

Table des matières

Physiological regulation of <i>Prorocentrum lima</i> by its associated fungus <i>Aspergillus pseudoglaucus</i> , Olivier Berry [et al.]	3
Le virome d'origine humaine dans l'environnement : analyses des huitres du réseau ROME, Sylvain Parnaudeau [et al.]	4
Coopération et tricherie au sein du microbiote des huîtres: interactions complexes entre le virus OsHV-1 et les bactéries du genre <i>Vibrio</i> , Daniel Oyanedel [et al.]	6
Une perspective évolutive sur les microbiomes digestifs des crevettes hydrothermales, Pierre Methou [et al.]	8
A dual digestive symbiosis scales up the nutrition and immune system of the holobiont <i>Rimicaris exoculata</i> , Johanne Aube [et al.]	9
Diatoms and non-cyanobacterial diazotrophs: A potential symbiosis to overcome low levels of nitrogen, Emile Magadur [et al.]	10
One host to rule them all: symbiosis in benthic foraminifera, Dewi Langlet [et al.]	11
Ecophysiology of a Marine Non Cyanobacterial Diazotroph (NCD), Pauline Créatin	12
Interactions ISOMer-IFREMER pour l'analyse des interactions chimiques au sein du microbiome marin., Olivier Grovel [et al.]	13
Modulation des communautés microbiennes au cours de la maturation d' <i>Ostrea edulis</i> par des bactéries du genre <i>Pseudoalteromonas</i> , Garance Leroy [et al.]	14
How does light affect the presence and antibacterial activity of <i>Phaeobacter</i> in the <i>Ulva ohnoi</i> holobiont?, Zujaila Nohemy Qui Minet [et al.]	15
Les microbes sous stress : importance des interactions dans leur résilience, Eric Fouilland	16

The coral microbiome: A glimmer of hope for corals in the Anthropocene, Amin Mohamed	17
Vibrio aestuarianus and Pacific oysters mortalities in Thau lagoon in France, Germain Chevignon [et al.]	18
Etude de microbiotes synthétiques du saumon fumé en vue d'une méthode de biopréservation optimisée, Valérie Perez [et al.]	19
Biotic interactions within the holobiont of the ichthyotoxic microalgae Pymnesium parvum and implications on bioactivities., Lou Patron	20
Organophosphate ester plastic additives and microbial communities in marine sediments: a complex relationship, Javier Castro Jiménez [et al.]	21
Liste des auteurs	21

Physiological regulation of *Prorocentrum lima* by its associated fungus *Aspergillus* *pseudoglaucus*

Olivier Berry ¹, Enora Briand ², Fabienne Herve ², Simon Tanniou ²,
Andrea López-Mobilia ¹, Ruth Julianna Gutierrez ¹, Philipp Hess ², Olivier
Grovel ¹, Samuel Bertrand * ^{1,3}

¹ Institut Des Substances et Organismes de la Mer - UR 2160 – Nantes Université - UFR des Sciences Pharmaceutiques et Biologiques, Nantes université - UFR des Sciences et des Techniques – France

² Physiologie et Toxines des Microalgues Toxiques et Nuisibles – Institut français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer – France

³ Combinatoire et Bioinformatique – Laboratoire des Sciences du Numérique de Nantes – France

Climate change effects in marine waters is a driving factor of increased frequency of harmful algal blooms (HABs) (1). The understanding of the role of biotic interactions is one of the key challenges in HAB ecology, notably in the regulation of microalgal toxin production. In a previous study, we explored chemical interactions between the toxic dinoflagellate *Prorocentrum lima* and a filamentous fungus *Aspergillus pseudoglaucus*, which has been isolated from the microalgal culture itself. Our results highlighted an up-regulation of the dinoflagellate toxins okadaic acid and dinophysistoxin-1 under co-culture condition (2).

We now aim to identify fungal chemical cues involved in such toxin regulation. From the fungal extract of *Aspergillus pseudoglaucus* a classical bio-guided purification of compound was initiated the isolation of compound responsible for *P. lima* alteration of growth and/or toxin production. *Prorocentrum lima* growth was assessed by cell counting and toxin quantification was performed by LC-MS (MRM). From most active fractions various molecules were isolated and evaluated. As examples, Cladosporin methyl-ether had a significant effect on growth at both low and high concentrations while auroglaucins derivatives show toxin regulation effect.

We here highlight for the first-time chemical regulation of toxin production in dinoflagellate by fungal natural products.

References:

1. Patrick, L., *Toxic and Harmful Microalgae of the World Ocean*. 2016.
2. Berry, O., *Environ Microbiol* **2023**, *25* 250-267, <https://doi.org/10.1111/1462-2920.16271>

Mots-Clés: *Aspergillus pseudoglaucus*, Coculture, Microbial interaction, *Prorocentrum lima*

*Intervenant

Le virome d'origine humaine dans l'environnement : analyses des huitres du réseau ROME

Sylvain Parnaudeau *¹, Mathias Gauffriau¹, Elise Galvao¹, Julien Schaeffer[†]¹, Raffaele Siano[‡]², Rome Consortium³, Soizick Le Guyader[§]¹

¹ Unité Microbiologie Aliment Santé Environnement – Institut français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer – France

² Laboratoire d'Ecologie Pélagique – Unité Dynamiques des Écosystèmes Côtiers – France

³ Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la MER – Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la MER - IFREMER, Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer (IFREMER) – France

Les virus entériques humains, caractérisés par leur multiplication dans l'intestin et leur forte excrétion dans les selles, peuvent contaminer l'environnement. Ces virus, très résistants aux traitements physico-chimiques, passent à travers les stations d'épuration et impactent le milieu marin et les zones de productions ostréicole. Les huitres par leur capacité de filtration peuvent concentrer ces virus humains et servir de " sentinelles " pour la contamination virologique de l'environnement.

Le réseau ROME (Réseau d'Observatoires pour la recherche en Microbiologie Environnementale intégrée) est basé sur l'utilisation des méthodes de NGS sur l'ADN/ARN environnemental. Des échantillons d'eau et d'huitres creuses sont prélevés mensuellement sur 4 sites sélectionnés et analysés pour la recherche de virus ARN, de bactéries, de protistes et de phytoplancton.

Le développement des méthodes de NGS et en particulier de la métagénomique permet d'étudier ce virome d'origine humaine présent dans les huitres creuses. Des mises au point ont été nécessaires pour réaliser l'extraction de ces virus d'intérêt sanitaires afin d'éliminer l'ADN de l'hôte et les bactéries présentes. Une étape d'enrichissement en séquence virales des bibliothèques avant le séquençage est également importante pour amplifier la faible quantité de séquences virales dans ces échantillons d'huitres creuses.

Les résultats obtenus permettent de mettre en évidence la présence de virus d'intérêt sanitaires tels que la famille des *Astroviridae* ou des *Caliciviridae*. Pour cette dernière famille, des différences de genre sont observées entre les échantillons de Méditerranée (Thau) et ceux de la Manche (Baie des Veys).

Ces résultats démontrent l'efficacité des méthodes mises au point au laboratoire pour identifier et analyser une contamination par des virus d'intérêt sanitaire dans des zones de production conchylicoles et de suivre ses variations selon le site, la saison. À terme ces outils de métagénomiques permettront d'évaluer la diversité des virus entériques contaminant les coquillages dans une approche 'santé unique'.

*Intervenant

[†]Auteur correspondant: julien.schaeffer@ifremer.fr

[‡]Auteur correspondant: raffaele.siano@ifremer.fr

[§]Auteur correspondant: soizick.le.guyader@ifremer.fr

Mots-Clés: virome, environnement, metagenomique, contamination humaine

Coopération et tricherie au sein du microbiote des huîtres: interactions complexes entre le virus OsHV-1 et les bactéries du genre *Vibrio*

Daniel Oyanedel ¹, Arnaud Lagorce ¹, Maxime Bruto ^{2,3}, Amandine Morot ⁴, Yannick Labreuche ^{2,3}, Sébastien De La Forest Divonne ^{5,6}, François Delavat ⁷, Nicola Inguibert ⁸, Caroline Montagnani ¹, Benjamin Morga ⁹, Eve Toulza ¹, Cristian Chaparro ¹, Jean-Michel Escoubas ¹, Jérémie Vidal-Dupiol ¹, Julien De Lorgeril ¹, Bruno Petton ¹⁰, Lionel Dégremont ⁹, Delphine Tourbiez ⁹, Marc Leroy ¹, Océane Romatif ¹, Juliette Pouzadoux ¹, Guillaume Mitta ¹, Frédérique Le Roux ², Guillaume M. Charrière ¹, Marie-Agnes Travers ^{*† 1}, Delphine Destoumieux ¹

¹ Interactions Hôtes-Pathogènes-Environnements – Université de Montpellier, CNRS, Ifremer, Université de Perpignan Via Domitia, Université de Montpellier, CNRS, Ifremer, Université de Perpignan Via Domitia, – France

² Laboratoire de Biologie Intégrative des Modèles Marins – Sorbonne Université Paris 06, CNRS, UMR 8227, Integrative Biology of Marine Models, Station Biologique de Roscoff, Roscoff, France – France

³ Unité Physiologie Fonctionnelle des Invertébrés MARins – Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer (IFREMER) – France

⁴ LBCM Lorient – Laboratoire de Biotechnologie Et Chimie Marines, EMR CNRS 6076, UBS, IUEM, Lorient, France – France

⁵ Interactions Hôtes-Pathogènes-Environnements – Université de Montpellier, CNRS, Ifremer, Université de Perpignan Via Domitia,, Université de Montpellier, CNRS, Ifremer, Université de Perpignan Via Domitia – France

⁶ UPerpignan – Université de Perpignan Via Domitia, CEFREM – France

⁷ Unité en Sciences Biologiques et Biotechnologies de Nantes - UMR CNRS 6286 – Nantes Université - UFR de Médecine et des Techniques Médicales – France

⁸ LCBE, Université de Perpignan – Université de Perpignan – 52 avenue Paul alduy 66860 Perpignan, France

⁹ Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer – Unité Adaptation Santé des Invertébrés Marins, Unité Adaptation Santé des Invertébrés Marins – France

¹⁰ Laboratoire des Sciences de l'Environnement Marin (LEMAR) – Institut français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer, Institut français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer – France

Les infections polymicrobiennes menacent la santé des hommes et des animaux, mais restent peu étudiées en milieu marin. Le POMS ou Pacific Oyster Mortality Syndrome, une maladie polymicrobienne qui affecte la production d'huîtres dans le monde entier. Sur la côte atlantique française, la maladie implique une co-infection par l'ostreid herpesvirus 1 (OsHV-1) et des bactéries du genre *Vibrio*. Cependant, nous ignorons si des populations homogènes de *Vibrio* sont associées à la POMS dans différentes régions françaises, comment les *Vibrio* contribuent au POMS et comment ils interagissent avec OsHV-1 au cours de la pathogenèse. En associant des approches de terrain dans un écosystème méditerranéen, des essais d'infection en laboratoire et la génomique fonctionnelle, nous avons pu démontrer un réseau d'interaction qui influence la structure et la fonction du pathobiote du POMS. Nous montrons que *Vibrio harveyi* et *Vibrio*

*Intervenant

†Auteur correspondant:

rotiferianus sont prédominants dans les huîtres malades atteintes par OsHV-1 et que OsHV-1 détermine la composition de la communauté de *Vibrio* observée sur le terrain. Cependant, seul *V. harveyi* agit en synergie avec OsHV-1 en favorisant la croissance mutuelle et en accélérant la mort des huîtres. *V. harveyi* présente un potentiel de virulence élevé et atténue les défenses cellulaires des huîtres grâce à un système de sécrétion de type 3, ce qui fait des huîtres une niche plus favorable à la colonisation microbienne. En outre, *V. harveyi* produit un sidérophore essentiel appelé vibrioferrine. Cette ressource importante favorise la croissance de *V. rotiferianus*, qui coexiste avec *V. harveyi* dans les huîtres malades, et se comporte comme un tricheur en bénéficiant du partage des métabolites de *V. harveyi*.

Mots-Clés: *Vibrio*, POMS, assemblage, pathobiot

Une perspective évolutive sur les microbiomes digestifs des crevettes hydrothermales

Pierre Methou ^{*† 1}, Johanne Aube ¹, Nicolas Gayet ¹, Katsuyuki Uematsu ², Kareen Schnabel ³, Hiromi Kayama Watanabe ⁴, Jon Copley ⁵, Magali Zbinden ⁶, Florence Pradillon ¹, Chong Chen ⁴, Marie-Anne Cambon-Bonavita ¹

¹ UMR 6197 Biologie et Ecologie des Ecosystèmes Marins Profonds (BEEP) – Institut Français de Recherche pour l’Exploitation de la Mer (IFREMER) – France

² Marine Works Japan – Japon

³ National Institute of Water and Atmospheric Research (NIWA) – Nouvelle-Zélande

⁴ Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology (JAMSTEC, X-Star) – Japon

⁵ National Oceanography Centre (NOC) – Royaume-Uni

⁶ Biologie des Organismes et Ecosystèmes Aquatiques (BOREA) – Muséum National d’Histoire Naturelle (MNHN), Université Pierre et Marie Curie (UPMC) - Paris VI, Institut de recherche pour le développement [IRD], CNRS : UMR7208 – 7, rue Cuvier, CP 32, 75231 Paris Cedex 05, France

Au sein de l’océan profond, les écosystèmes hydrothermaux forment des oasis de vie denses et particuliers avec un fort taux d’endémisme, dont la base de la chaîne alimentaire est soutenue par des microorganismes chimiosynthétiques. Dans ces environnements, de nombreuses espèces animales vivent directement en symbiose avec des bactéries chimiosynthétiques, telle la crevette *Rimicaris exoculata* des sites Atlantique, qui héberge des épibiontes filamenteux à l’intérieur de sa cavité branchiale. Ces symbiotes utilisent différentes sources d’énergies – hydrogène, composés soufrés, méthane ... – provenant des fluides hydrothermaux pour former la matière organique qu’ils transfèrent en partie à leur hôte. La crevette *R. exoculata* héberge également d’autres communautés symbiotiques, avec des bactéries hétérotrophes spécifiques dans son système digestif. Notre étude s’est intéressée à caractériser les schémas de colonisation et l’identité des communautés bactériennes des cavités branchiales et du microbiome digestifs des autres crevettes *Rimicaris* et *Alvinocaris* endémiques des environnements à base chimiosynthétique. Nos observations sur 20 espèces réparties tout autour du globe, révèlent des schémas de colonisation des cavités branchiales contrastés, avec de nombreuses espèces pas ou peu colonisées et quelques-unes très colonisées. Dans l’ensemble, nos résultats suggèrent l’existence de régimes trophiques alternatifs – type détritivores ou nécrophages – chez de nombreuses espèces de la famille, avec une convergence vers un phénotype ‘symbiotique’ entre deux lignées de crevettes. A l’inverse, les communautés du microbiome digestif montrent une dynamique évolutive distincte avec des lignées bactériennes conservées chez l’ensemble des crevettes hydrothermales. A partir d’une approche métagénomique, nos travaux actuels cherchent à comprendre les influences respectives de la géographie, de la phylogénie de l’hôte ainsi que de leur régime trophique sur le microbiome digestifs de ces espèces.

Mots-Clés: Sources hydrothermales, crevettes, chimiosynthèse, microbiome digestifs

*Intervenant

†Auteur correspondant: pierremethou@gmail.com

A dual digestive symbiosis scales up the nutrition and immune system of the holobiont *Rimicaris exoculata*

Johanne Aube ^{*† 1}, Marie-Anne Cambon-Bonavita ¹, Lourdes Velo-Suárez ², Valérie Cueff-Gauchard ¹, Françoise Lesongeur ¹, Marion Guéganton ¹, Lucile Durand ¹, Julie Reveillaud ³

¹ Biologie et Ecologie des Ecosystèmes Marins Profonds – Institut français de Recherche pour l’Exploitation de la Mer, Université de Brest, Centre National de la Recherche Scientifique – France

² Centre Brestois d’Analyse du Microbiote – Centre Hospitalier Régional Universitaire de Brest, Centre Hospitalier Régional Universitaire de Brest – France

³ MIVEGEC – Institut national de recherche pour l’agriculture, l’alimentation et l’environnement (INRAE), CNRS-IRD-Université de Montpellier – France

In deep-sea hydrothermal vent areas, deprived of light, most animals rely on chemosynthetic symbionts for their nutrition. These symbionts may be located on their cuticle, inside modified organs, or in specialized cells. Nonetheless, many of these animals have an open and functional digestive tract. The vent shrimp *Rimicaris exoculata* is fueled mainly by its gill chamber symbionts, but also has a complete digestive system with symbionts. These are found in the shrimp foregut and midgut, but their roles remain unknown. We used genome-resolved metagenomics on separate foregut and midgut samples, taken from specimens living at three contrasted sites along the Mid-Atlantic Ridge (TAG, Rainbow, and Snake Pit) to reveal their genetic potential. We reconstructed and studied 20 Metagenome-Assembled Genomes (MAGs), including novel lineages of *Hepatoplasmataceae* and *Deferribacteres*, abundant in the shrimp foregut and midgut, respectively. Although the former showed streamlined reduced genomes capable of using mostly broken-down complex molecules, *Deferribacteres* showed the ability to degrade complex polymers, synthesize vitamins, and encode numerous flagellar and chemotaxis genes for host-symbiont sensing. Both symbionts harbor a diverse set of immune system genes favoring holobiont defense. In addition, *Deferribacteres* were observed to particularly colonize the bacteria-free ectoperitrophic space, in direct contact with the host, elongating but not dividing despite possessing the complete genetic machinery necessary for this.

Overall, these data suggest that these digestive symbionts have key communication and defense roles, which contribute to the overall fitness of the *Rimicaris* holobiont.

Mots-Clés: *Rimicaris exoculata*, Digestive symbiosis, Hepatoplasmataceae, Deferribacteres, Immunity, Metagenomics

*Intervenant

†Auteur correspondant: Johanne.Aube@ifremer.fr

Diatoms and non-cyanobacterial diazotrophs: A potential symbiosis to overcome low levels of nitrogen

Emile Magadur ^{*† 1}, Udita Chandola ¹, Eric Manirakiza ¹, Samuel Menicot ¹, Thomas Lacour ², Timothée Chaumier ¹, Samuel Chaffron ^{3,4}, Leïla Tirichine ¹

¹ Nantes University, CNRS, US2B, UMR 6286, F-44000 Nantes, France – Nantes University, CNRS, US2B, UMR 6286, F-44000 Nantes, France – France

² Laboratoire Physiologie des microalgues toxiques et nuisibles, Unité PHYTOX – Institut français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer – France

³ LS2N, UMR 6004, Nantes, France – CNRS, Nantes Université, Ecole Centrale de Nantes – France

⁴ Global Oceans Systems Ecology Evolution - Tara Oceans – Research Federation for the study of Global Ocean Systems Ecology and Evolution, FR2022-Tara Oceans, Paris, France. – France

While the symbiotic interactions between diatoms and cyanobacterial diazotrophs have been extensively described on a molecular level over the last decades, the scientific community has only recently turned its attention to the non-cyanobacteria diazotrophs (NCDs). This shift in focus comes in response to different reports of their dominance in the oceans. Nevertheless, studies on these bacteria remain scarce. This talk aims at presenting preliminary results and anticipated methodologies on the study of the interactions of *Phaeodactylum tricornutum* with its native community of non-cyanobacteria. Among these bacteria are diazotrophs potentially important to diatom's survival in conditions of low nitrogen. The tested hypothesis is that non-cyanobacterial diazotrophs up-take the di-nitrogen dissolved in the water converting it into a bio-available form of nitrogen for the diatom. In return, it is hypothesized that *P. tricornutum* produces carbonated molecules to support diazotrophs as well as signaling and selection compounds to promote specific strains of bacteria.

A bio-informatic approach on RNAseq data from *P. tricornutum* grown in different conditions enabled us to identify an ensemble of molecular functions and biological processes sketching the putative pathways implied in the response of the diatom to the absence or presence of nitrogen and diazotrophs. Co-inoculations of *P. tricornutum* with *Bradyrhizobium* sp., one of the isolated non-cyanobacterial diazotroph, should allow us to assess the transfer of nitrogen from the bacteria to the diatom by measuring nitrogen quotas in both populations.

The study of novel symbiotic interactions between important representatives of microscopic oceanic life remains one of the key ways to understand how these interactions shape the genetic and functional diversity of different environments as conditions change.

*Intervenant

†Auteur correspondant: emile.magadur@etu.univ-nantes.fr

One host to rule them all: symbiosis in benthic foraminifera

Dewi Langlet ^{*† 1,2}, Nina Mueller ¹, Rahel Ruppli ¹, Olha Sur ¹, Yong Heng Phua ¹, Natkamol Jeamsinkul ¹, Nicole Suzuki ¹, Yumiko Masukagami ¹, Iines Salonen ^{3,4}, Kazuhiko Fujita ⁵, Filip Husnik ¹

¹ OIST ECBSU – Japon

² Biologie et Ecologie des Ecosystèmes Marins Profonds – Université de Bretagne Occidentale [UBO], Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer (IFREMER) – France

³ Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology – Japon

⁴ Marine Research Centre [Helsinki] – Finlande

⁵ University of the Ryukyus [Okinawa] – Japon

Symbiotic relationships between foraminifera and their prokaryotic and eukaryotic partners are incredibly diverse. However, these interactions have mostly been described through microscopy and remain largely unexplored using genomic methods. In this talk, I will present some of our results on these symbioses involving taxonomically diverse foraminifera from distinct environments such as coral reefs and mangroves. I show that LBF symbioses are host-specific with different foraminiferal lineages hosting distinct clades of symbionts. Indeed, foraminiferal living in reef flats can host diatoms, dinoflagellates, green or red algae while specimens living in the mangrove mudflats host mainly bacterial symbionts.

Mots-Clés: Symbiosis, benthic foraminifera, metagenomics, dinoflagellates, diatoms, green algae, red algae, bacteria.

*Intervenant

†Auteur correspondant: dewi.langlet@ifremer.fr

Ecophysiology of a Marine Non Cyanobacterial Diazotroph (NCD)

Pauline Créatin * ¹

¹ Unité en Sciences Biologiques et Biotechnologies de Nantes - UMR CNRS 6286 – Nantes Université - UFR de Médecine et des Techniques Médicales – France

Nitrogen is an essential element and is a limiting factor and is frequently a limiting factor in oceans. Some prokaryotes are able to fix nitrogen atmospheric in a process called diazotrophy. While cyanobacteria are well known marine diazotrophs, recent studies highlighted a wide diversity of Non Cyanobacterial Diazotrophs (NCD). The key enzyme of diazotrophy is the nitrogenase, which requires a substantial energy supply and a dedicated physiological response to protect it from oxygen. The aim of this study is to improve our knowledge about diazotrophy regulation in one of the rare NCD isolate, *Vibrio diazotrophicus* NSI, and to decipher its physiological response. Initial RNAseq results under conditions favourable to diazotrophy were combined with a genetic study to unveil the pathways involved in this metabolism and in the physiological response. We showed that *V. diazotrophicus* engages a specific cellular response during diazotrophy and highlighted certain genes, deletion of which results in a loss of diazotrophic activity. In addition, *V. diazotrophicus* is capable of fixing nitrogen in micro-aerobic conditions only, and this activity is maintained despite an ammonium concentration thought to inhibit nitrogenase. Taken together, these results provide a better understanding of the ecophysiology of this poorly characterized polyphyletic group, the marine NCDs.

Mots-Clés: diazotrophy, nitrogenase, NCD, *Vibrio diazotrophicus*, ecophysiology

*Intervenant

Interactions ISOMer-IFREMER pour l'analyse des interactions chimiques au sein du microbiome marin.

Olivier Grovel ^{*† 1,2}, Philipp Hess ^{* ‡ 3}, Delphine Passerini ⁴, Christine Delbarre-Ladrat ⁴, Samuel Bertrand ⁵, Nicolas Ruiz ⁵, Enora Briand ³

¹ CORSAIRE-ThalassOMICS, Biogenouest, Université de Nantes – Plateforme Génomique Santé Biogenouest®[®], Université de Nantes – France

² ISOMer-UR2160 – Nantes Université – France

³ Unité Physiologie et Toxines des Microalgues Toxiques et Nuisibles – Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer (IFREMER) – France

⁴ Ifremer, Ecosystèmes microbiens et Molécules Marines pour les Biotechnologies (EM3B) – Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer (IFREMER) – France

⁵ ISOMer-UR2160 – Nantes Université – France

Les interactions entre espèces microbiennes évoluant en milieu marin passent par l'émission de signaux chimiques qui jouent potentiellement un rôle dans leurs développements respectifs et dans l'organisation du microbiome. Leur étude permet non seulement de décrypter ces dialogues moléculaires, mais également d'envisager une valorisation en santé ou en agroalimentaire (anti-microbiens) de molécules originales. Pour cela, les outils de métabolomique par couplage LC-HRMS et les méthodes chimométriques associées permettent d'identifier les signaux moléculaires spécifiquement induits lors de la co-culture de microorganismes. Diverses études ont été et sont toujours menées conjointement entre le laboratoire ISOMer de Nantes Université et les laboratoires du centre IFREMER Nantes sur des couples d'organismes marins originaux qui seront présentés : bactéries/bactéries, bactéries/champignons, micro-algues/champignons et macro-algues/champignons.

Mots-Clés: co, cultures, métabolites, antimicrobiens, métabolomique

*Intervenant

†Auteur correspondant: olivier.grovel@univ-nantes.fr

‡Auteur correspondant: Philipp.Hess@ifremer.fr

Modulation des communautés microbiennes au cours de la maturation d'*Ostrea edulis* par des bactéries du genre *Pseudoalteromonas*

Garance Leroy * ¹, Clement Offret ¹, H el ena Cuny ¹, Sandrine Baron ²,
Lucie Beaulieu ³, Camille J egou ¹, Yannick Fleury[†] ¹

¹ Laboratoire de Biotechnologie et Chimie Marines EMR6076 LBCM – Universit e de Bretagne Occidentale (UBO), Universit e de Bretagne Occidentale [UBO] – France

² Unit e Mycoplasmodologie, Bact eriologie et Antibior esistance, Laboratoire de Ploufragan, Agence nationale de s ecurit e sanitaire et de l'alimentation (ANSES) – ANSES - Agence nationale de s ecurit e sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail-0 – France

³ Institut sur la Nutrition et les Aliments Fonctionnels [universit e Laval, Qu ebec] – Canada

L'aquaculture, secteur en plein essor, est un domaine prometteur pour r epondre   la demande alimentaire mondiale. La production aquacole fran aise est principalement ax ee sur la conchyliculture (149k tonnes en 2023 - FranceAgriMer). La production aquacole est confront ee   des  pisodes infectieux qui provoquent de fortes mortalit es et d'importantes pertes  conomiques. L'utilisation de probiotiques apparait comme une alternative   l'usage d'antibiotiques. Les probiotiques sont d efinis comme des microorganismes ayant un effet b en efique sur l'h ote en modifiant la communaut e microbienne associ ee   l'h ote ou environnementale, en garantissant une am elioration de l'utilisation de l'alimentation, en am eliorant la r eponse de l'h ote face   une maladie ou encore en am eliorant la qualit e de l'environnement (Verschuere *et al.*, 2000).

A partir de l'h emolymphe d'huitres sauvages nous avons isol e des bact eries du genre *Pseudoalteromonas* pr esentant des activit es antimicrobiennes *in vitro* (Desriac *et al.*, 2020). Nous avons explor e l'impact de ces bact eries sur les communaut es microbiennes au cours d'un cycle de maturation d'*Ostrea edulis*, dans le cadre d'un projet FEAMP " PAQMAN : D eveloppement de Probiotiques innovants pour l'AQuaculture MAriNE ", de l'environnement (eau de mer et biofilms) ainsi que de l'huitre plate *Ostrea edulis*. Ainsi, les huitres (n= 125) ont  t e soumises   des baln eations hebdomadaires avec les diff erentes souches de *Pseudoalteromonas*   une concentration finale de 106 UFC/mL dans les bassins pendant 4 heures. Des pr el evements d'eau, de biofilm et d'h emolymphe ont  t e r ealis es tous les mois durant les 4 mois de maturation.

L'approche metabarcoding utilis ee r ev ele que la pr esence des souches du genre *Pseudoalteromonas* entra ene une modification significative des communaut es bact eriennes du biofilm et de l'h emolymphe de l'huitre plate. Une influence significative des souches a  t e constat ee sur la composition du microbiote des biofilms et de l'h emolymphe (b eta-diversit e). D'autre part, malgr e une r eduction significative du biovolume de biofilm form e en pr esence des souches, une augmentation de la richesse et de la diversit e des ASVs au sein des biofilms est observ ee au cours de l'exp erimentation. Les m ecanismes impliqu es dans ces effets restent    lucider. Ces souches semblent d emontrer un r eel potentiel comme candidates probiotiques.

Mots-Cl es: probiotique, *Pseudoalteromonas*, metabarcoding 16S, huitre plate

*Intervenant

†Auteur correspondant: yannick.fleury@univ-brest.fr

How does light affect the presence and antibacterial activity of *Phaeobacter* in the *Ulva ohnoi* holobiont?

Zujaila Nohemy Qui Minet * ¹, Thomas Wichard , Gonzálo Del Olmo ,
Patricia Ruiz , Javier Cremades , José Pintado

¹ Spanish National Research Council [Madrid] (IIM-CSIC) – Instituto de Investigaciones Mariñas - CSIC R/Eduardo Cabello N^o 6 - CP 36208. Vigo (Pontevedra), Espagne

Ulva provides an important niche for biofilm-forming bacteria, such as the *Phaeobacter* genus, producing antibiotic compounds like TDA (tropodithietic acid) with antagonistic activity towards fish pathogens, including *Vibrio anguillarum*. It is, thus, interesting from an economic point of view to understand the environmental conditions that promote the presence of *Phaeobacter* on the surface of *Ulva* used in Integrated Multi-Trophic Aquaculture (IMTA), including the application as a biofilter of fish effluents. Upon inoculation of *U. ohnoi* with *Phaeobacter* sp. 4UAC3, it is maintained when *U. ohnoi* is kept in the dark, however, *Phaeobacter* sp. eventually disappears when the algae are growing under light in a regular photoperiod. Our study focused on the effect of light on (i) the metabolome of the *Ulva* holobiont in the two light regimes, (ii) the production of TDA by *Phaeobacter* forming a biofilm in *U. ohnoi*, (iii) the inhibition of *V. anguillarum* by *Phaeobacter* biofilms in *U. ohnoi*. Our results show (i) significant differences in the metabolome produced by the *Ulva* holobiont in the two light regimes, which may be responsible for the disappearance of *Phaeobacter* in the *Ulva* biofilm, (ii) an up-regulation of TDA on *U. ohnoi* cultivated in the dark, (iii) inhibition of *V. anguillarum* by *Phaeobacter* when forming a biofilm on *U. ohnoi*. Our results highlight the challenge of mastering seaweed physiology from the holobiont perspective for applications in aquaculture

Mots-Clés: seaweed, probiotic bacteria, *Ulva*, IMTA, RAS

*Intervenant

Les microbes sous stress : importance des interactions dans leur résilience

Eric Fouilland ^{*† 1}

¹ MARine Biodiversity Exploitation and Conservation - Station Ifremer Sète – MARine Biodiversity Exploitation and Conservation - MARBEC, MARBEC, Univ Montpellier, IRD, IFREMER, CNRS, Montpellier, France. – France

Il est couramment admis que les microorganismes présents dans des milieux soumis à des contraintes chimiques ou biologiques sévères, tels que l'eutrophisation, la présence de composés toxiques ou la présence de prédateurs sont ceux qui semblent le mieux adaptés à ces conditions. On suppose qu'ils possèdent par exemple une forte affinité pour les nutriments, une tolérance élevée aux toxines ou des mécanismes efficaces de défense. Cependant, des études récentes ont mis en évidence le rôle crucial des interactions entre ces micro-organismes, tels que les bactéries et le phytoplancton, dans la capacité des communautés microbiennes à résister à ces contraintes. Nos recherches ont notamment révélé que dans des écosystèmes fortement perturbés chimiquement, la colonisation par le phytoplancton ne se produit que grâce au développement d'espèces pionnières, opportunistes et résistantes au stress. Ces espèces pionnières modifient alors l'environnement chimique, facilitant ainsi l'installation ultérieure d'autres espèces de phytoplancton initialement plus sensibles au stress. De même, nous avons observé que la présence de bactéries peut réduire la toxicité des composés chimiques, comme les pesticides ou les métaux, sur la croissance des microalgues.

Ces observations expérimentales suggèrent qu'une interaction positive intense entre certaines espèces microbiennes peut survenir dans des conditions particulièrement défavorables. Ces interactions semblent garantir la survie de l'ensemble des micro-organismes impliqués.

*Intervenant

†Auteur correspondant: Eric.fouilland@cnrs.fr

The coral microbiome: A glimmer of hope for corals in the Anthropocene

Amin Mohamed * ¹

¹ New York University Abu Dhabi (NYUAD) – Émirats arabes unis

Coral reefs are the Earth’s most diverse marine ecosystems, providing a habitat for a third of all marine species. These ecosystems are facing unprecedented threats from global anthropogenic impacts such as global warming and local stressors. This resulted in the loss of about half of the coral reef cover since 1950. Corals engage in symbiosis with a diverse community of bacteria, archaea, viruses, and eukaryotic microorganisms, known as the microbiome. Recent research has established the microbiome’s pivotal role in coral survival and stress resilience. However, climate change can break down these symbiotic relationships, resulting in disease, bleaching, and coral death. In this talk, I will try to provide an overview of the complexity of the coral microbiome, focusing on taxonomic diversity and functions of well-studied and cryptic microbes, summarize the known mutualistic and antagonistic interactions between corals and their associated microbiomes, and discuss the impact of climate change on these communities. I will highlight recent advances in coral microbiome research aimed at leveraging microbiome manipulation to increase coral’s fitness to help mitigate climate change-driven mortality. Finally, I will show the promise ‘omics data may hold to study coral microbiomes, emphasizing the integrated host–microbiota multiomics framework for understanding the molecular mechanisms during symbiosis and climate change-driven dysbiosis.

Mots-Clés: coral, health, bleaching, microbiome, climate change

*Intervenant

Vibrio aestuarianus and Pacific oysters mortalities in Thau lagoon in France

Germain Chevignon * ¹, Maude Jacquot , Mathilde Noyer , Delphine Tourbiez , Marie-Agnes Travers , Céline Garcia

¹ Unité Adaptation Santé des Invertébrés Marins – Institut Français de Recherche pour l’Exploitation de la Mer (IFREMER) – France

In 2023, significant mortalities of Pacific oysters were observed in the Mediterranean basin. These mortalities occurred during spring/summer and mainly affected spat and juvenile triploid oysters. Four different areas were affected with the main area being the Thau lagoon. Mortality started in the Bouzigues sector of Thau lagoon and then spread to all areas of the lagoon. Samples collected in June and July showed bacterial loads of *Vibrio aestuarianus* in all individuals. OsHV-1 and other known Pacific oyster pathogens were not detected. Questions have arisen about the severity of the outbreak and the hypothesis has been raised that a new, more virulent strain of *V. aestuarianus* has emerged. To test this hypothesis, the genomes of several *V. aestuarianus* strains were obtained by long-read Nanopore sequencing using two different approaches: (i) metagenomics of infected oyster tissues and (ii) whole genome sequencing of isolated colonies. Phylogenetic analyses showed that all sequenced strains belonged to the subspecies *V. aestuarianus francensis*, which is known to be virulent to oysters. However, no specific strain was isolated, but several strains belonging to the two previously described clades (A or B) were identified. For all these strains, no significant nucleotide divergence with previously observed strains was observed, suggesting the absence of an emerging strain. The infection experiment showed that all 2023 strains were highly virulent. However, no significant difference in virulence was observed compared to previous strains. Therefore, the results do not support the conclusion that a new strain of *Vibrio aestuarianus francensis* has emerged in 2023, and explanations for the severity of the outbreak remain to be found.

Mots-Clés: *Vibrio aestuarianus*, Pacific oysters, long, read, Nanopore sequencing, genomics

*Intervenant

Etude de microbiotes synthétiques du saumon fumé en vue d'une méthode de biopréservation optimisée

Valérie Perez *¹, Sabrina Macé[†]¹, Delphine Passerini[‡]¹, Françoise Leroi[§]¹

¹ Ecosystèmes microbiens et Molécules Marines pour les Biotechnologies (EM3B) – Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer (IFREMER) – France

Le saumon fumé est une denrée alimentaire fragile qui se dégrade facilement et peut être contaminée par *Listeria monocytogenes*, un pathogène responsable de toxi-infections alimentaires collectives (TIAC). La biopréservation consiste en l'inoculation d'une culture bactérienne ou leurs métabolites sur un produit alimentaire afin d'inhiber la croissance de pathogènes sans en modifier ses propriétés organoleptiques. Plusieurs bactéries dites bioprotectrices ont été identifiées par le laboratoire, notamment des bactéries lactiques comme *Carnobacterium* et *Lactococcus piscium*. Cependant, l'efficacité de la méthode peut varier selon le procédé de transformation et le microbiote naturellement présent sur le produit. En effet, des études récentes révèlent l'existence de microbiotes signatures d'usine de transformation du saumon.

L'objectif de ce travail est de mimer ces microbiotes d'usine et d'étudier l'impact de plusieurs solutions de biopréservation sur l'activité anti-*Listeria* et sur les qualités organoleptiques du produit. La première étape a consisté à élaborer le plan expérimental et à construire les microbiotes synthétiques.

38 souches ont été sélectionnées dans la souchothèque du laboratoire représentant la diversité du microbiote du saumon fumé ainsi que *Listeria innocua*, souche modèle cible de la biopréservation. La croissance de ces souches a été suivie en jus de saumon fumé tamponné à pH 6,2, supplémenté ou non, à 8°C pendant 2 semaines. Cette étude a permis de sélectionner au final, 21 souches appartenant à 14 genres différents.

Dix assemblages différents de ces souches, mimant des microbiotes d'usine sont en cours d'élaboration. Ils seront biopréservés avec 4 biosolutions différentes. Afin de suivre la dynamique de ces 40 cocultures d'abord en jus de saumon puis saumon fumé, des qPCR spécifiques de chacun des genres représentés sont en cours de développement. La dynamique des microbiotes, biopréservés ou non, au cours du temps, suivie par qPCR sera corrélée à l'activité anti-*Listeria*, à des tests sensoriels et à des analyses transcriptomiques.

Cette approche polyphasique devrait permettre une biopréservation plus prédictive en proposant des solutions personnalisées et adaptées à chaque usine.

Mots-Clés: biopréservation, qPCR, cocultures, assemblages bactériens, microbiotes synthétiques

*Intervenant

[†]Auteur correspondant: sabrina.mace@ifremer.fr

[‡]Auteur correspondant: delphine.passerini@ifremer.fr

[§]Auteur correspondant: francoise.leroi@ifremer.fr

Biotic interactions within the holobiont of the ichthyotoxic microalgae *Prymnesium parvum* and implications on bioactivities.

Lou Patron * ¹

¹ Laboratoire Génomique des Microalgues (IFREMER, PHYTOX, GENALG) – Physiologie et Toxines des Microalgues Toxiques et Nuisibles, Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer (IFREMER) – Rue de l'Île d'Yeu 44300 Nantes, France

Phytoplankton, vital to biogeochemical cycles and marine food chains, live alongside bacteria in what is called the phycosphere. The holobiont concept applied to phytoplankton tends to define each microalga and its phycosphere as a meta-organism that needs to be studied in its entirety. Numerous studies underline the importance of biotic interactions within this holobiont, notably metabolic capacities and phytoplankton physiology, and by extension, the functionality of the marine ecosystem. Understanding this symbiotic relationship is crucial, but currently poorly understood.

Among the great diversity of microalgae, a few rare species produce toxins for humans or aquatic fauna, such as *Prymnesium parvum*, and impact coastal economic activities related to fishing, aquaculture and tourism. Determining the mechanisms of biotic interactions within the holobiont of *P. parvum* is a key to better understanding its determinism. Research, including recent findings on *P. parvum*'s selection of bacteria, aims to answer key questions including the impact of environmental conditions on the structuration of the bacterial communities, the nature of mediators influencing bacterial communities, and the effects of selected bacteria on *P. parvum* growth and nuisance capacities.

The research plan is divided in two parts combining in silico analysis of genomic data with experimental work on bacterial communities and their interactions with *P. parvum*. Methods such as metabarcoding, metatranscriptomics, metagenomics and metaproteomics will be used to gain insights into the mechanisms driving these interactions within the *P. parvum* holobiont.

Mots-Clés: *Prymnesium parvum*, Biotic interactions, Bacteria, Holobiont, Metagenomics

*Intervenant

Organophosphate ester plastic additives and microbial communities in marine sediments: a complex relationship

Javier Castro Jiménez ^{*† 1}, Philippe Cuny ², Cécile Militon ², Léa Sylvi ², Florian Royer ², Laure Papillon ², Richard Sempere ²

¹ IFREMER - Contamination Chimique des Ecosystèmes Marins – Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer (IFREMER) – France

² Mediterranean Institute of Oceanography – Aix Marseille Univ., Université de Toulon, CNRS, IRD, MIO, Marseille, France – France

Organophosphate esters (OPEs) flame retardants and plasticizers are among the most used organic plastic additives at global scale. These chemicals can effectively accumulate in marine sediments. However, the way OPEs can interact with naturally occurring microbial communities in marine sediments is poorly understood. These interactions can determine their environmental persistency as well as their potential impacts on microbial communities. An integrated chemical-microbiological approach was applied to study this issue in an impacted sediment (NW Mediterranean). Sediments were spiked with an OPE mix to achieve environmental relevant concentrations and incubated in dark at 13°C during one month. Two conditions (i.e. abiotic, biotic) were tested. OPE were quantified by GC/MS after ultrasound extraction and clean-up, and total sedimentary DNA was extracted in each treatment to quantify the number of bacterial 16S rRNA genes (proxy of bacterial abundance) and to characterize the structure and composition of the bacterial community (16S metabarcoding MiSeq Illumina). A significant decrease of half-lives was verified for most OPEs under biotic conditions, highlighting the relevant role of microbial assemblages enhancing OPE degradation. In addition, OPE contamination induced a decrease on the diversity of the bacterial community in the coastal sediment, noticeable after 14 days of incubation. It is likely that on one side the contamination had favored the growth of some bacterial groups maybe involved in the biodegradation of these compounds but, on the other side, had also impacted some sensitive bacteria.

Mots-Clés: Contaminants of emerging concern, flame retardants, degradation, biodiversity, toxicity

*Intervenant

†Auteur correspondant: Javier.Castro.Jimenez@ifremer.fr

Liste des auteurs

Aube, Johanne, 7, 8
Baron, Sandrine, 13
Beaulieu, Lucie, 13
Berry, Olivier, 2
Bertrand, Samuel, 2, 12
Briand, Enora, 2, 12
Bruto, Maxime, 5

Cambon-Bonavita, Marie-Anne, 7, 8
Castro Jiménez, Javier, 20
Chaffron, Samuel, 9
Chandola, Udit, 9
CHAPARRO, Cristian, 5
Charrière, Guillaume M., 5
Chaumier, Timothée, 9
Chen, Chong, 7
Chevignon, Germain, 17
Consortium, ROME, 3
Copley, Jon, 7
Cremades, Javier, 14
Crétin, Pauline, 11
Cueff-Gauchard, Valérie, 8
Cuny, Hélène, 13
Cuny, Philippe, 20

De la Forest Divonne, Sébastien, 5
De Lorgeril, Julien, 5
Del Olmo, Gonzálo, 14
Delavat, François, 5
Delbarre-Ladrat, Christine, 12
Destoumieux, Delphine, 5
Durand, Lucile, 8
Dégremont, Lionel, 5

Escoubas, Jean-Michel, 5

Fleury, Yannick, 13
Fouilland, Eric, 15
Fujita, Kazuhiko, 10

Galvao, Elise, 3
Garcia, Céline, 17
Gauffriau, Mathias, 3
GAYET, Nicolas, 7

Grovel, Olivier, 2, 12
GUTIERREZ, Ruth Julianna, 2
Guéganton, Marion, 8

Herve, Fabienne, 2
Hess, Philipp, 2, 12
Husnik, Filip, 10

Inguibert, Nicola, 5

Jacquot, Maude, 17
Jeamsinkul, Natkamol, 10
Jégou, Camille, 13

Kayama Watanabe, Hiromi, 7

Labreuche, Yannick, 5
Lacour, Thomas, 9
Lagorce, Arnaud, 5
Langlet, Dewi, 10
Le Guyader, Soizick, 3
Le Roux, Frédérique, 5
Leroi, Françoise, 18
Leroy, Garance, 13
Leroy, Marc, 5
Lesongeur, Françoise, 8
López-Mobilia, Andrea, 2

Macé, Sabrina, 18
Magadur, Emile, 9
Manirakiza, Eric, 9
Masukagami, Yumiko, 10
Menicot, Samuel, 9
Methou, Pierre, 7
Militon, Cécile, 20
Mitta, Guillaume, 5
Mohamed, Amin, 16
Montagnani, Caroline, 5
Morga, Benjamin, 5
MOROT, Amandine, 5
Mueller, Nina, 10

Noyer, Mathilde, 17

OFFRET, CLEMENT, 13
Oyanedel, Daniel, 5

Papillon, Laure, 20
Parnaudeau, Sylvain, 3
Passerini, Delphine, 12, 18
Patron, Lou, 19
Perez, Valérie, 18
PETTON, Bruno, 5
Phua, Yong Heng, 10
Pintado, José, 14
Pouzadoux, Juliette, 5
Pradillon, Florence, 7

Qui Minet, Zujaila Nohemy, 14

Reveillaud, Julie, 8
Romatif, Océane, 5
Royer, Florian, 20
RUIZ, Nicolas, 12
Ruiz, Patricia, 14
Ruppli, Rahel, 10

Salonen, Iines, 10
Schaeffer, Julien, 3
Schnabel, Kareen, 7
Sempere, Richard, 20
Siano, Raffaele, 3
Sur, Olha, 10
Suzuki, Nicole, 10
Sylvi, Léa, 20

Tanniou, Simon, 2
Tirichine, Leïla, 9
Toulza, Eve, 5
Tourbiez, Delphine, 5, 17
Travers, Marie-Agnes, 5, 17

Uematsu, Katsuyuki, 7

Velo-Suárez, Lourdes, 8
Vidal-Dupiol, Jérémie, 5

Wichard, Thomas, 14

Zbinden, Magali, 7