en condition de pollution restent méconnus. Cette étude vise à évaluer l'influence des communautés fongiques sur les microbiomes bactériens et l'occurrence de formes pathogènes, en lien avec la contamination par les hydrocarbures aromatiques polycycliques (HAP) ainsi que d'autres facteurs environnementaux généraux, tels que la température, le pH, les teneurs en carbone, azote et phosphore et les éléments traces métalliques (ETM). Nous avons émis l'hypothèse qu'un gradient croissant de pollution par les HAP favoriserait l'émergence d'associations fongo-bactériennes spécialisées, stimulant des synergies inter-règnes, notamment celles impliquées dans la dégradation des hydrocarbures dont certains acteurs pourraient être des formes pathogènes en raison de leurs aptitudes à produire des surfactants et alcane mono-oxygénases.

Des anthrosols ont été échantillonnés sur trois saisons dans trois morphotypes urbains contrastés de la métropole de Lyon (France). Une approche intégrative combinant PCR quantitative, traçage des sources microbiennes, séquençage par amplicon (gènes ARNr 16S et ITS) et analyses chimiques a été mise en œuvre. Les résultats mettent en évidence la pollution par les HAP comme un facteur déterminant majeur des microbiomes des anthrosols, affectant à la fois leur composition taxonomique et les processus d'assemblage écologique. Le long du gradient de pollution aux HAPs, les communautés bactériennes et fongiques ont montré une divergence accrue, reflétant un filtrage environnemental plus marqué chez les bactéries et une accentuation de la dérive écologique chez les champignons. L'analyse des réseaux de co-occurrence inter-règnes ont révélé une cohésion fongo-bactérienne renforcée et une robustesse

structurelle accrue en condition de forte pollution par les HAPs, malgré une complexité topologique globalement réduite. Sous forte pollution, ces réseaux étaient dominés par des modules synergiques enrichis en groupes fonctionnels bactériens associés à la pathogénicité et la dégradation des hydrocarbures, en interaction étroite avec des champignons lichénisés, saprotrophes coprophiles ou épiphytes. Bien que la diversité globale des pathogènes bactériens ait diminué, certains HAPs ont modulé la dynamique de taxons spécifiques tels que *Acinetobacter* et *Nocardia*, également corrélés à des indicateurs de contamination fécale, suggérant un scénario de co-contamination spatio-temporelle dans les anthrosols urbains.

Ces résultats soulignent le rôle central des interactions microbiennes médiées par la pollution dans le maintien de réservoirs pathogènes en milieu urbain, et appellent à une intégration plus systématique de l'écologie microbienne inter-règnes dans les démarches d'évaluations des risques sanitaires et environnementaux en milieux urbains.

Dynamique et trajectoire évolutive des communautés microbiennes synthétiques d'*Arabidopsis thaliana* sous contraintes environnementales

A. Vajou¹, P. Duran¹, R. Duflos¹, M. Papin¹, C. Fuertes¹, B. Mayjonade¹, F. Roux¹, F. Vailleau¹

¹ Laboratoire des Interactions Plantes-Microbes-Environnement, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement, CNRS, Université de Toulouse, Castanet-Tolosan, France

Contact : antoine.vajou@inrae.fr

Mots-clés : Evolution expérimentale, Dynamiques des communautés synthétiques, *Arabidopsis thaliana*, microbiote foliaire

Résumé :

Les communautés microbiennes associées aux plantes sont soumises à de multiples contraintes environnementales qui façonnent leur stabilité. Comprendre comment la diversité phylogénétique initiale influence la convergence évolutive et la dynamique de ces communautés constitue un enjeu majeur pour l'écologie microbienne. Ce projet valorise une collection de 916 bactéries natives (Pseudomonadota, Actinomycetota, Bacteriodota, Bacillota) isolées de 152 populations naturelles d'*Arabidopsis thaliana* de la région Occitanie pour constituer les communautés synthétiques (syncoms). Par une approche d'évolution expérimentale, nous cherchons à évaluer la stabilité et les trajectoires évolutives des syncoms soumises à des contraintes environnementales répétées. Trois types de syncoms de 30 souches ont été constitués, partageant un microbiote commun de 20 espèces (différentes) mais différent par la composition des 10 souches restantes (espèce unique, espèces différentes ou choix aléatoire). Nous avons mis en place un dispositif expérimental combinant six conditions contrastées, incluant différentes températures (20°C, 28°C, 37°C) de manière stable ou par alternance (changement toutes les 12 ou 24h) ainsi qu'un stress chimique (variations de pH) en présence de jus d'*A.thaliana*. Quinze syncoms sont cultivées par condition et transférées sur dix cycles de 24h. Cette approche représente plus de 5400 échantillons, suivis par séquençage d'amplicons *gyrB*, au cours du temps et des environnements. Nous testons trois hypothèses : (i) malgré leur composition initiale, les communautés évoluent de façon convergente dans un même environnement et à plus haut niveau de taxonomie ; (ii) certaines conditions favorisent la perte ou la divergence de certains taxa ; et (iii) la diversité génétique fonctionnelle initiale prédit la stabilité compositionnelle : les associations sont privilégiées entre les souches complémentaires dans leur production de métabolites. Ce dispositif original explore l'influence de la complexité initiale, des pressions environnementales et de la dérive génétique sur l'évolution des syncoms via des analyses de métagénomique et de statistiques multivariées des cycles successifs.

Disentangling plant genotype and soil effects on the functional potential of rhizosphere microbiota

(Co) auteur(s) : Liya ZHU⁽¹⁾, Amélie SEMBLAT⁽¹⁾, Julie AUBERT⁽²⁾, Céline LOPEZ-ROQUES⁽³⁾, Oliver RUE⁽⁴⁾, Philippe LEMANCEAU⁽¹⁾, Samuel MONDY⁽¹⁾, Valentin LOUX⁽⁴⁾, Sylvie MAZURIER⁽¹⁾, Barbara PIVATO⁽¹⁾
Email: Liya_Zhu@etu.u-bourgogne.fr

(Co) auteur(s) : ⁽¹⁾Agroécologie, INRAE, Institut Agro, Université Bourgogne Europe, F-21000 Dijon, France ; ⁽²⁾Université Paris-Saclay, AgroParisTech, INRAE, UMR MIA Paris-Saclay, 91120, Palaiseau, France ; ⁽³⁾INRAE, GeT-PlaGe, Genotoul, 31326 Castanet-Tolosan, France; ⁽⁴⁾Université Paris-Saclay, INRAE, BioinfOmics, MIGALE bioinformatics facility, 78350, Jouy-en-Josas, France.

Mots-clés : plant genotypes, core functional microbiota, iron nutrition, metagenomics, whole genome sequence.

Résumé :

Plant rhizosphere microbiota plays a crucial role in supporting plant adaptation to environmental conditions and promoting plants growth by mobilizing nutrients. To better understand these benefits, scientific attention has increasingly focused on identifying the plant core microbiome, defined as the smallest, stable, and heritable subset of microbial communities that preserves key functional roles.

Traditionally, the "core microbiota" has been defined by its taxonomic composition. However, this taxonomic identity is highly influenced by environmental variables, such as soil type, making it difficult to identify universally beneficial microbial members. To overcome these limitations, the concept of the "core functional microbiota" [1] has been introduced, shifting the focus from taxonomy to functions. This framework prioritizes the identification of microbial subsets harbouring functional genes consistently expressed across various macroenvironments and that contribute significantly to plant nutrition and growth. Despite this promising conceptual shift, the functional traits of these core functional microbiota, as well as their interaction with host plants remain poorly understood, with limited experimental data to support their roles.

Given this background, we hypothesize that (1) plant genotypes with high genetic diversity differentially shape the functional gene repertoire of their rhizosphere microbiota; and (2) specific microbial traits, such as those related to iron mobilization, are modulated by plant x soil interactions.

To evaluate these hypotheses, we conducted two complementary experiments. First, using a non-targeted metagenomic approach, we studied the rhizosphere microbiota of seven *Medicago truncatula* genotypes, representing five genetic classes from a core collection of 184 accessions

[2], grown in a Mediterranean soil where *Medicago* spp. was naturally endemic. We analysed both taxonomic composition and functional gene profiles to assess the influence of host genotype. Second, employing a targeted functional approach, we focused on microbial communities involved in iron mobilization. Two contrasting *Pisum sativum* genotypes (iron chlorosis-sensitive and -tolerant) and one *Triticum aestivum* genotype were grown in three distinct soil types. From their root systems, 38 representative strains involved in iron-related processes were isolated, and subjected to whole-genome sequencing to characterize their biosynthetic gene cluster (BGC) profiles and functional gene content.

A total of 76,264 genes were identified as shared core genes across the rhizosphere microbiota of all the seven *M. truncatula* genotypes. In contrast, 8,244 gene exhibited differential abundances across theses genotypes. This analysis revealed two major genotype clusters, each associated with distinct sets of functional genes. Among these differentially abundant genes, 7,936 genes showed higher counts in Group 1, while 273 genes were more abundant in Group 2. Functional annotation indicated that Group 1 was enriched in genes associated with inorganic ion transport and metabolism, including TonB-dependent receptors and iron transport systems, whereas Group 2 showed enrichment in genes related to amino acid transport and metabolism. In the second experiment, whole genomic sequencing of the 38 iron-related strains revealed that both soil type and plant genotype significantly shaped microbial functional profiles. A total of 51 putative secondary metabolite BGCs were identified, with their composition and relative abundance significantly influenced by plant × soil interactions. Notably, *Pseudomonas* spp. were consistently detected across all plant–soil combinations, suggesting their role as a core functional taxon, whereas *Enterobacter* spp. were selectively enriched in specific combinations, indicating context-dependent recruitment and functional plasticity in microbial community assembly..

Together, these findings enhance our understanding of how host plant genotype and soil environment co-shape the functional potential of rhizosphere microbiota, particularly regarding nutrient-related traits such as iron mobilization. If these microbial functions are confirmed to benefit plant nutrition or health, they could be considered as targets for microbiome-informed breeding approaches aimed at promoting the recruitment of beneficial microbial communities.

[1] Lemanceau P, Blouin M, Muller D, Moënne-Locoz Y (2017) Let the core microbiota be functional. Trends in Plant Science 22, 7: 583-595. doi: 10.1016/j.tplants.2017.04.008.

[2] Ronfort J, Bataillon T, Santoni S, Delalande M, David JL, Prosperi JM (2006) Microsatellite diversity and broad scale geographic structure in a model legume: building a set of nested core collection for studying naturally occurring variation in *Medicago truncatula*. Bmc Plant Biology 6, 28. doi: 10.1186/1471-2229-6-28.

Session 5 : Microbiote, Anthropocène et changement climatique

Core resistome des biofilms marins en zones portuaires multi-contaminées

Elisa CATÃO (1), Simon THOLLET (1), Sandrine BESSETTE (1), Chloé PAZART (2), Karine LEMARCHAND (2), Alina TUNIN-LEY (3), Jean TURQUET (3), Gaël LE PENNEC (4), Jean-François BRIAND (1)

Contact : elisa.catao@univ-tln.fr

(1) MAPIEM, Université de Toulon, Toulon, France ; (2) Institut des Sciences de la MER de Rimouski – 310 allée des Ursulines, CP 3300, Rimouski (Québec) G5L 3A1, Canada ; (3) Centre technique d'appui à la pêche réunionnaise (CAP RUN - CITEB) [France] – Île de la Réunion, France, La Réunion ; (4) Laboratoire de Biotechnologie et Chimie Marines (LBCM) - EA 3384, Lorient – Université de Bretagne Sud [UBS] : EA3884 – France

Mots-clés : Biofilms marins, resistome, métagénomique, zones côtières, pollution anthropique

Résumé :

Les perturbations causées par les pollutions sur la biodiversité marine constituent un enjeu majeur. Face à cette problématique, des approches moléculaires peuvent être utilisés pour la surveillance environnementale des écosystèmes côtiers et ainsi, anticiper l'impact de la pollution via l'étude des gènes de résistance microbiens. Les biofilms marins, composés de microorganismes venant de la colonne d'eau, sont ainsi proposés comme intégrateurs des variations potentielles de cet écosystème. Leur étude permet de comprendre l'effet des polluants sur la communauté microbienne dans l'eau et bioaccumulés dans le biofilm.

Pour étudier ces communautés de micro-organismes, procaryotes ou eucaryotes, adhérés à une surface et entourés par leurs substances polymériques extracellulaires, des plaques de PVC ont été immergés, à 1m de profondeur pendant un mois. L'immersion a eu lieu dans cinq sites portuaires (dans le cadre du projet PAINTS) avec des caractéristiques physico-chimiques, biologiques et sociétales contrastées à savoir : les rades de Sept-îles (Québec, Canada), Rimouski (Québec, Canada), de Lorient (France), l'île de La Réunion (France) et Adelaïde (Australia). Les paramètres physico-chimiques de qualité de l'eau et la concentration en éléments traces métalliques ont été corrélés aux profils taxonomiques procaryotes et fonctionnels des communautés de biofilms. Pour cela, l'ADN extrait des 15 biofilms (5 sites en triplicats) a été utilisé pour le séquençage de bibliothèques de métagénomes (~100 millions de séquences par échantillon) ayant l'objectif d'investiguer l'hypothèse que les communautés microbiennes auront des réponses spécifiques aux conditions de chaque port étudié, malgré leur similarité liée au même support (PVC) et au contexte portuaire.

Les résultats des analyses en métagénomique *shotgun* montrent, tout d'abord, une composition taxonomique significativement différente entre les sites étudiés, cependant avec des groupes majoritaires souvent décrits dans les biofilms marins. Les trois familles les plus abondantes étaient *Alteromonadaceae* (Sept-Iles : $56.4 \pm 5.09\%$), *Flavobacteriaceae* (Adélaïde, Lorient, La Réunion : $\sim 38.3 \pm 11.9\%$) et *Rhizobiaceae* (Rimouski : $38.1 \pm 13.8\%$).

Pour investiguer la réponse à la pollution, une affiliation génétique des gènes de résistance à des métaux (MRG) et à des antibiotiques (ARG) a été réalisé avec Diamond via les bases de données BacMet et SARG, respectivement. Quelques MRGs et ARGs présents se sont montrés spécifiques à chaque site, cependant, la plupart des contigs ($>70\%$) ont présenté une affiliation commune. Les MRGs les plus présents ont été identifiés pour la réponse au peroxyde d'hydrogène (*sodB*), une résistance multiple avec le gène *vcaM* et à la résistance à l'arsenic (*arsB*). Pour ce dernier, aucune corrélation avec les faibles concentrations d'arsénique dans l'eau des cinq sites n'a pu être établie. Etant donné le manque d'information sur les antibiotiques potentiellement présents dans les eaux étudiés, l'étude des ARGs se veut une source d'information des réponses à un plus large spectre de biocides dans les communautés de biofilm, notamment grâce aux connaissances de cross-résistance entre les deux groupes de gènes de résistance. Cependant, et même si un très faible nombre de contigs semble posséder des ARGs, les 5 sites ont indiqué une forte abondance de *novA*, gènes de résistance à la novobiocine. Elle pourrait être à la fois liée à une utilisation d'antibiotiques ciblant l'ADN gyrase, ou une résistance intrinsèque à la majorité des gram négatifs (dont les familles les plus abondantes dans les biofilms).

En étudiant les cinq zones côtières qui possèdent des caractéristiques physico-chimiques distinctes et des degrés de contamination métallique spécifiques, nous avons pu identifier une *core* communauté de la réponse aux métaux dans les biofilms, bien qu'il n'ait pas été possible de définir une signature génétique unique propre à chaque profil de contamination métallique, hypothèse qui reste à confirmer.

La prochaine étape sera d'investiguer l'abondance et la diversité du resistome sur les génomes reconstruits à partir des métagénomes (*metagenome assembled genomes* ; MAGs). La construction de MAGs se fera avec CONCOCT, suivi d'une vérification manuelle sur Anvi'o, pour augmenter la résolution phylogénétique des analyses et pour essayer de comprendre d'avantage les mécanismes de résistance présents dans les environnements côtier et portuaire. Ensuite, l'investigation des groupes taxonomiques qui portent ces MRGs et ARGs chez les biofilms marins pourra aider à la compréhension des taxa résistants, et les réservoirs du resistome spécifiquement dans l'environnement marin et ceci dans le contexte des études en OneHealth.

Adaptation membranaire a la température chez les bactéroidota

Eve HELLEQUIN, Sylvie COLLIN, Marina SEDER-COLOMINA, Paulina RYSZ,

Pierre VÉQUAUD, Christelle ANQUETIL, Arnaud HUGUET

sylvie.collin@sorbonne-universite.fr

Sorbonne Université, CNRS, EPHE, PSL, UMR METIS Milieux Environnementaux, Transferts et Interactions dans les hydrosystèmes et les Sols, F-75005 Paris, France

Les microorganismes sont capables d'ajuster la composition lipidique de leurs membranes en réponse aux conditions environnementales, avec comme conséquence le maintien du fonctionnement membranaire. Globalement cette adaptation implique des variations du degré d'insaturation des acides gras des phospholipides, des variations de longueur de chaîne carbonée, du degré de cyclisation des lipides et des modifications de la position de groupements méthyle sur les chaînes de certains acides gras. Si ces modifications structurelles sont conservées dans les paléoenvironnements jusqu'à aujourd'hui, elles peuvent être exploitées en paléoclimatologie pour reconstruire les conditions environnementales du climat passé auquel les microorganismes étaient soumis lorsqu'ils étaient vivants. Ces reconstructions utilisent l'élaboration de proxies basés sur ces molécules fossiles. A l'heure actuelle, seul un type de lipide bactérien, les tétraéthers de glycérol ramifiés, peut être utilisé dans l'élaboration d'un proxy continental de température ou de pH, dans les sols et dans les milieux aquatiques. Les microorganismes sources sont cependant mal identifiés, ce qui ne permet pas d'avoir une vision claire de la physiologie microbienne qui sous-tend cette réponse et des facteurs environnementaux qui la contraignent.

Une autre famille de lipides bactériens est actuellement évaluée pour la construction de proxies organiques de température et de pH. Basés sur les acides gras 3-hydroxylés, qui sont essentiellement présents dans le lipopolysaccharide des bactéries Gram négatif, plusieurs ratios ont été proposés pour la reconstruction de la température moyenne de l'air en milieu terrestre. Pour mieux comprendre quels facteurs jouent sur les variations des proxies, une étude de l'effet température a été entreprise à l'échelle de souches environnementales isolées. La comparaison de trois *Bacteroidota* indique que ces espèces bactériennes partagent un mécanisme commun d'adaptation à la température, même si tous les acides gras ne varient pas de manière identique entre souche. Ces données suggèrent une grande diversité de réponses qui reste à explorer dans la diversité bactérienne des sols.

Mots-clés : température, proxy, acide gras 3-hydroxylé, membrane

Expérience en écotron : le changement climatique modifie la diversité fongique de la rhizosphère

Roxane Dhommée^{1,2}, Jennifer Michel¹, Vincent Leemans², Pierre Delaplace², Benjamin Dumont¹, Xavier Fettweis¹, Roxane Bruhwyl¹, Bernard Longdoz², Abdoul Razack Sare¹, Hervé Vanderschuren¹, Cécile Thonar³, Fatima Zahra-Maghnia¹, Sébastien Massart^{1*}, Caroline De Clerck^{1*}.

¹: AgricultureIsLife-TERRA, Gembloux Agro-Bio Tech, ULiege,

²: EnvironmentIsLife-TERRA, Gembloux Agro-Bio Tech, ULiege.

³ : Agroecology lab, Université Libre de Bruxelles.

* : ces auteurs ont contribué de manière égale aux recherches

Contact : roxane.dhommee@uliege.be, caroline.declerck@uliege.be

Mots-clés : changements globaux ; transition des agrosystèmes ; rotation des cultures ; communauté microbienne édaphique ; écotron.

Résumé :

Dans les grandes cultures, la communauté microbienne édaphique, comprenant des organismes tels que les *Plant Growth-Promoting Rhizobacteria* (PGPR) et les champignons, dont les mycorhizes, joue un rôle fondamental dans le développement des plantes. En effet, certains microorganismes du sol sont capables de conférer une résistance accrue aux stress abiotiques, d'améliorer la nutrition des plantes ainsi que la biodisponibilité des nutriments essentiels, et de protéger les cultures contre divers bioagresseurs. Cependant, malgré leur importance reconnue, leur évolution lors de la transition des agrosystèmes dans un contexte de changement climatique reste encore mal documentée, notamment en ce qui concerne l'impact de ce dernier sur la biodiversité microbienne et la résilience des sols.

Dans ce contexte, une expérience a été menée dans un écotron composé de chambres de culture à climat contrôlé au sein du TERRA-Ecotron¹ (chaque chambre est équipée d'un lysimètre de 3m³ de sol agricole), avec des plantations de blé d'hiver (*Triticum aestivum* L.), sur une durée de 9 mois. Les lysimètres ont été soumis à des simulations climatiques continues, prenant pour base les projections climatiques du Groupe d'experts intergouvernemental sur l'évolution du climat (GIEC) pour la Belgique. Deux conditions climatiques ont été comparées : un climat actuel, basé sur les données de l'année 2015, et un climat futur projeté pour l'horizon 2094.

L'analyse de la diversité du sol de la rhizosphère et de la rhizoplane des procaryotes a été réalisée en ciblant le gène codant pour l'ARNr 16S (région V3-V4), tandis que la diversité fongique a été évaluée en séquençant la région ITS1. Des prélèvements ont été effectués à la fin de l'expérimentation (= récolte) pour chaque condition climatique. L'indice de dissimilarité de Bray-Curtis et les analyses de type PCoA (Analyse en Composantes Principales) ont révélé qu'il n'y avait pas de différence significative entre les communautés procaryotes des sols sous les deux conditions climatiques. En revanche, une différence statistiquement significative (p-value < 0,001) a été observée pour la diversité fongique, avec une variation notable entre le climat actuel et futur dans les sols des lysimètres. En effet, un enrichissement en taxa tels que *Sordariomycetes*, *Sordariales*, *Pezizales*, *Agaricales* et *Eurotiomycetes*, ainsi qu'une diminution des *Hypocreales*,

Sordariales, Mortierellomycetes, Capnodiales, Eurotiales, Pleosporales, Thelebolales, Helotiales et *Chaetothyriales* ont été constatés pour le climat 2094. Ces changements de certains taxa entre les chambres soumises au climat de 2015 et celles où un climat de 2094 est simulé, pourrait refléter des changements de niches écologiques spécifiques. Ces résultats suggèrent qu'un changement significatif dans les communautés fongiques pourrait survenir dans les agrosystèmes en réponse au changement climatique et influer sur la résistance du blé au stress abiotique ou encore l'absorption des nutriments essentiels à la plante. Il sera donc crucial de mieux comprendre ces évolutions pour anticiper les défis auxquels seront confrontées les pratiques agricoles futures dans un contexte de changements globaux. Une meilleure caractérisation de ces communautés microbiennes pourrait contribuer à une gestion plus durable des sols agricoles face aux évolutions climatiques attendues.

¹ : Le TERRA-Ecotrons est une composante de la Cellule d'Appui à la Recherche et à l'Enseignement « *EnvironnementIsLife* ». https://www.terra.uliege.be/cms/c_4082747/en/terra-ecotron?id=c_4082747

Étude de la dynamique des communautés microbiennes planctoniques portuaires par cytométrie en flux à imagerie : vers des indicateurs de qualité environnementale

Clara DIGNAN⁽¹⁾, Anaëlle GENEVE⁽¹⁾, Dominique JAMET⁽¹⁾, Gerald GREGORI⁽¹⁾, Benjamin MISSON⁽¹⁾

clara.dignan@univ-tln.fr

⁽¹⁾Université de Toulon, Aix Marseille Univ, CNRS, IRD, MIO, Toulon, France

⁽²⁾Aix Marseille Univ, Université de Toulon, CNRS, IRD, MIO, Marseille, France

Mots-clés : milieu marin, pressions anthropiques, cytométrie en flux, bioindication

Résumé :

Dans les zones portuaires, les communautés microbiennes planctoniques sont exposées à des apports récurrents en nutriments, matière organique et contaminants d'origine anthropiques. Ces perturbations affectent différemment les composantes de la boucle microbienne : les enrichissements nutritifs stimulent les productions autotrophes et hétérotrophes tandis que les contaminants chimiques toxiques peuvent affecter sélectivement certains groupes, notamment phytoplanctoniques. Mieux comprendre la spécificité de ces réponses est essentiel pour développer des outils de bioindication basés sur les réponses du microbiote planctonique.

Dans ce contexte, nous explorons le potentiel de la cytométrie en flux à imagerie pour caractériser finement la structure de la boucle microbienne planctonique et identifier des indicateurs microbiens sensibles et spécifiques à diverses perturbations environnementales. Cette technologie combine analyse cellulaire multiparamétrique et capture d'images en temps réel (jusqu'à 5000 images/s), offrant un compromis puissant entre quantification et description morphologique. Les images sont traitées avec le logiciel ParticuleTrieur, permettant l'extraction de descripteurs morphométriques (forme, taille, texture) et une classification automatisée par réseaux de neurones convolutifs (CNN). Cette approche permet d'identifier des groupes taxonomiques avec une résolution supérieure à celle permise par les cytomètres analyseurs classiques, avec une fréquence d'analyse élevée.

Une campagne d'échantillonnage d'un an est en cours, couvrant plusieurs échelles spatio-temporelles afin de maximiser les contrastes environnementaux et de suivre différents processus pouvant faire varier la qualité écologique du milieu. La structure des communautés microbiennes incluant les procaryotes hétérotrophes, le phytoplancton et leurs prédateurs (ciliés et flagellés) est analysée par cytométrie en flux à imagerie. En parallèle, des analyses physiques et chimiques sont réalisées pour expliquer la variabilité du microbiote planctonique observée.

Les échantillons collectés permettront d'alimenter une base de données d'images riche et représentative, et d'améliorer les modèles de classification automatisés. À ce jour, la base de données constituée permet d'atteindre une précision de prédiction de 85,9 %, confirmant la robustesse croissante de l'approche. Une trentaine de groupes taxonomiques distincts ont été identifiés, du phylum jusqu'à l'espèce. Parmi les taxons recensés figurent des dinoflagellés, des diatomées, des chlorophytes, des cyanobactéries, ainsi que divers autres protistes tels que des ciliés et des silicoflagellés. Les premiers résultats révèlent une structuration nette des communautés selon la localisation. Le calcul de biovolumes à partir des images permettra d'estimer la biomasse relative de ces groupes. La corrélation entre ces données biologiques et les variables physico-chimiques associées permettra d'identifier les premiers indicateurs microbiens pertinents pour le suivi de la qualité des eaux portuaires.

Comment l'eutrophisation façonne les communautés microbiennes des lacs péri-urbains : retour sur le projet COM2LIFE

Sébastien DUPERRON¹, Julie LELOUP², Ludwig JARDILLIER³, Marc TROUSSELLIER⁴, Didier JEZEQUEL⁵, Sébastien HALARY¹ et les participants de COM2LIFE

Sebastien.duperron@mnhn.fr

¹Muséum National d'Histoire Naturelle, UMR 7245 CNRS-MNHN, Molécules de Communication et Adaptation des Microorganismes (MCAM), Paris, France

²Institut d'Écologie et des Sciences de l'Environnement de Paris (iEES-Paris), Sorbonne Université, UMR 7618 CNRS-INRA-IRD-Univ. Paris Cité- UPEC, Paris, France

³Marine Biodiversity, Exploitation & Conservation (MARBEC), Univ. Montpellier-CNRS-Ifremer-IRD, Montpellier, France

⁴Université Paris-Saclay, CNRS, AgroParisTech, Unité d'Écologie Systématique et Évolution (ESE), Gif-sur-Yvette, France

⁵Institut de Physique du Globe de Paris, UMR 7154, Univ. Paris Cité-CNRS, Paris, France

L'eutrophisation des lacs péri-urbains, un phénomène naturel mais amplifié par l'activité humaine, soulève des enjeux de santé globale (« One Health ») en raison de l'interdépendance entre la santé des écosystèmes, des animaux et des humains. Le projet COM2LIFE explore l'effet de l'eutrophisation sur les communautés microbiennes présentes dans les lacs d'Île-de-France, la région la plus peuplée du pays. Il examine la diversité taxonomique et fonctionnelle des microorganismes des trois domaines du vivant (archées, bactéries, eucaryotes) et virus dans l'eau, le sédiment et les poissons de lacs présentant différents degrés d'eutrophisation. Deux hypothèses sont testées : (H1) à travers leur impact sur l'eutrophisation, les pressions anthropiques influencent indirectement la diversité microbienne, et (H2) la composition et la structure des communautés microbiennes varient dans l'espace et le temps, mais leurs fonctions métaboliques sont conservées en raison de l'existence d'une importante redondance fonctionnelle entre taxons et compartiments.

Pour cela, un suivi de la composition des communautés microbiennes a été réalisé durant 18 mois sur 9 lacs le long d'un gradient allant de lacs oligotrophes à des lacs fortement eutrophisés, souvent sujets aux efflorescences de phytoplancton. L'analyse s'est appuyée sur le séquençage de gènes marqueurs et du (méta)génome de microorganismes dominants, en parallèle d'une caractérisation des paramètres physico-chimiques des lacs. En reconstruisant ces génomes, nous avons pu explorer et comparer les fonctions qu'ils permettent de réaliser, entre saisons, et entre lacs. L'analyse permet d'identifier les facteurs clés gouvernant la dynamique des communautés microbiennes et de leurs fonctions à l'échelle de la région.

Les premiers résultats obtenus montrent que le statut trophique influence fortement la composition des communautés procaryotes et eucaryotes présentes dans l'eau. Son effet est moindre mais significatif sur les fonctions assurées par les procaryotes. Dans les lacs les plus eutrophes, cette composition semble dériver dans le temps, suggérant une instabilité des communautés à cette échelle temporelle. L'influence des variations de statut trophique est bien plus importante que celle des variations saisonnières, ce qui n'était pas forcément attendu

compte tenu des fortes similarités physico-chimiques et de la proximité géographique entre les 9 lacs comparés, et souligne que chaque lac a sa propre dynamique. Dans ces lacs, les deux espèces de poissons analysées présentent des microbiotes d'autant plus altérés que le statut trophique est eutrophe, et l'espèce invasive semble mieux résister que la native.

Des travaux sont encore en cours, portant notamment sur les virus. Les résultats montrent que le Grand Paris constitue un « laboratoire naturel » pertinent pour tester des hypothèses sur l'écologie des lacs péri-urbains, puisqu'il abrite plus de 240 lacs répartis sur une zone géographique restreinte, partageant de grandes similarités en termes de contexte géologique, de superficie, et de profondeur, mais aussi des différences importantes de statut trophique.

Mots-clés : Paris, bactéries, virus, microbiote, poissons, eucaryotes

Réponses fonctionnelles et acquisition de tolérance de communautés périphytiques à un mélange de substances pharmaceutiques

Darnika SELVESWARAN⁽¹⁾, Cécile MIÈGE⁽¹⁾, Thomas CHAPUIS⁽¹⁾, Amandine DAVAL⁽¹⁾,
Laura KERGOAT⁽¹⁾, Bernard MOTTE⁽¹⁾, Christophe ROSY⁽¹⁾, Vincent TARDY⁽¹⁾, Bernadette VOLAT⁽¹⁾, Stéphane PESCE⁽¹⁾

⁽¹⁾INRAE, UR RiverLy, Lyon-Villeurbanne, France.

stephane.pesce@inrae.fr

Mots-clés :

Ecotoxicologie microbienne ; Pollution induced community tolerance (PICT) ; Antibiotiques ; Photosynthèse ; Activités enzymatiques

Résumé :

Les communautés microbiennes constituant des biofilms périphytiques jouent un rôle clé dans les cours d'eau en contribuant notamment à la production primaire et au recyclage des nutriments. Dans ces écosystèmes, elles peuvent être impactées par la pollution chimique, notamment par des substances pharmaceutiques comme la sulfaméthazine, l'ofloxacin (antibiotiques) et le diclofénac (anti-inflammatoire non stéroïdiens), fréquemment détectées dans les eaux. Ces substances peuvent ainsi présenter des effets écotoxicologiques sur les biofilms périphytiques, même à faibles concentrations. Cependant, ces effets restent méconnus, en particulier lorsque ces substances se trouvent sous forme de mélanges.

Cette étude en microcosmes visait à évaluer les effets individuels et combinés de ces trois substances sur des biofilms périphytiques, en ciblant des concentrations environnementales : 18 nM (soit 5 à 6,5 µg/L) pour les substances individuelles, et 6 nM ou 18 nM pour chacune des trois substances dans les mélanges.

Les effets sur les paramètres fonctionnels mesurés (photosynthèse et activités β-glucosidase, phosphatase et leucine amino-peptidase) sont relativement limités. En revanche, l'approche PICT (Pollution-Induced Community Tolerance) met en évidence l'existence de phénomène de co-tolérance négative (l'exposition chronique à l'ofloxacin a accru la sensibilité des communautés hétérotrophes à la sulfaméthazine) ou positive (l'exposition chronique à l'ofloxacin a accru la tolérance des communautés phototrophes au diclofénac). L'acquisition de tolérance des communautés hétérotrophes à la sulfaméthazine et des communautés phototrophes au diclofénac est également plus marquée lorsqu'elles sont exposées chroniquement au mélange à fortes concentrations (18 nM), suggérant respectivement un effet synergique et un effet additif. Ces résultats soulignent la complexité des interactions entre polluants et l'importance d'étudier leurs effets combinés pour mieux comprendre leur impact sur les écosystèmes aquatiques. Ils seront complétés par des approches de metabarcoding ciblant respectivement le gène *rbcL* et le gène codant l'ARN_{16S} afin d'explorer les liens entre la diversité microbienne et les niveaux de tolérance mesurés.

Le projet EMERG : exposome microbien et risque sanitaire — intérêt d'une gestion « une seule santé » des enjeux liés aux grippes zoonotiques

Ana Luzia LACERDA¹; Cristiana CRAVO-LAUREAU²; Mathieu PAOLETTI¹; Baptiste DEFAYE³; Gaëlle GONZALEZ⁴; Clément BIGEARD⁴; Julien POUBLAN³; Denis MALVY³;
Laurence DELHAES³; Hélène AGOGUE¹.

Contact : ana.de_figueiredo_lacerda@univ-lr.fr

⁽¹⁾ Littoral Environnement et Sociétés (LIENSs), CNRS, La Rochelle Université, La Rochelle ; ⁽²⁾ Université de Pau et des Pays de l'Adour, CNRS, IPREM, Pau ; ⁽³⁾ Centre Hospitalier Universitaire (CHU), Inserm, Université de Bordeaux, Bordeaux ; ⁽⁴⁾ Laboratoire de santé animale - ANSES, UMR Virologie Anses, INRAE, ENVA, Maisons-Alfort.

Mots-clés : Exposome microbien ; Zoonoses ; Grippe aviaire ; Virus du Nil occidental

Résumé : Dans le cadre des Programmes Scientifiques de Grande Ambition Régionale – Maladies Infectieuses Émergentes (PSGAR-MIE), le projet EMERG a pour objectif de caractériser l'exposome microbien des zones côtières de Nouvelle-Aquitaine. Il s'intéresse à la diversité et à la dynamique des communautés bactériennes, archéennes, fongiques et micro-eucaryotes, en lien avec l'émergence de virus tels que la grippe aviaire et le virus du Nil Occidental (West Nile virus, WNV). Depuis mars 2025, des campagnes d'échantillonnage sont menées sur six sites représentatifs : Yves, La Palmyre, Audenge, Moliets, Chizé et le Service National d'Observation SOMLIT à La Rochelle. Les prélèvements sont effectués dans trois compartiments - eau, sédiment et air - selon un protocole saisonnier sur 18 mois. L'analyse des communautés microbiennes repose sur des approches de métabarcoding à haut débit ciblant des marqueurs génétiques spécifiques (16S, 18S, ITS2). Ces données seront intégrées à des paramètres environnementaux mesurés *in situ* (température, pH, salinité, oxygène dissous, nutriments) ainsi qu'à des variables météorologiques (vents, précipitations, marée), afin d'identifier les conditions susceptibles de favoriser la persistance de ces virus. Une attention particulière est portée à la comparaison entre sites à faible probabilité d'infection et zones touchées par des épisodes viraux confirmés, pour détecter des signatures microbiennes et abiotiques caractéristiques des contextes d'épidémie. L'ensemble des données sera analysé à l'aide d'outils biostatistiques et de modélisation des réseaux écologiques. Ce travail vise à identifier des bioindicateurs fiables pouvant être intégrés aux dispositifs de surveillance environnementale, dans une perspective anticipative face aux risques sanitaires. EMERG s'inscrit dans une démarche intégrative et interdisciplinaire fondée sur le concept 'One Health'.

Evaluation de la dynamique de la résistance bactérienne aux antibiotiques dans un petit bassin versant rural en Ardèche.

Jean M.F. Martins^{1*}, Lorenzo Spadini¹, Armelle Crouzet¹, Thibault Meyer², Agnès Richaume², Guillaume Nord¹, Cédric Legout¹, Céline Duwig¹, M.C. Morel^{1,3}, L. Oxarango¹, Abigail Delort², Pauline Defour², Sabine Favre-Bonté², Elia Laroche¹, et Sylvie Nazaret²

1 Univ. Grenoble Alpes, CNRS, G-INP, IRD, IGE, F-38000 Grenoble, France

2 Univ. Lyon 1, CNRS, INRAE, LEM UMR 5557, Lyon, France

3 Conservatoire national des Arts et Métiers, Equipe analyse chimique et bioanalyse, Paris, France

*correspondance : jean.martins@univ-grenoble-alpes.fr

Mots-clés : *Dissémination, antibiorésistance bactérienne, bassin versant, eaux de surfaces, sols, hydrologie.*

Résumé :

La présence généralisée de produits pharmaceutiques, en particulier les antibiotiques, conduit à la sélection d'espèces bactériennes résistantes aux antibiotiques (BRA) favorisant ainsi la dissémination de gènes de résistance aux antibiotiques (GRA) dans différents compartiments des écosystèmes. En milieu rural, l'occupation des sols et les pratiques agricoles participent au relargage d'antibiotiques et d'autres co-sélecteurs de résistance (biocides, métaux,...) et de microorganismes ou de leurs gènes vers les sols et les eaux de surface.

Les objectifs de ce travail conduit dans le cadre du projet BactResist (Agence de l'Eau RMC) sont : i) d'évaluer la prévalence de GRA dans les sols et eaux de surface d'un bassin versant rural (Claduègne, 43 km²) sujet à divers types d'activités mixtes (élevage, agriculture, tourisme, villages et petite ville avec hôpital) et de contaminations potentielles associées (diffuses et ponctuelles) et ii) de déterminer les sources et les pressions de sélection contrôlant la dynamique spatio-temporelle de ces gènes. Les résultats obtenus autant dans les eaux que les sols montrent la présence systématique de gènes de résistance dans tous les sites suivis, avec des concentrations variables selon les sites et les marqueurs analysés. Ainsi, certains marqueurs comme les gènes *sul* sont détectés dans tous les sites du bassin versant, alors que *bla_{CTX-M}*, le plus à risque d'un point de vue clinique, n'est jamais détecté. Nous observons que les eaux de surface sont nettement marquées par les rejets domestiques (sites d'élevage et sites en aval de la station d'épuration, du camping et de l'hôpital de Villeneuve de Berg) notamment en période de basses eaux. La détection de GRA est ainsi très souvent liée à des concentrations géochimiques élevées (ions majeurs, éléments traces conduisant à une conductivité électrique élevée...), elles-mêmes spécifiques de certains sites et activités, notamment d'élevage (porcin, caprin, bovin, ...), de camping, de traitement d'eaux usées domestiques ou hospitalières.

En conclusion, au niveau spatial (bassin versant), les sols et les eaux sont différemment contaminés, probablement en lien avec la distribution et l'influence différentielles des sources de GRA. Au niveau temporel, les sources et l'exutoire de la Claduègne apparaissent variablement contaminés sans doute du fait de la saisonnalité des activités humaines comme les activités agricoles ou l'activité touristique sur le bassin versant.

Impact de l'irrigation par effluents combinée à une application foliaire de streptomycine et d'oxytétracycline sur le réservoir de gènes de résistance aux antibiotiques chez la tomate cultivée en serre

(Co) auteur(s) : Daniel MARTAK^{(1)*}, Jeffrey T. Lejeune⁽²⁾, Apolline Roux⁽¹⁾, Edward Topp^(1,3)

* daniel.martak@inrae.fr

(Co) auteur(s) :

(1) INRAE, UMR Agroécologie, Université de Bourgogne-Europe, 21065, Dijon, France.

(2) Agrifood Systems and Food Safety Division (ESF), Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), 00153 Rome, Italy

(3) Department of Biology, University of Western Ontario, London, ON Canada N6A 3K7

Mots-clés : réutilisation, effluents, antibiorésistance, antibiotiques.

Résumé :

Dans un contexte de changement climatique marqué par l'aridification croissante de nombreuses régions, le recours à l'irrigation par effluents d'eaux usées traitées apparaît comme une solution alternative prometteuse pour maintenir la production agricole. Cependant, cette pratique soulève des préoccupations quant à l'introduction de contaminants chimiques et de bactéries résistantes aux antibiotiques dans les agroécosystèmes, augmentant le risque d'exposition humaine via les aliments. L'irrigation avec des effluents pourrait également enrichir le sol et la surface des cultures en gènes de résistance aux antibiotiques (ARG), favorisant potentiellement leur transfert horizontal. Par ailleurs, dans de nombreux pays, les maladies bactériennes des cultures sont couramment gérées par l'application foliaire d'antibiotiques tels que la streptomycine ou l'oxytétracycline.

Cette étude visait à évaluer si la combinaison d'une irrigation par effluents et d'un traitement foliaire aux antibiotiques influence de manière synergique la charge en ARGs dans le sol et sur les tomates, par rapport à chacun des traitements appliqués isolément.

Des plants de tomate ont été cultivés en serre sous quatre conditions (n = 8 par groupe) : eau propre (contrôle), effluents de station d'épuration, eau propre + antibiotiques, et effluents + antibiotiques. Les effluents, collectés deux fois par semaine, ont été analysés pour leur concentration en *Escherichia coli* totaux et en *E. coli* producteurs de β -lactamases à spectre étendu (BLSE). Les traitements antibiotiques étaient appliqués hebdomadairement par pulvérisation foliaire. À maturité, les fruits et les sols ont été prélevés et analysés pour détecter la présence d'entérobactéries, d'entérobactéries productrices de BLSE et de *Clostridioides difficile*. L'ADN extrait des sols (kit Qiagen PowerSoil Pro) a été soumis à une quantification par qPCR haut débit ciblant 248 gènes marqueurs de résistance.

Aucune des tomates analysées n'a révélé la présence des bactéries ciblées. En revanche, les sols irrigués par effluents étaient positifs pour *E. coli*, *E. coli* BLSE et *C. difficile*, tandis que les sols recevant uniquement de l'eau, avec ou sans antibiotiques, étaient négatifs. L'analyse de l'abondance des gènes de résistance a montré un impact bien plus marqué des effluents que des

antibiotiques seuls. Comparée à la condition contrôle, l'irrigation par effluents a entraîné une augmentation significative de l'abondance de 92 gènes, contre 29 pour la combinaison effluents + antibiotiques, et seulement 4 pour les antibiotiques seuls. Parmi les ARGs enrichis figuraient des marqueurs majeurs comme *intI1*, *sul1*, *vanA*, *msrE*, *ermF* et *qacEΔ1*.

L'absence de contamination des tomates peut s'expliquer par l'absence de contact direct avec les effluents et par les propriétés potentiellement hostiles de leur surface à l'adhésion bactérienne. De manière contre-intuitive, la combinaison effluents + antibiotiques a entraîné une augmentation moindre de l'abondance des gènes marqueurs que les effluents seuls. Ce phénomène pourrait s'expliquer par la durée relativement courte du traitement et par la résilience intrinsèque des communautés microbiennes du sol face aux antibiotiques.

Augmentation de la température et sélection de la résistance aux antibiotiques en environnement aquatique

Emma Bousquet¹, Sabine Favre-Bonté¹, Concepcion Sanchez-Cid¹, Thibault Meyer¹

¹Université de Lyon, Université Claude Bernard Lyon 1, UMR CNRS 5557, UMR INRAe 1418, VetAgro Sup, Ecologie Microbienne, F-69622 Villeurbanne, France

Mots clés : augmentation de la température, résistance aux antibiotiques, écosystèmes aquatiques, métagénomique, et métatranscriptomique

Résumé :

La prévention de la propagation des infections causées par des bactéries multirésistantes nécessite une approche intégrée "One Health" qui reconnaît l'interdépendance de la santé humaine, animale et environnementale. Ces écosystèmes interconnectés permettent le transfert de bactéries résistantes aux antibiotiques (BRA) et de gènes de résistance aux antibiotiques (GRA), ce qui favorise l'émergence de foyers de résistance sous l'effet de pressions sélectives partagées. Dans ce contexte, l'environnement peut être un réservoir et une source de BRA et de GRA mais il reste le comportement le moins étudié dans la dynamique de la résistance aux antimicrobiens alors qu'il est actuellement fortement sous l'influence des changements globaux, dont l'augmentation de la température, à l'échelle mondiale.

Ainsi, l'objectif de ces travaux a été de confirmer l'hypothèse qu'une augmentation réaliste de la température induit une sélection de la résistance aux antibiotiques dans les environnements aquatiques et, le cas échéant, d'identifier les mécanismes impliqués. Des microcosmes d'eau de rivière (Rhône) ont été incubés à 20°C, à 28°C (augmentation constante de la température simulant une augmentation globale de la température) et à des températures oscillantes (intervalles de 3 jours à 20°C et de 4 jours à 28°C) simulant des vagues de chaleur pendant 28 jours. Nous avons ainsi démontré qu'une température constante plus élevée et des périodes oscillantes de chaleur induisaient des changements dans la composition de la communauté bactérienne et sélectionnaient des bactéries porteuses d'ARG. En outre, des analyses métatranscriptomiques dans ces mêmes conditions ont révélé une abondance plus faible de transcrits liés à la division cellulaire, à l'activité et au métabolisme bactériens, à l'efflux d'antibiotiques et à la mobilité dans les échantillons exposés à des températures oscillantes que dans les échantillons témoins à température ambiante. Ainsi, ces travaux permettent de mieux appréhender i^o) comment l'augmentation des températures modifie la structure des communautés bactériennes et sélectionne indirectement des mécanismes de résistances aux antibiotiques et ii^o) quelles sont les réponses complexes déclenchées suite à la perception de stress thermique en environnement aquatique.

Association de *Vibrio harveyi* avec la mortalité massive de mulets dans la baie de Dakhla au sud marocain

A.Mhanni^{1,2}; K.Elmehrach²; S.Tahrouch²

⁽¹⁾ Institut National de Recherche Halieutique (INRH), 2, BD Sidi Abderrahman, Ain Diab. Code postal 20180 – Casablanca, Maroc; ⁽²⁾ Faculté des Sciences, Université Ibn Zohr d’Agadir, B.P 8106 Cité Dakhla Agadir, Maroc

Mots-clés : Baie de Dakhla , Mulets, Mortalité massive, *Vibrio harveyi*.

Résumé :

La baie de Dakhla, riche en biodiversité marine, abrite une importante population de mulets. En 2023, une mortalité massive de ces poissons a été observée, suscitant des inquiétudes sur la santé de l'écosystème. Des investigations ont été menées sur le terrain pour collecter des données et des échantillons d'eau. Les individus adultes (de 40 à 460 g) étaient particulièrement affectés, tandis que les plus petits semblaient résister, ce qui suggère une vulnérabilité accrue des mulets matures. Les paramètres environnementaux tels que la température, l'oxygène et la salinité étaient normaux, excluant une cause environnementale directe. L'observation des mulets moribonds a révélé des symptômes évocateurs d'une infection ou d'une maladie : lésions sur la peau, les branchies, les yeux et les nageoires, excès de mucus dans les branchies, et estomacs vides, traduisant des perturbations des systèmes respiratoire, digestif et immunitaire. L'isolement de bactéries pathogènes a permis d'obtenir onze isolats à partir des tissus infectés et des échantillons d'eau, en utilisant des milieux sélectifs favorisant notamment la croissance de *Vibrio*. Les colonies caractéristiques retrouvées dans tous les tissus étudiés (branchies, rein, rate) présentaient des profils identiques, laissant envisager l'implication d'une seule espèce bactérienne, possiblement *Vibrio harveyi*. Ces premiers résultats nécessitent des études complémentaires, incluant des tests de pathogénicité et des analyses génétiques, pour confirmer le rôle de cette bactérie et comprendre les mécanismes responsables de la mortalité massive. En conclusion, cette situation préoccupante met en évidence la nécessité d'adopter des mesures de prévention et de gestion pour atténuer la mortalité des mulets, en collaboration avec les autorités locales et les acteurs de la gestion des ressources marines.

Réponses couplées des compartiments above- et belowground aux feux de végétation dans les landes armoricaines

(Co) auteur(s) : Ambre Bidermann⁽¹⁾, Simon Chollet⁽¹⁾, Vincent Jung⁽¹⁾ et Cécile Monard⁽¹⁾

⁽¹⁾ Univ Rennes, CNRS, ECOBIO - UMR 6553, 35000, Rennes,
France cecile.monard@univ-rennes.fr

Mots-clés : Perturbation, communautés végétales, communautés microbiennes, propriétés édaphiques, activités enzymatiques

Résumé :

Face au changement climatique, les écosystèmes tempérés sont soumis à des feux de végétation plus fréquents et plus intenses. Ces incendies ont des conséquences visibles sur les communautés végétales, cependant, ils affectent également le microbiote du sol, perturbant son abondance et sa diversité mais aussi les fonctions qu'il supporte. Durant l'été 2022, des feux de végétation intenses ont eu lieu dans les landes du territoire de Paimpont (Bretagne) et l'objectif de cette étude est d'analyser les réponses des communautés microbiennes du sol et de la végétation ainsi que leur variabilité spatiale et temporelle après les incendies. Des relevés de végétation et des prélèvements de sols ont été réalisés durant les deux premières années suivant la perturbation et selon un plan d'échantillonnage intégrant des landes brûlées et des landes de référence non brûlées. Nous avons observé un effet immédiat du feu sur le compartiment aboveground, détruisant toute végétation visible, avec, trois mois après les incendies, une phase de recolonisation végétale intense par des bryophytes. La diversification des communautés végétales s'est ensuite ralentie jusqu'à atteindre, deux ans après la perturbation, une richesse spécifique plus importante mais des communautés différentes entre les landes brûlées et les landes de références. Dans le compartiment belowground, le feu a induit une forte diminution de l'humidité du sol ainsi que des contenus en carbone organique, azote total et NO₃⁻. Le pH, en revanche, n'a pas été affecté. Selon l'activité enzymatique microbienne mesurée, la réponse différait dans le temps, ainsi une diminution de l'activité β -1,4-Glucosidase a été observée aux trois temps d'échantillonnage (10, 16 et 21 mois suivant les incendies), alors que des diminutions significatives des activités B-1,4-acetyl-glucosaminidase et phosphatase acide n'ont été observées qu'à partir de 16 et 21 mois suivant la perturbation, respectivement. La réponse des communautés bactériennes et fongiques du sol est actuellement en cours d'analyse par metabarcoding.

Réutilisation des eaux usées pour l'irrigation des cultures : devenir de *Clostridioides difficile* et *Clostridium perfringens* dans les sols et végétaux

A. Mrozinski (alexandre.mrozinski@inrae.fr) (1) (2), D. Martak (1), P-M. Loria (1), E. Barbier (2), G. Depret (1), C. Thiour-Mauprizez (2), F. Martin-Laurent (1), C. Le Maréchal (3), E. Topp (1)

(1) INRAE, UMR 1347 Agroécologie, 17 rue Sully, 2100 Dijon ; (2) Université de Bourgogne Europe ; (3) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, Unité HQPAP, BP53, 22440 Ploufragan

Mots-clés : *Clostridioides difficile*, *Clostridium perfringens*, eaux usées, réutilisation, agriculture

Résumé :

La raréfaction croissante des ressources en eau, accentuée par le changement climatique, constitue un enjeu majeur pour l'agriculture. La multiplication des épisodes de sécheresse de plus en plus longs et sévères, compromet ainsi la production agricole nécessaire pour subvenir aux besoins alimentaires de tous. Cette menace impose une révision en profondeur des pratiques agricoles, notamment en matière d'irrigation. Dans ce contexte, la réutilisation des eaux usées traitées (REUT), issues directement des stations d'épuration, apparaît comme une solution prometteuse pour sécuriser l'approvisionnement en eau, tout en s'inscrivant dans une logique d'économie circulaire. En effet, cette ressource, disponible sur la quasi-totalité du territoire, pourrait être valorisée plutôt que rejetée directement dans le milieu naturel. Elle contribuerait ainsi à une gestion plus durable et résiliente des systèmes agricoles.

Toutefois, et malgré les bénéfices potentiels de cette pratique, des incertitudes subsistent quant à son innocuité, en particulier sur le plan microbiologique. Même après traitement, les eaux usées contiennent une charge bactérienne résiduelle incluant de nombreux microorganismes potentiellement pathogènes pour l'Homme et les animaux. De nombreuses bactéries Gram-négatives comme *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii* ou encore *Pseudomonas aeruginosa* peuvent être présentes dans ces eaux, mais aussi certaines bactéries Gram-positives sporulantes retiennent particulièrement l'attention en raison de leur pouvoir pathogène et de leur capacité de persistance dans l'environnement : *Clostridioides difficile* (anciennement *Clostridium difficile*) et *Clostridium perfringens*. Ces deux bactéries productrices de toxines sont responsables d'infections entériques et extra-intestinales chez l'Homme et l'animal. Leur particularité réside dans leur capacité à former des spores, des structures extrêmement résistantes qui leur permettent de survivre pendant de longues périodes dans des conditions environnementales défavorables, notamment dans les sols agricoles ou sur les cultures. L'irrigation avec des eaux usées traitées

pourrait ainsi favoriser la dispersion de ces spores dans l'environnement et sur les denrées alimentaires. Le risque est particulièrement préoccupant pour les produits consommés crus, comme les radis ou les roquette, qui ne subissent que très peu de transformation avant la commercialisation et la consommation.

L'objectif de cette étude est de suivre et d'évaluer la contamination de cultures maraîchères irriguées avec des eaux usées traitées naturellement contaminées par *C. difficile* et *C. perfringens*, afin d'estimer le risque potentiel associé à cette pratique émergente en France.

Dans ce but, des cultures expérimentales de radis et de roquette ont été réalisées en serre et irriguées pendant neuf semaines, soit avec des eaux usées traitées prélevées chaque semaine à la sortie d'une station d'épuration, soit avec des eaux usées traitées ayant été stockées pendant 21 jours, délai nécessaire à la diminution de la concentration de nombreux pathogènes. La présence de *C. difficile* et *C. perfringens* a été recherchée par isolement sur milieu sélectif dans chacun de ces échantillons d'eau, ainsi que dans les sols utilisés comme support de culture. Les souches isolées seront ensuite caractérisées en termes de profils de toxines (PCR) et de résistances aux antibiotiques d'intérêts (antibiogrammes). Après la récolte, les légumes ont été analysés dans le but d'isoler *C. difficile* et *C. perfringens* dans les différentes matrices (sol, plante). Les résultats préliminaires montrent une prévalence de 100 % de *C. perfringens* sur les radis arrosés avec des eaux usées. Les isolats obtenus seront ensuite caractérisés de la même manière que ceux issus des eaux. Dans l'optique d'identifier l'origine de la contamination des sols et des légumes, les génomes d'une sélection représentative d'isolats provenant des eaux, des sols et des légumes seront séquencés.

Ces résultats permettront d'apporter des éléments clés pour guider les pratiques agricoles et les réglementations autour de la REUT, dans le but de concilier durabilité des ressources et sécurité sanitaire des aliments. Ils contribueront également à enrichir la réflexion sur la place de l'économie circulaire dans la transition agroécologique.

Flux de paramètres biogéochimiques le long des gradients spatio-temporels fluviaux : indicateurs pour la surveillance des réseaux urbains

Palacios, Carmen^{1,2}; Noyer, Mégane^{1,2}; Reoyo-Prats, Brice^{1,2}; Aubert, Dominique^{1,2}; Charrière Bruno²; Sanchez-Melsió, Alexandre³; Menitti, Christophe^{1,2}; Triadó-Margarit, Xavier⁵; Cournoyer, Benoit⁴; Borrego, Carles M.^{3,6}

(14) Univ. Perpignan Via Domitia (UPVD), CEFREM, UMR5110, F-66860, Perpignan, France

(15) CNRS, CEFREM, UMR5110, F-66860 Perpignan, France

(16) Catalan Institute for Water Research (ICRA), Emili Grahit 101, E-17003, Girona, Spain

(17) UMR Ecologie Microbienne / Microbial Ecology, CNRS 5557, INRAE 1418, 69622 Villeurbanne, France

(18) Integrative Freshwater Ecology Group, Centre of Advanced Studies of Blanes-Spanish Council for Research (CEAB-CSIC), Blanes E-17300, Spain

(19) Group of Molecular Microbial Ecology, Institute of Aquatic Ecology, University of Girona, E-17003, Girona, Spain

Mots-clés : Débordement de déversoirs d'orage; exposome des eaux usées; résistance aux antibio-tiques; agents pathogènes; indicateurs biogéochimiques

Résumé :

Lors d'épisodes pluvieux, les eaux de ruissellement lessivent les surfaces urbaines et les réseaux d'assainissement les acheminent vers les stations d'épuration (STEP). Quand la quantité d'eau est trop importante, les STEP réalisent un « by-pass » des conduits menant aux débordements des déversoirs d'orage (DDO), qui permettent d'éviter que les eaux retournent dans les habitations. Cependant, cette situation provoque le déversement direct des eaux usées et pluviales dans les eaux de surface.

Une étude approfondie intégrant divers paramètres biogéochimiques nous a permis d'identifier sans ambiguïté les DDO comme responsables des concentrations les plus élevées en polluants jamais observées dans un cours d'eau côtier méditerranéen, déjà suivi autrement par les autorités. Afin de confirmer la robustesse de ces résultats, deux épisodes de fortes pluies ont été suivis 24 heures sur 24, avec un échantillonnage ciblé lors des cinq DDO pour quantifier les flux d'une large panoplie de paramètres bio-géo-chimiques. Des analyses ponctuelles le long du continuum terre-mer ont également été effectuées à différents moments de l'année.

L'analyse approfondie des flux a permis de confirmer que les CSO contribuent quantitativement plus que d'autres sources de pollution, telles que les eaux de ruissellement ou les STEP, à la propagation des pesticides, produits pharmaceutiques, nutriments, bactéries fécales, gènes de résistance aux antibiotiques (GRA, qPCR), microorganismes urbains et pathogènes (métabarcoding gène ARNr 16S). Ces observations soulignent que l'impact des DDO sur la qualité des eaux de surface est largement sous-estimé, notamment dans les régions où ils sont fréquents, comme en Méditerranée. Certains polluants et certains GRA issus de cette étude ressortent comme potentiels indicateurs biogéochimiques pouvant être intégrés à des dispositifs de détection *in situ* permettant de déterminer les DDO les plus polluants, c'est-à-dire ceux qui devraient être supprimés en priorité afin de limiter leur impact sur les écosystèmes aquatiques et la santé humaine.

Effets d'une exposition chronique au fluorure de sodium ou au tébuconazole sur les microbiotes de la truite arc-en-ciel (*Oncorhynchus mykiss*)

Marine SUCHET ⁽¹⁾, **Pauline PANNETIER** ^(1,2), **Lalie SUPLIOT** ⁽²⁾, **Morgane DANION** ⁽²⁾, **Jérôme CACHOT** ⁽¹⁾, **Laure BELLEC** ⁽¹⁾

- 1) Université Bordeaux, CNRS, Bordeaux INP, EPOC, UMR 5805, F-33600 Pessac, France
- 2) Agence Nationale de Sécurité Sanitaire de l'Alimentation, de l'Environnement et du Travail, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané, Technopôle Brest-Iroise, 29280 Plouzané, France

Première auteure : marine.suchet@u-bordeaux.fr

Mots-clés : holobionte, truite arc-en-ciel, pollution, dysbiose

Résumé pour communication orale :

La notion d'holobionte, définie comme l'ensemble constitué par l'organisme hôte et les microorganismes qui lui sont associés, s'est imposée comme une approche intégrative clé, notamment en écotoxicologie microbienne [1]. Les microbiotes jouent un rôle important dans l'absorption des nutriments, la croissance, la mise en place du système immunitaire et la résistance aux pathogènes [2]. De récentes études ont mis en évidence que des perturbations des communautés microbiennes, aussi appelées dysbioses, peuvent avoir un effet néfaste sur l'hôte, et le rendre davantage vulnérable aux pathogènes [3]. Or, ces communautés microbiennes sont sensibles à divers changements environnementaux, y compris, en ce qui concerne les organismes aquatiques, à la présence de polluants dans la colonne d'eau [4]. La truite arc-en-ciel (*Oncorhynchus mykiss*) est une espèce étudiée en écotoxicologie, mais également une des espèces de poissons les plus élevées en aquaculture à travers le monde [5]. Mieux connaître les microbiotes des poissons d'élevage, et la façon dont des polluants peuvent les impacter, est essentiel pour favoriser leur croissance et leur santé, ce qui représente un enjeu majeur pour la sécurité alimentaire, dans un contexte de déclin des stocks de poissons sauvages.

Dans ce contexte, nous avons mené une étude ayant pour objectif de caractériser les effets de l'exposition chronique au fluorure de sodium (NaF, 5 ou 17 mg/L), composé utilisé industriellement, ou au tébuconazole (Tbz, 69 µg/L), un fongicide, sur les microbiotes respiratoire (branchie), digestif (intestin moyen) et cutané (mucus de l'épiderme) de la truite arc-en-ciel. Ces trois tissus ont été sélectionnés car ils sont en contact direct et/ ou en interaction avec les polluants retrouvés dans la colonne d'eau, comme le NaF et le Tbz. Pour caractériser les effets de ces composés à des concentrations environnementales, des truites arc-en-ciel ont été exposées chroniquement, dès 6 jours post-fécondation, pendant 7 mois. Les extractions d'ADN et l'amplification de la région v3-v4 du gène codant pour l'ARNr 16S bactérien ont été effectuées pour chaque tissu cible de la truite, dans chaque condition d'exposition. Le séquençage a été réalisé avec un NextSeq2000 (Illumina) et le traitement bioinformatique grâce au pipeline FROGS

(version 5) [6]. Les analyses de diversité ont permis de caractériser les ASVs présents en termes de diversité Alpha et Bêta ainsi que la composition taxonomique des différentes communautés bactériennes. Des analyses complémentaires (DESeq2 et LEfSe) ont permis de caractériser plus finement les perturbations des microbiotes à ces deux polluants aquatiques. Les résultats préliminaires montrent que les communautés bactériennes de ce poisson dulcicole sont affectées par l'exposition chronique à ces polluants.

Bibliographie

1. Guerrero, R., L. Margulis, and M. Berlanga, *Symbiogenesis: the holobiont as a unit of evolution*. Int Microbiol, 2013. **16**(3): p. 133-43.
2. Tarnicki, A.M., et al., *Fish intestinal microbiome: diversity and symbiosis unravelled by metagenomics*. Journal of applied microbiology, 2017. **123**(1): p. 2-17.
3. Garibay-Valdez, E., et al., *Fish Microbiota Disruption by Ecotoxicology Agents: A Bioindicator of Health and Pollution*, in *Fish Species in Environmental Risk Assessment Strategies*, G.E. Liwszyc and M.L. Laramendy, Editors. 2024, Royal Society of Chemistry. p. 0.
4. Bellec, L., et al., *Glyphosate-based herbicide exposure: effects on gill microbiota of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) and the aquatic bacterial ecosystem*. FEMS Microbiology Ecology, 2022. **98**(8).
5. FAO, *The State of World Fisheries and Aquaculture 2020. Sustainability in action*. Rome., 2020.
6. Escudié, F., et al., *FROGS: Find, Rapidly, OTUs with Galaxy Solution*. Bioinformatics, 2017. **34**(8): p. 1287-1294.

Impact des microplastiques sur la biodégradation du 2,4-D dans le sol

Sacha BRIDE⁽¹⁾, Aymé SPOR⁽¹⁾, Clémence THIOUR-MAUPRIVEZ⁽¹⁾

(1) *Université Bourgogne Europe, Institut Agro, INRAE, UMR Agroécologie, Dijon, France.*

clemence.thiour-mauprivez@inrae.fr

Résumé :

Certaines pratiques agricoles conduisent à la contamination des sols par des microplastiques, produits de dégradation des plastiques utilisés notamment sous forme de paillis. Ces microplastiques se retrouvent alors au contact d'autres composés utilisés en agriculture tels que les pesticides. La plastisphère, niche nouvellement créée, est supposée être un « hotspot » d'activité microbienne. Partant de ce postulat, nous supposons, qu'en présence de microplastiques, un sol aurait un plus gros potentiel de minéralisation d'herbicides que sans microplastiques. En revanche, à partir d'une certaine dose de microplastiques, ces derniers pourraient avoir un effet délétère sur les communautés dégradantes.

Afin de tester cette hypothèse, des microcosmes de sol ont été traités avec des doses croissantes de microplastiques biosourcés et biodégradables (de 0 à 20% w/w) et avec du 2,4-D, substance active de certains herbicides à large spectre, à cinq fois la dose agronomique. La moitié de ces microcosmes ont également été inoculés avec une souche bactérienne connue pour dégrader le 2,4-D. La minéralisation du 2,4-D a été suivie par radiorespirométrie durant 20 jours et l'abondance de la communauté microbienne dégradante quantifiée par PCR quantitative au début et à la fin de l'expérience.

Les premiers résultats de cette étude montrent une biodégradation du 2,4-D diminuée en présence de fortes doses de microplastiques. De prochaines analyses permettront de déterminer plus finement la dose critique à partir de laquelle les microplastiques ont un effet délétère sur les communautés dégradantes.

A terme, les résultats permettront d'évaluer l'impact écotoxicologique des microplastiques sur les communautés bactériennes des sols et leurs capacités à réduire la contamination des sols par les pesticides.

Mots-clés : *microplastiques, herbicides, biodégradation*

Réassemblage des communautés microbiennes lors du dégel de tourbières à pergélisol : impact sur la minéralisation de la matière organique

(Co) auteur(s) : Rémi TREMOUILLE ⁽¹⁾, Maialen BARRET ⁽¹⁾, Hugo GILBERT ⁽¹⁾, Adrien SCAMACCA ⁽¹⁾, Liudmila SHIROKOVA ⁽²⁾, Marion VIVANT ⁽¹⁾, Laure GANDOIS ⁽¹⁾

⁽¹⁾ Centre de Recherche sur la Biodiversité et l'Environnement (CRBE) – CNRS, INPT, IRD, UT – Toulouse, France

⁽²⁾ Géoscience Environnement Toulouse (GET) – CNRS, CNES, IRD, UT – Toulouse, France

remi.tremouille@univ-tlse3.fr

Mots-clés : Mare thermokarstique, Microcosmes, Méthanogenèse, Gas à effet de serre, Méthane

Résumé :

Les tourbières à pergélisol représentent un important stock de carbone (415±150 Pg C). Le réchauffement climatique modifie rapidement les écosystèmes arctiques et provoque un dégel rapide des tourbières gelées. Le dégel du pergélisol augmente les incertitudes quant à la minéralisation potentielle de la matière organique (MO) stockée à long terme et l'émission de gaz à effet de serre (GES), tels que le méthane (CH₄) et le dioxyde de carbone (CO₂). La minéralisation du carbone stocké constituerait une rétroaction positive au changement climatique. Dans ces écosystèmes, les microorganismes sont largement responsables de la minéralisation de la MO. Le dégel abrupt du pergélisol se caractérise par la formation de mares thermokarstiques et l'effondrement de tourbe gelée dans ces mares. Ces phénomènes d'effondrement induisent un mélange entre deux milieux contrastés en termes de composition en matière organique dissoute (MOD), nutriments et communautés microbiennes. D'une part les mares peuvent contenir une MO labile issue de la production primaire et des communautés microbiennes dominées par les Protéobactéries et Euryarcheota pour le règne des archées. D'autres part, la composition de la tourbe gelée est fortement contrastée en fonction de sa profondeur et des cycles de gel-dégel. On observe sous la couche active de fortes concentrations en nutriments dissolus dans la glace, une diminution des ratios C:N, C:P dans le solide et des communautés microbiennes dominées par les Firmicutes et Actinobactéries.

Nous avons échantillonné un sondage de tourbe gelée, du sédiment et de l'eau de mare thermokarstique provenant d'un plateau à tourbière polygonale proche de Churchill (Manitoba, Canada). Ce site fait partie des Basses Terres de la baie d'Hudson, un des plus grands complexes de tourbières gelées du monde. Selon des résultats préliminaires et des caractéristiques géocryologiques, le sondage a été découpé en quatre sections représentant des compositions contrastées en termes de communautés microbiennes et de concentrations en nutriments dissolus (NH₄⁺, P et acides organiques). A partir de ces quatre sections nous avons reproduit, en conditions contrôlées, différents scénarios d'effondrement de tourbe gelée dans une mare

thermokarstique. Ces incubations conduites en aérobie et anaérobie permettent de suivre la composition des communautés microbiennes, la production de GES et le transfert de nutriments sur 8 mois d'incubation. L'ADN est extrait à partir de matériel solide échantillonné avant, après 3 mois et à la fin de l'incubation. La composition des communautés microbiennes est déterminée par séquençage des régions V4-V5 du gène fonctionnel 16S. Ce suivi permet de comprendre le réassemblage des communautés microbiennes lors de l'effondrement de la tourbe gelée dans une mare thermokarstique ainsi que les différents mécanismes qui l'influencent au court du temps. En reliant ces données aux suivis de production de GES et de concentration en nutriments, nous pouvons estimer l'influence respective du réassemblage des communautés microbiennes et des apports en N/P sur la minéralisation de la MO.

En condition anaérobie, l'effondrement du pergélisol dans une mare thermokarstique semble augmenter la production de CH_4 avec un effet synergique. En effet, la section la plus profonde du pergélisol a produit presque deux fois plus de CH_4 ($0,41 \pm 0,084$ mmol de CH_4) que la production combinée de la tourbe du pergélisol et du contrôle de mare ($0,21 \pm 0,025$ mmol). Ce résultat suggère un effet limitant des fonctions microbiennes de méthanogenèse sur la minéralisation de la MO en condition anaérobie, pour les sections de pergélisol riches en nutriments et Firmicutes.