



# Suintements froids et sources hydrothermales : les communautés d'archées sédimentaires en interaction avec leur environnement

---

Perrine Cruaud

GDR Archaea - 12 mars 2015

Travail réalisé au centre Ifremer de Brest

avec l'aide de : Adrien Vigneron, Jean-Claude Caprais, Patricia Pignet, Anne Godfroy et Marie-Anne Cambon-Bonavita

# Introduction





# PAYSAGES ABYSSAUX



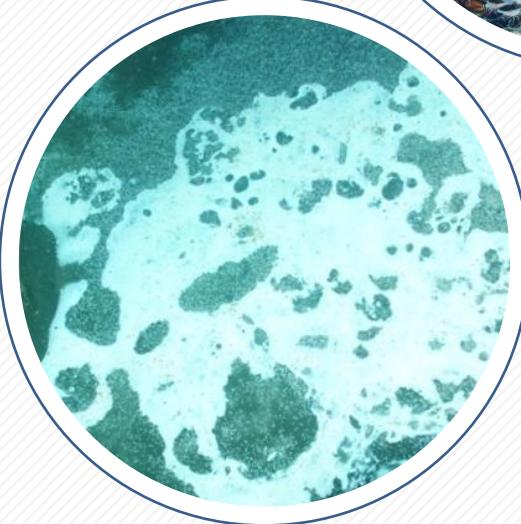
Introduction

Méthodes d'étude

Résultats Discussion



## OASIS DE VIE AU MILIEU DES ABYSES



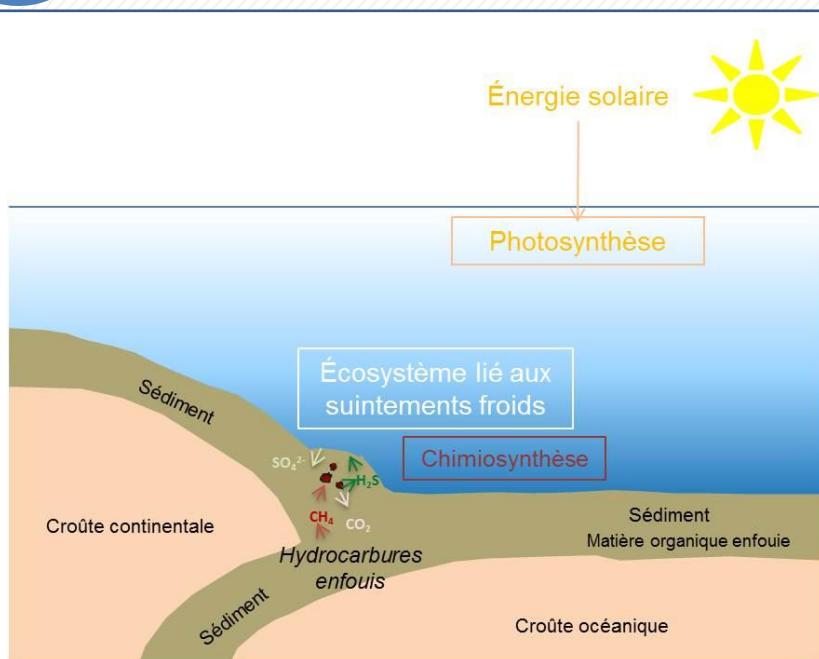
Introduction

Méthodes d'étude

Résultats Discussion



# LES ÉCOSYSTÈMES CHIMIOSYNTHÉTIQUES



## Suintements froids

Principalement localisés au niveau des marges continentales

Enfouissement de la matière organique

Formation de réservoir d'hydrocarbures enfouis

Les fluides émis sont généralement riches en hydrocarbures légers comme le méthane

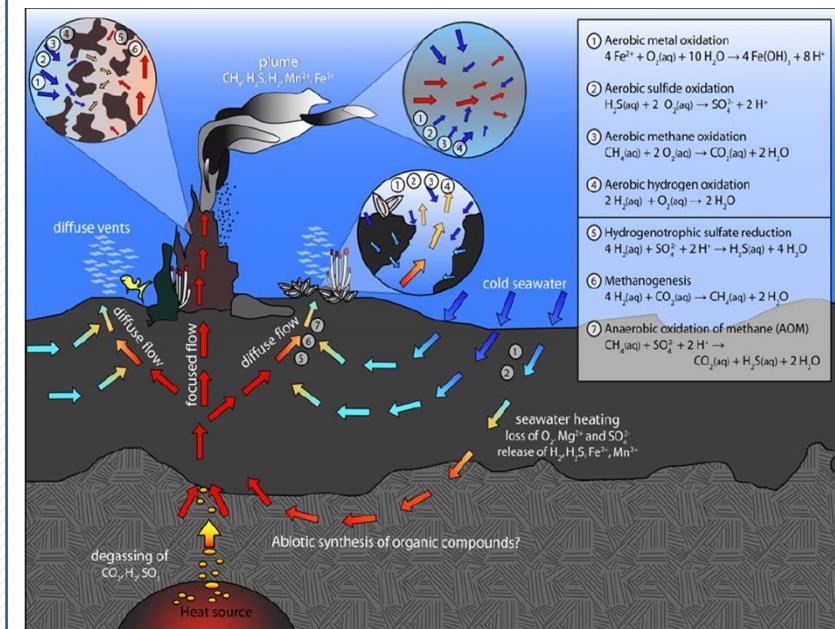
## Sources hydrothermales

Principalement localisées au niveau des dorsales océaniques

Infiltration de l'eau de mer dans la nouvelle croûte océanique

Réchauffement de l'eau à l'approche des chambres magmatiques

Le fluide hydrothermal remonte vers la surface tout en lessivant les roches qu'il traverse.





## VIVRE DANS CES ENVIRONNEMENTS

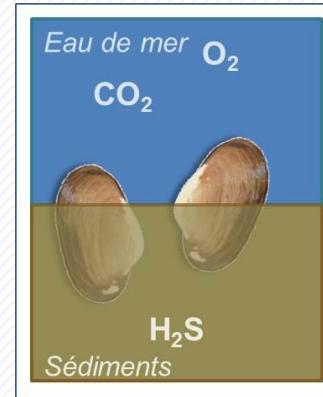
### Oxydation anaérobiose du méthane (AOM)

Couplée avec la réduction des sulfates de l'eau de mer

Agrégats AOM de bactéries et d'archées

Localisés au niveau de la zone de transition méthane / sulfate

Production des sulfures permettant le développement de communautés thiotrophes



Accepteurs d'électrons  
(oxygène, nitrate, sulfate...)

Source de carbone  
(Dégradation de la matière organique)



SRB

ANME



Donneurs d'électrons  
Sources de carbone  
(hydrocarbures, méthane, composés réduits...)



Introduction

Méthodes d'étude

Résultats Discussion



## PROBLÉMATIQUE





## PROBLÉMATIQUE



Étudier l'influence des communautés microbiennes sur la répartition des différents assemblages faunistiques

Quels sont les microorganismes présents dans les sédiments sous-jacents les différents assemblages?

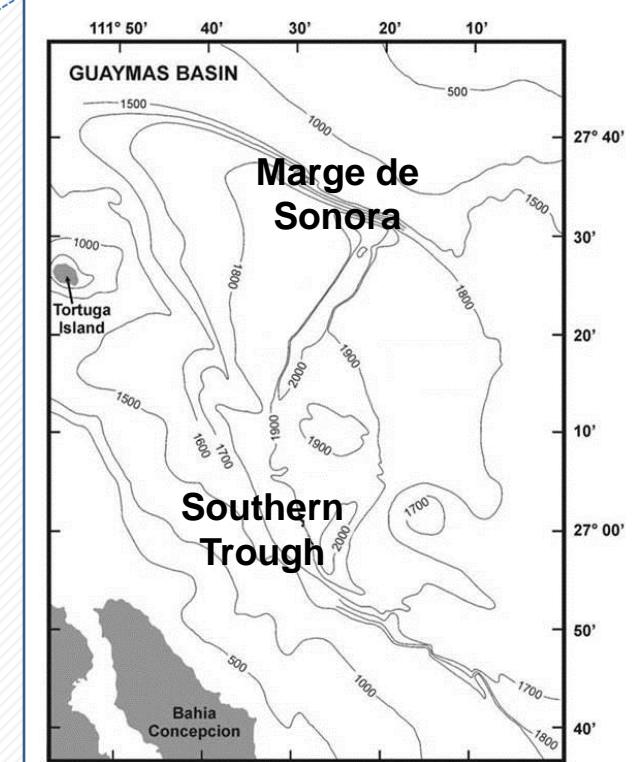
Les communautés microbiennes reflètent-elles la présence de certains organismes de surface?

Quelles sont les influences réciproques des communautés microbiennes sédimentaires, des colonisateurs de surface et des caractéristiques physico-chimiques des sites?





## LE BASSIN DE GUAYMAS



Le Bassin de Guaymas est situé dans le Golfe de Californie (Mexique)

Particularités :

- Il regroupe à la fois une zone de suintements froids (Marge de Sonora) et une zone de sources hydrothermales (Southern Trough)
- Le fond du bassin est recouvert par une épaisseur importante de sédiments (2,7 m accumulés tous les 1000 ans)





## LE BASSIN DE GUAYMAS

### Le Bassin de Guaymas

Épaisse couche de sédiments

Zone de suintements froids (Marge de Sonora) proches d'une zone de sources hydrothermales (Southern Trough)

Les deux zones sont colonisées par des assemblages de surface comparables :

- Champ de vésicomyidés
- Buissons de siboglinidés
- Tapis microbiens



# Méthodes d'étude



# L'ÉCHANTILLONNAGE : LA CAMPAGNE BIG

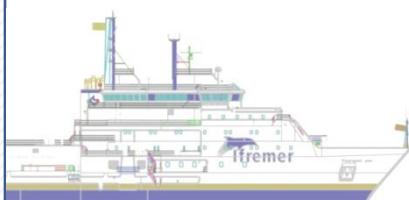
## L'échantillonnage

Campagne BIG 2010  
(Biodiversité et Interactions à  
Guaymas)

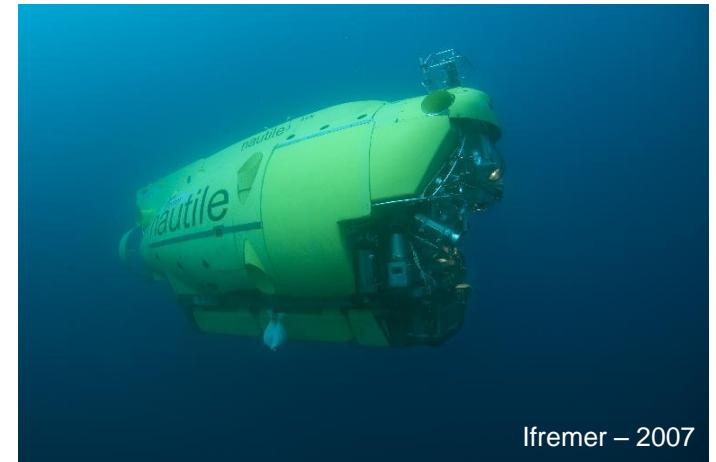
A bord du NO *l'Atalante* avec le  
sous-marin habitable *Nautilus*

Échantillonnage des différents  
habitats à l'aide de carottiers  
tubes

Conditionnement des  
échantillons à bord du bateau



Ifremer – 2006



Ifremer – 2007



# L'ÉCHANTILLONNAGE : LA CAMPAGNE BIG

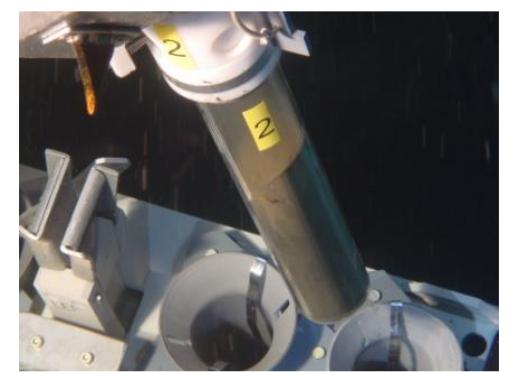
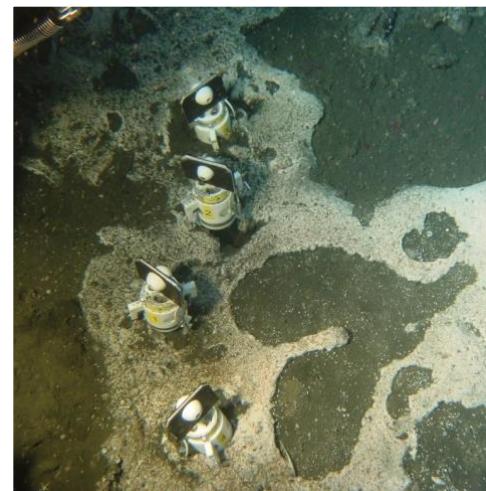
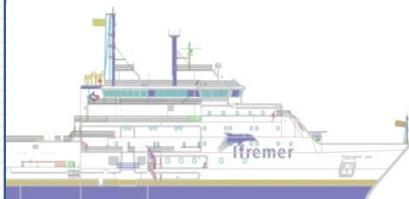
## L'échantillonnage

Campagne BIG 2010  
(Biodiversité et Interactions à  
Guaymas)

A bord du NO *l'Atalante* avec le  
sous-marin habitable *Nautilus*

Échantillonnage des différents  
habitats à l'aide de carottiers  
tubes

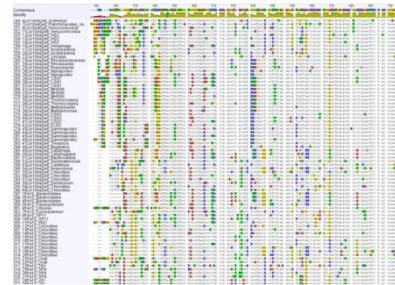
Conditionnement des  
échantillons à bord du bateau



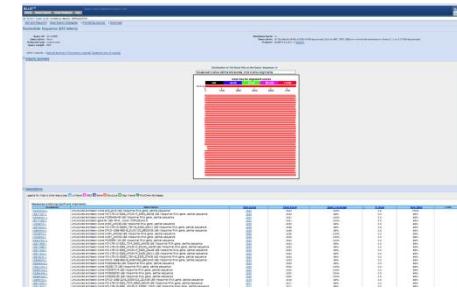


## MÉTHODES D'ÉTUDE : SÉQUENÇAGE

### Identification de communautés microbiennes complexes



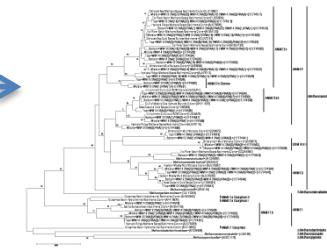
*Extraction et Séquençage*



*Comparaison des séquences avec les bases de données*



Identification



*des communautés*



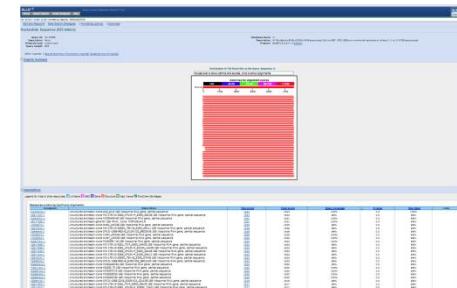


## MÉTHODES D'ÉTUDE : SÉQUENÇAGE

### Identification de communautés microbiennes complexes

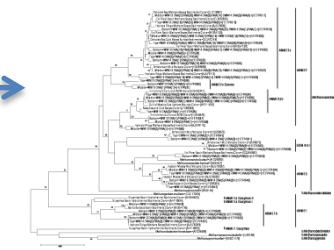


Extraction et Séquençage



Comparaison des séquences avec les bases de données

Identification



des communautés

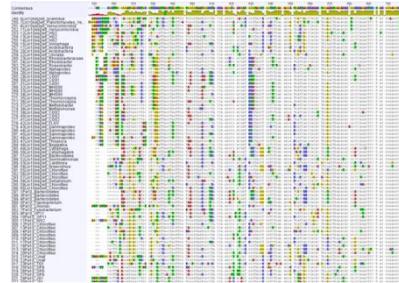
### Identification grâce aux bases de données classiques

Analyse sur les bases de données et la taxonomie du NCBI

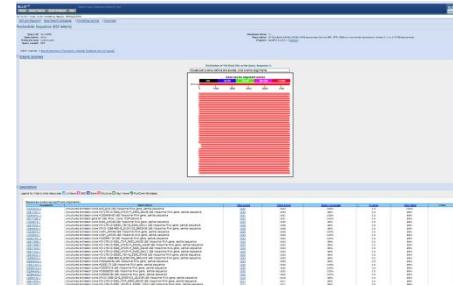
Affiliation	% de séquences obtenues
uncultured archaeon	81,41%
uncultured euryarchaeote	15,51%
uncultured Halobacteriales archaeon	1,03%
uncultured archaeon BA2H11fin	0,91%
uncultured archaeon WCHD3-30	0,34%
uncultured Methanosarcinales archaeon	0,23%
unidentified archaeon	0,23%
archaeon enrichment culture clone AOM-Clone-G10	0,11%
uncultured marine euryarchaeote	0,11%
uncultured methane-oxidizing archaeon	0,11%

# MÉTHODES D'ÉTUDE : SÉQUENÇAGE

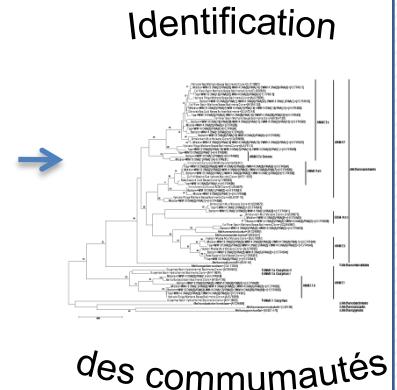
## Identification de communautés microbiennes complexes



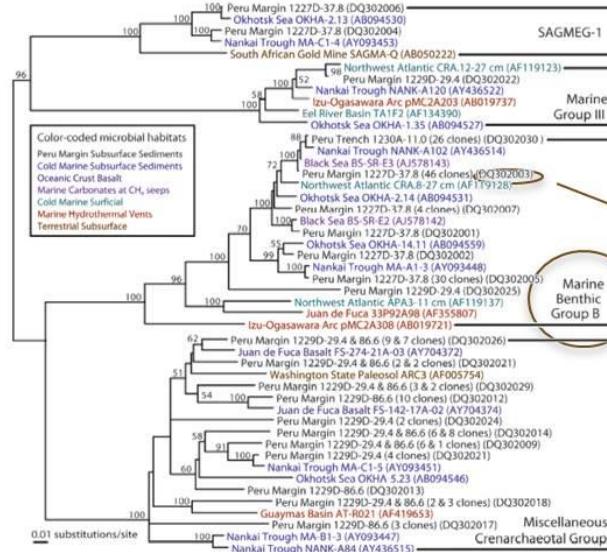
Extraction et Séquençage



Comparaison des séquences avec les bases de données



## Création d'une base de données personnalisée



Biddle & al., 2006



Introduction



Méthodes d'étude

Résultats Discussion

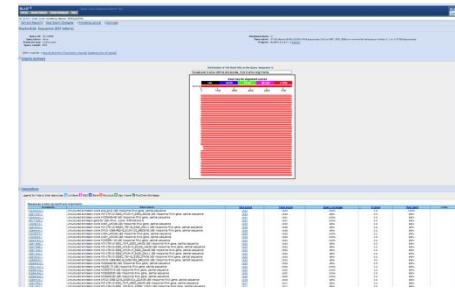


## MÉTHODES D'ÉTUDE : SÉQUENÇAGE

### Identification de communautés microbiennes complexes

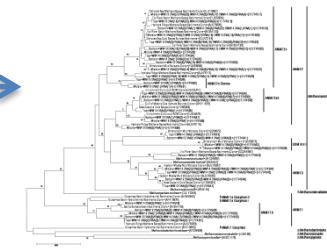


Extraction et Séquençage



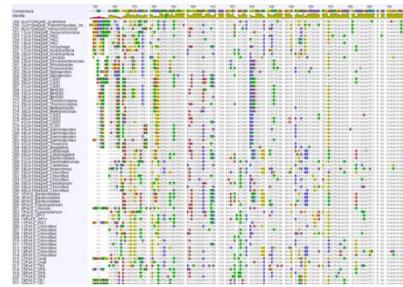
Comparaison des séquences avec les bases de données

Identification



des communautés

### Analyse des résultats de séquençage



Extraction et Séquençage



### Analyse des séquences

❖ Base de données Silva



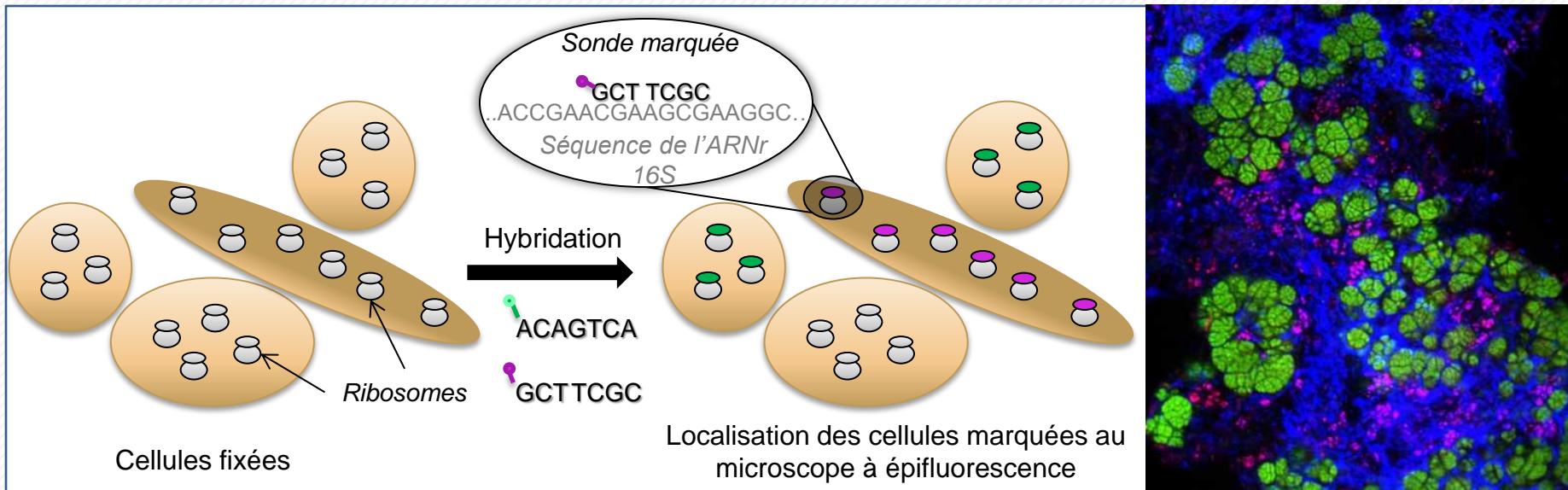
❖ Base de données personnalisée

N°	Classification	Classification intratitrante	Classification finale
00000000	Non défini	>1_B10_SACRED_1	SACRED
00000001	Non défini	>1_B10_SACRED_1	SACRED
00000002	Non défini	>4_B10_SACRED_1	SACRED
00000003	Non défini	>12_B10_HSG_B	HSG_B
00000004	Non défini	>14_B10_HSG_B	HSG_B
00000005	Non défini	>16_B10_HSG_B	HSG_B
00000006	Non défini	>18_B10_HSG_B	HSG_B
00000007	Non défini	>20_B10_HSG_B	HSG_B
00000008	Non défini	>22_B10_HSG_B	HSG_B
00000009	Non défini	>24_B10_HSG_B	HSG_B
00000010	Non défini	>26_B10_ANHES_Gu	ANHES_Gu
00000011	Non défini	>28_B10_ANHES_Gu	ANHES_Gu
00000012	Non défini	>30_B10_ANHES_Gu	ANHES_Gu
00000013	Non défini	>32_B10_ANHES_Gu	ANHES_Gu
00000014	Non défini	>34_B10_ANHES_Gu	ANHES_Gu
00000015	Non défini	>36_B10_ANHES_Gu	ANHES_Gu
00000016	Non défini	>38_B10_ANHES_Gu	ANHES_Gu
00000017	Non défini	>40_B10_ANHES_Gu	ANHES_Gu
00000018	P. fumerus	>70D05_Desulfurobacteriales	Desulfurobacteriales
00000019	P. alvarezi	>70D05_Desulfurobacteriales	Pyrobacterales
00000020	Non défini	>70D05_Desulfurobacteriales	Pyrobacterales

MISES À JOUR

Identification des communautés

# MÉTHODES D'ÉTUDE : FISH ET Q-PCR



## Microscopie FISH

Elle va permettre de détecter et de visualiser l'organisation spatiale et la morphologie des groupes microbiens théoriquement actifs dans nos échantillons à l'aide de sondes spécifiques

## La PCR quantitative

Elle va permettre de quantifier et d'analyser la distribution des groupes microbiens dans nos échantillons à l'aide d'amorces spécifiques

# Résultats - Discussion

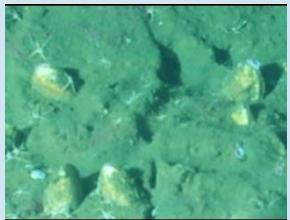




## LES SITES ÉTUDIÉS

### Sites colonisés par de la mégafaune

#### Marge de Sonora



Deux sites colonisés par des bivalves vésicomyidés (*Ayala* et *Vasconcelos*)

Un site colonisé par des vers siboglinidés (*Juarez*)

#### Southern Trough

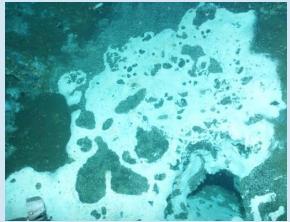


Un site colonisé par des bivalves vésicomyidés (*Morelos*)

*Concentrations en méthane et en sulfure réduites dans les sédiments*

### Sites colonisés par des tapis microbiens

#### Marge de Sonora



Un site colonisé par un tapis microbien (*Vasconcelos*)



Le pourtour de ce tapis colonisé par des gastéropodes (*Vasconcelos*)

#### Southern Trough



Un site colonisé par un tapis microbien (*MegaMat*)

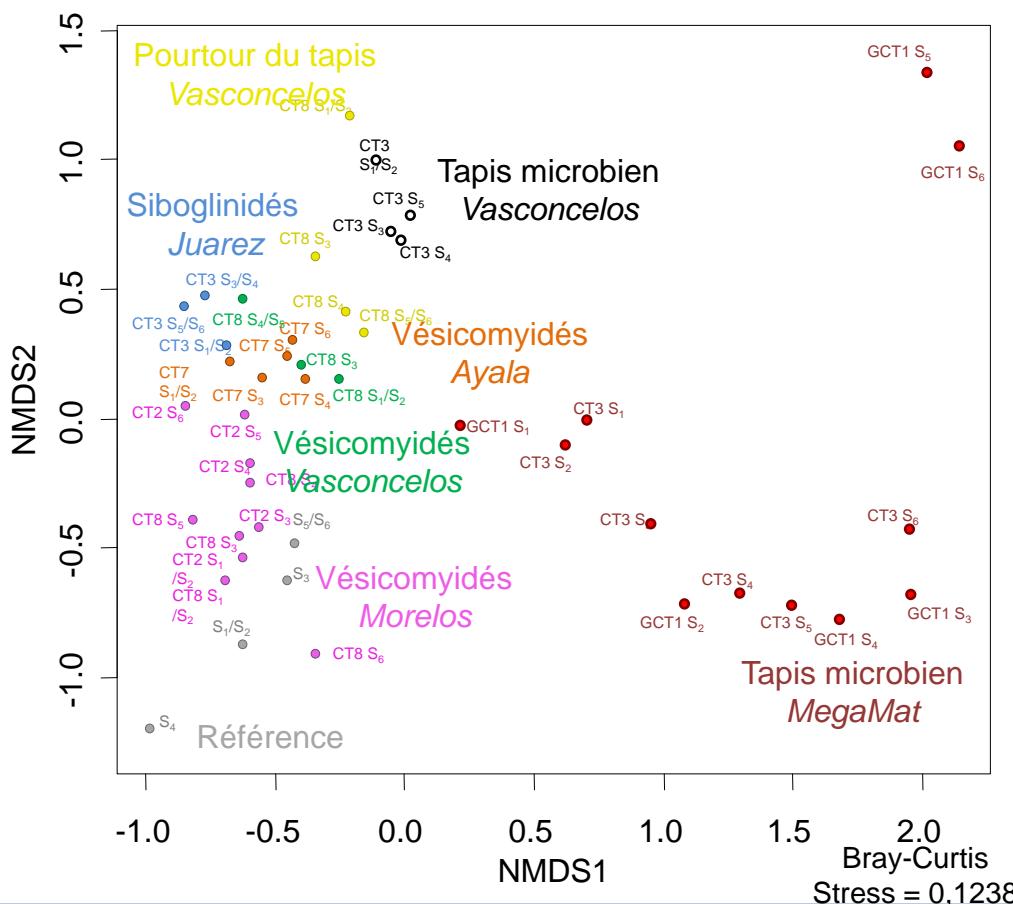
*Concentrations en méthane et en sulfure importantes dans les sédiments*



# RÉSULTATS DU PYROSÉQUENÇAGE

## Visualisation et interprétation des données

### Représentation graphique des résultats NMDS (Non-Metric Multidimensional Scaling)



### Résultats Archaea

Résultats habitats suintements froids (pôle froid) et sources hydrothermales (pôle chaud)

Un point = Un échantillon

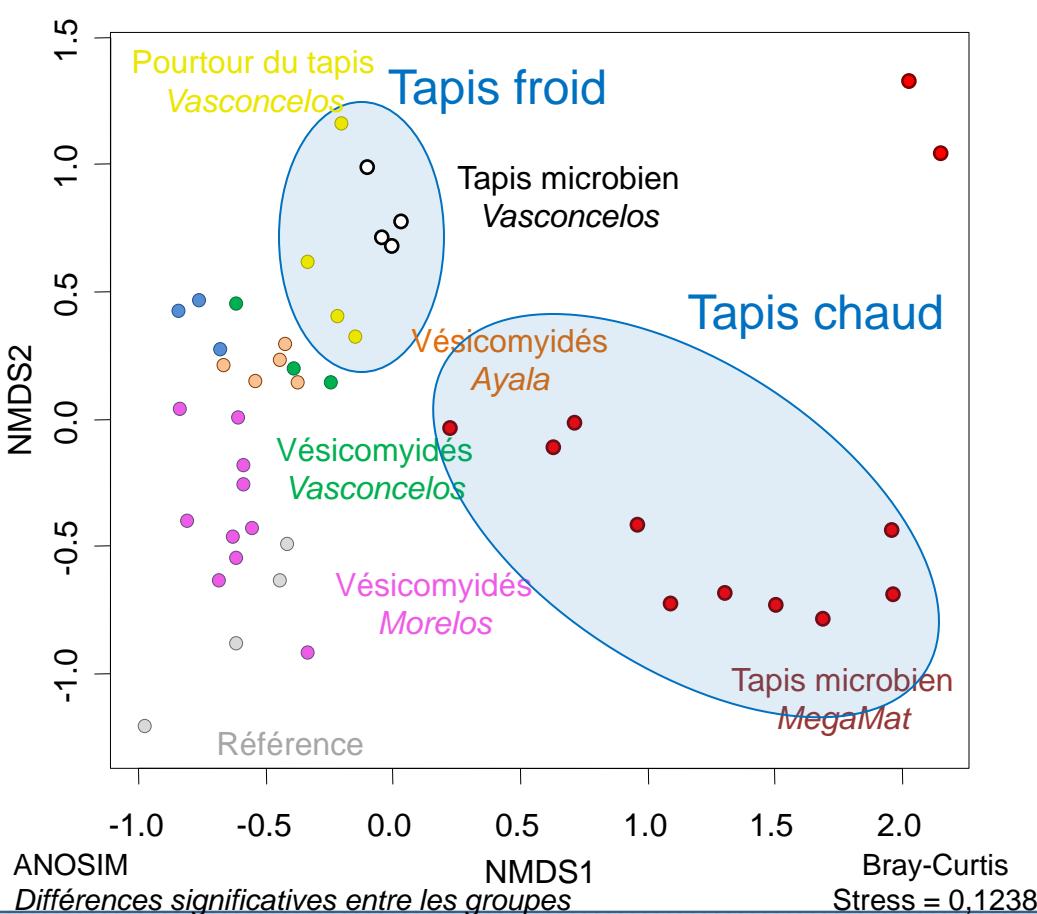
Plus les points sont proches, plus les structures des communautés microbiennes détectées dans les échantillons sont similaires.



# RÉSULTATS DU PYROSÉQUENÇAGE

## Visualisation et interprétation des données

Représentation graphique des résultats *NMDS* (*Non-Metric Multidimensional Scaling*)



## Résultats Archaea

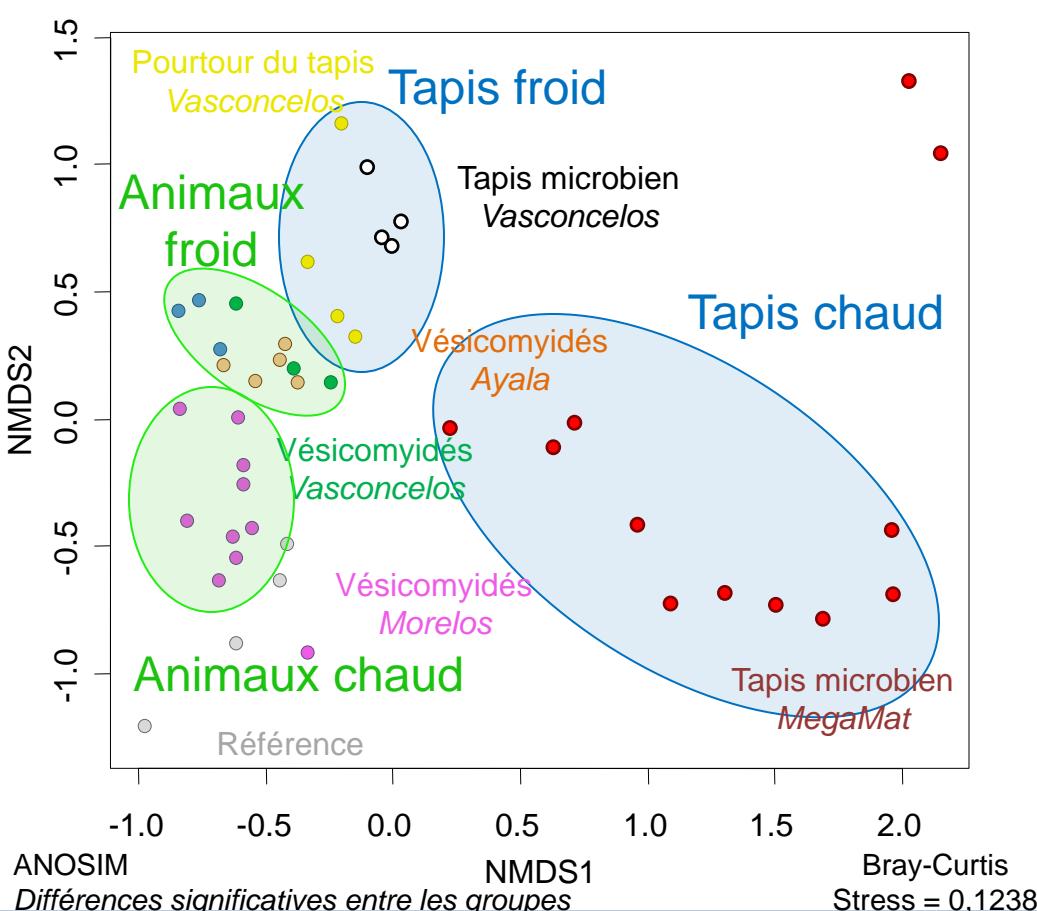
Différences significatives entre les groupes



# RÉSULTATS DU PYROSÉQUENÇAGE

## Visualisation et interprétation des données

Représentation graphique des résultats *NMDS* (*Non-Metric Multidimensional Scaling*)



## Résultats Archaea

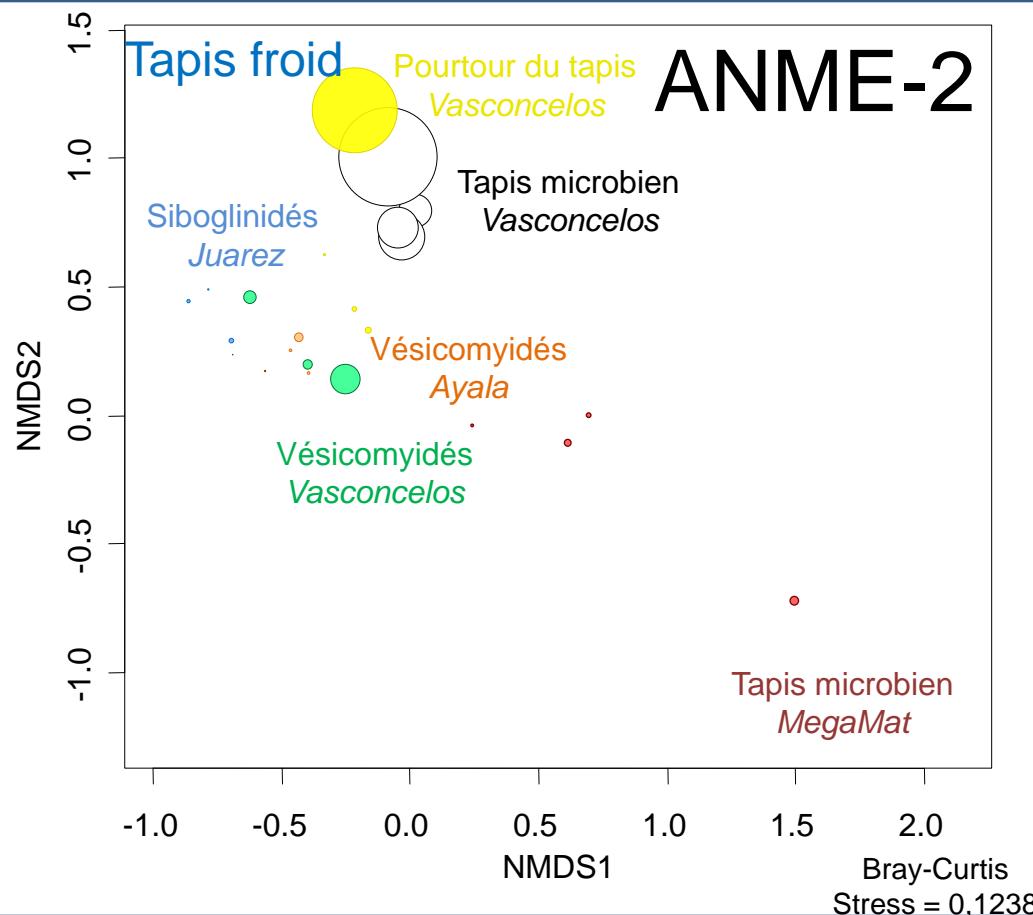
Différences significatives entre les groupes



# RÉSULTATS DU PYROSÉQUENÇAGE

## Visualisation et interprétation des données

Représentation graphique des résultats *NMDS* (*Non-Metric Multidimensional Scaling*)



## Résultats Archaea

Différences significatives entre les groupes

Groupes microbiens responsables

ANME-2

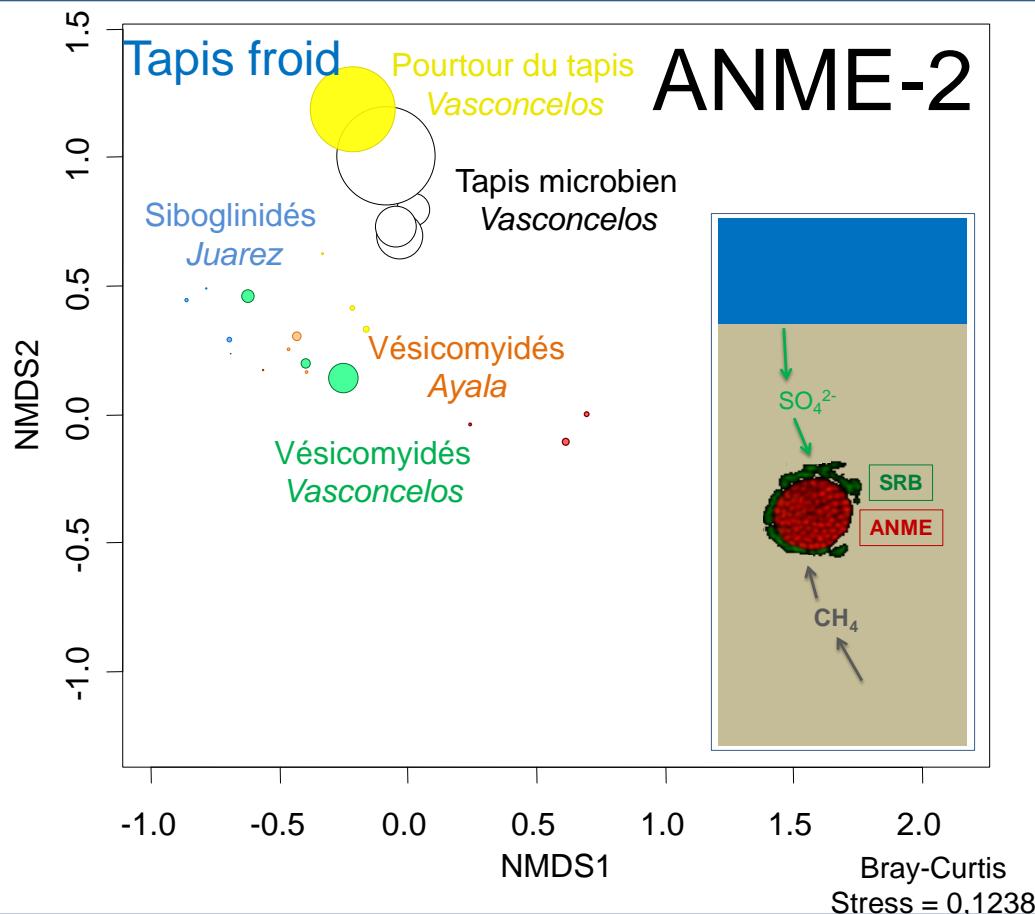
Proportions importantes sous les tapis microbiens du pôle froid



# RÉSULTATS DU PYROSÉQUENÇAGE

## Visualisation et interprétation des données

Représentation graphique des résultats *NMDS* (*Non-Metric Multidimensional Scaling*)



## Résultats Archaea

Différences significatives entre les groupes

Groupes microbiens responsables

ANME-2

Proportions importantes sous les tapis microbiens du pôle froid

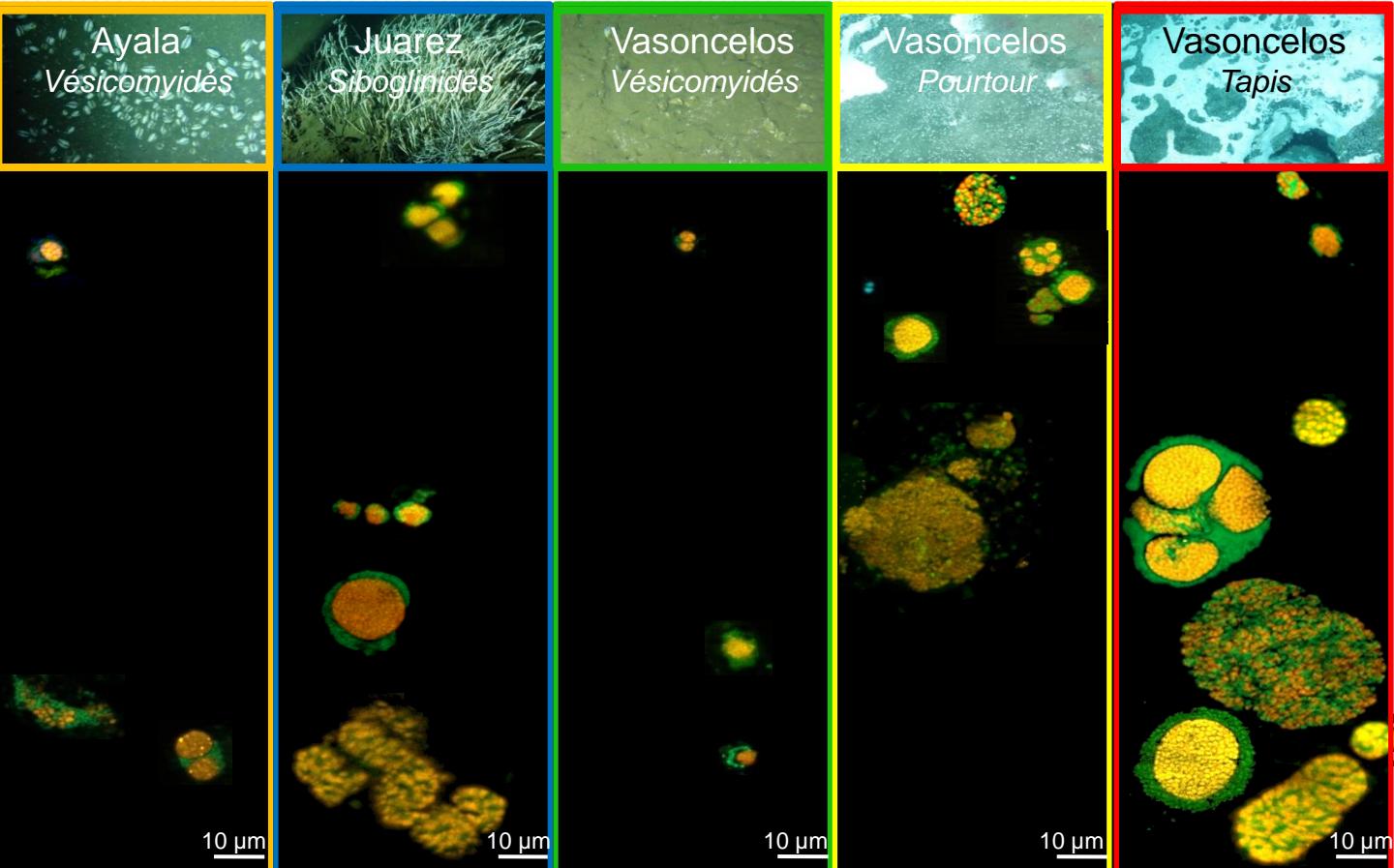
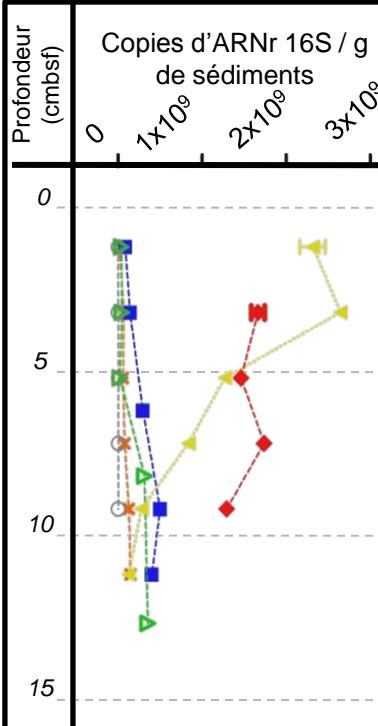


# COMPARAISON Q-PCR ET FISH

## Visualisation et interprétation des données

### PCR quantitative et Hybridation fluorescente *in situ* (FISH)

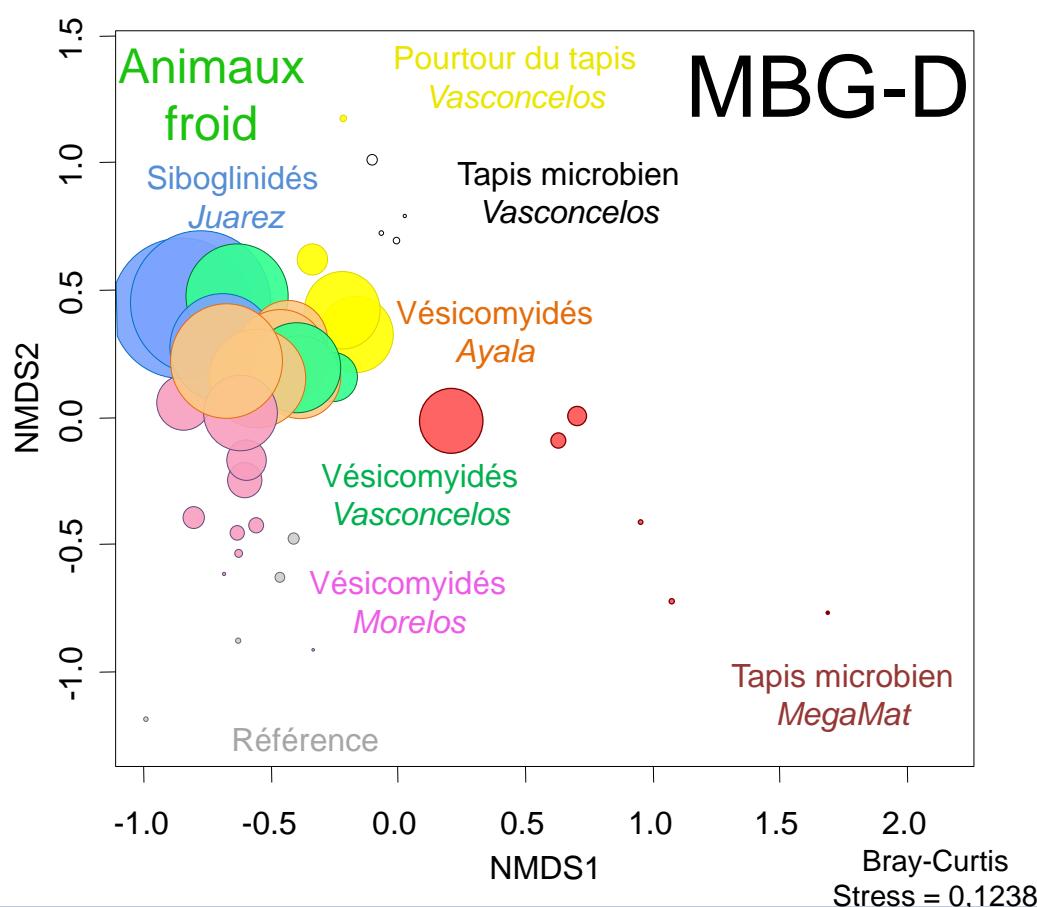
#### ANME-2



# RÉSULTATS DU PYROSÉQUENÇAGE

## Visualisation et interprétation des données

Représentation graphique des résultats *NMDS* (*Non-Metric Multidimensional Scaling*)



## Résultats Archaea

Différences significatives entre les groupes

Groupes microbiens responsables

ANME-2

Proportions importantes sous les tapis microbiens du pôle froid

MBG-D (Marine Benthic Group D)

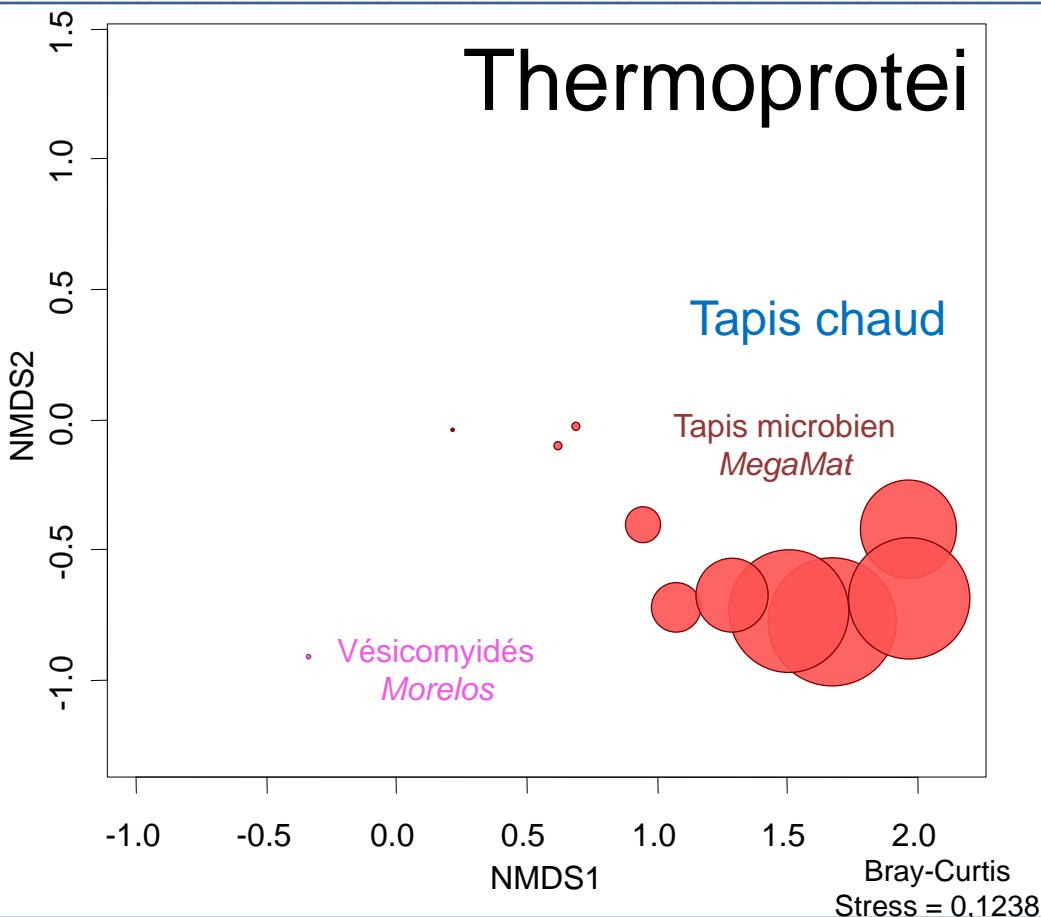
Proportions importantes sous les animaux du pôle froid et en profondeur sous les vésicomyidés du pôle chaud



# RÉSULTATS DU PYROSÉQUENÇAGE

## Visualisation et interprétation des données

Représentation graphique des résultats *NMDS* (*Non-Metric Multidimensional Scaling*)



## Résultats Archaea

Différences significatives entre les groupes

Groupes microbiens responsables

ANME-2

Proportions importantes sous les tapis microbiens du pôle froid

MBG-D

Proportions importantes sous les animaux du pôle froid et en profondeur sous les vésicomyidés du pôle chaud

Thermoprotei

Proportions importantes sous les tapis microbiens du pôle chaud

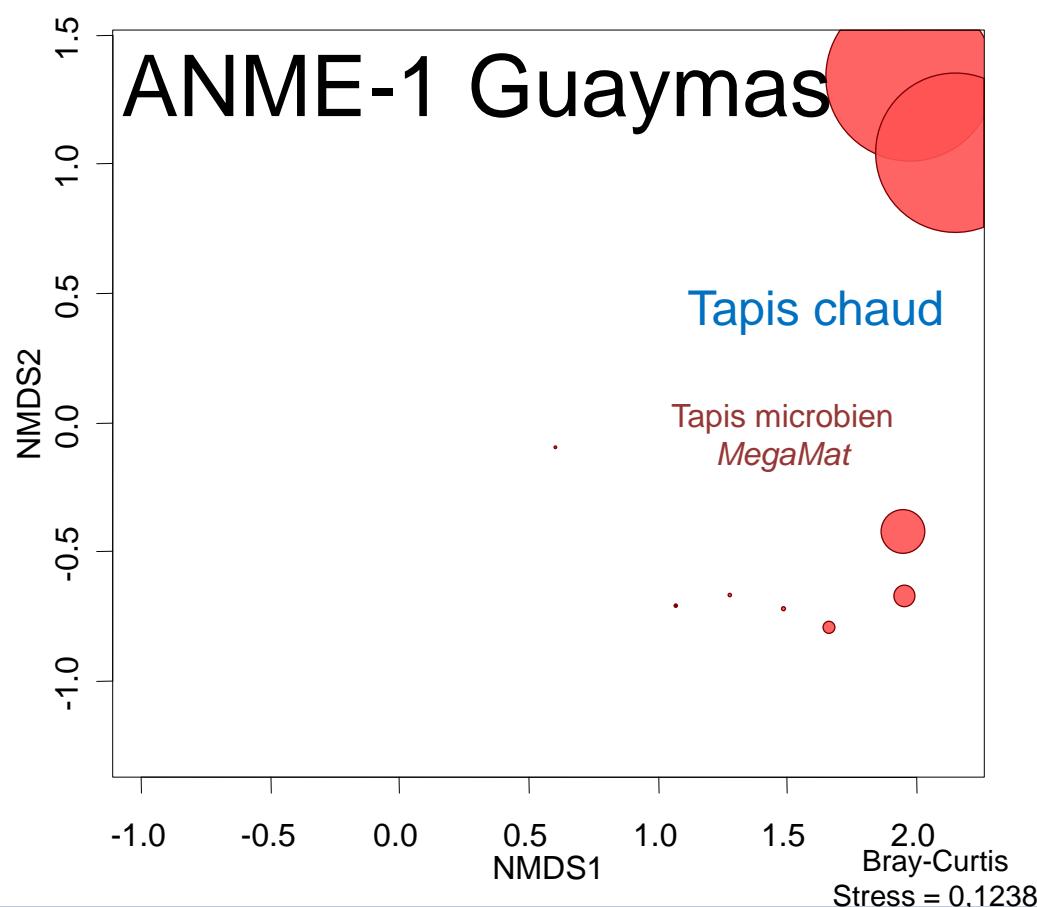




## RÉSULTATS DU PYROSÉQUENÇAGE

### Visualisation et interprétation des données

Représentation graphique des résultats *NMDS* (*Non-Metric Multidimensional Scaling*)



### Résultats Archaea

Différences significatives entre les groupes

Groupes microbiens responsables

#### ANME-2

*Proportions importantes sous les tapis microbiens du pôle froid*

#### MBG-D

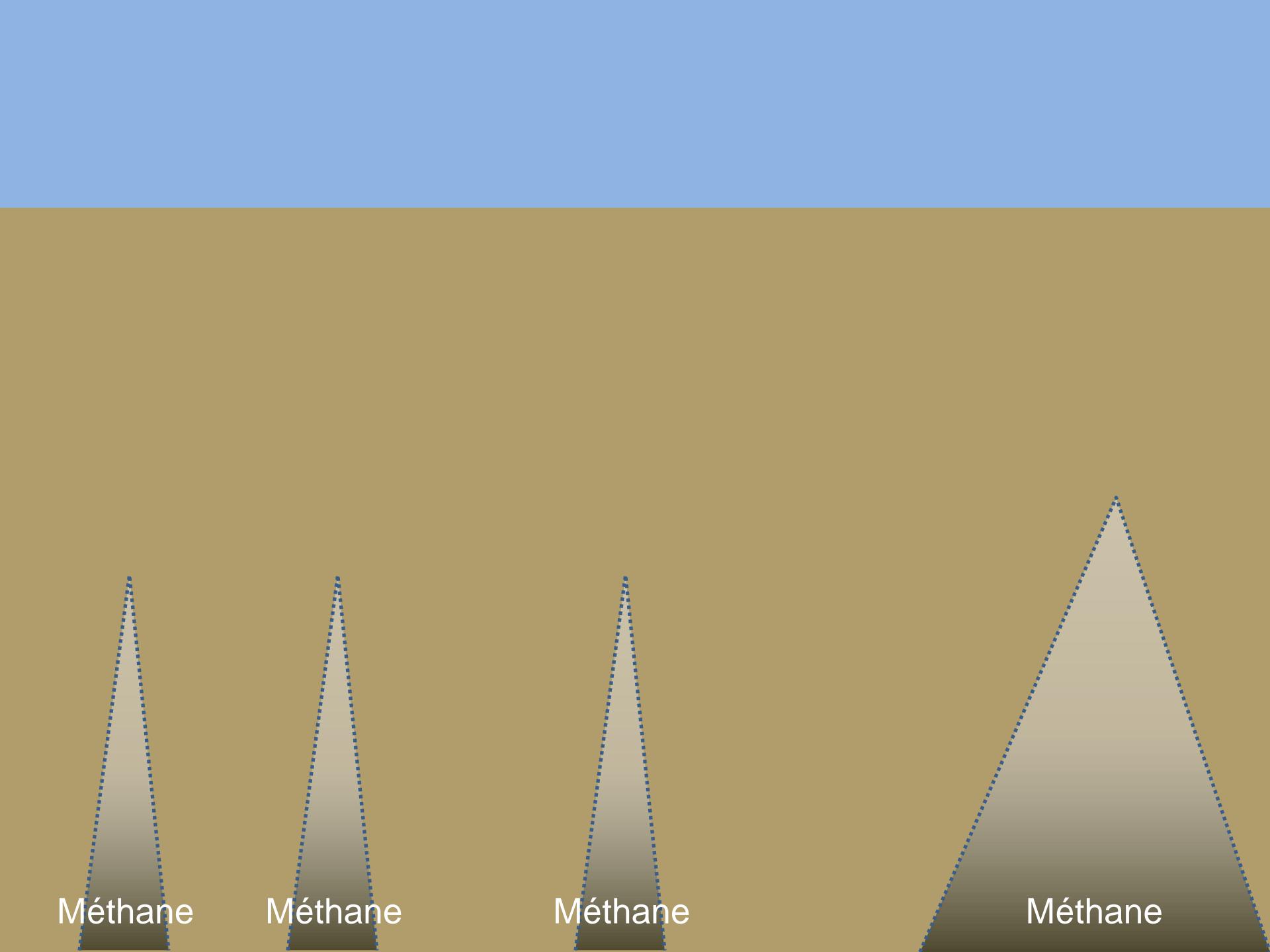
*Proportions importantes sous les animaux du pôle froid et en profondeur sous les vésicomyidés du pôle chaud*

#### ANME-1 Guaymas

*Détectées exclusivement sous les tapis microbiens du pôle chaud*





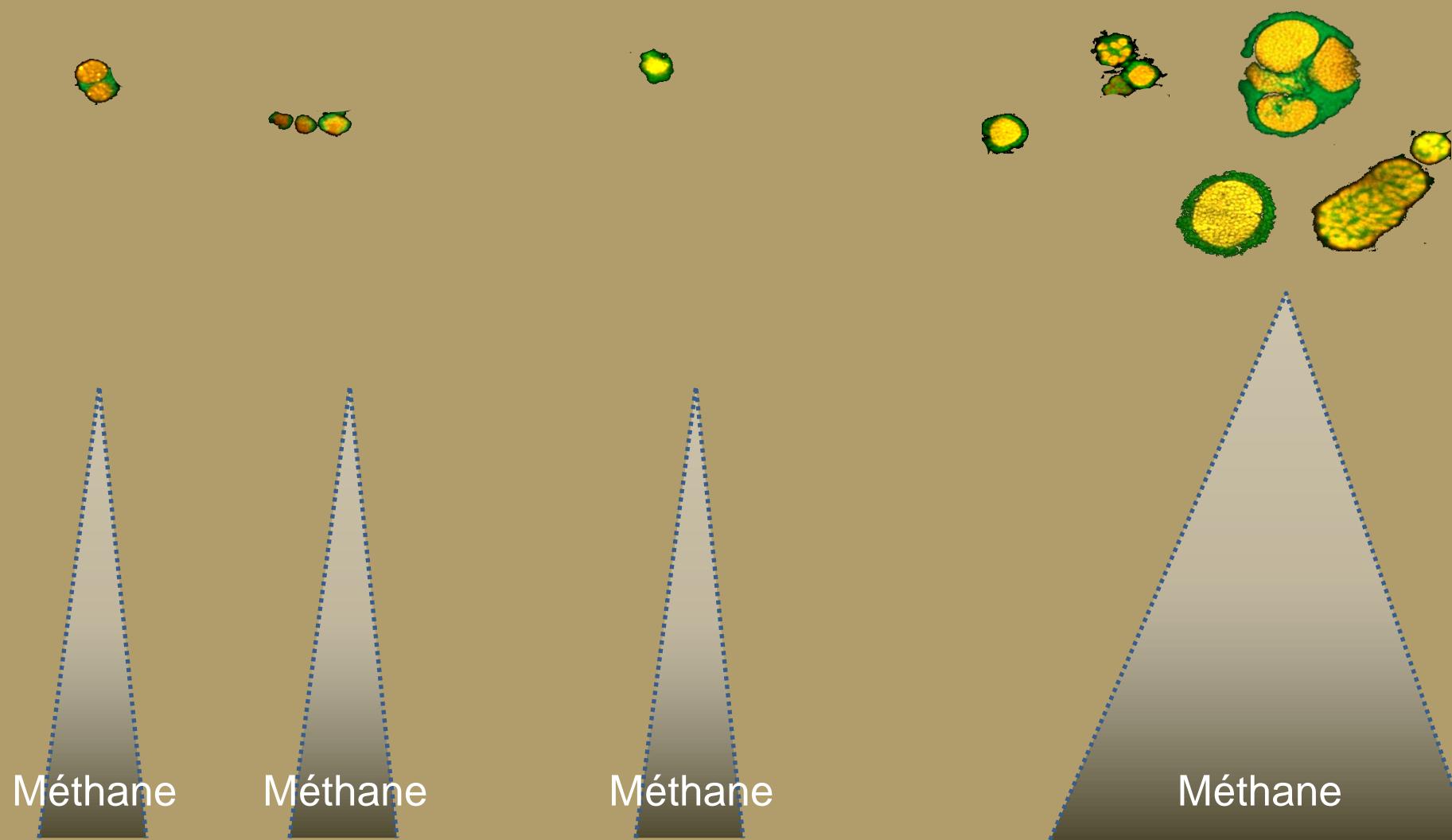


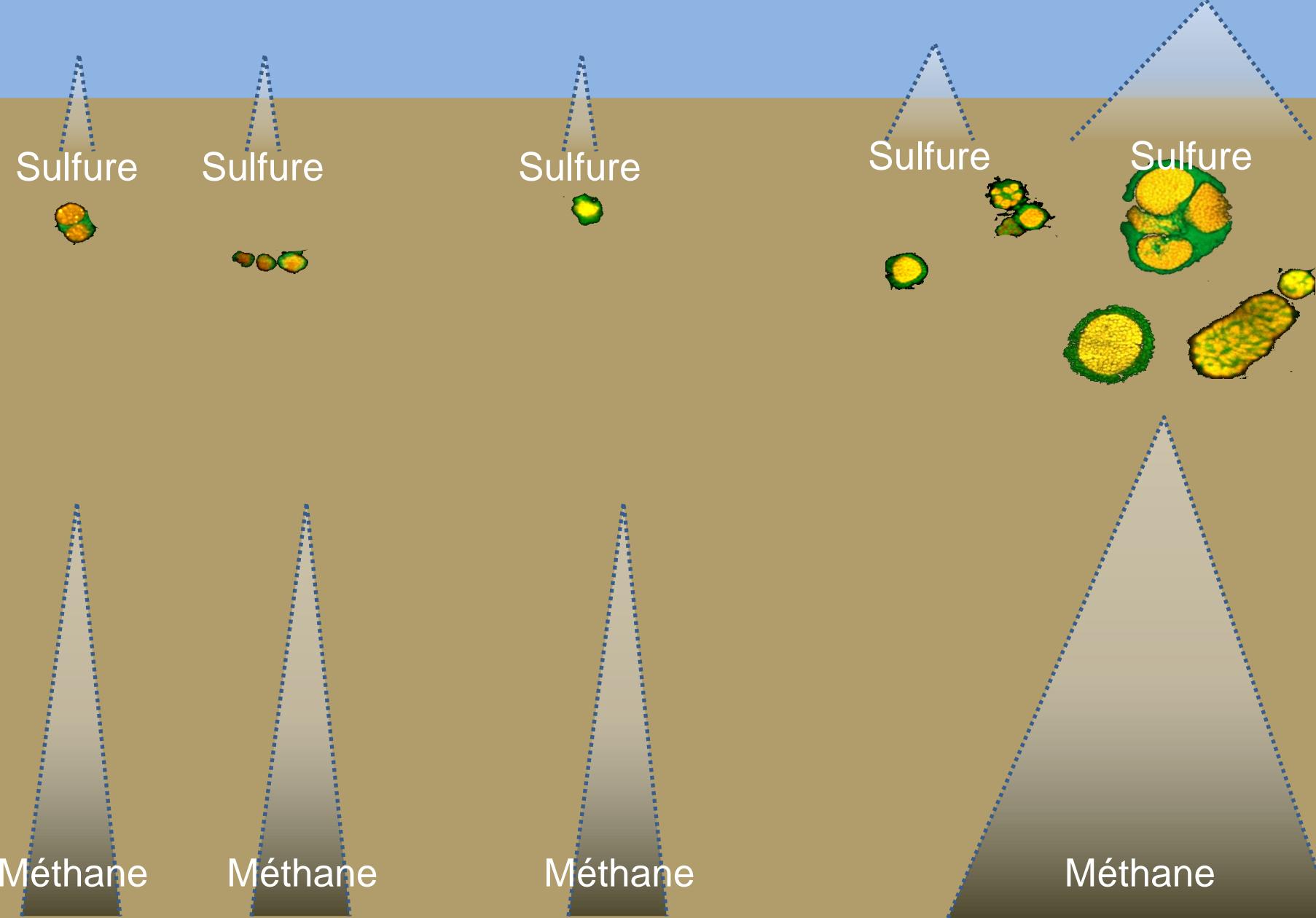
Méthane

Méthane

Méthane

Méthane





## Vésicomyidés

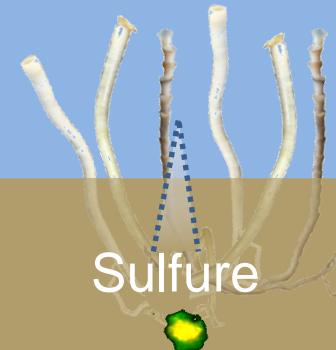


Sulfure



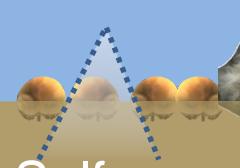
Sulfure

## Siboglinidés



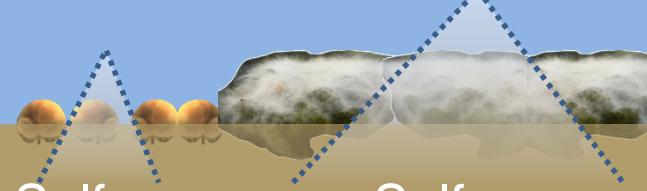
Sulfure

## Pourtour

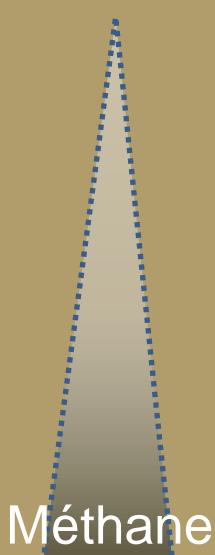


Sulfure

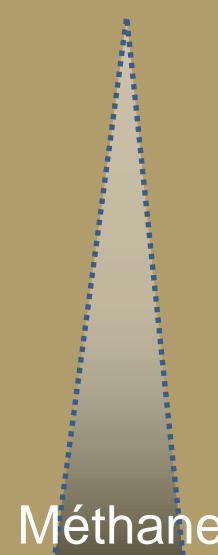
## Tapis microbien



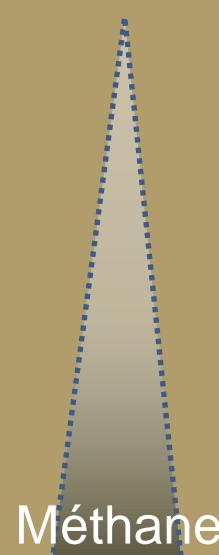
Sulfure



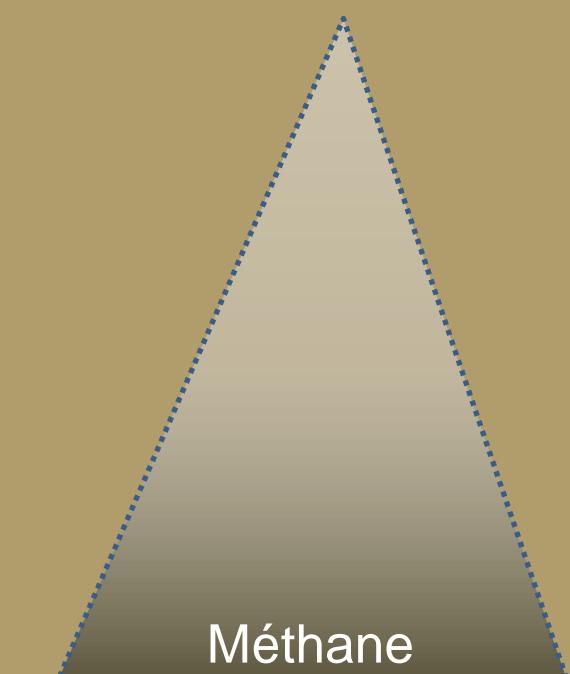
Méthane



Méthane



Méthane



Méthane

## Vésicomyidés



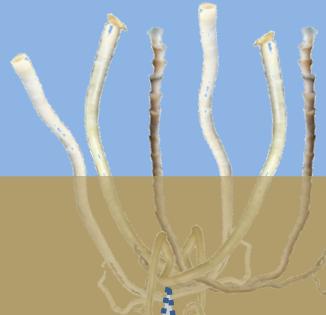
Sulfure



Sulfure



## Siboglinidés



Sulfure



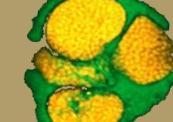
## Pourtour



Sulfure



Sulfure



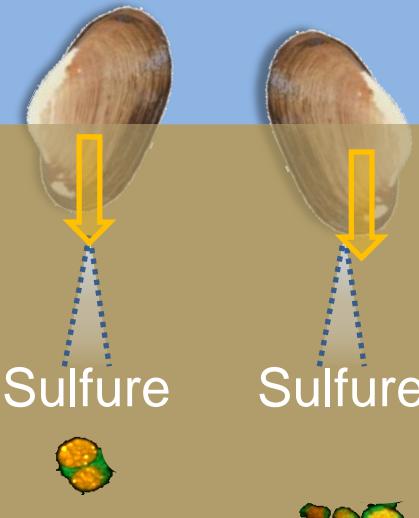
Méthane

Méthane

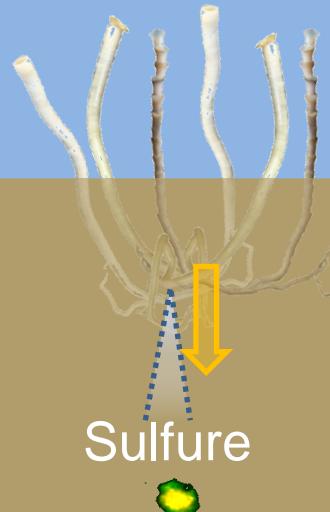
Méthane

Méthane

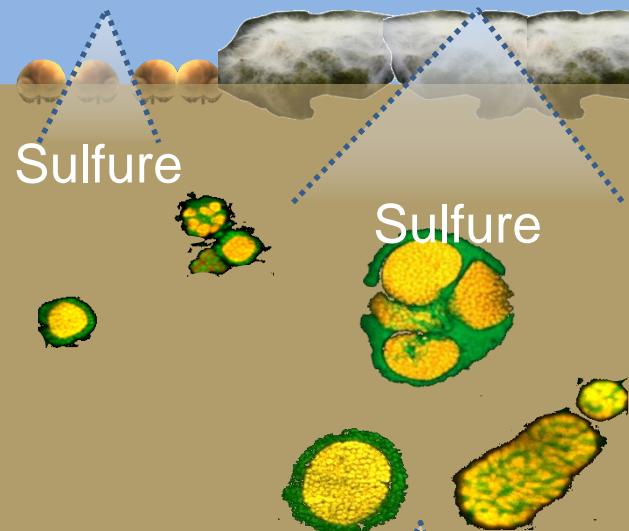
## Vésicomyidés



## Siboglinidés



## Pourtour Tapis microbien



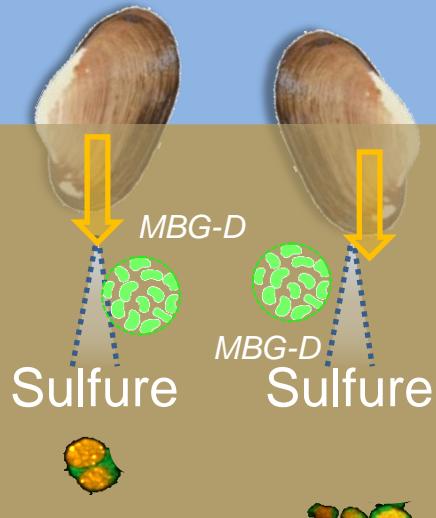
Méthane

Méthane

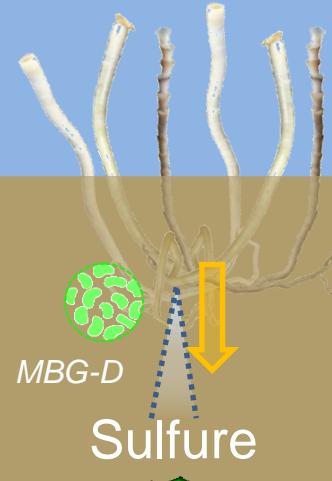
Méthane

Méthane

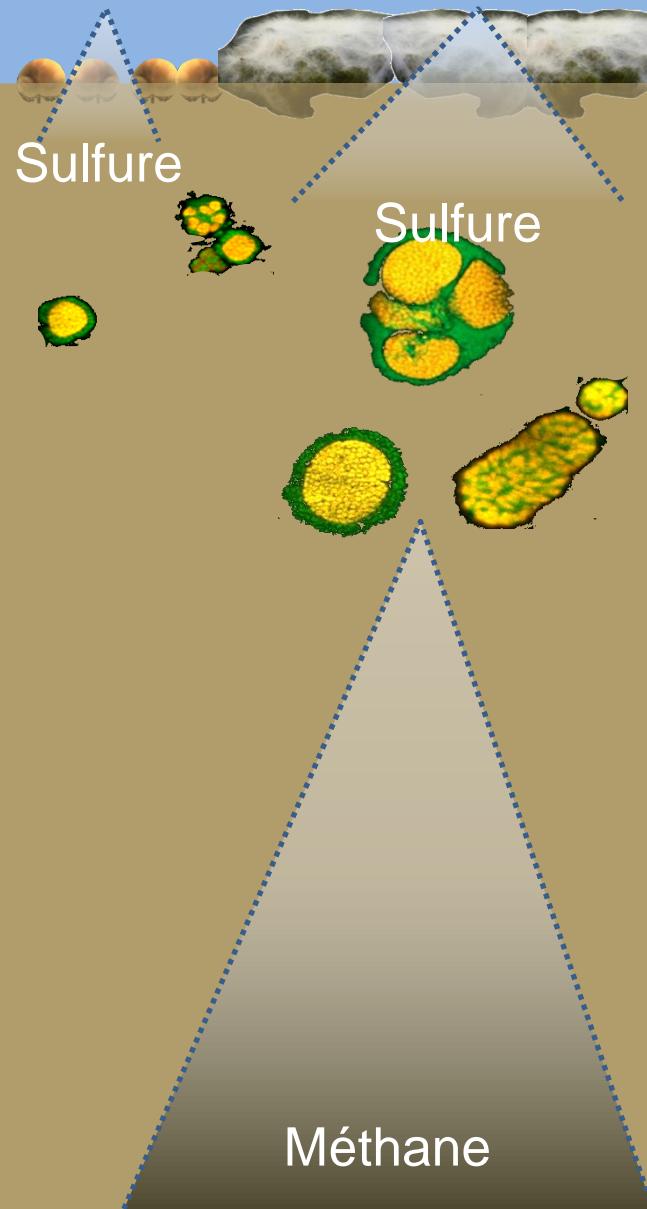
## Vésicomyidés



## Siboglinidés



## Pourtour

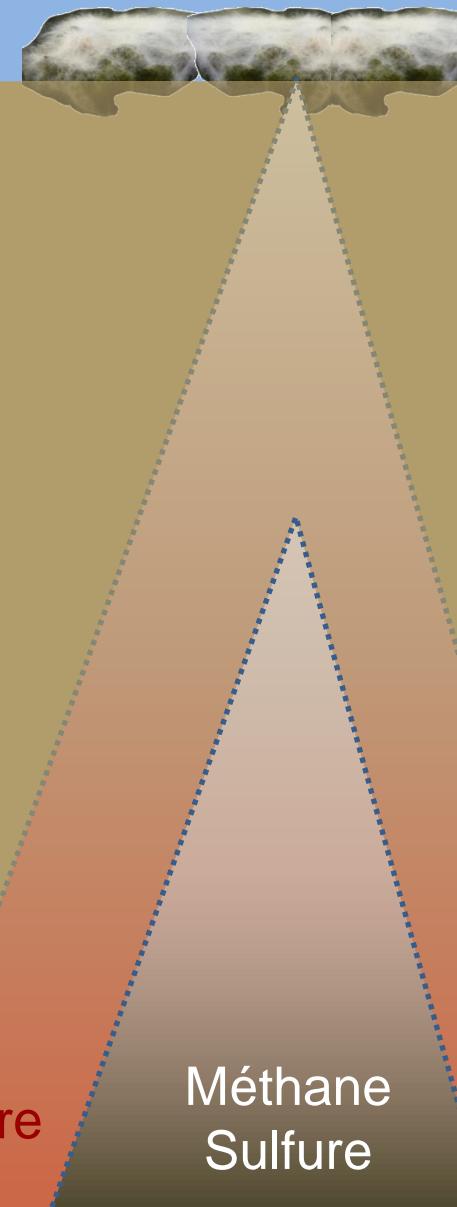
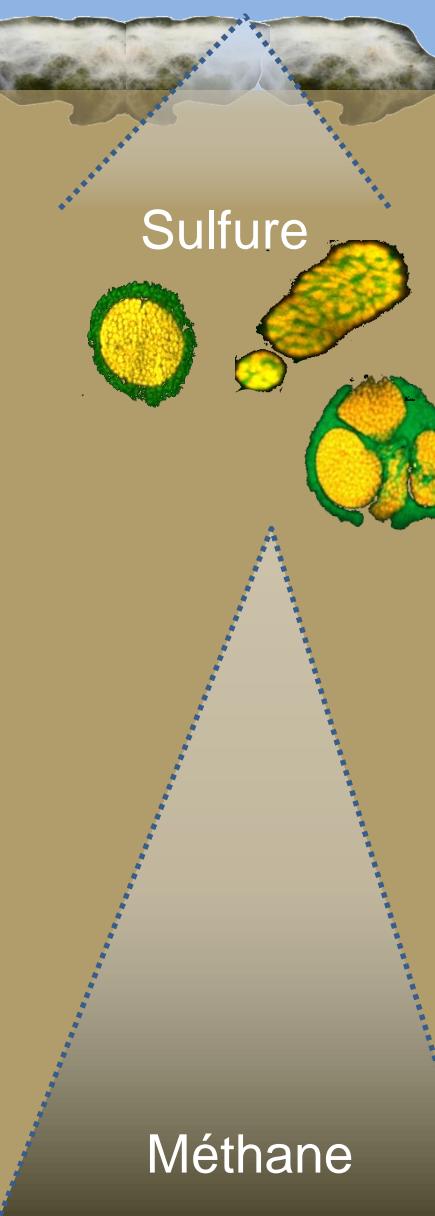


## Tapis microbien

Tapis microbien

Tapis microbien  
*MegaMat*

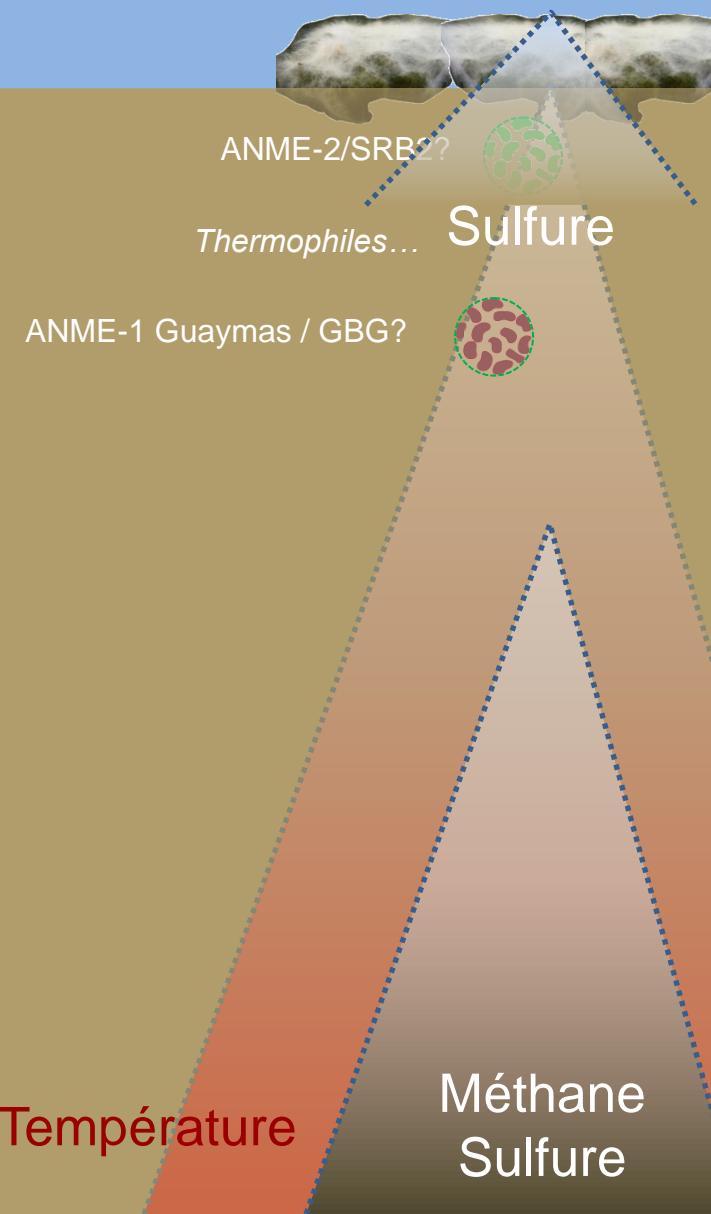
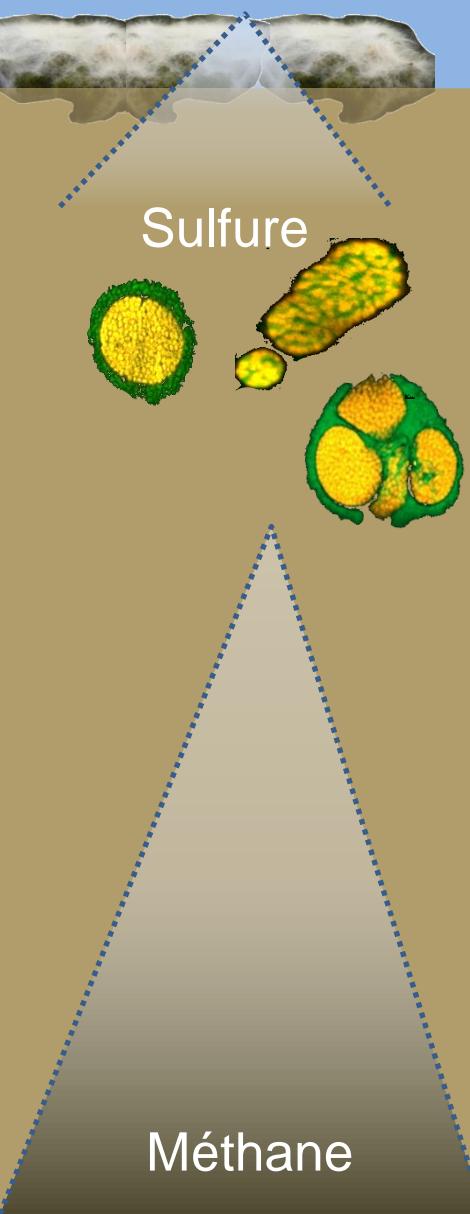
.....60 km.....



Tapis microbien

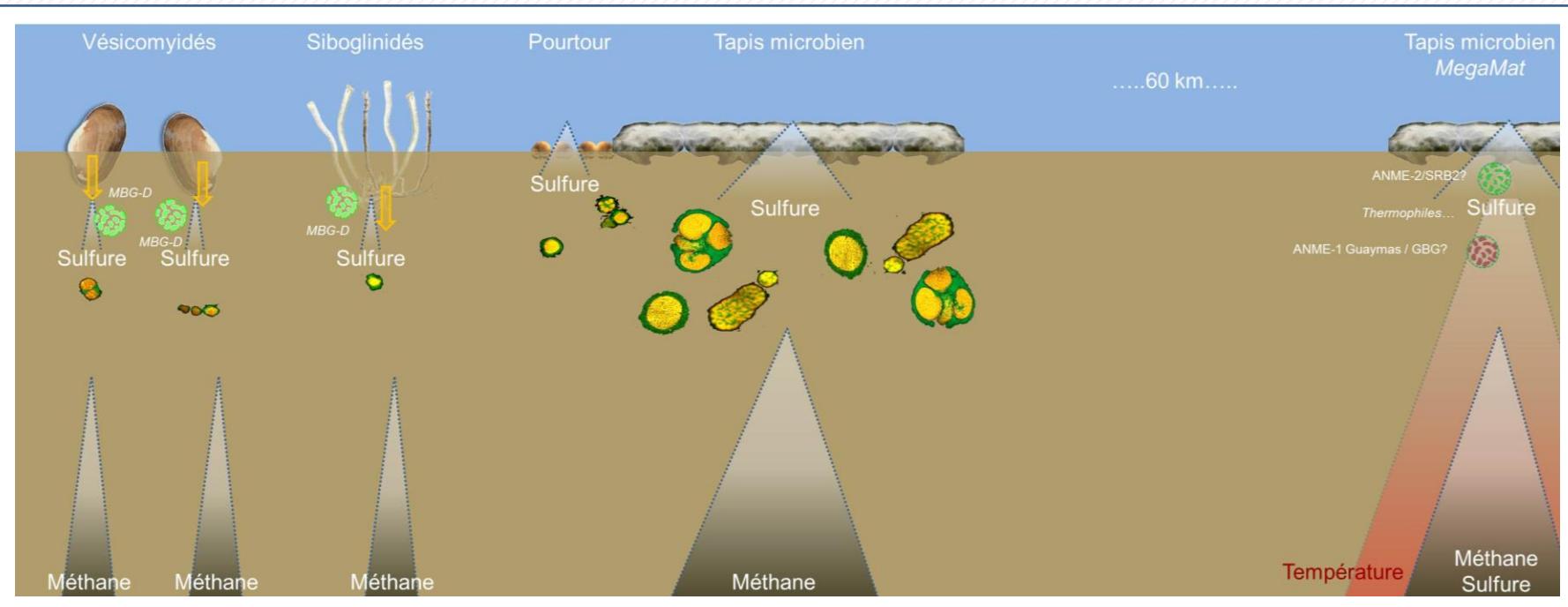
Tapis microbien  
*MegaMat*

.....60 km.....





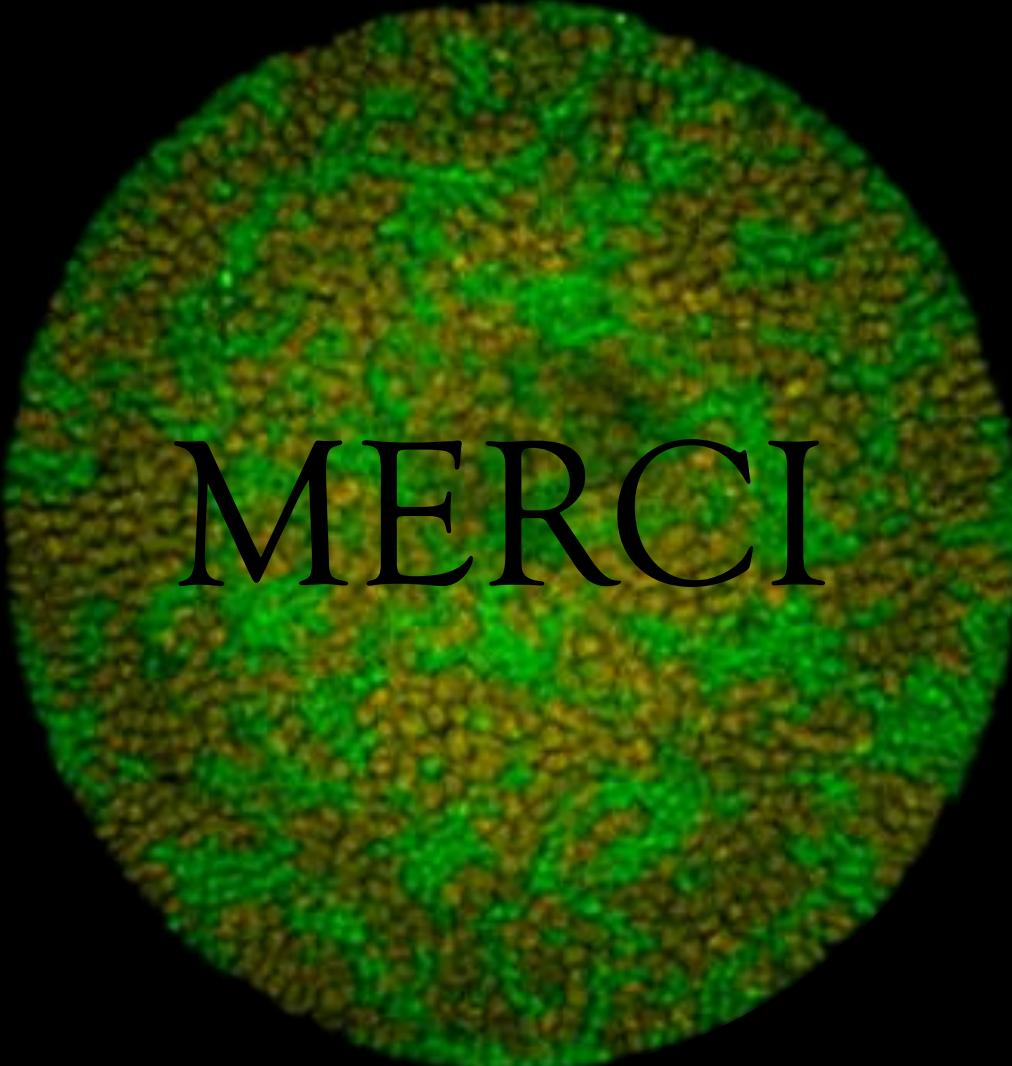
## SCHÉMA BILAN



## Systèmes complexes et dynamiques

Communautés microbiennes sédimentaires, composition des fluides et organismes de surface interagissent les uns avec les autres

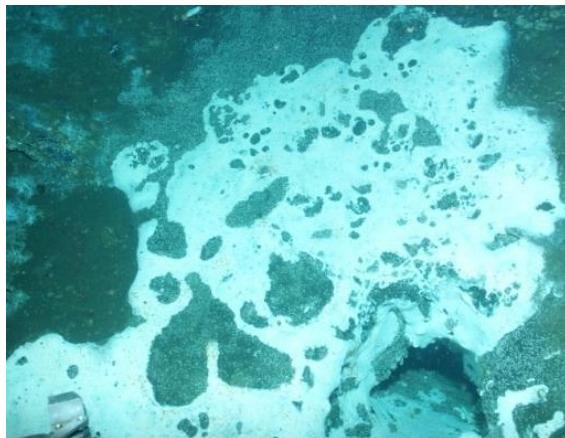




MERCI



## RÉCAPITULATIF PÔLE FROID ET PÔLE CHAUD



Sédiments colonisés par des tapis microbiens

Concentrations en méthane et en sulfure proches



## CEPENDANT

Communautés microbiennes différentes entre les deux sites

Gradient de température important

Développement de microorganismes thermophiles

