

## SESSION 1: Interactions microorganismes-minéral

### La formation de minéraux carbonatés par les cyanobactéries: mécanismes et implications environnementales et géologiques

Karim Benzerara 1, Marine Blondeau, Margot Coutaud, Alexis De Wever, Géraldine Caumes, Elodie Duprat, Manuela Dezi, Isabelle Callebaut, Ferial Skouri-Panet, Céline Férard, Melanie Poinsot, Muriel Gugger, Martin Sachse

**1** : Institut de Minéralogie, Physique des Matériaux et Cosmochimie, Sorbonne Université, CNRS, UPMC, MNHN & IRD (IMPMC).

La formation de carbonates de calcium par les cyanobactéries est étudiée depuis de nombreuses années, notamment par les géologues. En effet, ce processus a contribué à l'édification de formations rocheuses abondantes et particulièrement intéressantes pour reconstruire l'histoire de la vie jusqu'il y a plusieurs milliards d'années. Il s'agit aussi d'un processus clé dans le cycle du carbone à la surface de la Terre. Pendant longtemps, il a été affirmé que ces phases minérales n'étaient qu'un produit secondaire de l'activité photosynthétique des cyanobactéries, et qu'elles étaient formées exclusivement extracellulairement. Pourtant à l'aide d'études de terrain et de souches de collection, nous avons découvert récemment une puis plusieurs espèces de cyanobactéries formant des carbonates intracellulaires (Couradeau et al., 2012 ; Benzerara et al., 2014) dans des environnements divers à travers le monde (Ragon et al., 2014). Nous avons de plus mis en évidence une étonnante capacité de ces cyanobactéries à accumuler les alcalino-terreux, calcium, strontium et baryum inclus, ouvrant des pistes possibles de bioremédiation (Cam et al., 2016). Plusieurs problèmes se posent : comment réussissent-elles à former des carbonates intracellulaires alors que le Ca est censé être à très faible concentration cytoplasmique ? S'agit-il d'une voie de biominéralisation ancestrale ou bien d'une innovation biologique plus récente ?

Dans cet exposé, nous exposerons nos dernières avancées sur les modalités d'incorporation (taux, conditions environnementales, sélectivité) des alcalino-terreux par ces cyanobactéries. Nous montrerons des observations faites en cryo-microscopie électronique sur des cryo-coupes ultrafines permettant de révéler l'ultrastructure préservée de ces cyanobactéries. Enfin, nous présenterons les premiers résultats sur l'élucidation des mécanismes moléculaires impliqués dans la biominéralisation intracellulaire et discuterons les avantages biologiques possiblement fournis par ce processus.

Benzerara K. et al. (2014) Intracellular Ca-carbonate biomineralization is widespread in cyanobacteria. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 111, 10933-10938.

Cam N et al. (2015) *In vitro* synthesis of amorphous (Mg, Ca, Sr, Ba)-CO<sub>3</sub>: what do we learn about intracellular calcification by cyanobacteria? *Geochim. Cosmochim. Acta*, 161, 36-49.

Cam N et al. (2016) Selective uptake of alkaline earth metals by cyanobacteria forming intracellular carbonates. *Env Sci Technol*, 50, 11654-11662.

Couradeau E. et al. 2012. An early-branching microbialite cyanobacterium forms intracellular carbonates. *Science*, 336, 459-462.

Li J et al. Biomineralization patterns of intracellular carbonatogenesis in cyanobacteria: Molecular hypotheses. In rev in *Minerals*

Ragon M. et al. (2014) 16 S rDNA-based analysis reveals cosmopolitan occurrence but limited diversity of two cyanobacterial lineages with contrasted patterns of intracellular carbonate mineralization. *Frontiers in Microbiology*, 5, #331.

**Biominéralisation pour le stockage électrochimique de l'énergie**

Jennyfer Miot **1\***, Boris Mirvaux **2**, Dominique Larcher **2**, Nadir Recham **2**, Jean-Marie Tarascon **3**

**1** : Institut de minéralogie, de physique des matériaux et de cosmochimie (IMPMC). Museum National d'Histoire Naturelle, Université Pierre et Marie Curie - Paris 6 : UM120, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UR206, Centre National de la Recherche Scientifique : UMR7590, Tour 23 - Barre 22-23 - 4e étage - BC 115 4 place Jussieu 75252 PARIS - France

**2** : Laboratoire réactivité et chimie des solides (LRCS). Université de Picardie Jules Verne, Centre National de la Recherche Scientifique : UMR7314, 33 Rue Saint-Leu 80039 AMIENS CEDEX 1 - France

**3** : Collège de France (CDF), 11 place Marcelin Berthelot F-75231 Paris Cedex 05 - France

\* : Auteur correspondant

Dans le contexte actuel d'une forte demande énergétique mondiale, optimiser les solutions de stockage d'énergie est une priorité. Pour cela, une étape clé consiste à réduire le coût énergétique de production des batteries. La synthèse des matériaux d'électrode de batteries Li-ion constitue l'étape la plus énergivore dans ce processus, du fait de l'utilisation de procédés à haute température. Notre approche vise à améliorer le rendement énergétique de cette étape en produisant des matériaux d'électrode par biominéralisation microbienne, à température ambiante. De nombreux microorganismes sont en effet capables de biominéraliser des métaux de transition comme le fer ou le manganèse, qui entrent couramment dans la composition des électrodes de batterie Li-ion. Nous avons ainsi démontré la possibilité d'utiliser des bactéries pour synthétiser des oxydes de fer utilisables en batterie lithium. En particulier, la texture de ces matériaux biominéralisés s'avère déterminante pour expliquer des performances en puissance remarquables.

Plus récemment, nous avons étudié les propriétés électrochimiques de phosphates de fer biominéralisés. Ces matériaux d'insertion, contrairement aux matériaux de conversion comme les oxydes de fer, présentent généralement une meilleure réversibilité en batterie lithium. La biominéralisation a permis de contrôler très précisément la taille des particules de phosphates de fer et leur agencement à la surface des parois bactériennes, fournissant des coques creuses (bactériomorphes) très texturées. L'association intime du minéral avec un résidu carboné d'origine organique permet d'envisager des propriétés de conduction électronique d'intérêt pour des applications en batterie. En complément des mesures électrochimiques, la réactivité de ces matériaux face au Li a été suivie jusqu'à l'échelle nanométrique en microscopie X utilisant le rayonnement synchrotron (STXM).

In fine, ces études enrichissent notre connaissance des matériaux électroactifs produits par des microorganismes et potentiellement présents dans le milieu naturel, dans lequel ils peuvent contribuer à des échanges électroniques d'importance environnementale.

## **SESSION 2: Evolution des microorganismes pathogènes**

### **Evolution et co-évolution des agents pathogènes**

Thierry Wirth

Institut de Systématique, Evolution, Biodiversité, ISYEB, UMR7205, MNHN

L'accès de plus en plus aisé à des milliers de génomes d'agents pathogènes a dramatiquement amélioré notre compréhension de leur dynamique et émergence. En combinant des approches Bayésiennes et la théorie de la coalescence je vais illustrer l'impact de la génomique des populations sur notre compréhension de l'origine, de la diffusion et de la démographie du Bacille de Koch. Principale maladie humaine d'origine bactérienne, la tuberculose essentiellement inféodée à son hôte naturel, *Homo sapiens*, est responsable de près de deux millions de décès par an, touche 10 millions de patients et est en dormance dans les poumons de près d'un tiers de la population mondiale. Le tableau tracé présentera la dynamique de *Mycobacterium tuberculosis* à travers les âges, du Néolithique au présent, en passant par la révolution industrielle. Je présenterai également l'impact des stratégies de traitement de courte durée sous observation directe (DOTS) au XXI<sup>ème</sup> siècle dans les pays de l'est, ainsi que les conséquences sur la santé publique de la chute de l'URSS et la propagation concomitante de souches multirésistantes vers l'Europe de l'ouest. Dans le même ordre d'idée, l'impact des flux migratoires et de la globalisation sera traité, soulignant de nouveaux enjeux sociétaux, notamment à l'aune des infections liées à *Helicobacter pylori* et *Salmonella typhi*.

## Histoire évolutive des Haemosporidia

Linda Duval **1**, Irène Landau **1**

**1** : Muséum national d'Histoire naturelle, CNRS : UMR7245, 61 rue Buffon CP52 - France

Les Haemosporidia sont des parasites sanguins, transmis par des insectes diptères hématophages, qui infectent une grande variété de vertébrés terrestres tels que les squamates, oiseaux et mammifères dont l'homme chez lequel ils sont responsables du paludisme. Notre connaissance de la diversité et de l'histoire évolutive de ces hémoparasites reste faible, en partie du fait de limitations techniques et de leur accessibilité. Cependant, les efforts d'échantillonnage et le développement de nouvelles approches d'identification ont récemment permis de grandes avancées dans la compréhension de l'histoire évolutive des Haemosporidia.

Ainsi, la découverte d'une diversité de *Plasmodium* chez les grands singes, jusqu'alors inconnue en Afrique a modifié notre compréhension sur l'origine de *P. falciparum*, responsable de la majorité des morbidités et mortalités liés au paludisme chez l'homme.

Egalement, les premières explorations moléculaires de l'abondante et remarquable diversité des Haemosporidia chez les chauves-souris ont suggéré que ces parasites seraient au cœur d'importants événements de changements d'hôtes au cours de l'histoire évolutive des Haemosporidia, dévoilant ainsi de potentielles hypothèses évolutives quant à l'origine des Haemosporidia chez les mammifères.

## **SESSION 3: Le microbiote intestinal humain**

### **Les enjeux du microbiote intestinal en pathologie humaine, un exemple : les MICI**

Philippe Seksik

**1** : Laboratoire des biomolécules (LBM, Equipe 4). École normale supérieure - Paris, Université Pierre et Marie Curie - Paris 6, Centre National de la Recherche Scientifique : UMR7203, Institut National de la Santé et de la Recherche Médicale. Faculté de médecine Pierre et Marie Curie 27 rue de Chaligny 75012 Paris - France

Le microbiote intestinal constitue un écosystème complexe dont l'impact sur la santé de l'Homme est aujourd'hui reconnu. Il contribue, d'un point de vue métabolique, à la fermentation des sucres et des protéines et au métabolisme de nombreuses molécules tels que les acides biliaires et les xénobiotiques. Le microbiote participe également à la maturation du système immunitaire et joue un véritable rôle de barrière protectrice de l'épithélium intestinal contre l'infection par des micro-organismes pathogènes. Ces dernières années, il a été mis en évidence, l'implication du microbiote intestinal dans la physiopathogénie des maladies inflammatoires chroniques de l'intestin. Au cours de cette conférence, une première partie sera consacrée au microbiote intestinal humain au concept de microbiome et de dysbiose. Dans une seconde partie, l'apport du microbiote intestinal en tant que marqueur prédictif des MICI et l'impact de la dysbiose sur la physiologie de l'hôte seront abordés. Les conséquences d'une dysbiose peuvent en effet être médiées par les bactéries elles-mêmes ou par biotransformation et la modulation de molécules présentes dans la lumière intestinale (peptides antimicrobiens, les acides biliaires, ou encore molécules du quorum sensing impliquées dans la communication bactérienne).

## **Microbiote, obésité et maladies cardiométaboliques**

Judith Aron-Wisnewsky 1

**1** : Institute of Cardiometabolism and Nutrition (ICAN), Assistance Publique-Hôpitaux de Paris, INSERM, Sorbonne Université, Paris 6, Pitié-Salpêtrière hospital, F-75013, Paris, France.

### **Introduction**

Les causes de l'obésité sont complexes et comprennent les habitudes de vie, l'exposition à des substances toxiques, la génétique / l'épigénétique en interaction avec les changements des habitudes de vie (modification alimentaire, sédentarité), des facteurs neuronaux et hormonaux (1). Dans ce contexte, le rôle du microbiote intestinal a émergé comme un acteur potentiel dans le développement de l'obésité (2,3) et des maladies associées (4–6) dont le diabète de type 2 (DT2). Les relations sont probablement bidirectionnelles ; le microbiote intestinal ferait le lien entre les apports alimentaires et la biologie de l'hôte -inflammation systémique et homéostasie du glucose (7)- qui elle-même pourrait contribuer au profil du microbiote.

### **1. Obésité et Microbiote : modification de la composition et de la diversité**

La démonstration du rôle du microbiote intestinal dans la régulation pondérale provient initialement d'études murines. Des souris axéniques (sans microbiote intestinal) ont une adiposité moindre alors qu'elles mangent que les souris conventionnelles normalement colonisées (contrôles). La transplantation fécale issue des souris rendues obèses par régime gras aux souris axéniques, induit chez ces dernières une prise de masse grasse, ainsi qu'une stéatose hépatique et une inflammation de bas-grade. Ces données ont été reproduites lors du transfert de flore, provenant de jumeaux humains divergents pour le poids, chez des souris. Les souris qui ont reçu le microbiote du jumeau obèse prennent significativement plus de masse grasse que les souris qui ont reçu celui du jumeau non obèse. Des études murines et humaines (8) ont montré que l'obésité était associée à un appauvrissement de la flore bactérienne (réduction de la diversité). En réalité cet appauvrissement est observé avec l'augmentation de l'IMC et des maladies métaboliques (9). Cet appauvrissement du microbiote intestinal apparaît au moins partiellement lié à la qualité de l'alimentation (9,10).

### **2. Alimentation, interventions diététiques et changement du Microbiote**

L'analyse de la composition du microbiote a révélé des variations majeures en fonction de la nature de l'alimentation et aux habitudes alimentaires sur le long terme (11). Lors d'interventions diététiques induisant des changements dans la qualité de l'alimentation, on observe des modifications de composition du microbiote avec l'émergence de certaines bactéries capables de métaboliser les aliments introduit au cours de l'intervention diététique. Enfin, des interventions de restriction calorique avec augmentation de l'apport en fibres induisent des changements dans la composition du microbiote, une amélioration du profil métabolique et inflammatoire et une augmentation de la diversité bactérienne de 30% chez des personnes obèses ou en surpoids, en particulier chez ceux qui avaient un appauvrissement du microbiote intestinal avant l'intervention (9).

### **CONCLUSION**

Plusieurs travaux montrent des changements indéniables du microbiote intestinal dans l'obésité. Ces modifications pourraient faire le lien avec les modifications environnementales, la corpulence mais aussi ses complications métaboliques et inflammatoires. Approfondir nos connaissances du microbiote intestinal permettra de mieux comprendre la physiopathologie des maladies nutritionnelles et métaboliques, mais aussi de proposer des thérapeutiques ciblées dans le futur. L'analyse du microbiote pourrait aussi nous permettre de stratifier les patients en répondeurs et non répondeurs, afin de proposer des thérapeutiques personnalisées.

## **SESSION 4: Microorganismes, biodiversité et dérèglement climatique**

### **Microorganismes et stabilité des écosystèmes**

Jean-Christophe Lata **1**, Sébastien Barot **1**, Aurore Kaisermann **2**, Julie Leloup **1**, Naoise Nunan **1**, Xavier Raynaud **1**, Tharaniya Srikanthasamy **1**

**1** : Institut d'écologie et des sciences de l'environnement de Paris (IEES Paris). Institut National de la Recherche Agronomique : UMRA1392, Université Pierre et Marie Curie - Paris 6 : UM113, Centre National de la Recherche Scientifique : UMR7618, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UR242. UPMC, campus de Jussieu - Tour 44/45 - Paris (75005) - France

**2** : Interactions Sol Plante Atmosphère (ISPA) Institut National de la Recherche Agronomique : UMR1391, Ecole Nationale Supérieure des Sciences Agronomiques de Bordeaux-Aquitaine F - 3388 3 Villenave d'Ornon Cedex - France

Les écosystèmes sont actuellement soumis à de fortes perturbations, en particulier en raison de leur exploitation pour la fourniture de nombreux services essentiels à l'Homme, comme la production d'aliments et de matière (Lata & Kaisermann 2013). Ces perturbations pouvant modifier durablement la biodiversité microbienne en leur sein, elles pourraient générer en retour des effets délétères sur le budget global des cycles biogéochimiques tels que l'émission de gaz à effet de serre vers l'atmosphère (Bardgett et al., 2008). La compréhension du rôle des microorganismes dans la réalisation de ces cycles est donc primordiale afin de comprendre la stabilité du fonctionnement des écosystèmes face aux changements globaux. La stabilité d'un écosystème face aux perturbations est définie comme l'ensemble de sa résistance (capacité à ne pas subir de changements) et de sa résilience (capacité à retourner dans l'état auquel il aurait dû se trouver s'il n'avait pas été perturbé). Cette stabilité vis-à-vis des perturbations comme la pollution, le changement climatique ou le mode d'usage des sols, est dépendante de l'ensemble des composantes qui constituent ces écosystèmes. Par exemple, la stabilité peut être vue comme la conséquence des réponses individuelles des microorganismes et de leurs interactions. Les liens entre biodiversité et stabilité peuvent donc être cruciaux, et plusieurs postulats issus de l'écologie suggèrent que la stabilité des écosystèmes augmenterait avec la diversité – la théorie de l'assurance écologique (Yachi & Loreau 1999). Cette stabilité peut être discutée en termes de diversité d'organismes mais aussi en termes de réalisation de fonctions ou de services écosystémiques, i.e. la stabilité fonctionnelle.

Ces notions sont de plus en plus testées grâce aux progrès récents des outils génomiques pour mieux estimer la diversité des microorganismes, des traceurs isotopiques stables tels que le  $^{13}\text{C}$  ou le  $^{15}\text{N}$  pour mieux estimer la distribution et l'implication des microorganismes dans les cycles biogéochimiques, de techniques d'observation ou de visualisation 3-D (e.g. tomographie rayons X) à très fine échelle ou de modélisation des processus. Cependant il est encore difficile de dégager un consensus majeur concernant les liens entre biodiversité microbienne et cycles biogéochimiques, plusieurs difficultés pouvant l'expliquer : i) la disparité d'échelle entre celle à laquelle se réalisent les processus associés aux microorganismes et celle à laquelle est mesurée et modélisée la résultante globale de ces processus (e.g. celle d'un champ, d'un paysage) ; ii) les difficultés d'apprécier les interactions entre microorganismes (e.g. compétition, prédation) d'une part, entre microorganismes et macroorganismes (e.g. des racines de plantes), et entre microorganismes et environnement physique. Ce dernier constat est d'autant plus contraignant que les microorganismes possèdent une rapidité d'adaptation aux perturbations grâce à une forte plasticité et des dynamiques évolutives rapides (Griffiths & Philippot 2013). Il en résulte une forte diversité physiologique et fonctionnelle qui augmente potentiellement la gamme des conditions environnementales sous lesquelles une fonction peut être remplie. Cela se traduit par une forte redondance fonctionnelle qui rend plus difficile notre capacité à prédire le fonctionnement d'un écosystème en fonction des conditions environnementales (e.g. climat).

En raison de sa formation très lente, le sol constitue en particulier un compartiment et une ressource peu renouvelables. Dans cet exposé, nous exposerons nos dernières avancées sur les liens dans les sols entre stabilité, fonctions et diversité des microorganismes en systèmes naturels (savanes tropicales – Srikanthasamy et al., 2017) et anthropisés (agroécosystèmes – Kaisermann et al., 2013, 2014).

- Bardgett R.D. et al. (2008) Microbial contributions to climate change through carbon cycle feedbacks. *The ISME Journal* 2, 805-814.
- Griffiths B.S. & Philippot L. (2013) Insights into the resistance and resilience of the soil microbial community. *FEMS Microbiol Rev* 37, 112-129.
- Kaisermann A. et al. (2013) Agricultural management affects the response of soil bacterial community structure and respiration to water-stress. *Soil Biology and Biochemistry* 66, 69-77.
- Kaisermann A. et al. (2014) Fungal communities are more sensitive to non-extreme soil moisture variations than bacterial communities. *Applied Soil Ecology* 86, 158-164.
- Lata J.C. & Kaisermann A. (2013) Sols vivants et cycles biogéochimiques ». *In* A. Euzen, L. Eymard, F. Gaill (dir.), *Le Développement Durable à Découvert*, CNRS Editions, Paris, France, pp. 80-81. ISBN : 978-2-271-07896-4, 2013.
- Srikanthasamy T. et al. (2017) Contrasted effects of grasses and trees on microbial N-cycling in an African humid savanna. *In rev in Soil Biology and Biochemistry*.
- Yachi S. & Loreau M. (1999) Biodiversity and ecosystem productivity in a fluctuating environment: The insurance hypothesis. *Proc Natl Acad Sci USA*. 96, 1463–1468.

**SESSION 5: Symbioses en milieux continentaux****La plante, un holobionte ? Ces microorganismes qui font la plante.**

Marc-André Selosse 1

**1** : Muséum national d'Histoire naturelle (MNHN ISYEB), Muséum National d'Histoire Naturelle, Institut de Systématique, Evolution, Biodiversité (UMR 7205) CP 39, 45 rue Buffon, 75005 Paris, France - France

Les microorganismes (bactéries, champignons et protistes) font les plantes, de leurs structures à leurs fonctions. Les plantes sont nées microbiennes, car elles sont issues d'endosymbioses qui ont mis en place leurs mitochondries et leurs plastes. De là, plusieurs structures cellulaires sont apparues qui les unifient avec les autres végétaux au travers d'une évolution convergente : paroi, vacuole... Mais les plantes naissent aussi de microorganismes car ceux-ci façonnent leur nutrition : mycorhizes, nodosité et rhizosphères sont vitales à la plante. Ils l'aident à exploiter le sol où les ressources sont diluées, mais ils exercent aussi des effets de protection, direct ou passant par une modification de la plante-hôte. Le champ de recherche émergent des petits peptides microbiens sécrétés qui modifient les cellules de la plante explique, au-delà de l'addition des propriétés propres des microorganismes, leurs effets sur l'holobionte résultant. Enfin les plantes sont nées de microorganismes car ces dernières années, il est apparu que ceux-ci façonnent le système immunitaire végétal, mais aussi la croissance et le développement, jusqu'à la reproduction, de l'organisme.

**L'association *Wolbachia* et filaires, nématodes parasites**

Coralie Martin **1**, Emilie Lefoulon **1**, Ben Makepeace **2**, Laurent Gavotte **3**

**1** : Muséum National d'Histoire Naturelle, CNRS : UMR7245, Paris - France

**2** : Université de Liverpool, Liverpool - Royaume-Uni

**3** : Université de Montpellier CNRS : UMR5554 Montpellier - France

Les bactéries du genre *Wolbachia* appartiennent à la famille des Rickettsiales (alpha-protéobactérie) et sont des symbiotes intracellulaires caractérisés par un large spectre d'hôtes incluant une part significative des espèces d'arthropodes et une famille de nématodes, les Onchocercidae (communément appelées filaires, vers nématodes parasites du système lymphatique et des tissus cutanés, responsables de graves maladies tropicales, les filarioses).

*Wolbachia* induit chez ses hôtes des phénotypes allant du mutualisme (Onchocercidae et certains arthropodes) au parasitisme (arthropodes). Ainsi les bactéries sont essentielles au bon développement de l'embryogénèse des filaires, et *Wolbachia* a besoin de la filaire pour assurer son métabolisme. De ce fait *Wolbachia* est une cible thérapeutique (tétracycline) dans les filarioses. *Wolbachia* favorise aussi la longévité des filaires grâce à un mécanisme de mutualisme défensif qui détourne une réponse immunitaire létale du vertébré contre le nématode.

La dynamique évolutive de *Wolbachia* est complexe: d'instable avec des événements de transmission horizontale chez les arthropodes à stable et caractérisée par une co-évolution avec certains taxons de filaires. Cependant, cette notion de coévolution a été définie sur une histoire évolutive des Onchocercidae peu résolue. Récemment, nous avons proposé une phylogénie multi-locus des Onchocercidae qui a permis le développement d'analyses cophylogénétiques de *Wolbachia* et de ses hôtes nématodes. La comparaison entre la phylogénie des filaires et celle des *Wolbachia* montre une congruence variable en fonction des super-groupes de *Wolbachia*. De plus les *Wolbachia* d'arthropodes pourraient être apparues secondairement à partir d'un, transfert horizontal de *Wolbachia* de filaires.

## **SESSION 6: Symbioses en milieux aquatiques**

### **Symbioses bactéries-animaux dans l'Océan profond**

Sébastien Duperron 1, Magali Zbinden, Bruce Shillito

**1** : UPMC - UMR 7208 BOREA. Université Pierre et Marie Curie - Paris 6, Muséum National d'Histoire Naturelle, CNRS : UMR7208, 7 quai St Bernard 75005 Paris - France

Théodore Monod l'avait résumé ainsi : *il fait noir, il fait froid, il fait profond, il fait faim*. L'Océan profond est considéré comme un milieu extrême, bien qu'il soit l'environnement le plus répandu sur notre planète. Mais en 1977, la découverte des sources hydrothermales sur la ride des Galápagos a remis en question ce paradigme de fonds océaniques désertiques, révélant des communautés animales denses dont la base repose sur la production primaire chimiosynthétique. Les animaux les plus abondants y vivent en symbiose avec des bactéries chimiotrophes qui assurent tout ou partie de leur nutrition. Au cours de cette présentation nous montrerons la grande diversité des hôtes et des symbiotes qui a été mise en évidence ces dernières années, mais également la flexibilité de telles associations. Les symbioses peuvent apparaître mais aussi disparaître dans des laps de temps courts. L'analyse de diversité à haut débit et l'imagerie indiquent qu'une même espèce hôte peut abriter de multiples bactéries, parfois différentes selon les sites de collecte et les conditions qui y règnent. L'utilisation d'outils permettant la remontée isobare des organismes et l'expérimentation *in vivo* en aquariums pressurisés montrent que l'abondance relative de différents symbiotes varie en réponse aux variations de l'environnement, tout en limitant les effets de stress liés à la manipulation des spécimens. Le paradigme de symbioses reposant sur un ou deux types bactériens stables ne tient plus. Les symbioses chimiotrophes sont flexibles dans l'espace et dans le temps à des échelles variées, et cette flexibilité apparaît comme une caractéristique importante de ces associations. Par ailleurs, les animaux abritent des quantités énormes de leurs symbiotes, qui figurent de fait parmi les bactéries abondantes du microbiote associé aux environnements profonds réduits. La découverte des mécanismes sous-tendant la flexibilité des symbioses chimiotrophes ainsi que la quantification de leur rôle dans les cycles biogéochimiques apparaissent comme deux voies de recherche particulièrement pertinentes dans le contexte d'une possible exploitation des ressources minières de l'Océan profond.

## Interactions trophiques microorganismes-hôte dans les coraux Scléactiniaires

Isabelle Domart-Coulon **1**, Anders Meibom **2\***, Aline Tribollet **3\***

**1** : Molécules de Communication et Adaptation des Microorganismes (MCAM, UMR 7245), CNRS, Equipe MDCEM, 57 rue Cuvier (CP 54), 75005 Paris - France

**2** : EPFL Laboratory of Biological Geochemistry (EPFL ENAC LBG), Lausanne - Suisse

**3** : Institut de Recherche pour le Développement, CNRS UMR 7159, UPMC, MNHN, Unité IPSL-LOCEAN, CNRS 7159

\* : Auteur correspondant

Le microbiote des coraux scléactiniaires est connu pour sa diversité, avec cohabitation entre Bactéries, Archées et Microeucaryotes dans des niches spatiales structurées par le micro-environnement du polype corallien et son exosquelette calcaire. Parmi les symbioses marines les plus connues, les dinoflagellés *Symbiodinium* (zooxanthelles) sont emblématiques des coraux tropicaux constructeurs de récifs, leur rôle trophique permettant à leur hôte animal de s'adapter à des eaux très pauvres en nutriments. La rupture de cette symbiose, notamment sous l'effet du réchauffement climatique, entraîne le blanchissement corallien et la dégradation des récifs. L'assimilation photosynthétique du carbone et le stockage et recyclage de l'azote par ces dinoflagellés peuvent être visualisés *in situ*, dans la symbiose intacte, par des approches combinant traceurs isotopiques stables ( $^{13}\text{C}$  et  $^{15}\text{N}$ ) et microscopie électronique couplée à la cartographie d'enrichissement isotopique des tissus à la nanosonde ionique (NanoSIMS) (Kopp et al 2013, 2015). Ces études mettent en évidence l'assimilation du C et N inorganique par les *Symbiodinium* dès 15 minutes d'exposition aux traceurs, leur accumulation dans des compartiments subcellulaires respectivement riches en lipides et en acide urique, ainsi que la dynamique temporelle de leur mobilisation et transfert aux différents tissus du corail. Cependant nous avons montré que le degré de contribution de ces symbiotes à la nutrition de leur hôte varie en fonction de son cycle de vie. Par rapport à l'adulte, les transferts de nutriments sont moins importants dans la larve planctonique (planula), où l'essentiel du carbone fixé est conservé par les *Symbiodinium* (Kopp et al 2016). Nos résultats montrent par ailleurs que les mécanismes de contrôle par l'hôte de la prolifération de ses endosymbiotes varient avec le stade de vie, un contrôle apoptotique ne se mettant en place qu'après la métamorphose larvaire (Lecointe et al 2016).

Ces approches peuvent être appliquées à d'autres microorganismes associés aux coraux. Les algues *Ostreobium* (Ulvophycées, Bryopsidales) microporeuses du squelette carbonaté des coraux pourraient en particulier être des ectosymbiotes, fournissant des photoassimilats alternatifs à leur hôte pendant les épisodes de blanchissement (review Schönberg et al 2017). Nous étudions cette hypothèse dans le cadre d'une recherche amorcée avec le soutien de Sorbonne-Universités. Des cultures ont été obtenues du clade dominant de ces *Ostreobium* dans notre modèle biologique corallien *Pocillopora damicornis*, nous permettant d'étudier les interactions trophiques ou de compétition entre ces microporeuses, le tissu hôte et ses dinoflagellés.

Le microbiote corallien apparaît comme un monde fascinant dont la composition et le fonctionnement, sensibles à des facteurs internes (développement de l'hôte) et externes (environnement), apportent des clés pour évaluer les capacités d'adaptation des coraux aux changements climatiques en cours.

- C. Kopp, I. Domart-Coulon, B. Humbell, S. Escrig, M. Hignette, A. Meibom. 2015. Subcellular investigation of photosynthesis-driven carbon and nitrogen assimilation and utilization in the symbiotic reef coral *Pocillopora damicornis*. mBio Vol. 6 no. 1 e02299-14
- C. Kopp, M. Pernice, I. Domart-Coulon, C. Djediat, J.E. Spangenberg, DTL Alexander, M. Hignette, T. Meziane, A. Meibom. 2013. Highly dynamic cellular-level response of symbiotic coral to sudden increase in environmental nitrogen. mBio May/June 2013 Volume 4 Issue 3 e00052-13
- C. Kopp, I. Domart-Coulon, D. Barthélémy, A. Meibom. 2016. Nutritional input from symbionts in reef-building corals is minimal during planula larval life stage. Science Advances 25 March 2016 Vol. 2, no. 3, e1500681
- A. Lecointe, I. Domart-Coulon, A. Paris, A. Meibom. 2016. Cell proliferation and migration during early development of a symbiotic scleractinian coral. Proc. R. Soc. B 283: 20160206

- C. Schönberg, J. Fang, M. Carreiro-Silva, A. Tribollet, M. Wisshak. 2017. Bioerosion: the other ocean acidification problem. Contribution to the Themed Issue: 'Ocean Acidification' ICES Journal of Marine Science (2017), doi:10.1093/icesjms/fsw254