

FORMULAIRE STAGE Recherche-M2 BBSG
(période de stage : du 5 janvier 2017 au 3 juillet 2017)

Titre du stage : Composition, structures et activités des procaryotes dans la zone non éclairée des océans

Laboratoire (intitulé, adresse, site web) : MIO (Institut Méditerranéen d'Océanologie),
UMR CNRS 7294 - IRD 235, UM AMU 110, Campus de Luminy, OCEANOMED - Bât. Pacifique
163 avenue de Luminy Marseille CEDEX 09

Equipe : Equipe MEB (Microbiologie Environnementale et Biotechnologie) du MIO

Maitres de stage :

C. Tamburini / P. Hingamp

**E-mail : christian.tamburini@mio.osupytheas.fr /
pascal.hingamp@mio.osupytheas.fr**

Téléphone : +33(0)4 860 90 519 / +33(0)4 86 09 06 66

Descriptif du stage :

L'objectif de ce projet est de mieux appréhender le rôle des communautés procaryotiques dans la dégradation de la matière organique dissoute (DOM) et particulaire (POM) des zones mésopélagique (100-1000 m) et bathypélagique (1000-4000m).

Les zones méso- (200-1000m) et bathypélagique (1000-4000m) représentent en volume plus de 70% de l'océan mondial mais sont sous étudiées du fait de leur difficulté d'accès. Elles présentent une température basse, une pression hydrostatique élevée, une absence de rayonnement solaire, et une carence en matière organique (Tamburini et al. 2013). Elles reçoivent des apports de matière organique des couches supérieures sous forme particulaire (Particulate organic Matter, POM) et dissoute (Dissolved organic matter, DOM) après une forte reminéralisation et transformation (Nagata et al. 2010). Afin de résoudre le décalage observé entre l'apport en matériel organique et la demande carbonée biologique de l'océan profond (Giering et al. 2014; Herndl & Reinthaler 2013), il est nécessaire de clarifier les mécanismes qui contrôlent la transformation et la reminéralisation de la POM et DOM durant leur transit dans la zone méso- et bathypélagique (Burd et al. 2010, Nagata et al. 2010).

La zone non-éclairée des océans abrite la plus grande proportion des cellules procaryotiques, soit environ 55 % du total des procaryotes des milieux aquatiques (Whitman et al. 1998), mais la diversité et les fonctions de ces communautés sont assez peu connues de part la paucité des souches cultivées et des génomes de référence correspondants. Les premières études de diversité par les techniques de fluorescence d'hybridation in situ (FISH) et/ou les NGS (Next Generation Sequencing) ont montré par exemple que les bactéries *Chloroflexi* du groupe non cultivé des SAR202 (représentant jusqu'à 30% des cellules bactériennes (Varela et al. 2008)) et les Archaea (représentant jusqu'à plus de 40% des cellules procaryotiques (Herndl et al. 2005, Tamburini et al. 2009)) étaient fréquemment détectées dans les zones

méso- et bathypélagique dans diverses contrées océaniques sans en connaître exactement les fonctions potentielles. Or les organismes profonds auraient la capacité de dégrader la matière organique de haut poids moléculaire et/ou réfractaire (DeLong et al. 2006) notamment lorsqu'ils sont maintenus sous pression (Vezi et al. 2005, Boutrif et al. 2011), ainsi que de produire de la biomasse à partir de carbone inorganique (chemolithoautotrophie (Herndl et al. 2005, Varela et al. 2011)). Alors que les procaryotes du domaine océanique profond sont majoritairement piezophiles (adaptés à la pression), ceux accrochés aux particules chutant le long de la colonne d'eau semblent être majoritairement piezosensibles (Tamburini et al. 2013). Le rôle des procaryotes attachés à ces particules en cours de chute sur la dégradation de la matière organique reste à élucider, en particulier l'effet de l'augmentation de la pression hydrostatique sur ces organismes de surface.

Des approches de génomique environnementale récentes suggèrent que les liens d'interdépendance inter-spécifiques, qui sont des facteurs explicatifs importants de la structure des communautés de plancton (Lima-Mendez et al. 2015), sont plus forts au sein du bactérioplancton libre qu'attaché aux particules (Milici et al. 2016). Les approches de métagénomiques montrent même qu'il est possible de faire le lien entre certains gènes du plancton présent en surface avec l'export du carbone vers l'océan profond (Guidi et al. 2016).

L'objectif du stage de Master 2 proposé sera ainsi d'appréhender le rôle des procaryotes dans la dégradation de la matière organique et la régénération des éléments biogènes lorsque les procaryotes attachés aux particules chutent le long de la colonne d'eau. Différents types d'échantillons ont déjà été acquis à six profondeurs le long de la colonne d'eau lors de la campagne DY032 au site PAP (Atlantique NE) à bord du RVV Discovery en Juin-Juillet 2015 : (i) des échantillons d'eau de mer obtenus à l'aide de bouteilles Niskin, (ii) des échantillons avec différents types de particules en cours de chute obtenus à l'aide d'un Marine Snow Catcher (MSC, permettant la séparation de trois fractions de particules : en suspension, chutant lentement et chutant rapidement).

L'étudiant(e) disposera de jeux de séquences (métabarcodes 16S) obtenus par des méthodes de séquençage à haut débit (Mi-Seq) d'extraits d'ADN (structure des communautés) et d'ARN (communautés actives) d'échantillons en triplicat provenant de différents niveaux de la colonne d'eau (28, 70, 128, 500, 1000 et 4000m de profondeur). Pour replacer ses résultats dans le contexte de l'étude, l'étudiant(e) devra confronter les résultats des analyses de diversité issus des métabarcodes 16S avec les différentes analyses chimiques et biologiques effectuées simultanément *in situ* pendant la campagne en mer (analyses multivariées, classification, réseaux de co-occurrence).

Le même type de stratégie a été réalisé en Mer Méditerranée (station ANTARES, campagne BATMAN, Mai 2016). L'objectif de cette nouvelle campagne en mer est d'apporter un éclairage sur une zone d'étude plus oligotrophe que le site PAP. Les jeux de séquences seront également disponibles et traités en fonction du temps nécessaire pour l'analyse des échantillons du site PAP.

Ce projet pourra se poursuivre sous forme d'un doctorat avec une campagne en mer prévue courant 2017 dans le cadre d'une thématique qui anime actuellement fortement la communauté scientifique intéressée au changement climatique et ses conséquences sur les écosystèmes océaniques (Siegel et al. 2016).

Références citées :

- Boutrif M, Garel M, Cottrell MT, Tamburini C (2011) Assimilation of marine extracellular polymeric substances by deep-sea prokaryotes in the NW Mediterranean Sea. *Environ Microbiol Rep* 3:705–709
- Burd AB, Hansell DA, Steinberg DK, Anderson TR, Arístegui J, Baltar F, Beaupré SR, Buesseler KO, DeHairs F, Jackson GA, Kadko DC, Koppelman R, Lampitt RS, Nagata T, Reinthaler T, Robinson C, Robison BH, Tamburini C, Tanaka T (2010) Assessing the Apparent Imbalance Between Geochemical and Biochemical Indicators of Meso- and Bathypelagic Biological Activity: What the @\$#! is wrong with present calculations of carbon budgets? *Deep Sea Res II* 57:1557–1571
- DeLong EF, Preston CM, Mincer T, Rich V, Hallam SJ, Frigaard N-U, Martinez A, Sullivan MB, Edwards R, Brito BR, Chisholm SW, Karl DM (2006) Community genomics among stratified microbial assemblages in the Ocean's interior. *Science* (80-) 311:496–503
- Giering SLC, Sanders R, Lampitt RS, Anderson TR, Tamburini C, Boutrif M, Zubkov M V, Marsay CM, Henson S a, Saw K, Cook K, Mayor DJ (2014) Reconciliation of the carbon budget in the ocean's twilight zone. *Nature* 507:480–483
- Guidi L, Chaffron S, Bittner L, Eveillard D, Larhlimi A, Roux S, Darzi Y, Audic S, Berline L, Brum J, Coelho LP, Espinoza JCI, Malviya S, Sunagawa S, Dimier C, Kandels-Lewis S, Picheral M, Poulain J, Searson S, Coordinators TOC, Stemmann L, Not F, Hingamp P, Speich S, Follows M, Karp-Boss L, Boss E, Ogata H, Pesant S, Weissenbach J, Wincker P, Acinas SG, Bork P, Vargas C de, Iudicone D, Sullivan MB, Raes J, Karsenti E, Bowler C, Gorsky G (2016) Plankton networks driving carbon export in the oligotrophic ocean. *Nature advance on*
- Herndl GJ, Reinthaler T, Teira E, Aken H van, Veth C, Pernthaler A, Pernthaler J (2005) Contribution of Archaea to total prokaryotic production in the deep Atlantic Ocean. *Appl Environ Microbiol* 71:2303–2309
- Lima-Mendez G, Faust K, Henry N, Decelle J, Colin S, Carcillo F, Chaffron S, Ignacio-Espinosa JC, Roux S, Vincent F, Bittner L, Darzi Y, Wang J, Audic S, Berline L, Bontempi G, Cabello AM, Coppola L, Cornejo-Castillo FM, D'Ovidio F, Meester L De, Ferrera I, Garet-Delmas M-J, Guidi L, Lara E, Pesant S, Royo-Llonch M, Salazar G, Sánchez P, Sebastian M, Souffreau C, Dimier C, Picheral M, Searson S, Kandels-Lewis S, Gorsky G, Not F, Ogata H, Speich S, Stemmann L, Weissenbach J, Wincker P, Acinas SG, Sunagawa S, Bork P, Sullivan MB, Karsenti E, Bowler C, Vargas C de, Raes J (2015) Determinants of community structure in the global plankton interactome. *Science* (80-) 348
- Milici M, Deng Z-L, Tomasch J, Decelle J, Wos-Oxley ML, Wang H, Jáuregui R, Plumeier I, Giebel H-A, Badewien TH, Wurst M, Pieper DH, Simon M, Wagner-Döbler I (2016) Co-occurrence Analysis of Microbial Taxa in the Atlantic Ocean Reveals High Connectivity in the Free-Living Bacterioplankton. *Front Microbiol* 7:649
- Nagata T, Tamburini C, Arístegui J, Baltar F, Bochsansky AB, Fonda-Umani S, Fukuda H, Gogou A, Hansell DA, Hansman RL, Herndl GJ, Panagiotopoulos C, Reinthaler T, Sohrin R, Verdugo P, Yamada N, Yamashita Y, Yokokawa T, Bartlett DH (2010) Emerging concepts on microbial processes in the bathypelagic ocean – ecology, biogeochemistry and genomics. *Deep Sea Res II* 57:1519–1536
- Siegel DA, Buesseler KO, Behrenfeld MJ, Benitez-Nelson CR, Boss E, Brzezinski MA, Burd A, Carlson CA, D'Asaro EA, Doney SC, Perry MJ, Stanley RHR, Steinberg DK (2016) Prediction of the Export and Fate of Global Ocean Net Primary Production: The EXPORTS Science Plan. *Front Mar Sci* 3
- Tamburini C, Boutrif M, Garel M, Colwell RR, Deming JW (2013) Prokaryotic responses to hydrostatic pressure in the ocean – a review. *Environ Microbiol* 15:1262–1274
- Tamburini C, Garel M, Ali B Al, Mérigot B, Kriwy P, Charrière B, Budillon G (2009) Distribution and activity of Bacteria and Archaea in the different water masses of the Tyrrhenian Sea. *Deep Sea Res II* 56:700–712
- Varela MM, Aken HM van, Herndl GJ (2008) Abundance and activity of *Chloroflexi*-type SAR202 bacterioplankton in the meso- and bathypelagic waters of the (sub)tropical Atlantic. *Environ Microbiol* 10:1903–1911
- Varela MM, Aken HM van, Sintes E, Reinthaler T, Herndl GJ (2011) Contribution of Crenarchaeota and Bacteria to autotrophy in the North Atlantic interior. *Environ Microbiol* 13:1524–1533
- Vezi A, Campanaro S, D'Angelo M, Simonato F, Vitulo N, Lauro FM, Cestaro A, Malacrida G, Simionati B, Cannata N, Romualdi C, Bartlett DH, Valle G (2005) Life at Depth: *Photobacterium profundum* Genome Sequence and Expression Analysis. *Science* (80-) 307:1459–1461
- Whitman WB, Coleman DC, Wiebe WJ (1998) Prokaryotes: the unseen majority. *Proc Natl Acad Sci USA* 95:6578–6583

Contacts :

Pour tout renseignement complémentaire, n'hésitez pas à contacter Christian Tamburini et/ou Pascal Hingamp.

Institut Méditerranéen d'Océanologie (MIO)
UMR CNRS 7294 - IRD 235, UM AMU 110
Campus de Luminy, OCEANOMED - Bât. Pacifique
163 Avenue de Luminy
13288 Marseille Cedex 09
<http://www.mio.univ-amu.fr>

Christian Tamburini
Tel: +33(0)4 860 90 519
email: christian.tamburini@mio.osuptheas.fr
web: www.com.univ-mrs.fr/~tamburini
ResearchGate profile: www.researchgate.net/profile/Christian_Tamburini2

Pascal Hingamp
Tel: +33(0)4 860 90 666
email: pascal.hingamp@univ-amu.fr