
Caractérisation des communautés bactériennes associées au remplissage sédimentaire dans des zones côtières soumises à des échappements de fluides (Baie de Concarneau et du Croisic) par métagénomique

Anne Murat^{1,2}, Gwendoline Gregoire^{*1,2}, Isabelle Poirier^{1,2}, Marina Moletta-Denat³, Agnès Baltzer⁴, Jean-Baptiste Champilou⁵, Livio Ruffine⁶, Dominique Birot⁶, Emmanuel Rinnert⁶, Axel Ehrhold⁷, Elodie Marches⁸, and Patrick Guyomard⁸

¹Institut des Sciences et Techniques de la Mer (INTECHMER) – Conservatoire National des Arts et Métiers [CNAM] – France

²Laboratoire Universitaire des Sciences Appliquées de Cherbourg – Université de Caen Normandie : EA4253 – France

³INRA Transfert Environnement (IT-E) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) – UR 50, Avenue des étangs 11100 Narbonne, France

⁴Littoral - Environnement - Télédétection - Géomatique (LETG Nantes) – Université de Nantes, CNRS : UMR6554 – Campus Tertre BP 81227 44312 NANTES Cedex 3, France

⁵LPG-BIAF (Bio-Indicateurs Actuels et Fossiles) – Université d’Angers, CNRS : UMR6112 – France

⁶IFREMER, Département Ressources physiques et Ecosystèmes de fond de Mer (REM), Unité des Géosciences Marines et Unité des Etudes des Ecosystèmes Profonds, 29280 Plouzané – Institut Français de Recherche pour l’Exploitation de la Mer (IFREMER), Institut Français de Recherche pour l’Exploitation de la MER - IFREMER – France

⁷Ifremer - Laboratoire de Géodynamique et Enregistrements Sédimentaires (Ifremer - REM/GM/LGS) – Institut Français de Recherche pour l’Exploitation de la Mer (IFREMER) – ZI pointe du Diable CS 10070 29280 Plouzané, France

⁸Service Hydrographique et Océanographique de la Marine – Ministère de la Défense – France

Résumé

Ce travail a d’abord été effectué grâce à des financements Action Marges (2016) et en collaboration avec IFREMER, le SHOM, l’Université de Nantes et le CNAM-Intechmer/LUSAC. Le travail présenté correspond à une première analyse métagénomique des communautés bactériennes de sédiments associés à la thématique des sorties de fluides et en particulier des pockmarks. L’ADN génomique total a été extrait à partir de 0,3 g de sédiment grâce au kit d’extraction ” DNeasy PowerSoil Kit ” (Labo- ratoires Mo Bio, USA). Pour chaque extrait, la région variable V4-V5 du gène bactérien codant pour l’ARN ribosomique 16S a été amplifiée par PCR. Les amplicons ont ensuite été séquencés par séquençage haut débit (séquenceur MiSeq (Illumina)) et les séquences présentant au moins 97% d’homologie entre elles ont été regroupées en Unités Taxonomiques Opérationnelles (OTU). Le nombre d’OTU ainsi obtenu permet de rendre compte de la diversité de la communauté bactérienne.

*Intervenant

Les séquences ont ensuite été analysées par bioinformatique afin de les comparer aux bases de données internationales et d'identifier chaque OTU à différents niveaux taxonomiques : Domaine (Eubacteria et Archaea), Phylum, Classe, Ordre et parfois Genre. Cette méthode permet également de quantifier le nombre de séquences par OTU et donc de connaître le pourcentage que représente chaque groupe taxonomique dans la communauté. Les échantillons utilisés proviennent à la fois de sédiments (1) de surface, prélevés par plongeurs, au niveau de trois pockmarks et des zones adjacentes, dominées par l'écosystème à Haploops sp. (Baies de Concarneau et du Croisic) et (2) de quatre carottages Kullenberg (Baie de Concarneau). Pour traiter cette très grande quantité de données, une analyse statistique par ACP a été utilisée. Les résultats montrent une différenciation claire de la zonation redox qui s'établit au cours de la diagenèse avec l'enfouissement : zone aérobie, zone de sulfato-réduction, zone de transition sulfates-méthane (SMTZ) et zone méthane. Les sédiments de la zone méthane étant très pauvres en matière organique, le gaz présent (masque sismique) pourrait provenir également de zones plus profondes. La cheminée du pockmark, actif le plus récemment, présente une communauté bactérienne particulièrement abondante (jusqu'à 42737 séquences à 5 cm de profondeur) et diversifiée (jusqu'à 3696 OTU).