

# ÉVOLUTION DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE ET PHÉNOTYPIQUE DANS UNE COMMUNAUTÉ MICROBIENNE MARINE EXPOSÉE À DES POLLUANTS : UNE ÉTUDE EN MICROCOSME.

Préserver les océans est un défi majeur du XXI<sup>ème</sup> siècle. En 2000, la Directive Cadre sur l'Eau a harmonisé les réglementations européennes concernant la gestion de l'eau afin de protéger et de restaurer le bon état des écosystèmes aquatiques, y compris le milieu marin et le littoral [1].

Cette étude vise à examiner l'impact des polluants sur les communautés microbiennes marines, qui jouent un rôle crucial dans la santé des écosystèmes. En effet, cette faune microbienne joue un rôle majeur dans l'équilibre écosystémique, notamment grâce à sa contribution significative au cycle biogéochimique des nutriments (carbone, azote, phosphore). En combinant des approches génétiques et phénotypiques, nous avons cherché à prédire les effets écologiques à long terme de la pollution marine et à développer des stratégies de gestion améliorées. Nous avons utilisé des microcosmes pour exposer une communauté microbienne marine sauvage (provenant de la Station Biologique de Roscoff, France) à divers toxiques (anthracène, benzène, chlorpyrifos, chlorure de cuivre et PFOA)[2] et combiné des approches phénotypiques (Biolog<sup>®</sup> Phenotype Microarrays) et génétiques (Séquençage NGS du gène 16S)[3] pour évaluer i) les changements dans la structure de la communauté, ii) les réponses phénotypiques aux polluants, et iii) les avantages de l'intégration de ces méthodes pour mieux évaluer l'impact des polluants sur l'écosystème.

Les résultats obtenus mettent en évidence une certaine résilience fonctionnelle malgré un effet significatif sur la diversité génétique. De plus, seules des conditions d'exposition spécifiques, telles que des concentrations plus élevées de polluants, semblent affecter significativement les fonctions écosystémiques. Fort de ces connaissances, le défi futur sera de développer des méthodes de surveillance basées sur des indicateurs biologiques pour estimer et prédire l'impact des polluants sur ces écosystèmes, afin de mieux les protéger.

## Mots clés

Evolution génétique, évolution phénotypique, milieu marin, communauté microbienne, surveillance environnementale

## Remerciements

Cette étude a été financée par l'Agence Nationale de la Recherche (ANR-21-MART-003), dans le cadre du programme européen ERA-NET COFUND MarTERA (CORDIS : 728053).

Nous remercions chaleureusement les équipes de la Station Biologique de Roscoff (UMR 7144) pour leur collaboration et leur expertise scientifique.

Nous sommes reconnaissants à la plateforme bio-informatique INRA MIGALE (MIGALE, INRA, 2018. Migale bioinformatics facility, doi : 10.15454/1.5572390655343293E12) pour son aide et son soutien.

## Références

- [1] Directive 2000/60/CE du Parlement européen et du Conseil du 23 octobre 2000 établissant un cadre pour une politique communautaire dans le domaine de l'eau. Journal Officiel du 22 décembre 2000, p.1-73.
- [2] Vikas, M., Vikas, M., & Dwarakish, G. S. (2015). Coastal Pollution: A Review. Aquatic Procedia, 4, 381- 388. doi: 10.1016/j.aqpro.2015.02.051
- [3] A. E. Parada, D. M. Needham, J. A. Fuhrman, "Every base matters: assessing small subunit rRNA primers for marine microbiomes with mock communities, time series and global field samples: Primers for marine microbiome studies", Environ Microbiol, vol.18, no 5, p.1403-1414, mai 2016, doi: 10.1111/1462-2920.13023

Sullivan JOUANNEAU\*(1), Eva DELAUNAY (1), Marie-José DURAND (1) Gérald THOUAND (1)

(1) Nantes Université, Oniris, CNRS, GEPEA, UMR 6144, F-85000 La Roche sur Yon, FRANCE

Contact e-mail :

sullivan.jouanneau@univ-nantes.fr