### DOCTORAT DE LA COMUE UNIVERSITE GRENOBLE ALPES

Nom  : BILLARD Prénom : Elodie

*(Préciser le nom de jeune fille le cas échéant)*

Date de la soutenance : 17 juillet 2015 Heure : 9h30 Salle : Amphithéâtre du Nivolet

Lieu de la soutenance : USMB – Site Savoie Technolac – LE BOURGET DU LAC

Titre : Etude des communautés microbiennes fonctionnelles benthiques impliquées dans le cycle du méthane (Lac du Bourget)

Spécialité : Biologie, Ecologie, Environnement

# Résumé : (environ 10 lignes)

Les communautés microbiennes benthiques participent activement au recyclage de la matière organique et de fait au fonctionnement biogéochimique des écosystèmes lacustres. Ces communautés comportent de nombreux phyla mais leur diversité fonctionnelle est encore incomplètement connue. Ce travail vise à appréhender les modifications de structure et d’abondance des gènes fonctionnels en lien avec la distribution spatiale verticale (liée au gradient d’oxydoréduction), la variabilité spatiale horizontale (zone côtière vs pélagique) et la dynamique saisonnière liée au brassage de la colonne d’eau (ré-oxygénation des interfaces benthiques), de même que l’identification de la diversité des méthanotrophes et des méthanogènes.

Pour cette étude, des carottes sédimentaires ont été prélevées sur un transect zone côtière – zone pélagique, à différentes dates au cours d’un cycle annuel. Chaque carotte sédimentaire a été analysée dans la verticalité entre l’interface eau-sédiment et 20 cm. Les communautés microbiennes participant au cycle du méthane ont été ciblées par 2 gènes de fonction et étudiées en termes de structure, de diversité et d’abondance; par ailleurs, des marqueurs phylogénétiques ont été utilisés pour caractériser les communautés bactériennes et archéennes totales.

Les résultats de l'étude spatiale montrent que, si à l’échelle locale (station d’échantillonnage) une relative homogénéité des communautés microbiennes (totales et fonctionnelles) est observée, des variabilités fortes sont détectées d’une part à l’échelle des transects horizontaux en lien avec des changements de conditions environnementales et d’autre part dans la verticalité des sédiments sous l’effet des conditions d'oxydoréduction. La communauté bactérienne étant la plus affectée dans la verticalité, avec des changements de structure entre toutes les strates étudiées. Dans cette même étude, une analyse comparative de la structure des communautés (totales et fonctionelles) a démontré que l’analyse d’échantillons individuels permettait d’obtenir un plus grand nombre d’OTU que l’analyse des mêmes échantillons regroupés en pools.

Les résultats de l'étude de la dynamique temporelle des communautés méthanogènes et méthanotrophes révèlent des changements de structure et abondance, principalement à l'interface eau - sédiment en lien avec la dynamique d'oxygénation du lac. Quant à l’analyse de la diversité, elle montre une dominance des Methanomicrobiales (Methanoregula principalement) pour les méthanogènes, mais les Methanosarcinales (Methanosarcina) et les Methanobacteriales (Methanobacterium) ont également été identifiés. Pour les méthanotrophes, la diversité est dominée par Methylobacter en zone profonde et par Methylococcus en zone côtière, les méthanotrophes de Type II (Methylosinus et Methylocystis) ont aussi été identifiés.

L’ensemble de ces travaux souligne l’importance de prendre en compte, à la fois la variabilité spatiale (horizontale et verticale) et la variabilité temporelle, des communautés méthanogènes et méthanotrophes lors de l’étude de ces communautés. Les changements quant à leurs structures et leurs abondances sont des paramètres non négligeables pour comprendre les processus impliqués dans le cycle du méthane.

**Abstract :**

Benthic microbial communities are actively involved in organic matter recycling and fact biogeochemical functioning of lake ecosystems. These communities comprise many phyla but their functional diversity is still incompletely known. This study is focused on the benthic microbial communities involved in the methane cycle in lacsutrine suystems. We aimed understanding the structural and abundance changes of functional genes related to the vertical distribution (redox gradient in sediment), the horizontal variability (coastal vs. pelagic benthic zone) and seasonal dynamics related to mixing of the water column (re-oxygenation of benthic interface). The composition of methanotrophic and methanogenic communities was characterized by sequencing analyses.

 For this study, sedimentary cores were sampled along a transect from coastal to pelagic zone, at different times during an annual cycle. In addition, each sediment core was analyzed in its verticality from the water-sediment interface to 20 cm depth. Microbial communities involved in the cycle of methane (methanogenesis and methanotrophy) were targeted by 2 functional genes (mcrA and pmoA). Furthermore, phylogenetic markers were used to characterize the total bacterial and archaeal communities. These communities are studied in terms of structure (genotyping), diversity (sequencing) and abundance (qPCR, DNA) of their functional genes.

 The results of the study showed that, on a spatial scale, a low heterogeneity was detected for a given sampling station in terms of structure of microbial communities (total and functional), however, a high variability was detected both at an horizontal scale along a transect (costal vs. pelagic zone), due to contrasted environmental conditions, and at a vertical scale (upper to deeper layers in the core) under the effect of redox conditions. The bacterial community being the most affected in the verticality, with structural changes among all strata studied. In the same study, a comparative analysis of the structure (for all of the communities), between pooled samples and individual samples, demonstrated that the analysis of individual samples provided a greater number of OTU for the majority of microbial communities.

 Moreover the study of the temporal dynamic of methanogen and methanotroph communities revealed changes in the structure and abundance, mainly at the water - sediment interface, according to the oxygenation levels that varied through time. The analysis of diversity showed a dominance of Methanomicrobiales (Methanoregula mainly) for methanogens, but Methanosarcinales (Methanosarcina) and Methanobacteriales (Methanobacterium) were also identified. The methanotrophs’ community was dominated by Methylobacter on deeper stations and by Methylococcus in coastal station. Type II methanotrophs (Methylosinus and Methylocystis) were also identified.

 This work highlights the importance of taking into account both the spatial variability (horizontal and vertical) and the temporal variability of methanogen and methanotroph communities. Changes on their structures and abundances are significant parameters for understanding the processes involved in the methane cycle.

Mots-clé : Ecologie fonctionnelle, méthanotrophes, cycles biogéochimiques, méthanogènes, sédiments lacustres, variabilité spatio-temporelle

Laboratoire(s) de recherche : CARRTEL

Directeur(s) de recherche : Isabelle DOMAIZON et Emilie LYAUTEY

Composition du jury :

 MALLET CLarisse PESCE Stéphane

 DOMAIZON Isabelle LYAUTEY Emilie

 MONTUELLE Bernard GARABETIAN Frédéric