



Sources hydrothermales et suintements froids : des écosystèmes marins profonds basés sur la chimiosynthèse microbienne

Perrine Cruaud

17 mars 2015

Déroulement de l'exposé

Introduction

Présentation des écosystèmes chimiosynthétiques et problématiques de l'étude

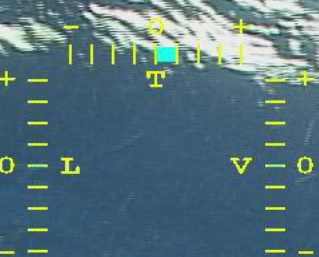
Matériels et méthodes

Techniques utilisées pour répondre à la problématique de l'étude

Résultats

Présentation des quelques résultats et schéma bilan

Introduction



P= -0.7°

T= 15.0°

Cap=177.4°

Imm= 1.1m

Vl=-33.9m/s

Vt=-31.6m/s

Alt= -99.9m

P= -0.7°

T=-30.1°

Cap=260.4°

259.9



Imm= 100.8m

Vl=-33.9m/s

Vt=-31.6m/s

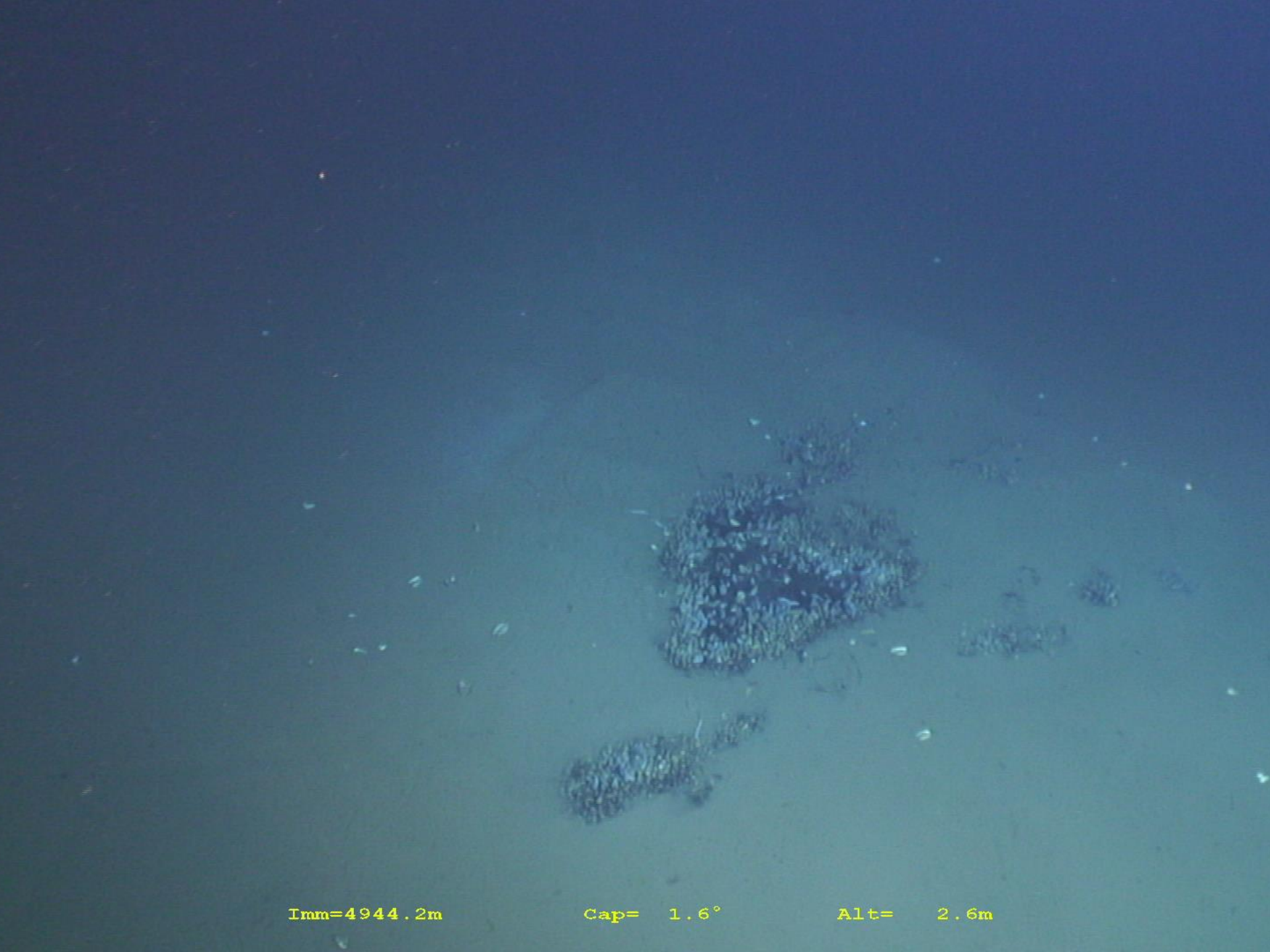
Alt= -99.9



Imm=3077.3m

Cap= 27.0°

Alt= 3.0m



Imm=4944.2m

Cap= 1.6°

Alt= 2.6m







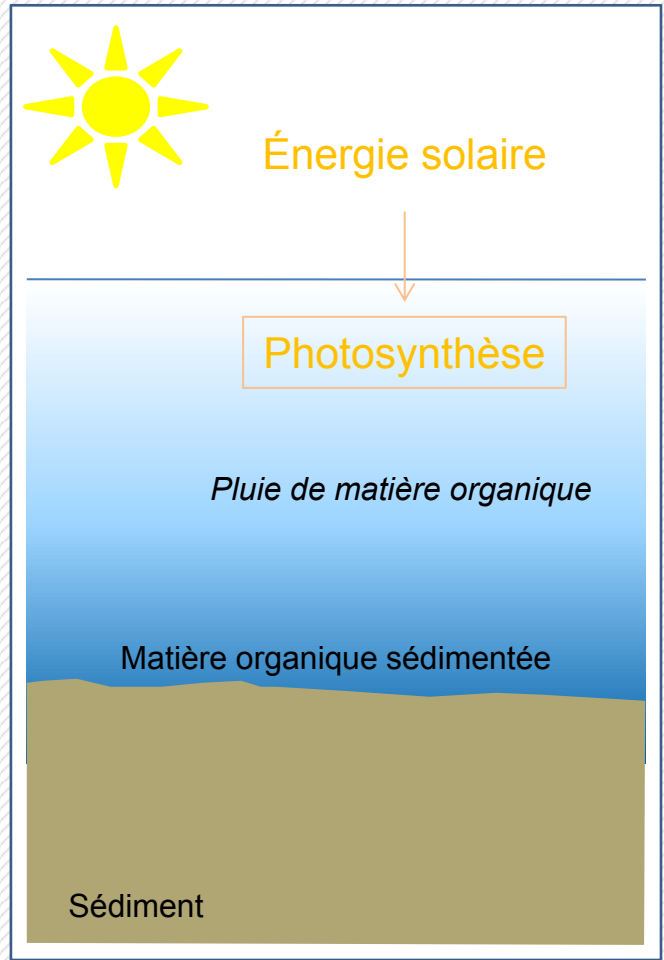




Les abysses sont caractérisées par :

- une absence de lumière
- une température très basse
- une pression importante
- une nourriture rare

En l'absence de production photosynthétique locale, la vie dans les fonds abyssaux dépend principalement des apports organiques de surface.





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





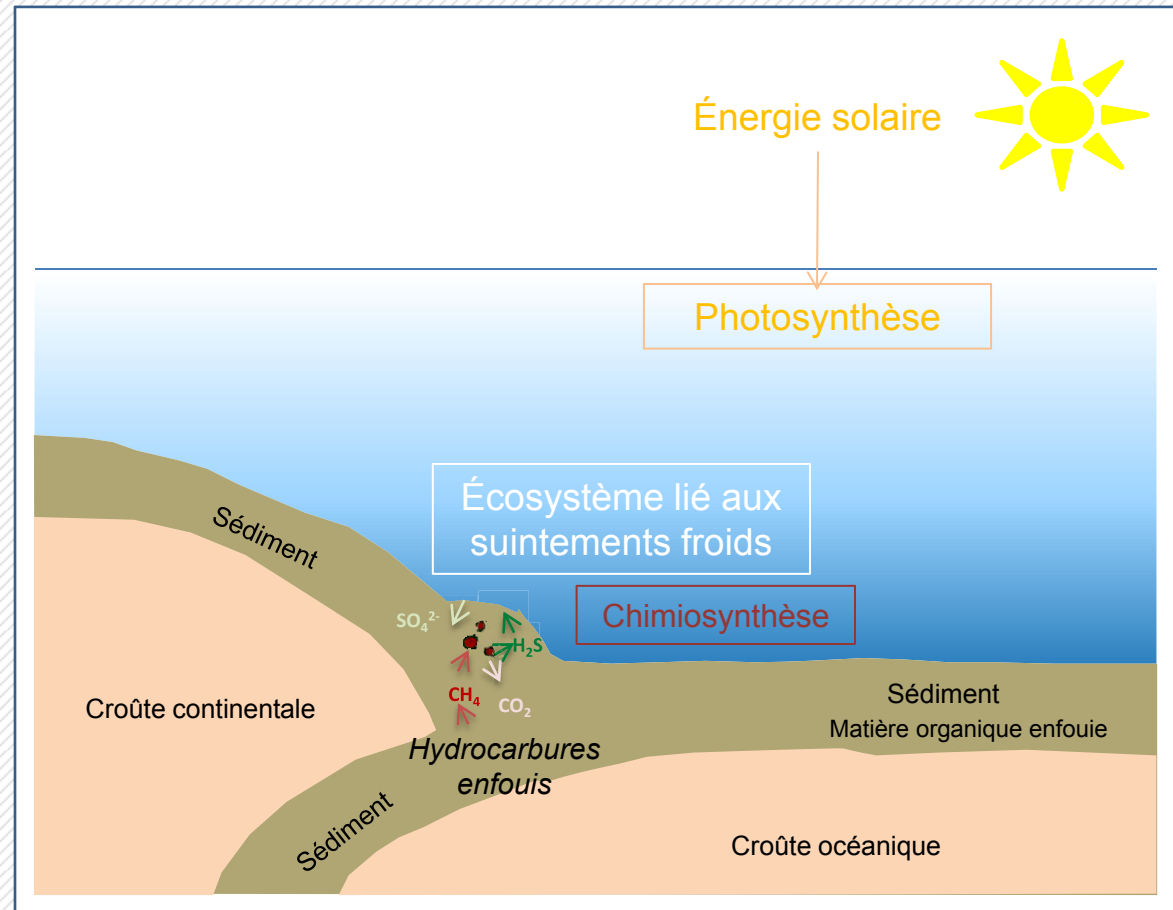
LES ÉCOSYSTÈMES CHIMIOSYNTHÉTIQUES : SUINTEMENTS FROIDS

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





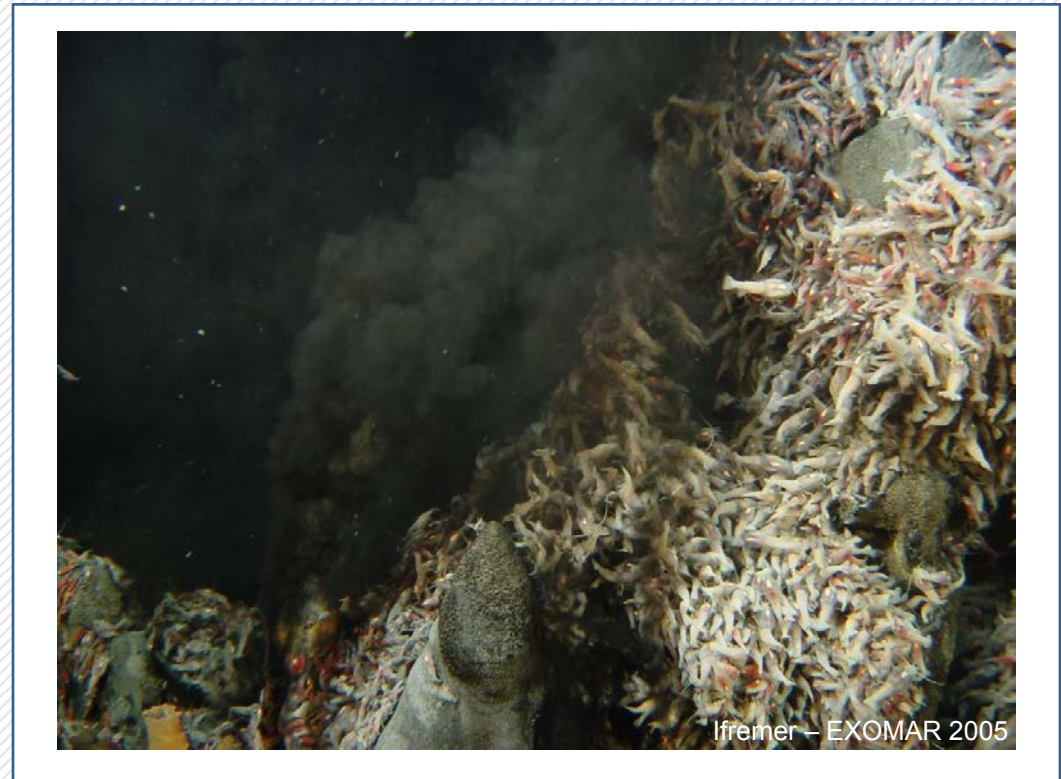
LES ÉCOSYSTÈMES CHIMIOSYNTHÉTIQUES : SOURCES HYDROTHERMALES

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.





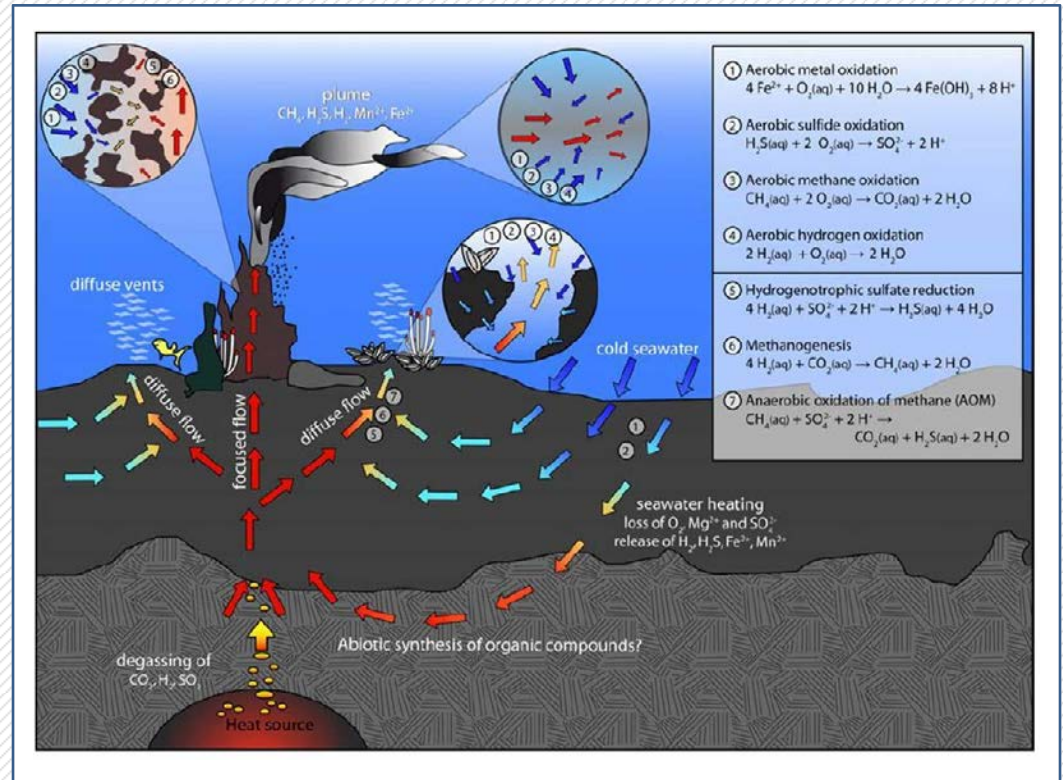
LES ÉCOSYSTÈMES CHIMIOSYNTHÉTIQUES : SOURCES HYDROTHERMALES

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.





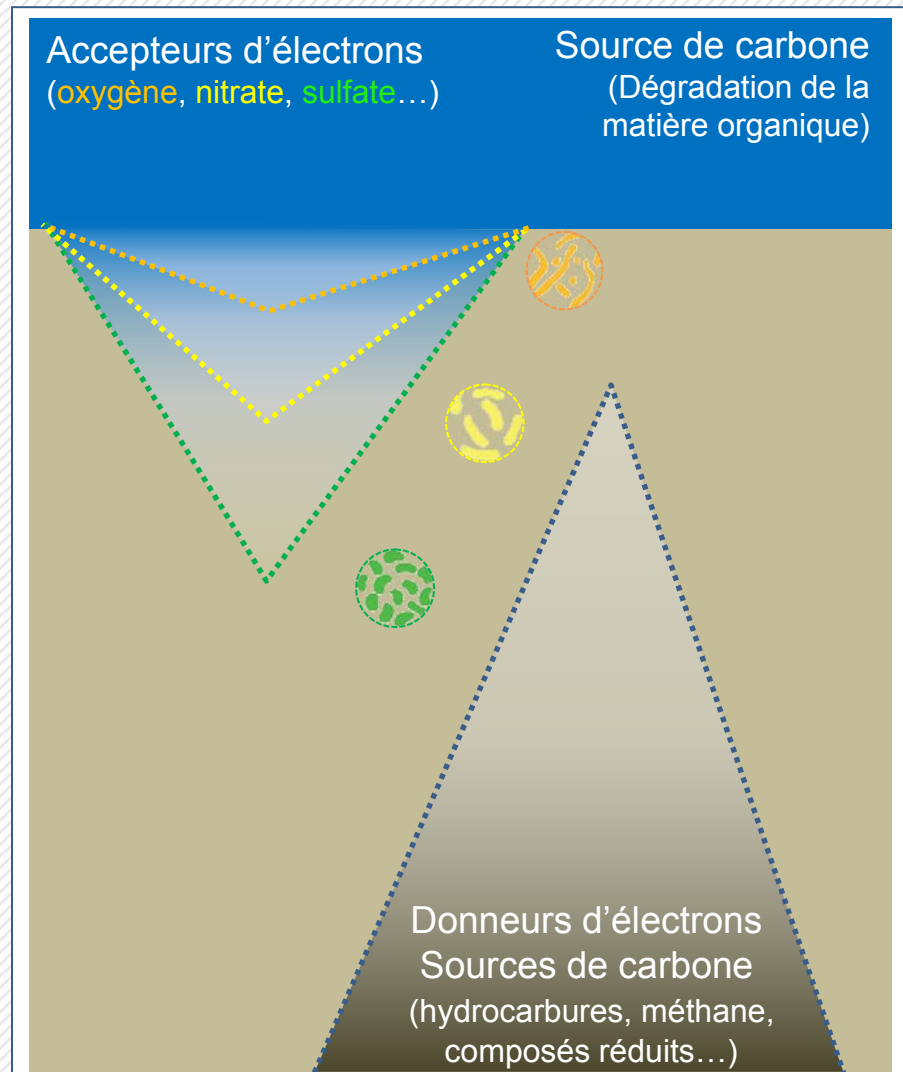
VIVRE DANS CES ENVIRONNEMENTS : LES MICROORGANISMES

A la base de ces écosystèmes : les microorganismes chimiosynthétiques.

Les microorganismes possèdent des voies métaboliques particulières qui leur permettent d'utiliser tel ou tel composé.

Les réactifs utilisés dans les réactions d'oxydo-réduction vont dépendre des composés disponibles dans l'environnement.

Les gradients de température jouent aussi un rôle dans la répartition des différentes communautés microbiennes.



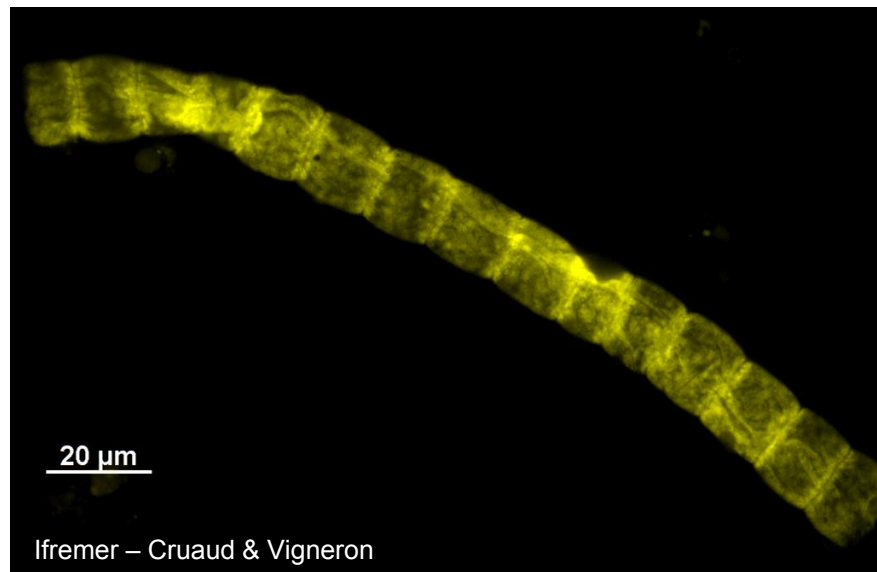


Tapis microbiens

Bactéries géantes filamenteuses affiliées à l'ordre des Thiotrichales.

Localisées à la surface des sédiments.

Utilisent l'oxygène de l'eau de mer pour oxyder les composés soufrés.





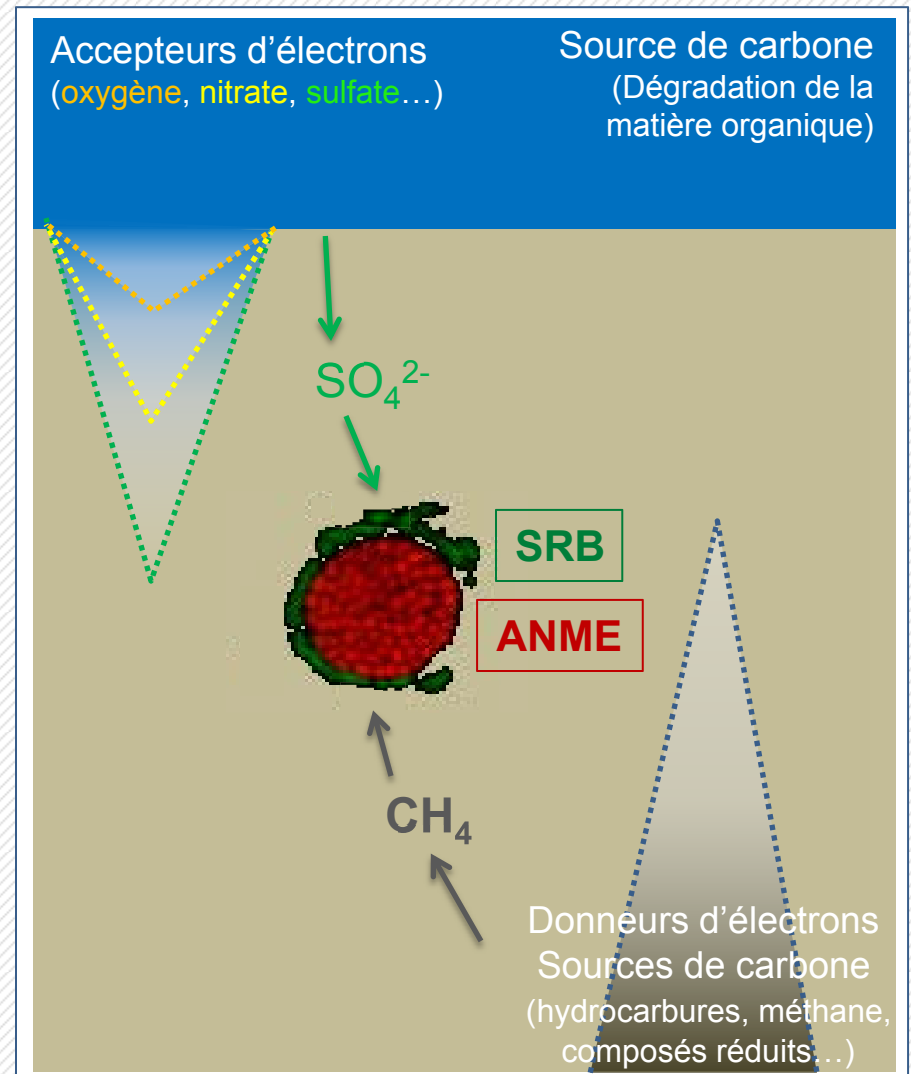
Oxydation anaérobie du méthane (AOM)

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





VIVRE DANS CES ENVIRONNEMENTS : LES SYMBIOSES



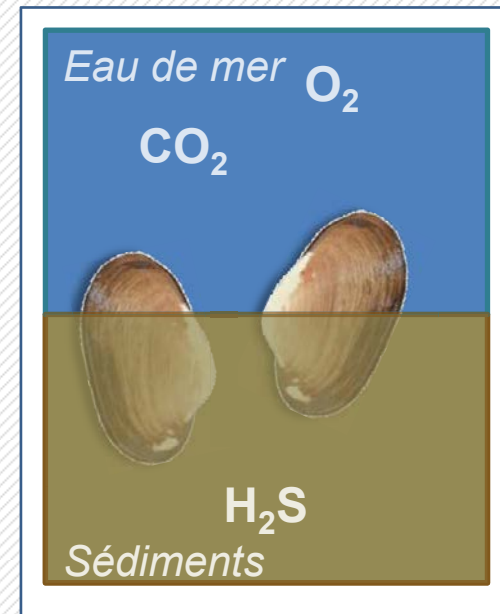
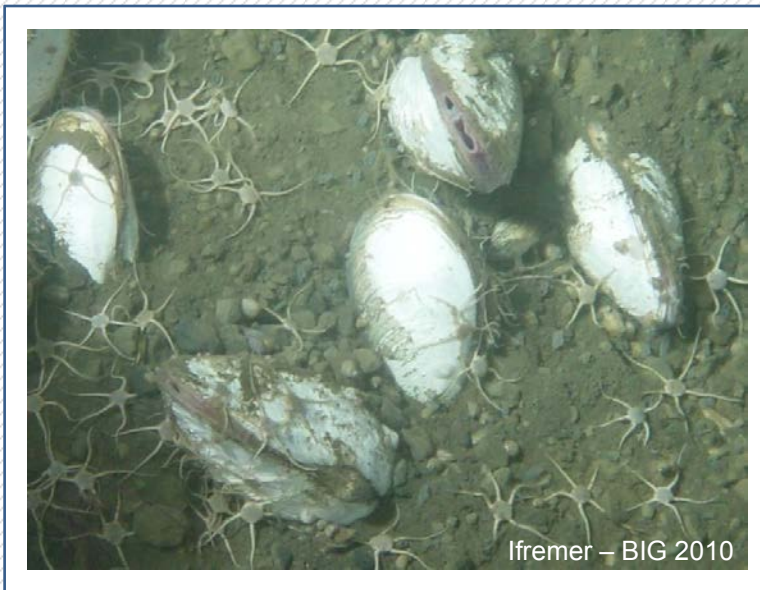


Les Vésicomydés

Mollusques bivalves vivant en symbiose avec des bactéries oxydant l'hydrogène sulfuré (H_2S)

Système digestif très réduit

Ils vivent plus ou moins enfouis dans le sédiment entre zones oxygène et anoxique.





Les Siboglinidés

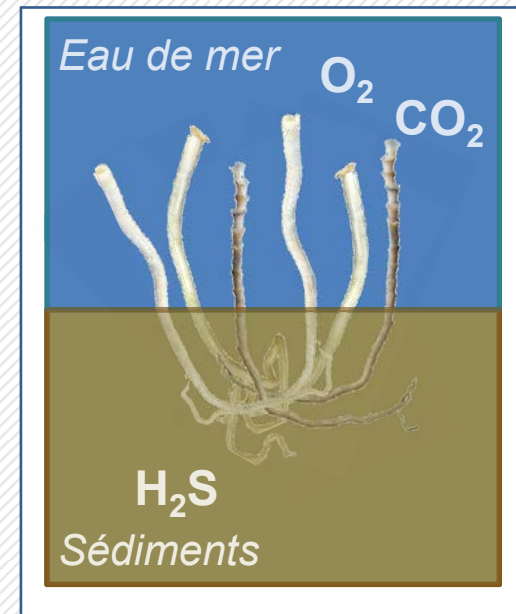
Vers tubicoles vivant en symbiose avec des bactéries oxydant l'hydrogène sulfuré (H_2S)

Dépourvu de tube digestif, de bouche et d'anus

Ils forment des bouquets au voisinage des sorties de fluides.

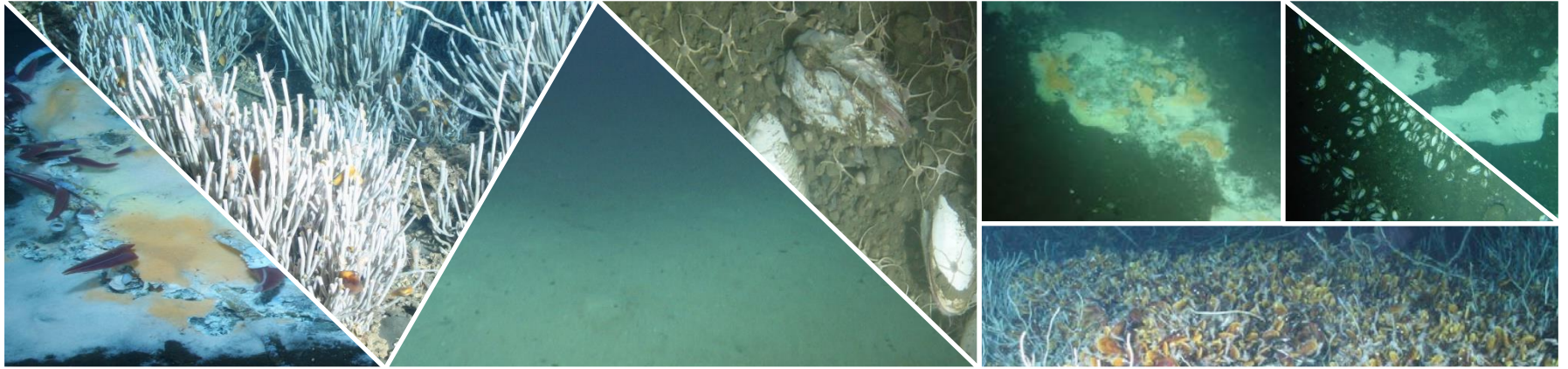


Ifremer – WACS 2011





PROBLÉMATIQUE



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

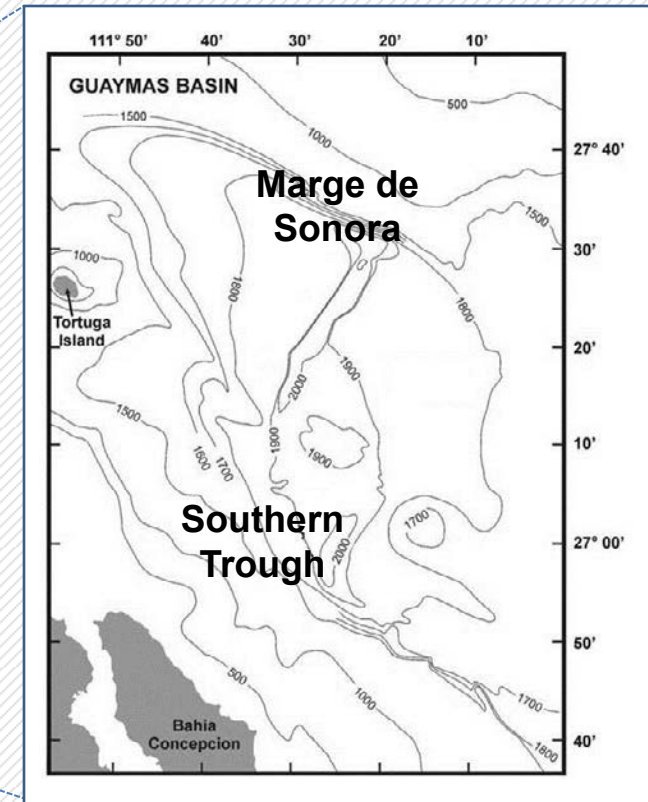
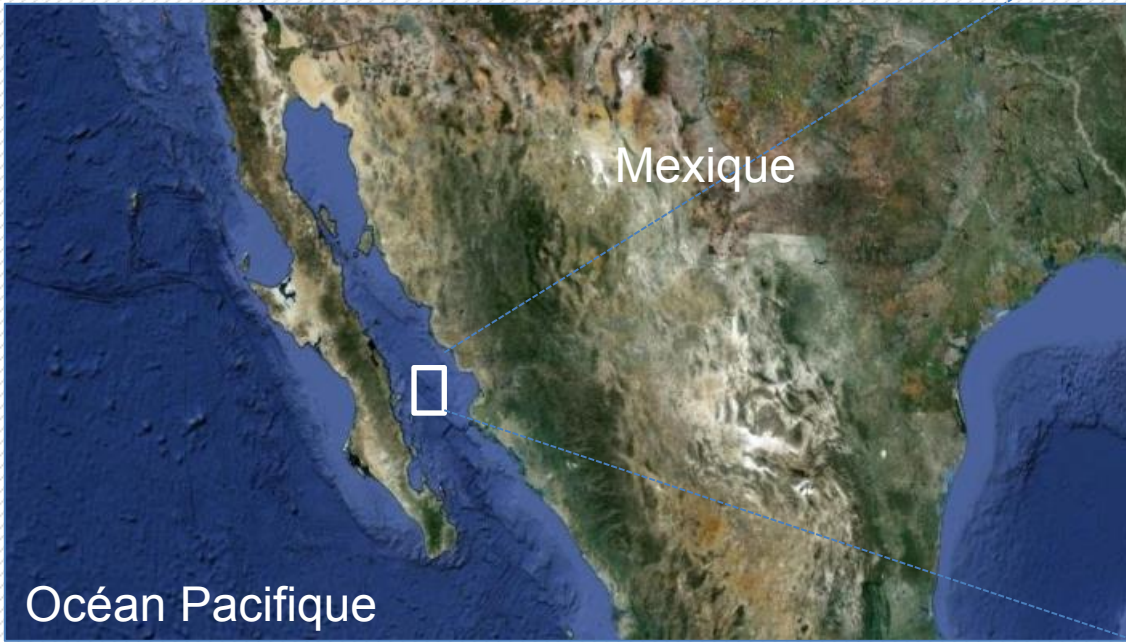
Quels sont les microorganismes présents dans les sédiments sous-jacents les différents assemblages?

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

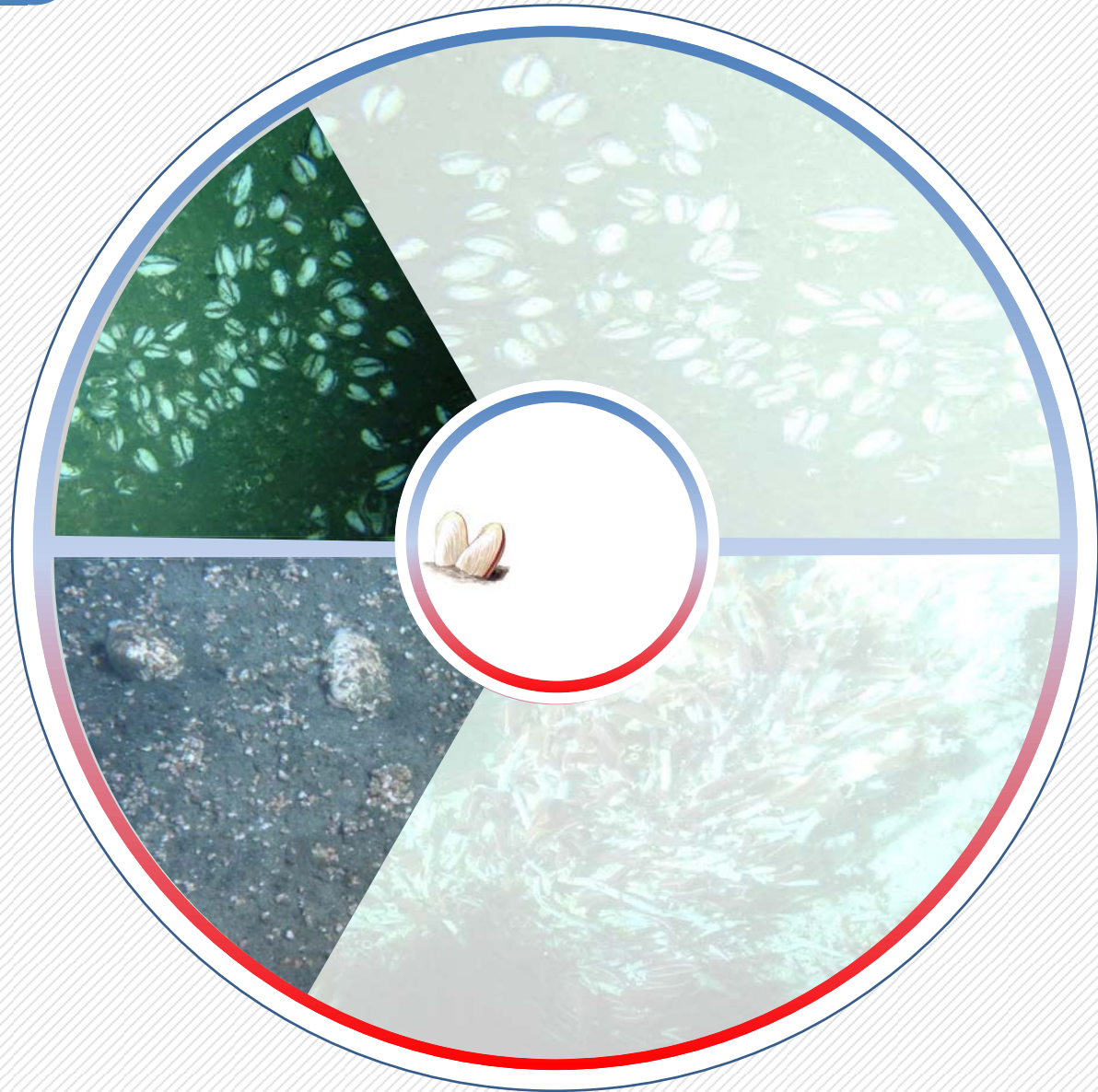
Le Bassin de Guaymas

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 vésicomydés*





LE BASSIN DE GUAYMAS

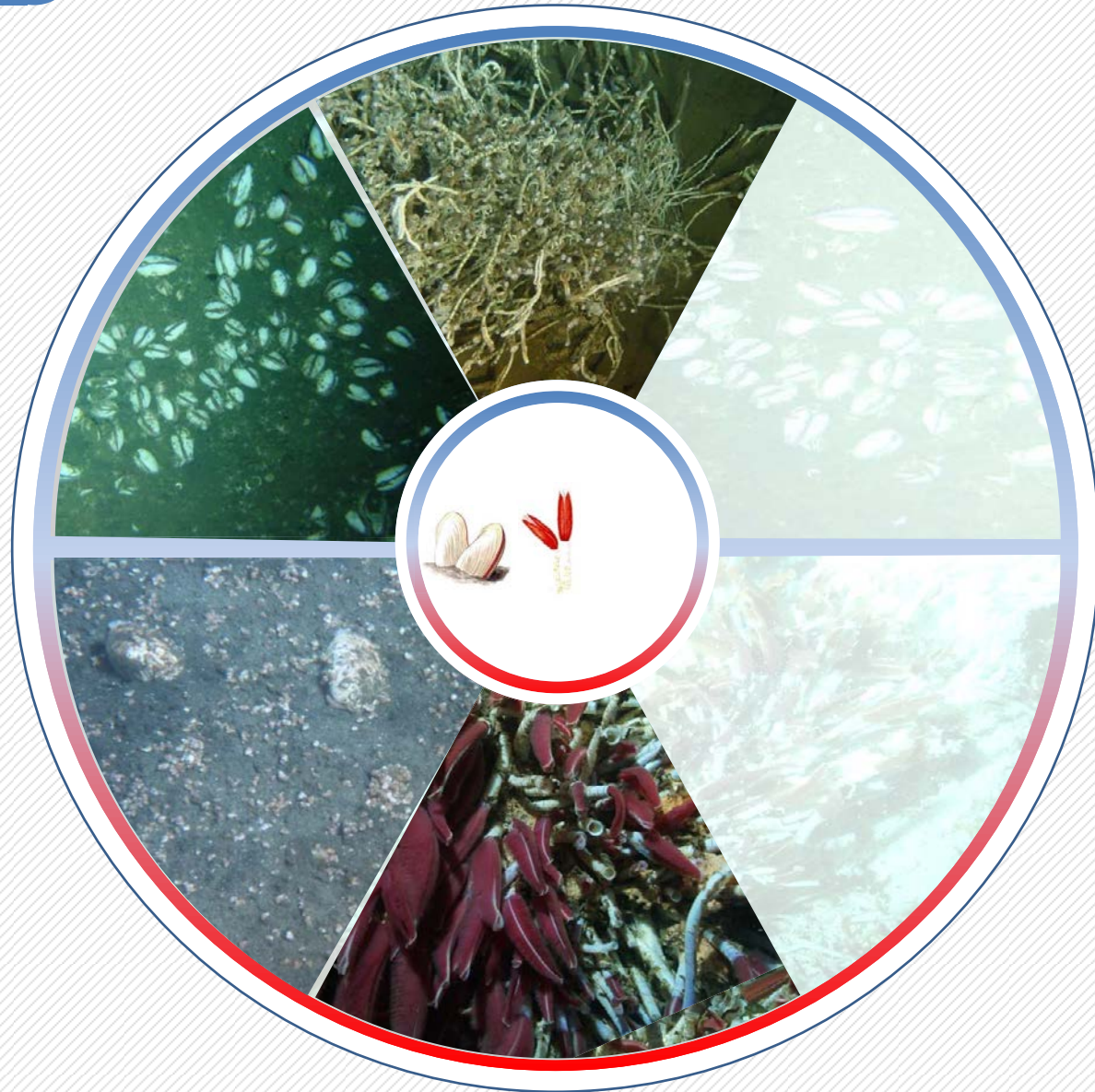
Le Bassin de Guaymas

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 vésicomydés*
- 🌐 *Buissons de siboglinidés*





LE BASSIN DE GUAYMAS

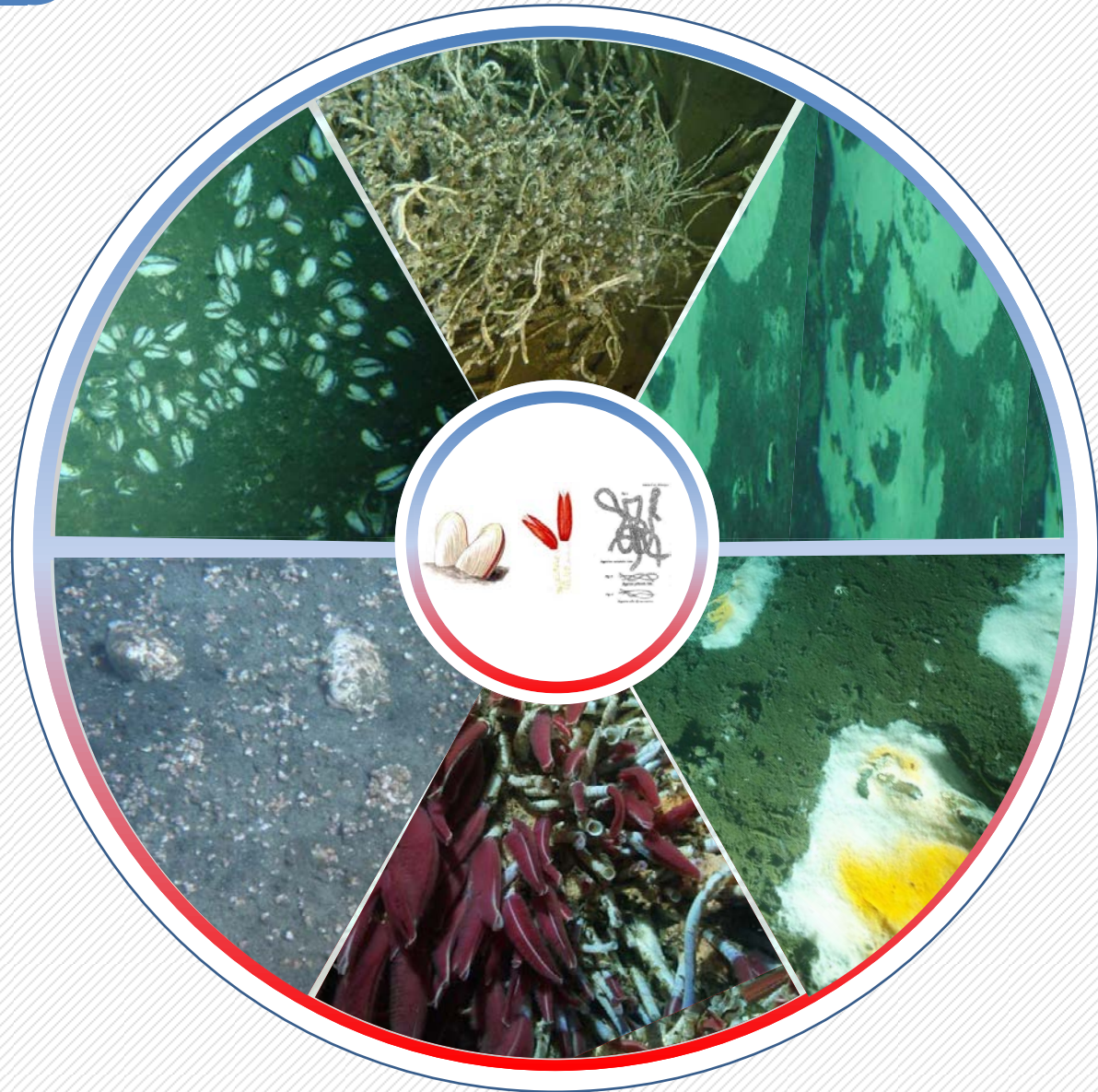
Le Bassin de Guaymas

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 vésicomydés*
- 🌐 *Buissons de siboglinidés*
- 🌐 *Tapis microbiens*



Méthodes d'étude

L'échantillonnage

Séquençage

Microscopie FISH
Q-PCR





L'échantillonnage

Campagne BIG 2010
(Biodiversité et Interactions à
Guaymas)

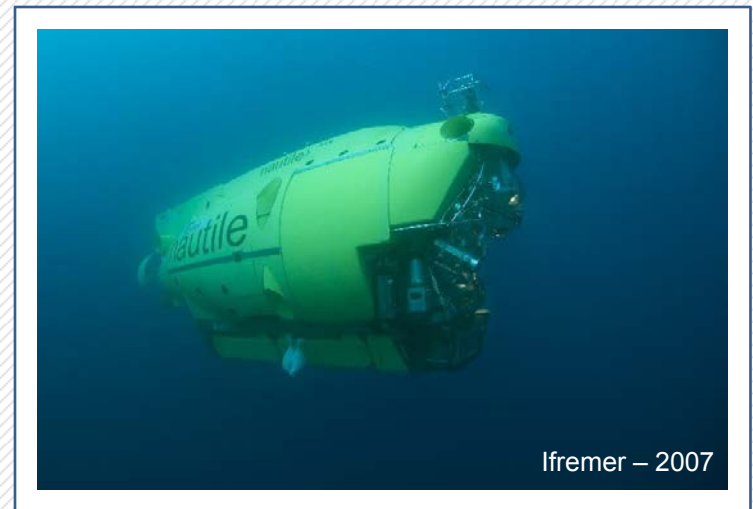
A bord du NO *l'Atalante* avec le
sous-marin habitable *Nautille*

Échantillonnage des différents
habitats à l'aide de carottiers
tubes

Conditionnement des
échantillons à bord du bateau



Ifremer – 2006



Ifremer – 2007





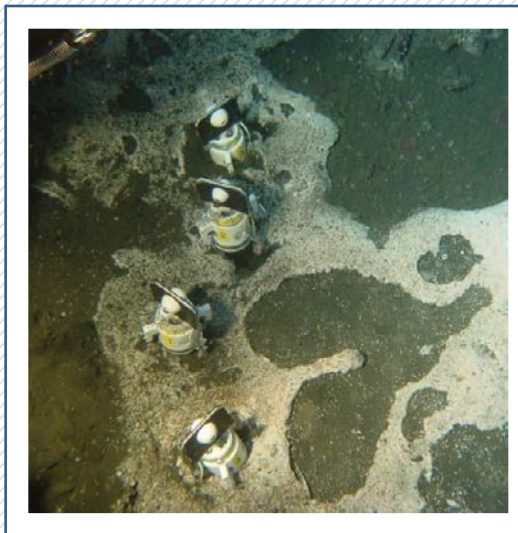
L'échantillonnage

Campagne BIG 2010
(Biodiversité et Interactions à
Guaymas)

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

Échantillonnage des différents
habitats à l'aide de carottiers
tubes

Conditionnement des
échantillons à bord du bateau



MÉTHODES D'ÉTUDE : SÉQUENÇAGE

Identification d'un microorganisme



5' - ATTCTGTGCGAATACAT....AAGTGGTTCT - 3'

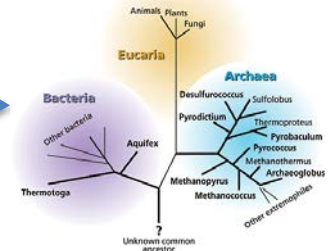
Extraction et séquençage

Banque de données

Desulfurococcus	5' - ATTGTGTCGATTACGT....AAGTGGTTCT - 3'
Sulfolobus	5' - GTTCTGCCGAATAGAT....AACTCGTTCT - 3'
Pyrococcus	5' - GTACTGGCGAATAGAT....GACTCGATCT - 3'
Methanococcus	5' - ATTCTGTGCGAATACAT....AAGTGGTTCT - 3'
Methanopyrus	5' - GTAATGCCGACTAGAT....GACTCCATCT - 3'
Archaeoglobus	5' - CGTTTGTCAGCTAGAT....GACTCCGTTCT - 3'

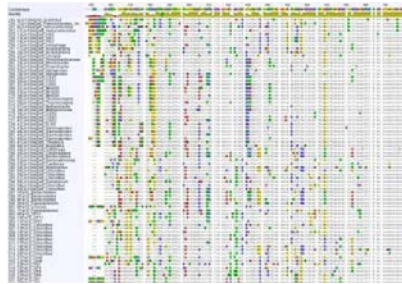
Comparaison de la séquence avec les bases de données

Identification :

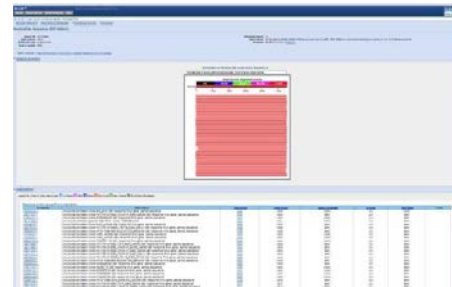


Methanococcus

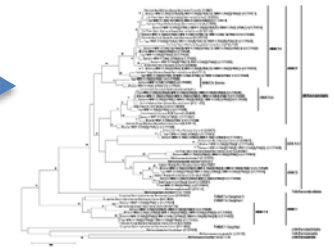
Identification de communautés microbiennes complexes



Extraction et Séquençage



Comparaison des séquences avec les bases de données



des communautés

Séquençage de l'ADN

Extraction de l'ADN sur les sédiments prélevés

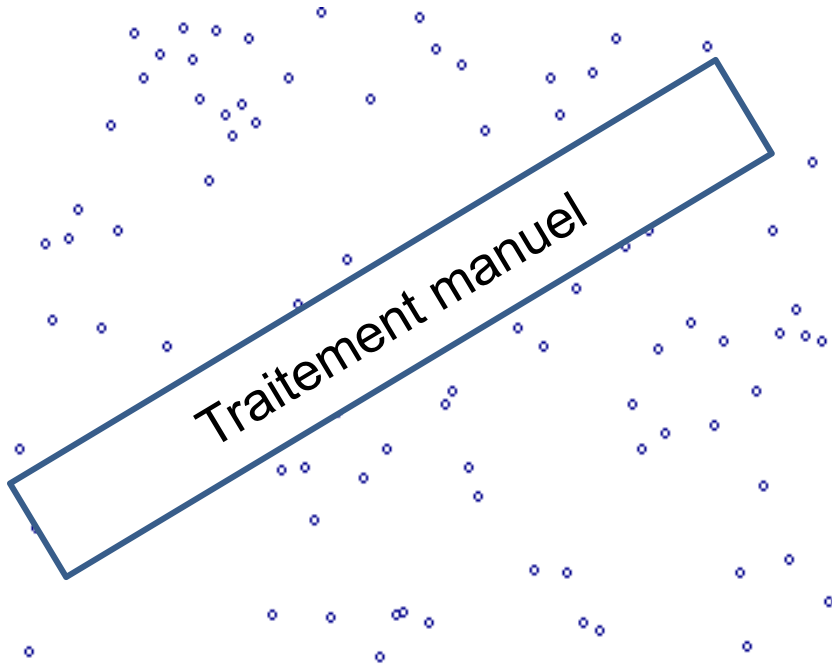
Séquençage du gène codant l'ARNr 16S par pyroséquençage (séquençage haut-débit)



Analyse des jeux de données

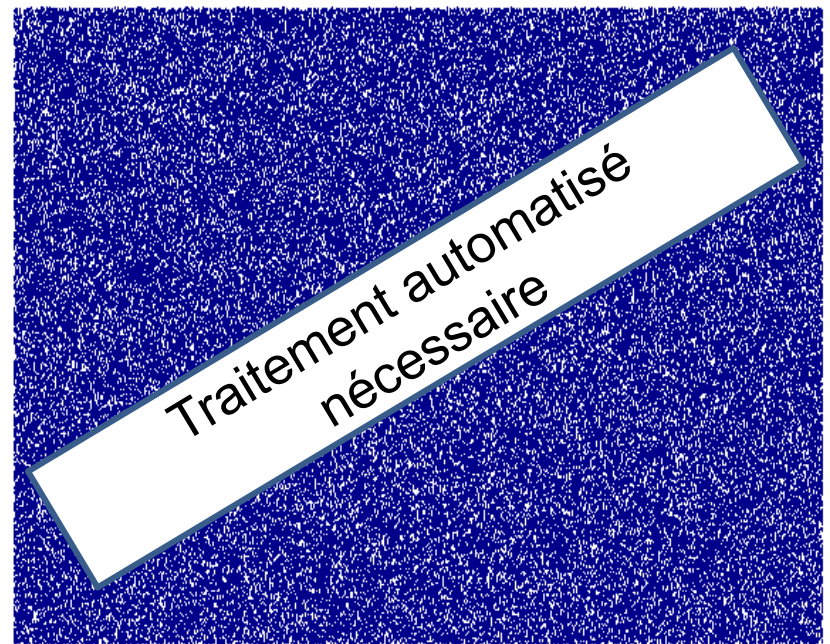
Séquençage classique

Obtention d'une centaine de séquences



Séquençage haut-débit

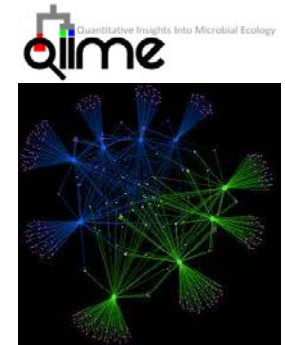
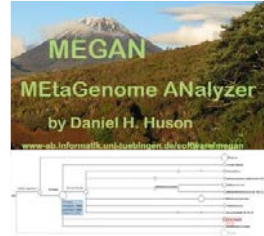
Obtention de centaines de milliers de séquences



MÉTHODES D'ÉTUDE : SÉQUENÇAGE

○ Traitement automatisé des séquences obtenues par pyroséquençage

Test de différentes solutions



○ Problèmes d'identification avec les bases de données classiques

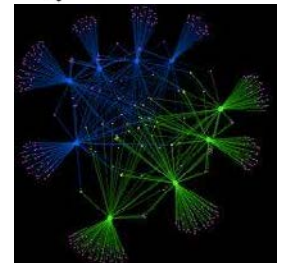
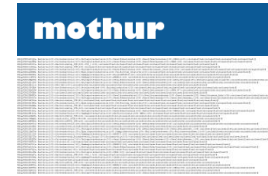
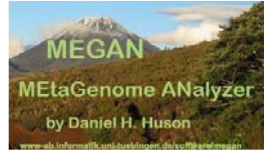
Analyse sur les bases de données et la taxonomie du NCBI

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%

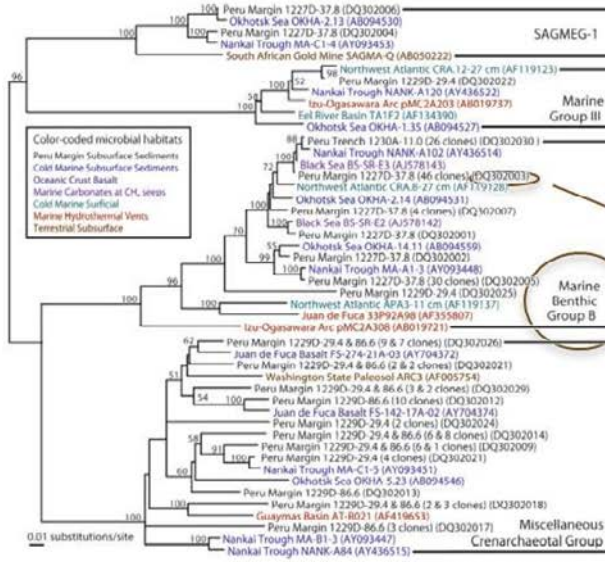
MÉTHODES D'ÉTUDE : SÉQUENÇAGE

○ Traitement automatisé des séquences obtenues par pyroséquençage

Test de différentes solutions



○ Création d'une base de données personnalisée



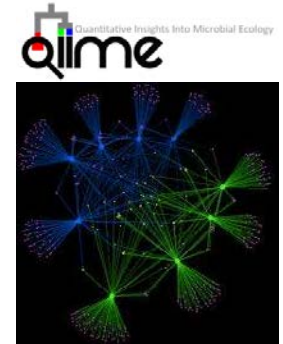
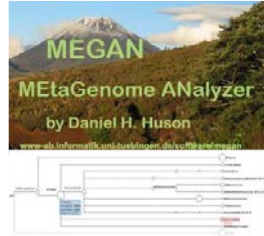
Biddle & al., 2006



MÉTHODES D'ÉTUDE : SÉQUENÇAGE

○ Traitement automatisé des séquences obtenues par pyroséquençage

Test de différentes solutions



○ Création d'une base de données personnalisée

N° Accession	Classification NCBI	Classification littérature	Classification finale
DQ302006	Non définie	>1_Bi06_SAGMEG_1	SAGMEG
DQ302004	Non définie	>3_Bi06_SAGMEG_1	SAGMEG
AY093453	Non définie	>4_Bi06_SAGMEG_1	SAGMEG
DQ302022	Non définie	>7_Bi06_Mg2	MBG-D
DQ302030	Non définie	>12_Bi06_MBG_B	MBG-B
AY436514	Non définie	>13_Bi06_MBG_B	MBG-B
AJ578143	Non définie	>14_Bi06_MBG_B	MBG-B
DQ302003	Non définie	>15_Bi06_MBG_B	MBG-B
AF119128	Non définie	>16_Bi06_MBG_B	MBG-B
AF356644	Non définie	>37_Bi12_ANME1a_GuII	ANME-1
FR682490	Non définie	>38_Bi12_ANME1a_GuII	ANME-1
JF937719	Non définie	>39_Bi12_ANME1_Gu	ANME-1 Guaymas
JF937715	Non définie	>40_Bi12_ANME1_Gu	ANME-1 Guaymas
JF937746	Non définie	>41_Bi12_ANME1_Gu	ANME-1 Guaymas
X99555	<i>P. fumarius</i>	>75Dh05_Desulfurococcales	Pyrolobus
X99559	<i>P. abyssi</i>	>76Dh05_Desulfurococcales	Pyrodictium
AY835410	Non définie	>78Dh05_MBG_B	MBG-B

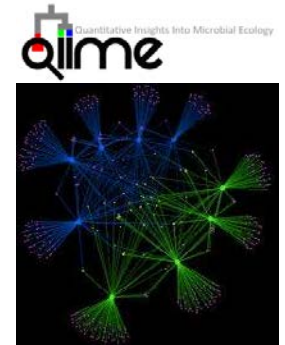
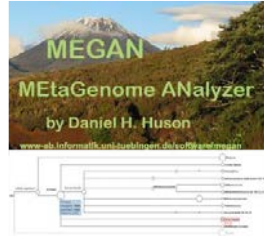
Extrait de la base de données personnalisée



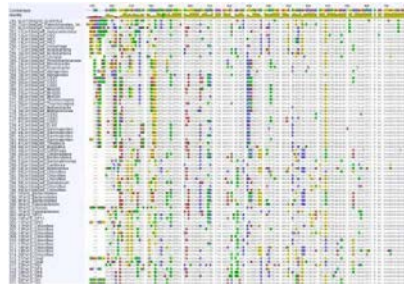
MÉTHODES D'ÉTUDE : SÉQUENÇAGE

○ Traitement automatisé des séquences obtenues par pyroséquençage

Test de différentes solutions



○ Analyse des résultats de séquençage



Extraction et Séquençage



Analyse des séquences

❖ Base de données Silva



❖ Base de données personnalisée

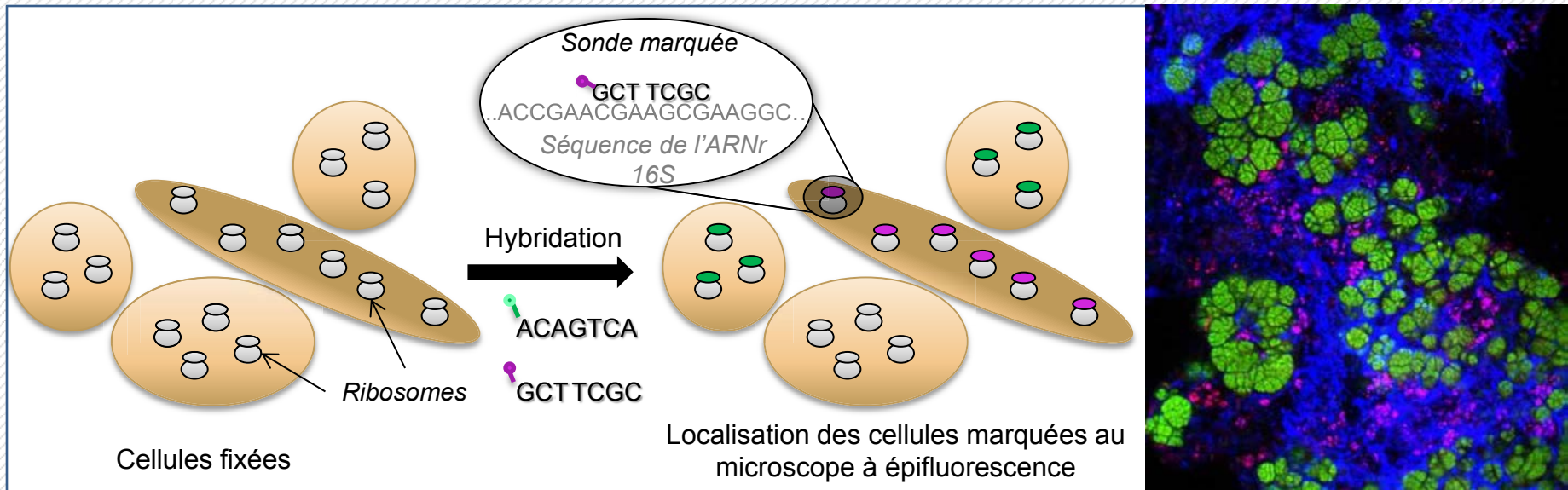
ID	Classification	Classification	Classification
Accession	NCBI	Interpro	Stable
U00096	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00097	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00098	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00099	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00100	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00101	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00102	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00103	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00104	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00105	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00106	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00107	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00108	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00109	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00110	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00111	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00112	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00113	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00114	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00115	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00116	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00117	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00118	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00119	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020
U00120	Non définie	>1.1616.1616.1616	SALP020



Identification des communautés

MISES À JOUR





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

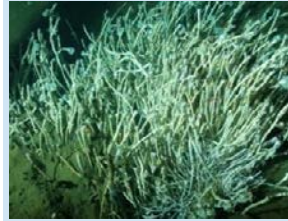
Elle va permettre de quantifier et d'analyser la distribution des groupes microbiens dans nos échantillons à l'aide d'amorces spécifiques

Résultats - Discussion



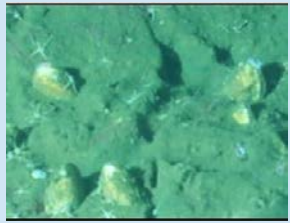
Sites colonisés par de la mégafaune

Marge de Sonora



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

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



Southern Trough



Un site colonisé par des bivalves vésicomidés (*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

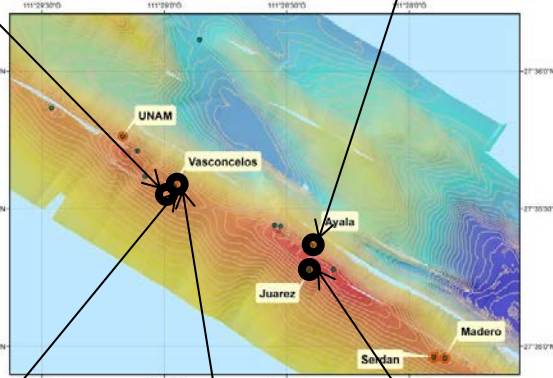


PRÉSENTATION DES SITES D'ÉTUDE

Marge de Sonora

Vasconcelos
Vésicomydés

Ayala
Vésicomydés



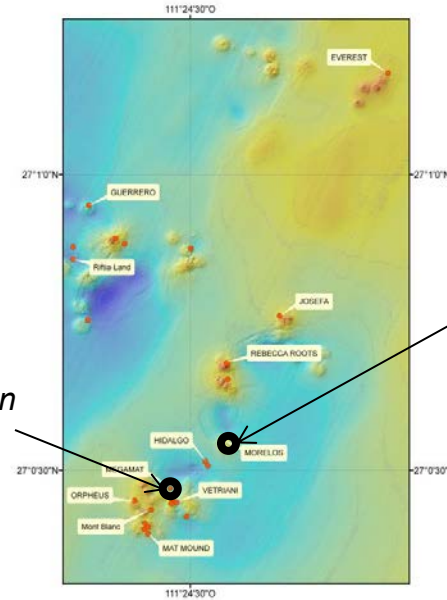
Vasconcelos
Tapis microbien

Juaréz
Siboglinidés

Vasconcelos
Pourtour du tapis microbien

60 km

Southern Trough



MegaMat
Tapis microbien

Morelos
Vésicomydés

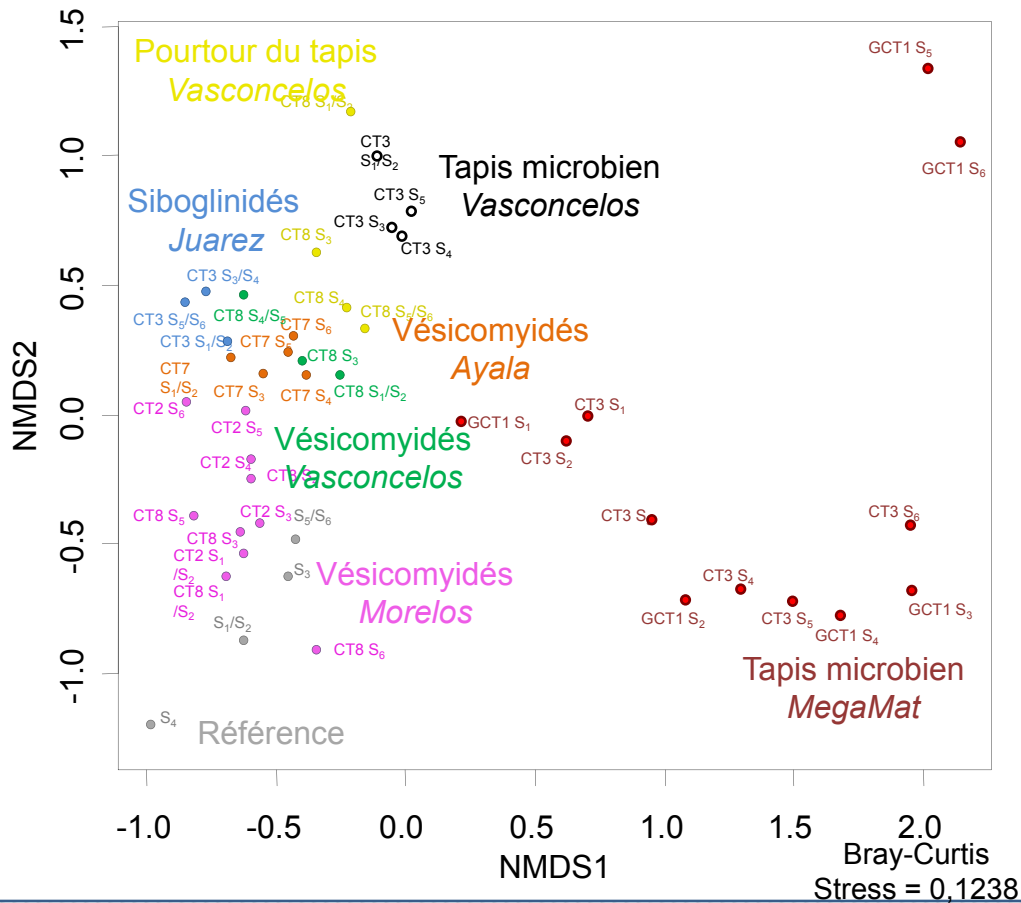
7 sites différents suintements froids / sources hydrothermales et un site hors des zones actives

10 carottes de sédiments divisées en sections de 2 cm, soit 45 échantillons séquencés



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)

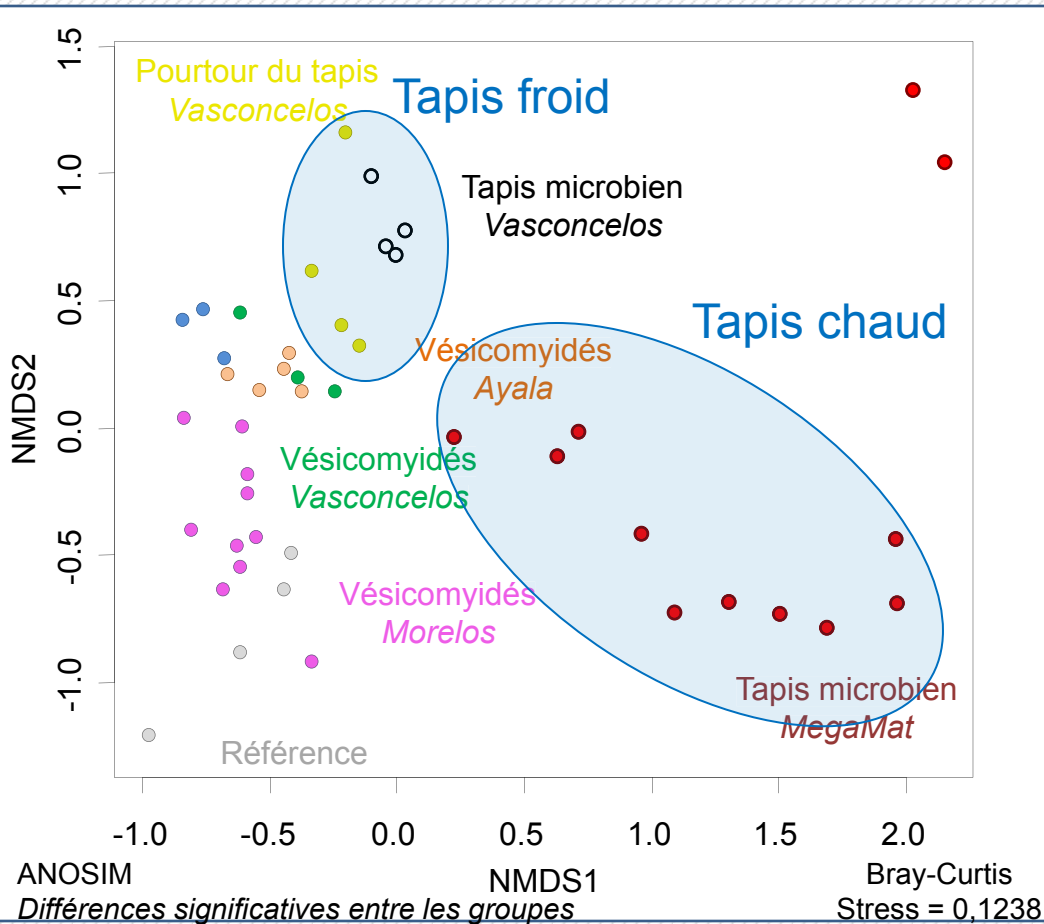
Un point = Un échantillon

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



Visualisation et interprétation des données

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



Résultats *Archaea*

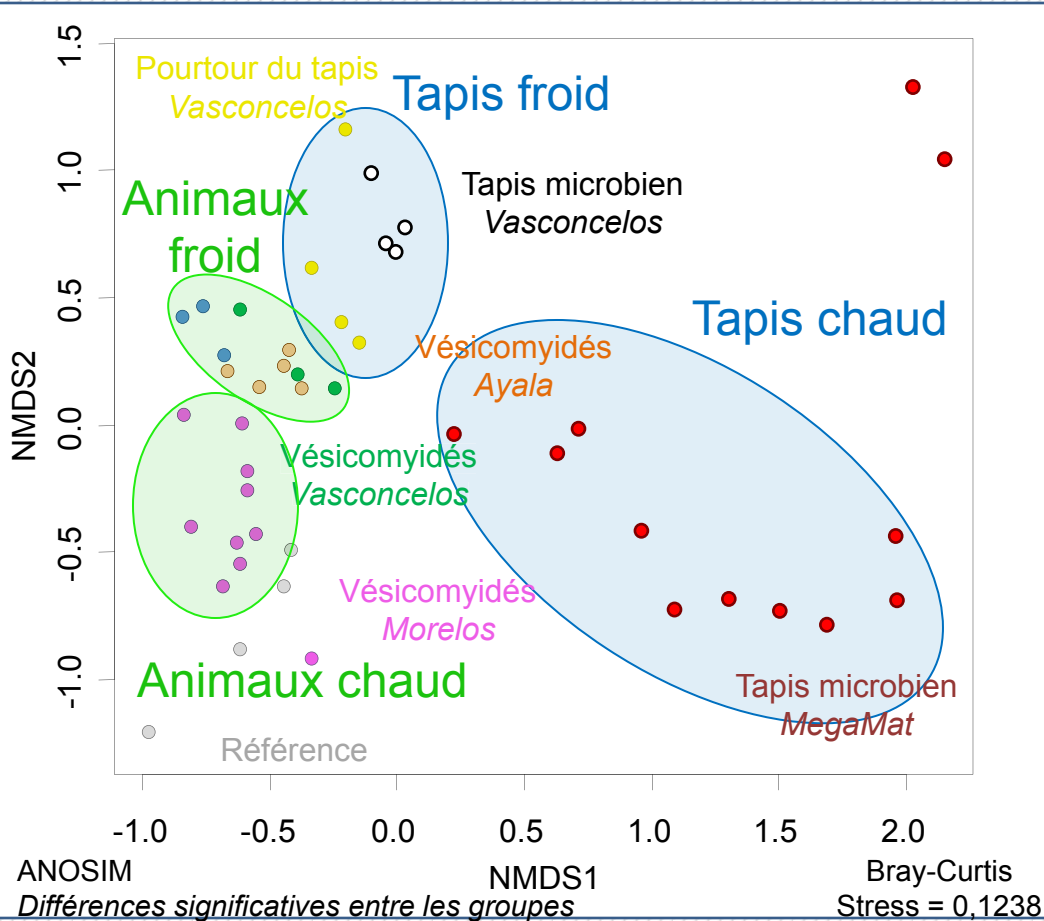
Différences significatives entre les groupes



RÉSULTATS DU PYROSÉQUENÇAGE

Visualisation et interprétation des données

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



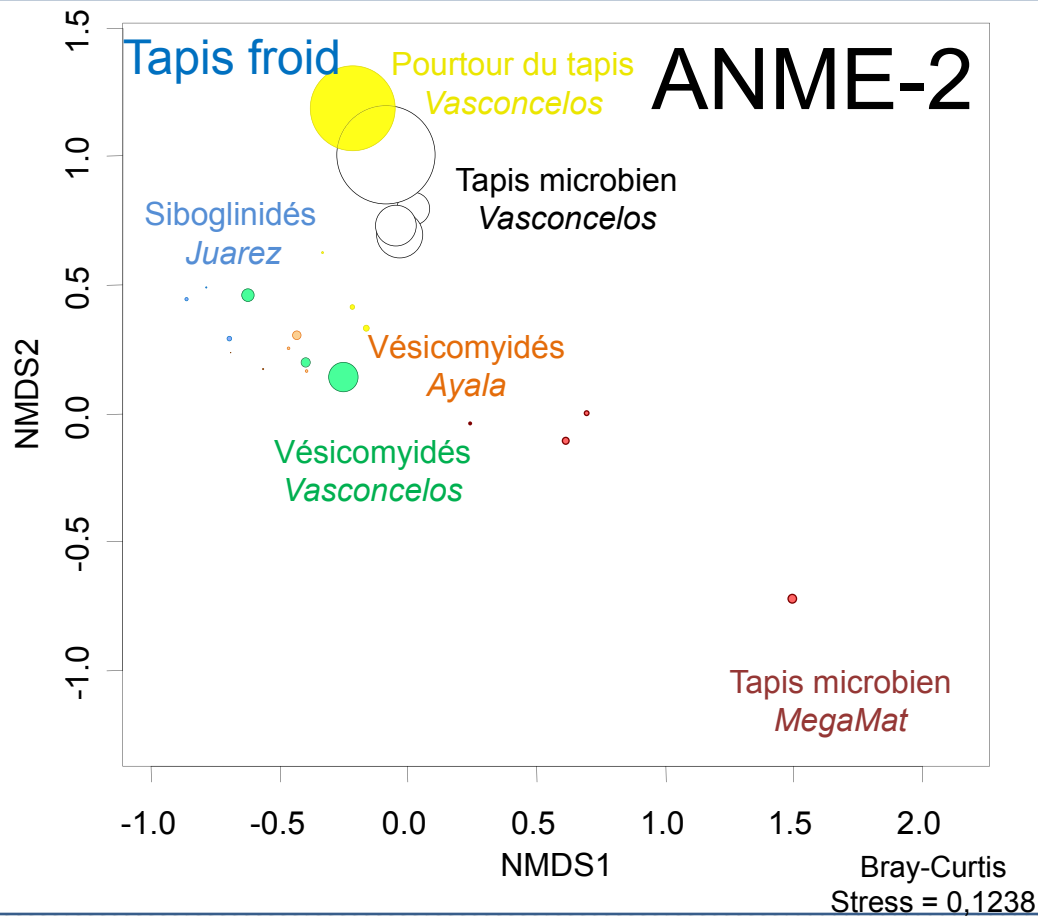
Résultats *Archaea*

Différences significatives entre les groupes



Visualisation et interprétation des données

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



Résultats *Archaea*

Différences significatives entre les groupes

Groupes microbiens responsables

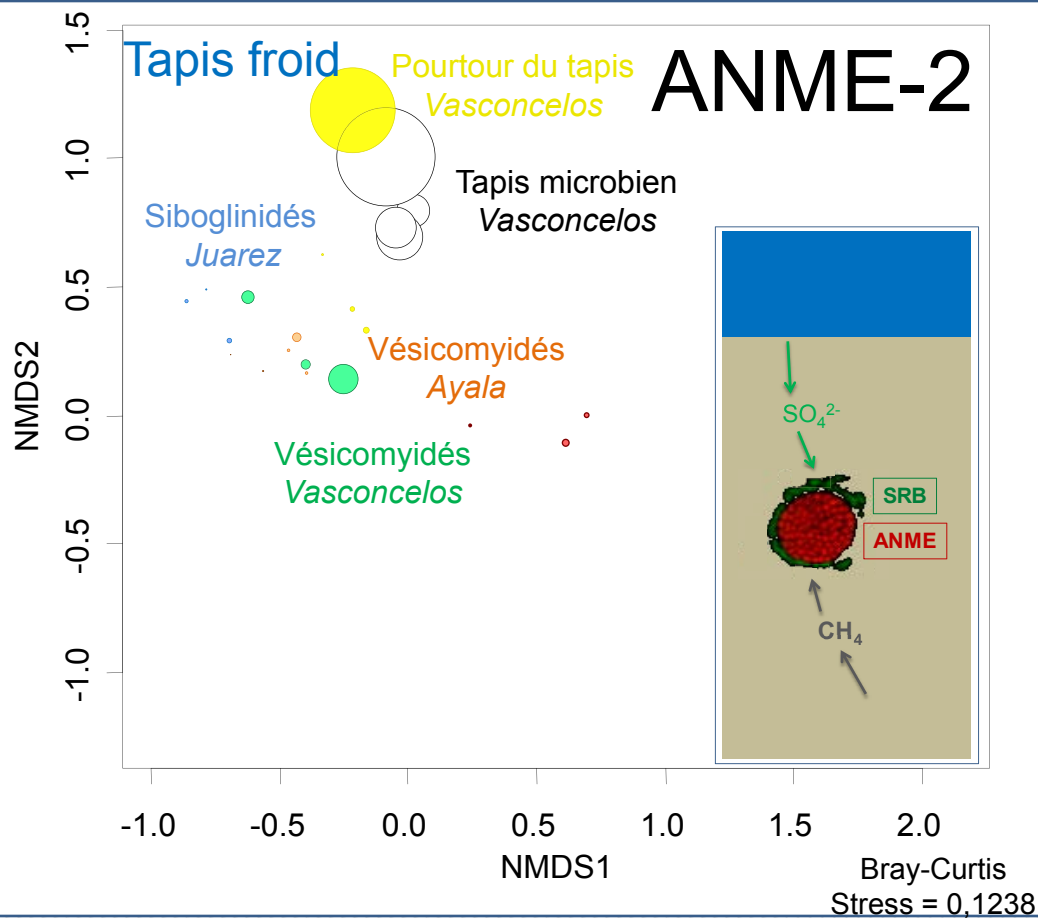
○ ANME-2

Proportions importantes sous les tapis microbiens du pôle froid



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

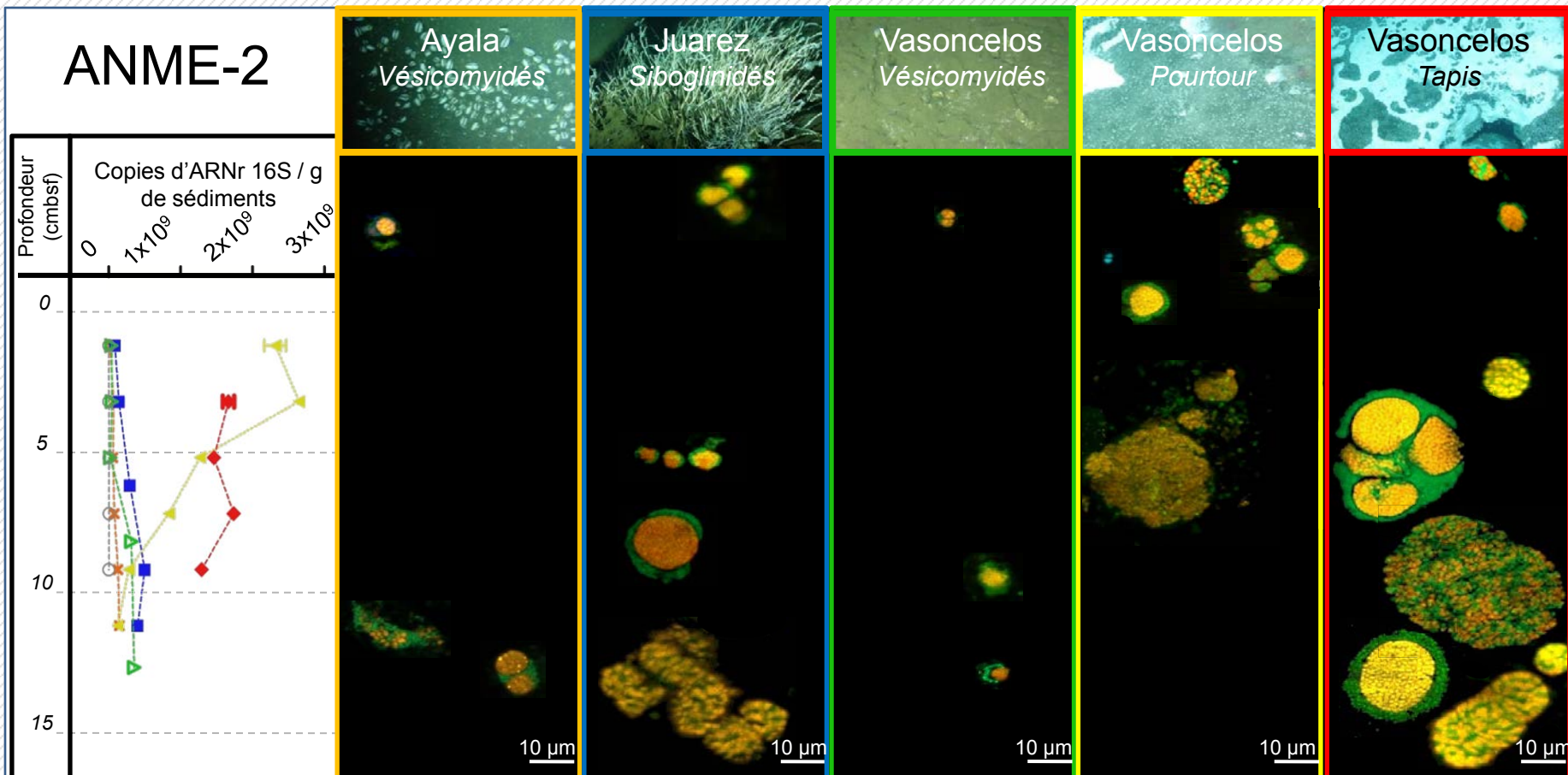
Proportions importantes sous les tapis microbiens du pôle froid



COMPARAISON Q-PCR ET FISH

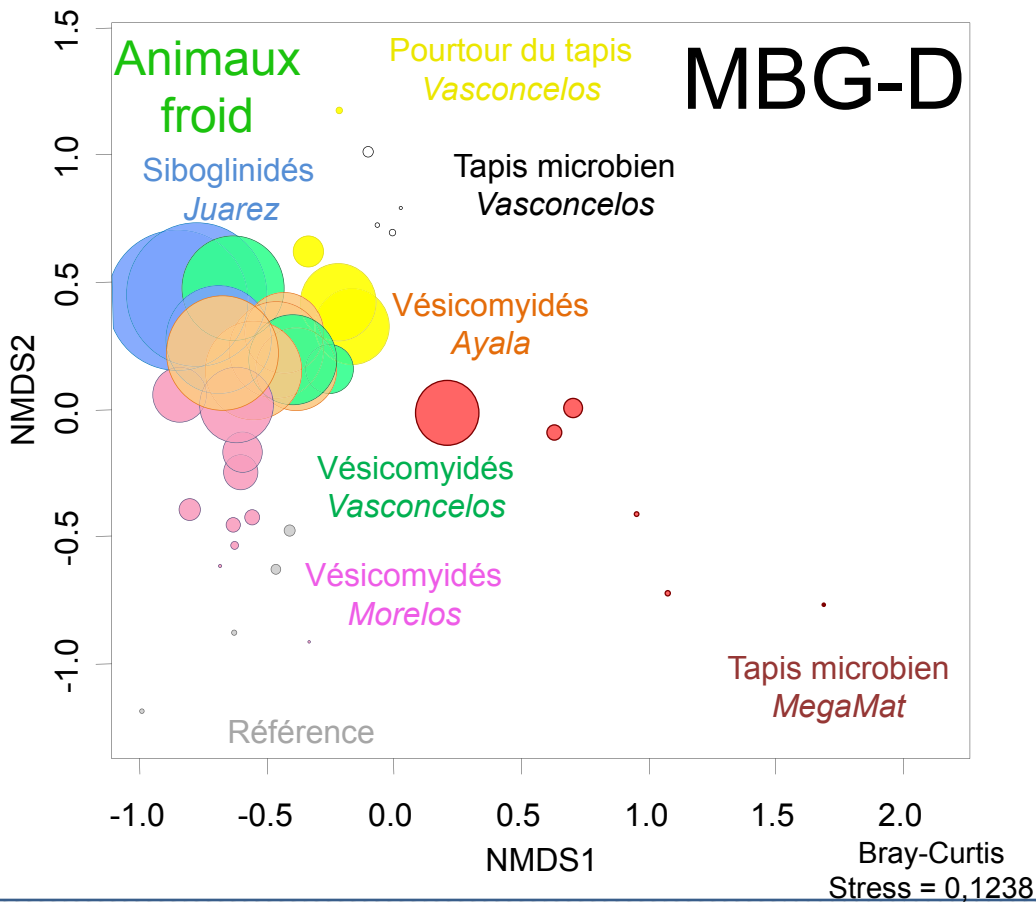
Visualisation et interprétation des données

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



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

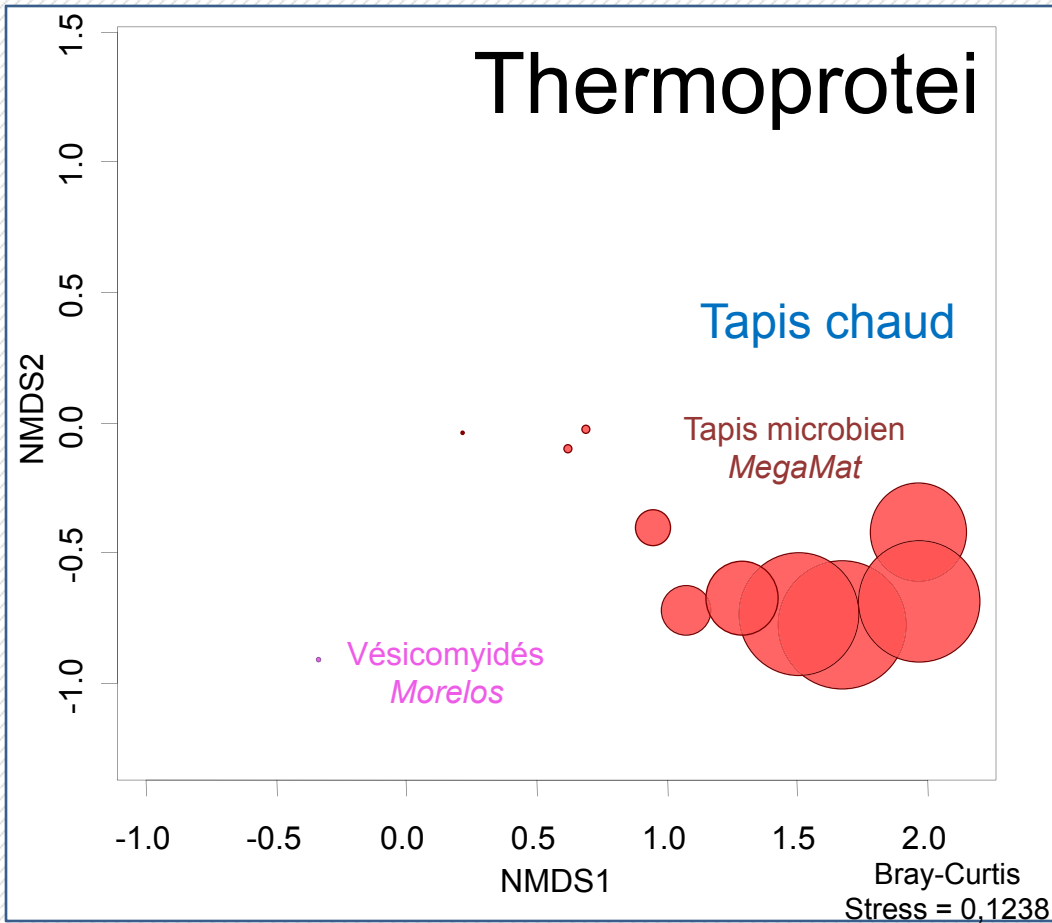
○ MBG-D (Marine Benthic Group D)

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



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 vésicomydés du pôle chaud

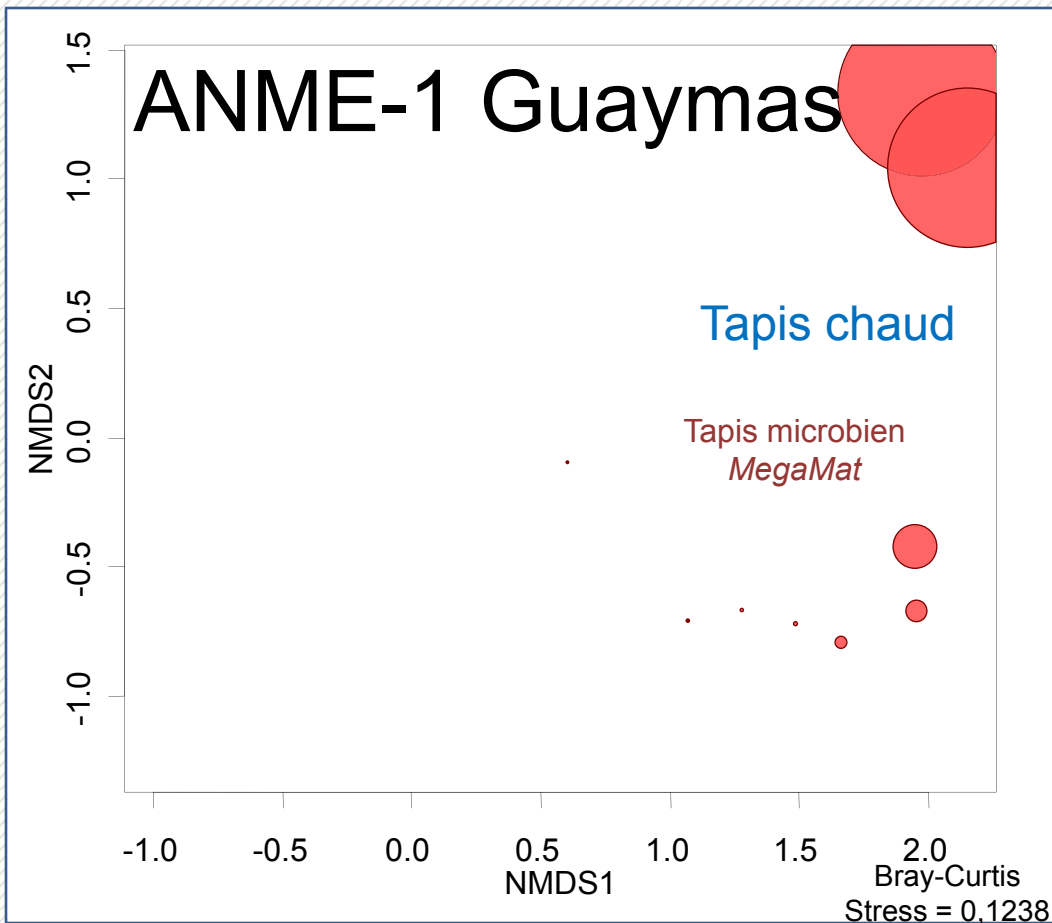
○ Thermoprotei

Proportions importantes sous les tapis microbiens du pôle chaud



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 vésicomydés du pôle chaud

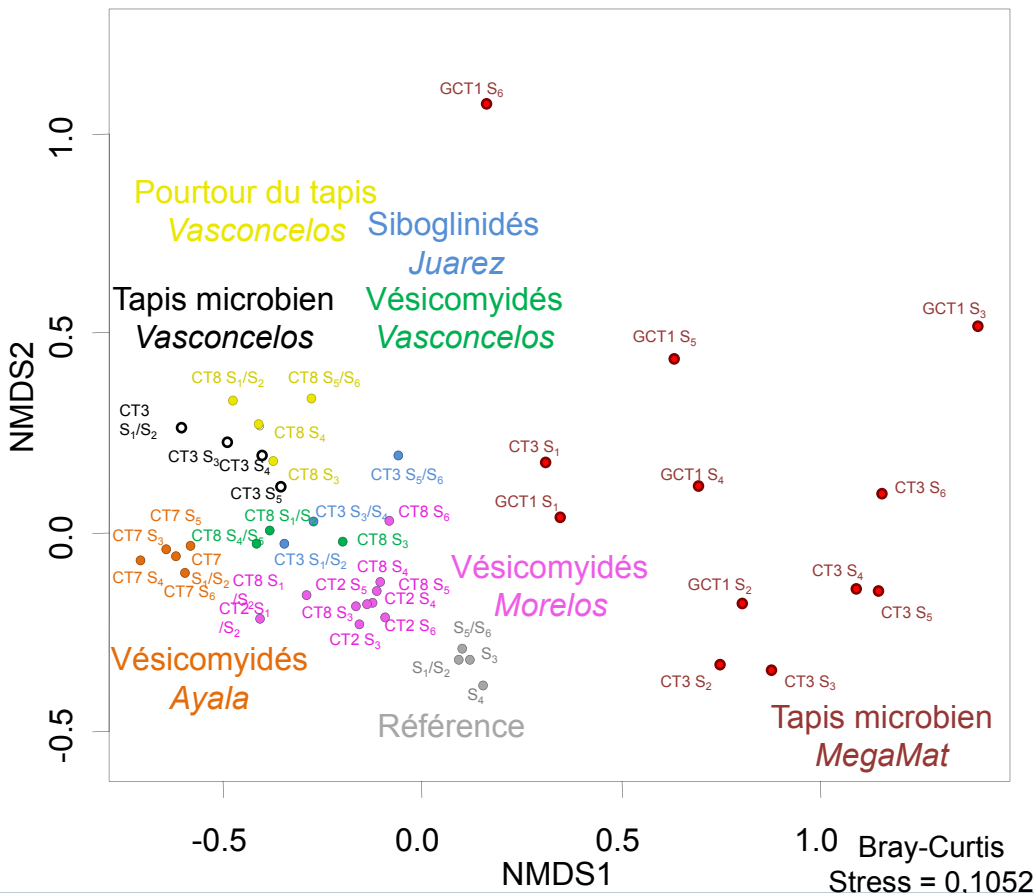
● ANME-1 Guaymas

Détectées exclusivement sous les tapis microbiens du pôle chaud



Visualisation et interprétation des données

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



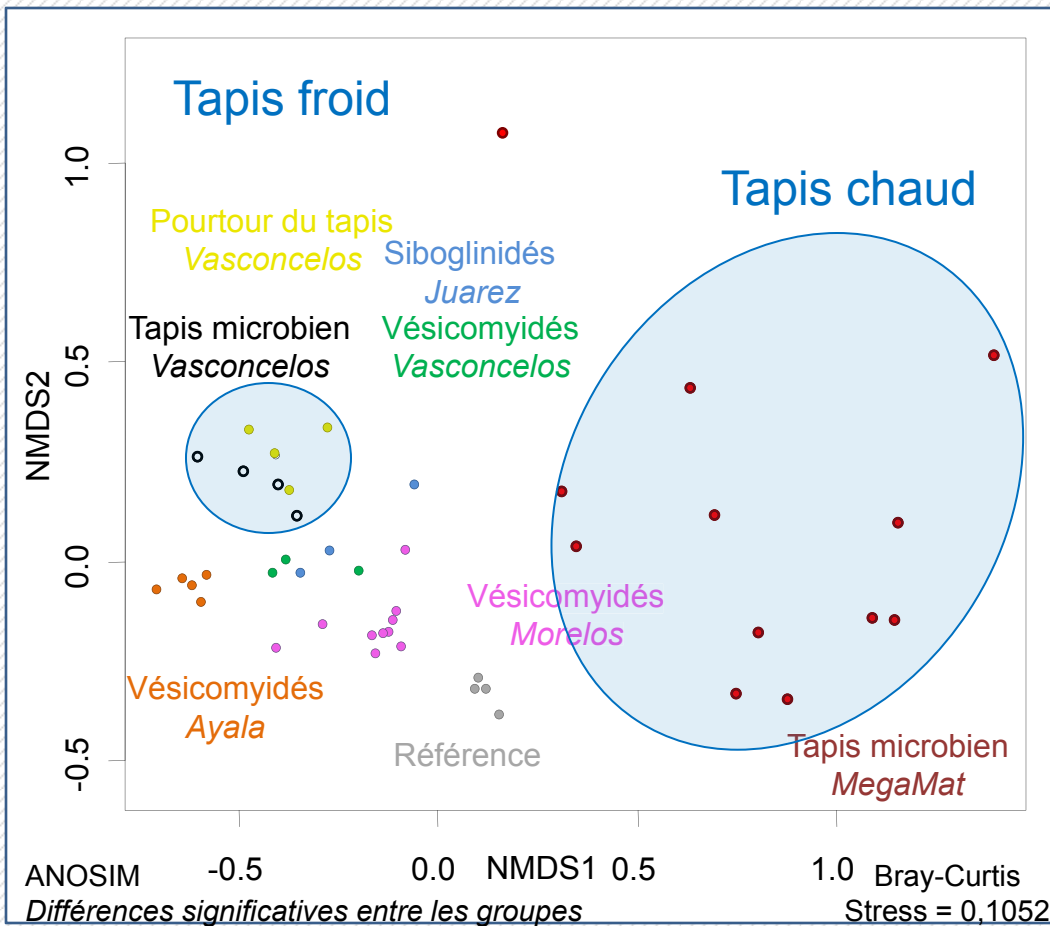
Résultats *Bacteria*

Différences significatives entre les groupes



Visualisation et interprétation des données

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



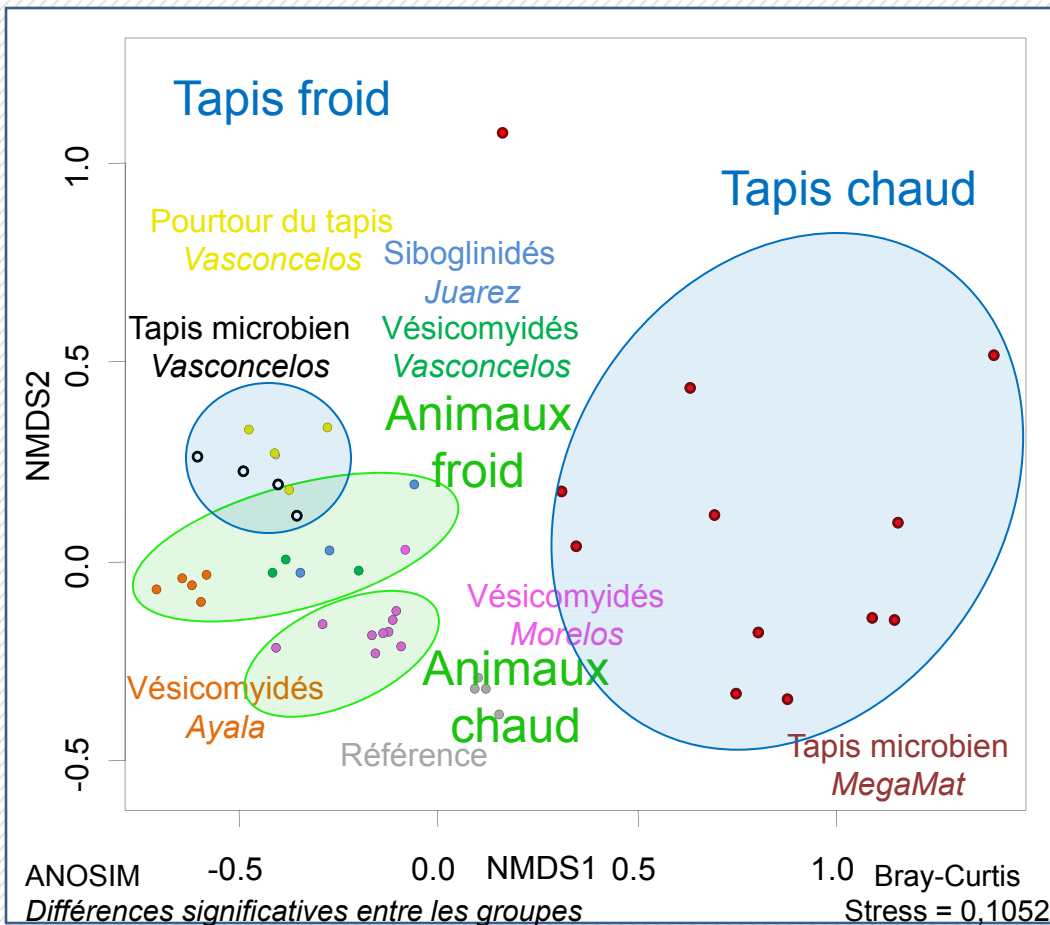
Résultats *Bacteria*

Différences significatives entre les groupes



Visualisation et interprétation des données

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



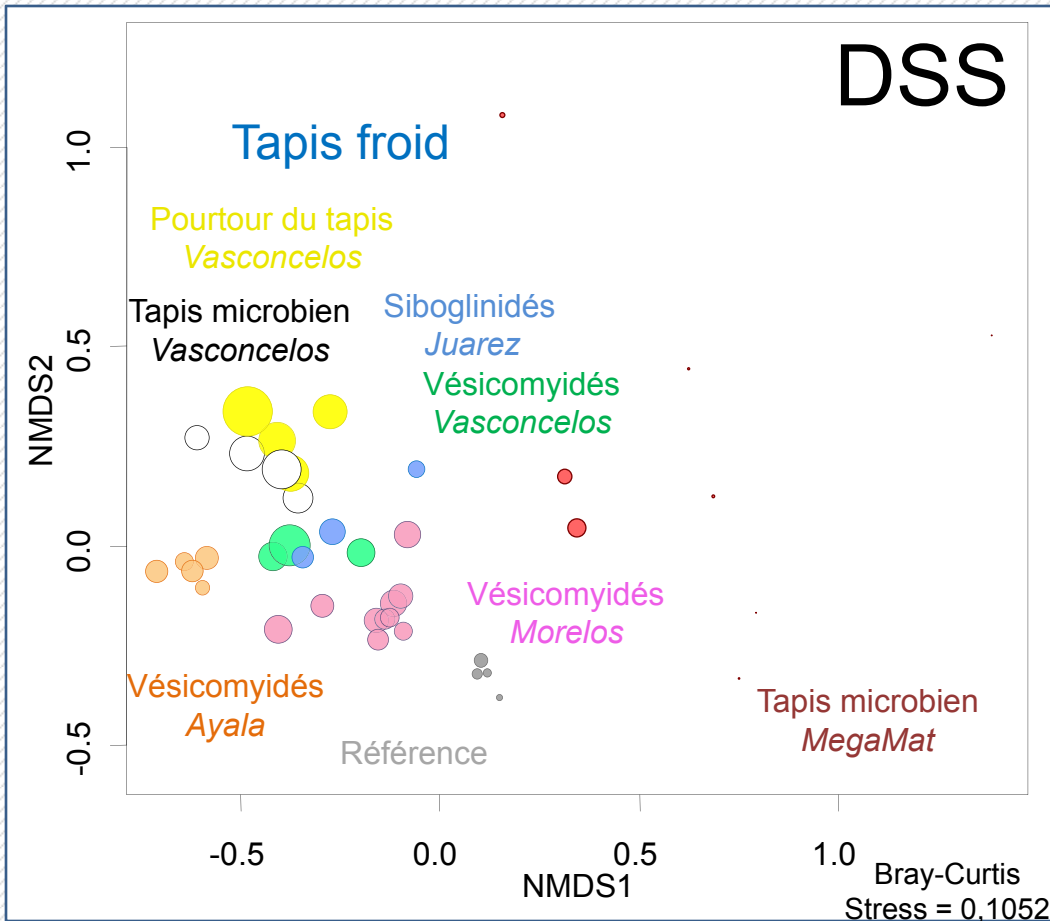
Résultats *Bacteria*

Différences significatives entre les groupes



Visualisation et interprétation des données

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



Résultats *Bacteria*

Différences significatives entre les groupes

Groupes microbiens responsables

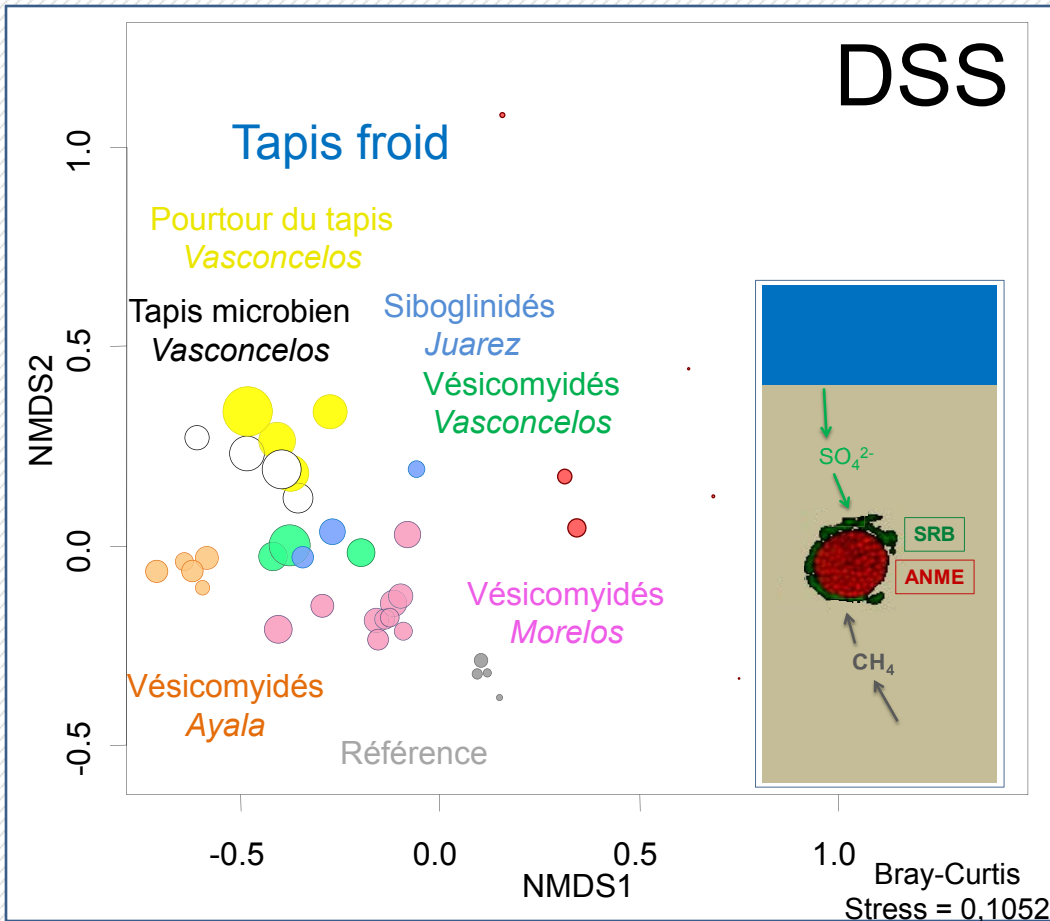
○ DSS (Deltaprotebacteria)

Proportions plus importantes sous les habitats du pôle froid



Visualisation et interprétation des données

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



Résultats *Bacteria*

Différences significatives entre les groupes

Groupes microbiens responsables

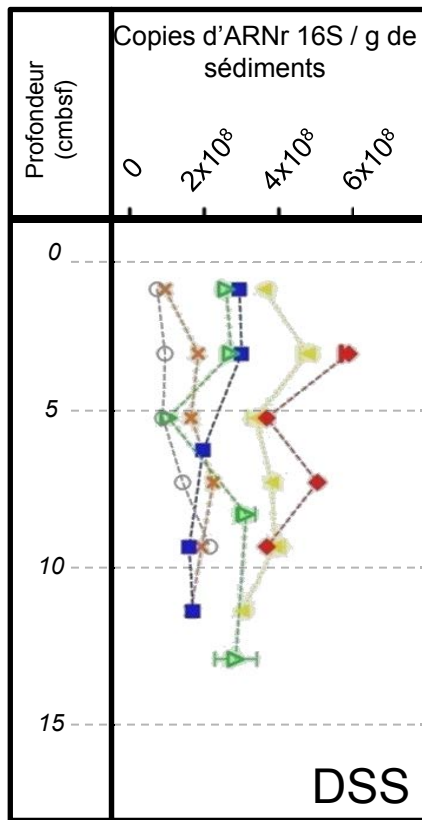
○ DSS (Deltaproteobacteria)

Proportions plus importantes sous les habitats du pôle froid



Visualisation et interprétation des données

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



Résultats *Bacteria*

Différences significatives entre les groupes

Groupes microbiens responsables

○ DSS (Deltaprotebacteria)

Proportions plus importantes sous les habitats du pôle froid

—x— Ayala (*Vésicomydés*)

—■— Juarez (*Siboglinidés*)

—▲— Vasconcelos BIG13 (*Vésicomydés*)

—■— Vasconcelos BIG18 (*Pourtour tapis*)

—◆— Vasconcelos BIG18 (*Tapis microbien*)

—○— Référence



Visualisation et interprétation des données

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

Résultats *Bacteria*

Plus de DSS sous les tapis

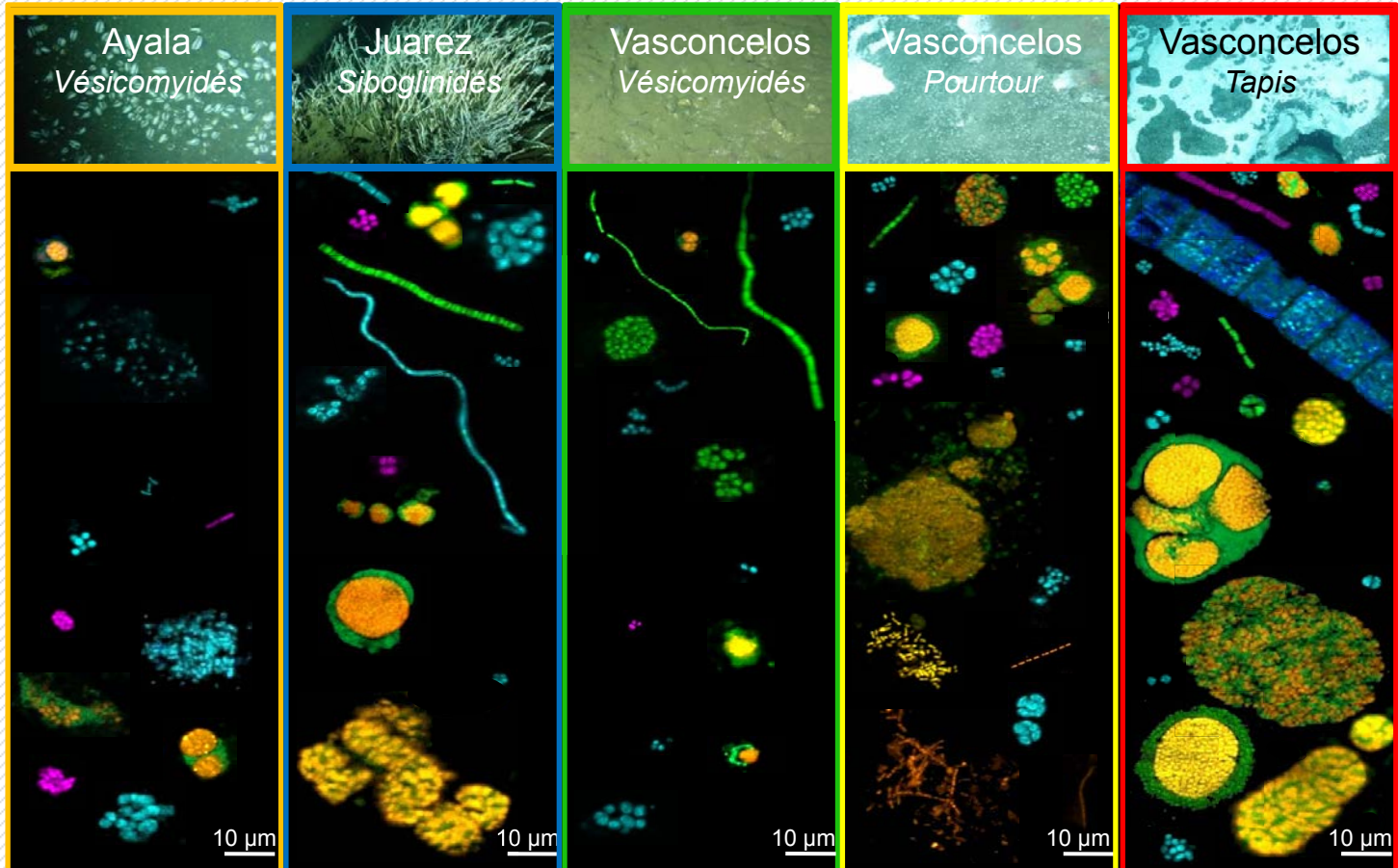
Filamenteuses sous les animaux

 *Gammaproteobacteria*

 *Deltaproteobacteria*

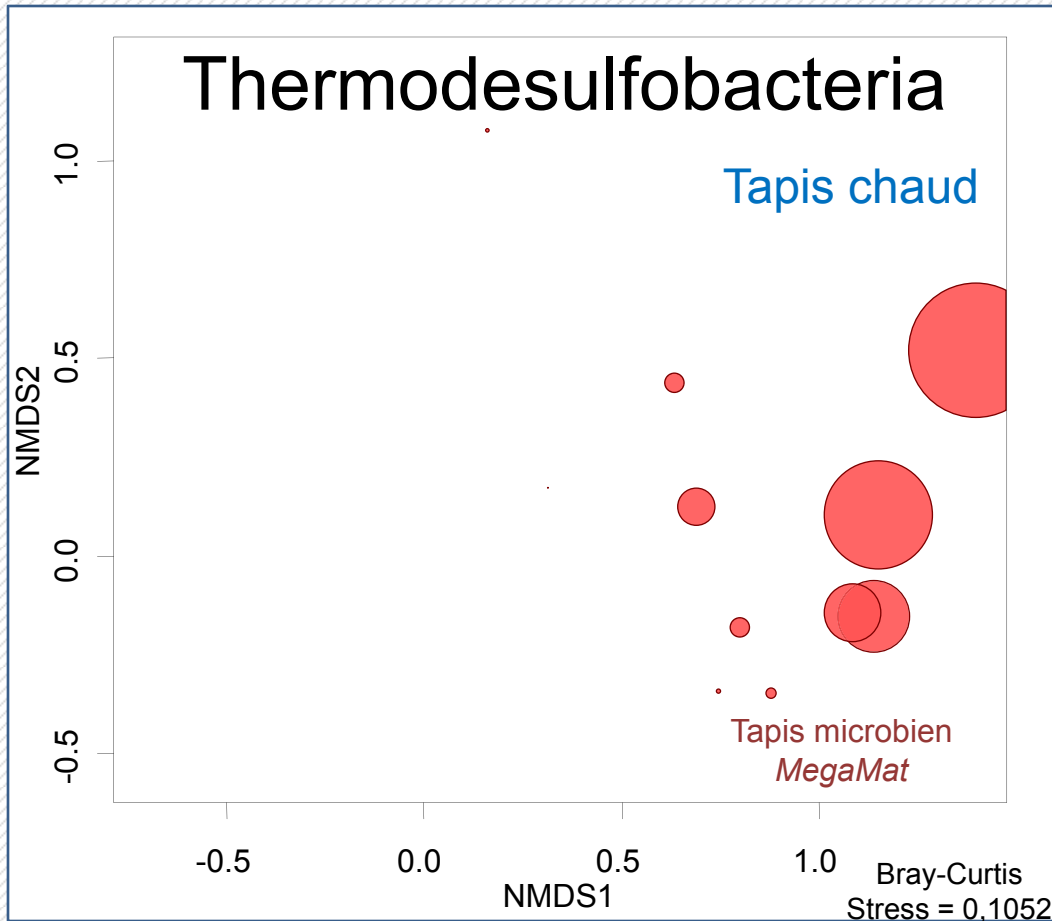
 *Epsilonproteobacteria*

 ANME



Visualisation et interprétation des données

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



Résultats *Bacteria*

Différences significatives entre les groupes

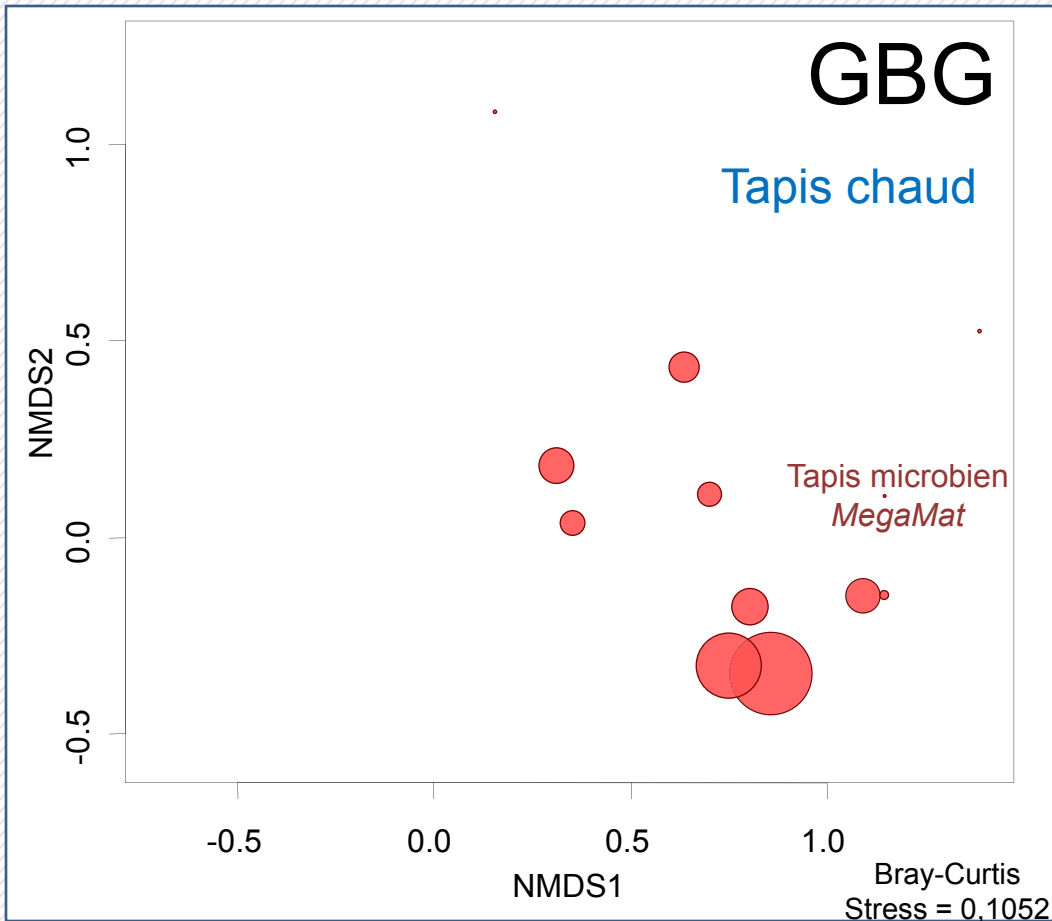
Groupes microbiens responsables

- DSS (Deltaprotebacteria)
Proportions plus importantes sous les habitats du pôle froid
- Thermodesulfobacteria
Détectées exclusivement sous les tapis microbiens du pôle chaud



Visualisation et interprétation des données

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



Résultats *Bacteria*

Différences significatives entre les groupes

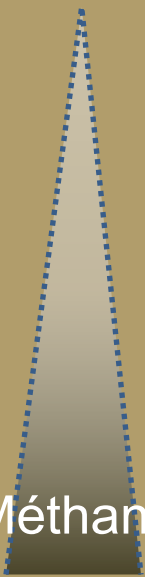
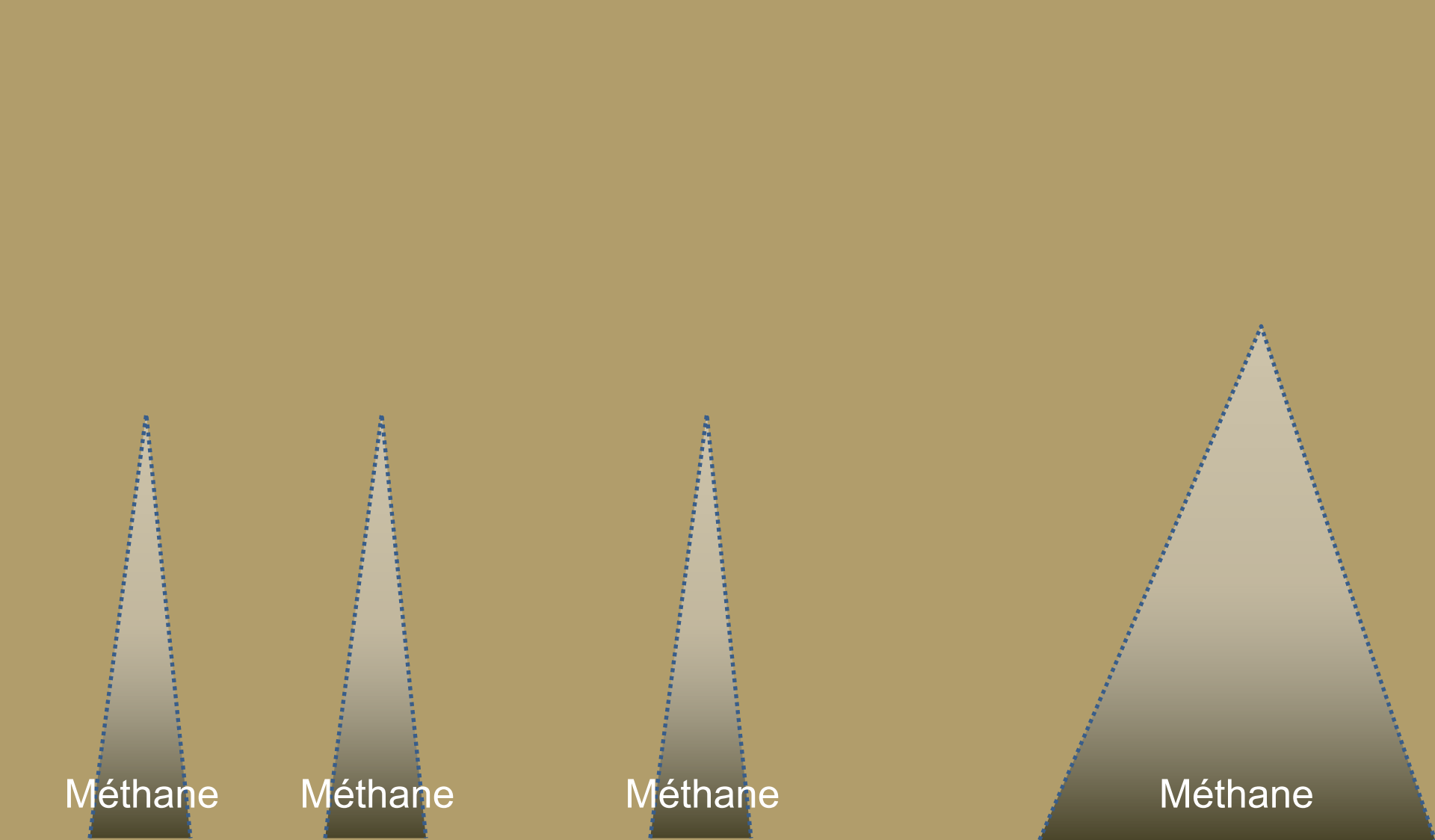
Groupes microbiens responsables

- DSS (Deltaprotebacteria)
Proportions plus importantes sous les habitats du pôle froid
- Thermodesulfobacteria
Détectées exclusivement sous les tapis microbiens du pôle chaud
- GBG (Guaymas Basin Group)
Détectées exclusivement sous les tapis microbiens du pôle chaud

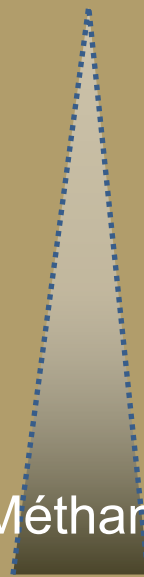


Schéma bilan

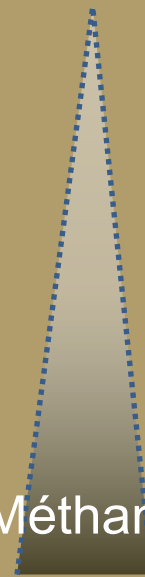




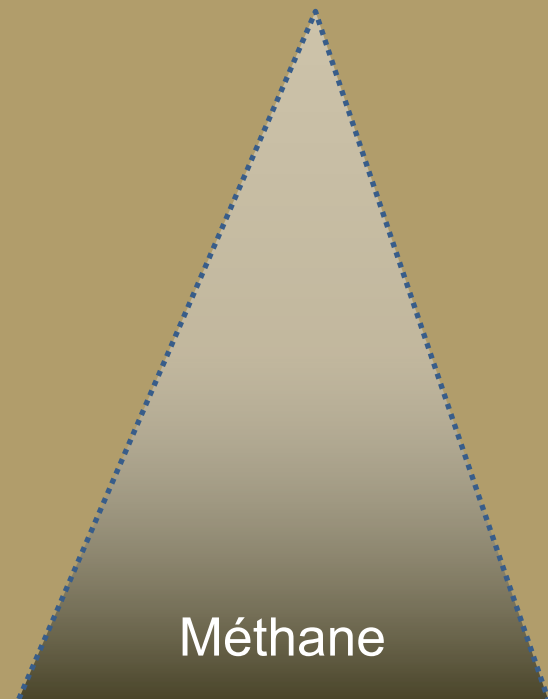
Méthane



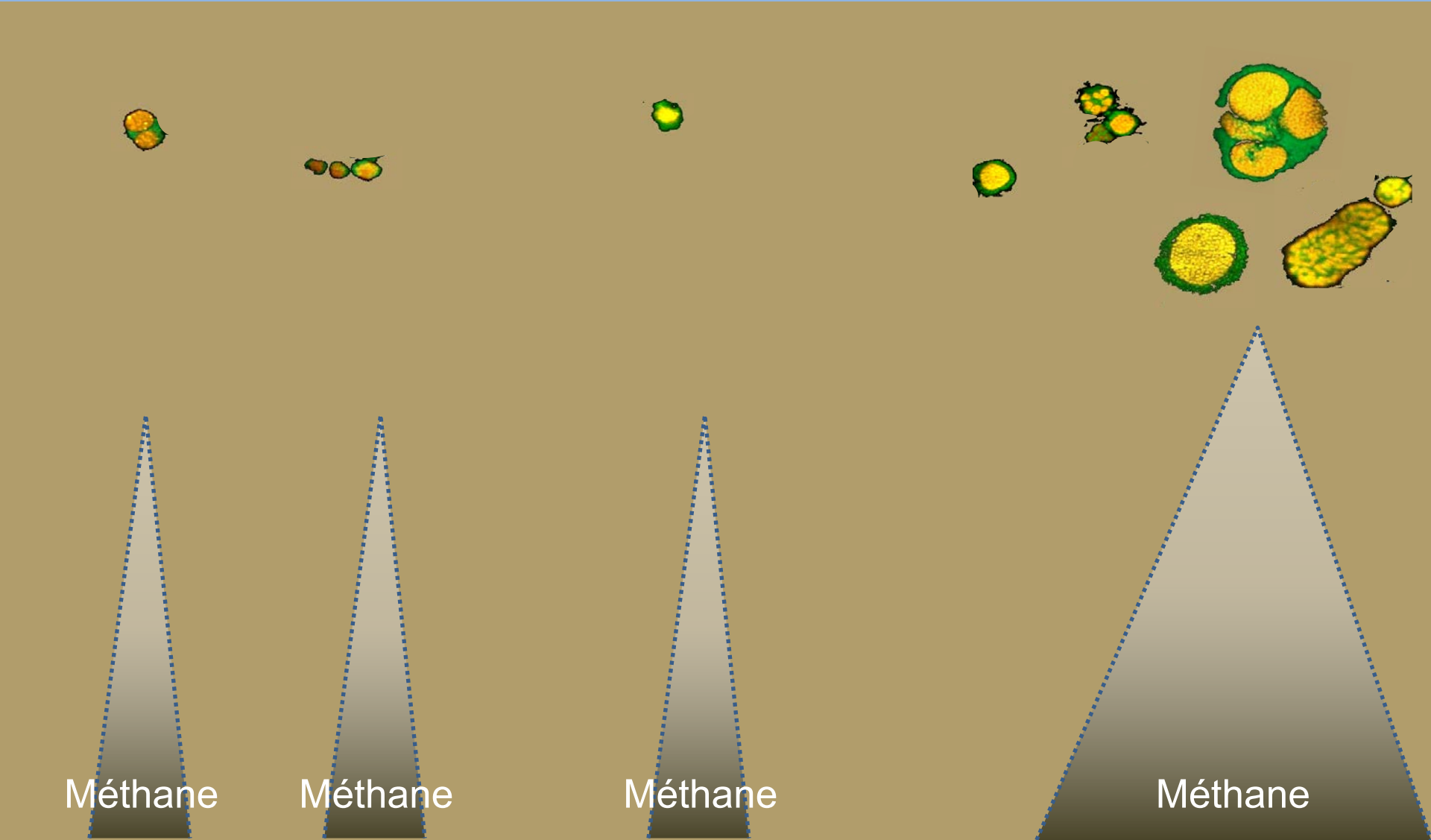
Méthane



Méthane



Méthane



Méthane

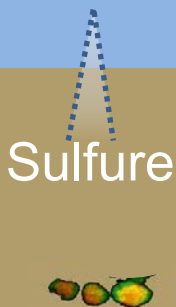
Méthane

Méthane

Méthane



Sulfure



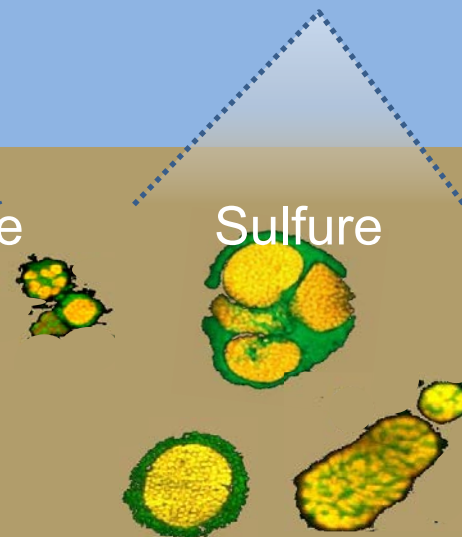
Sulfure



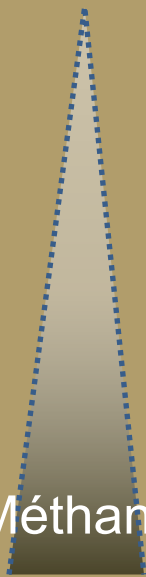
Sulfure



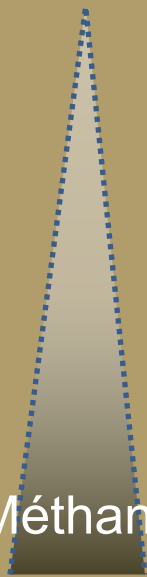
Sulfure



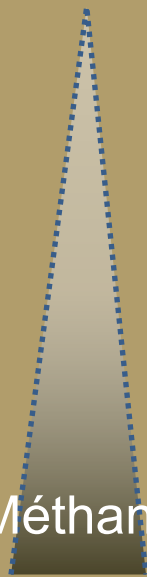
Sulfure



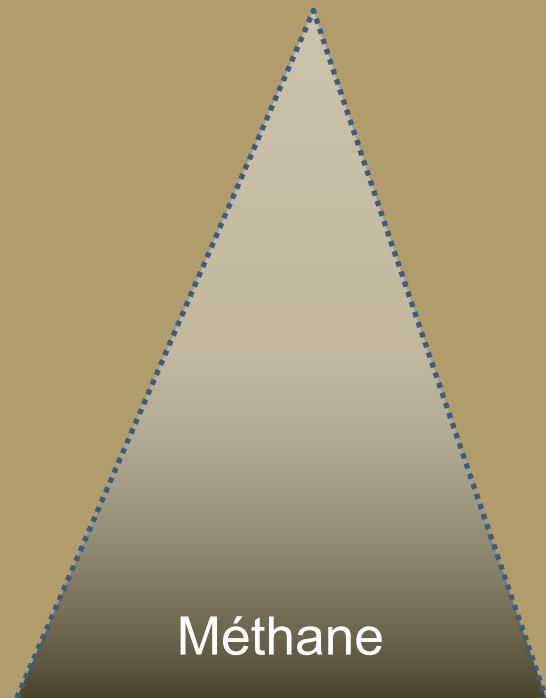
Méthane



Méthane



Méthane

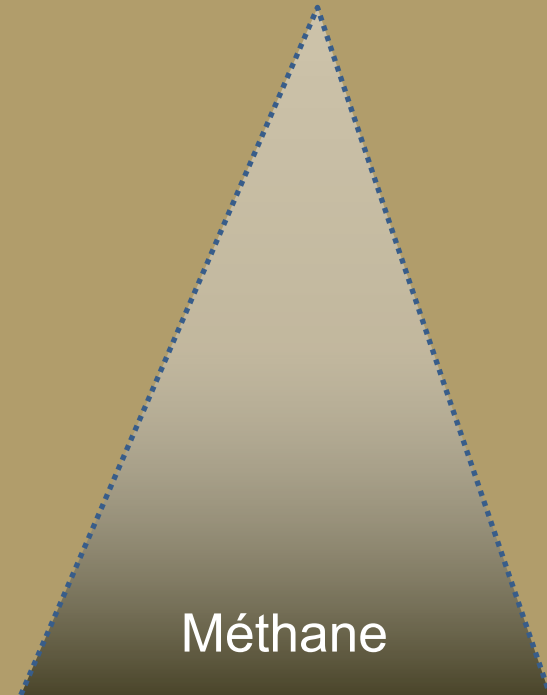
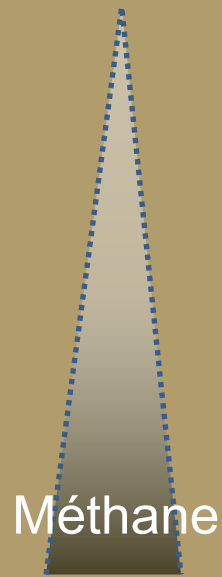
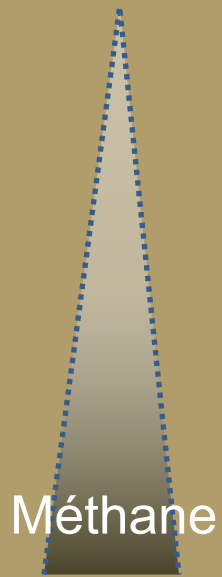
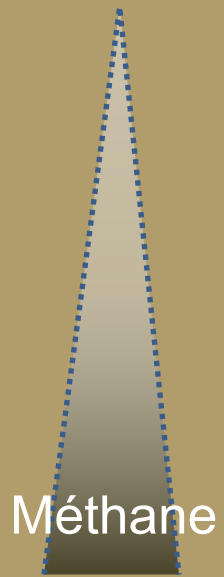
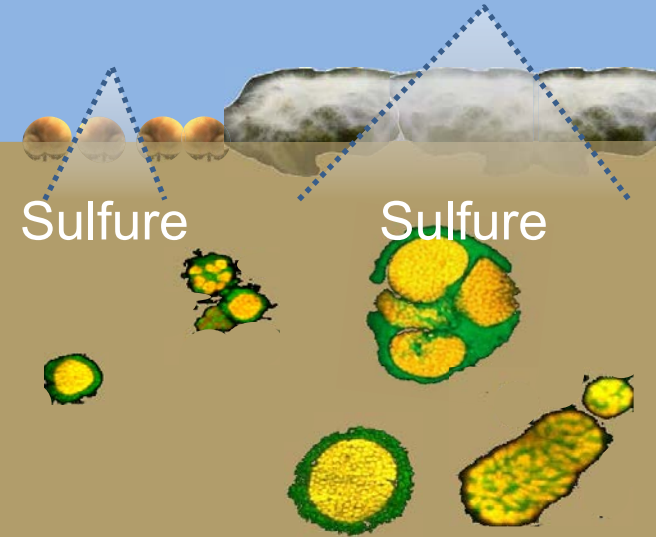
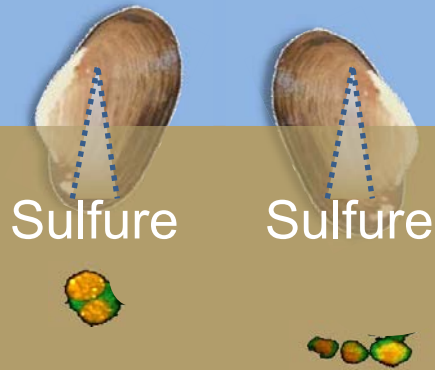


Méthane

Vésicomydés

Siboglinidés

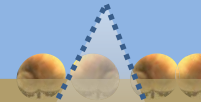
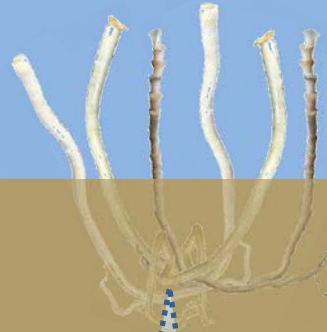
Pourtour Tapis microbien



Vésicomydés

Siboglinidés

Pourtour Tapis microbien



Sulfure

Sulfure

Sulfure

Sulfure

Sulfure

Méthane

Méthane

Méthane

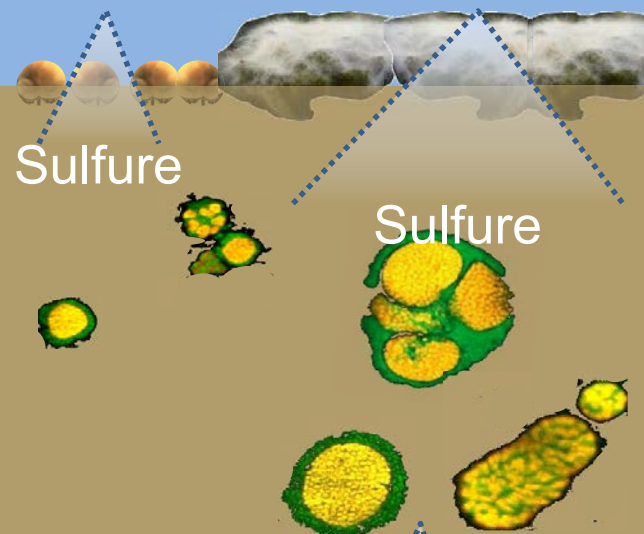
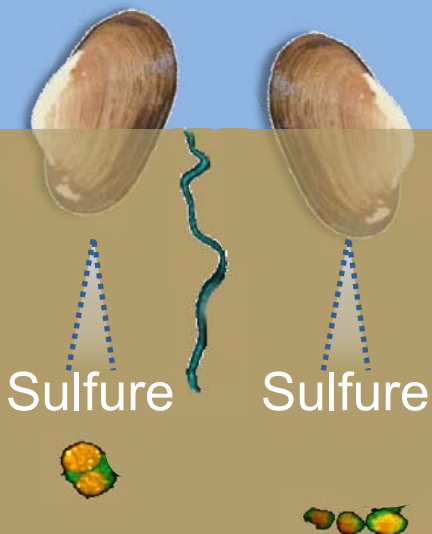
Méthane



Vésicomydés

Siboglinidés

Pourtour Tapis microbien



Méthane

Méthane

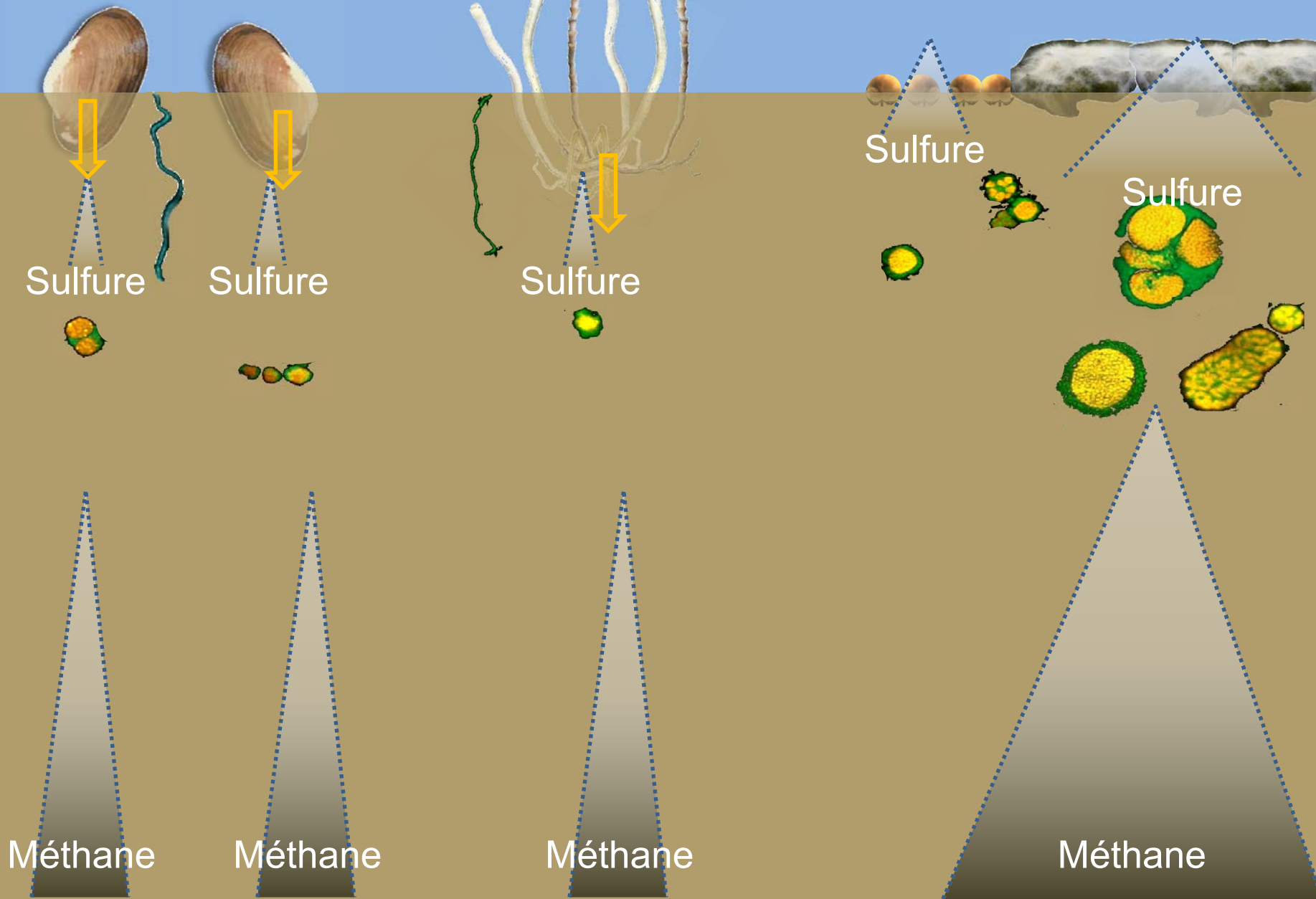
Méthane

Méthane

Vésicomydés

Siboglinidés

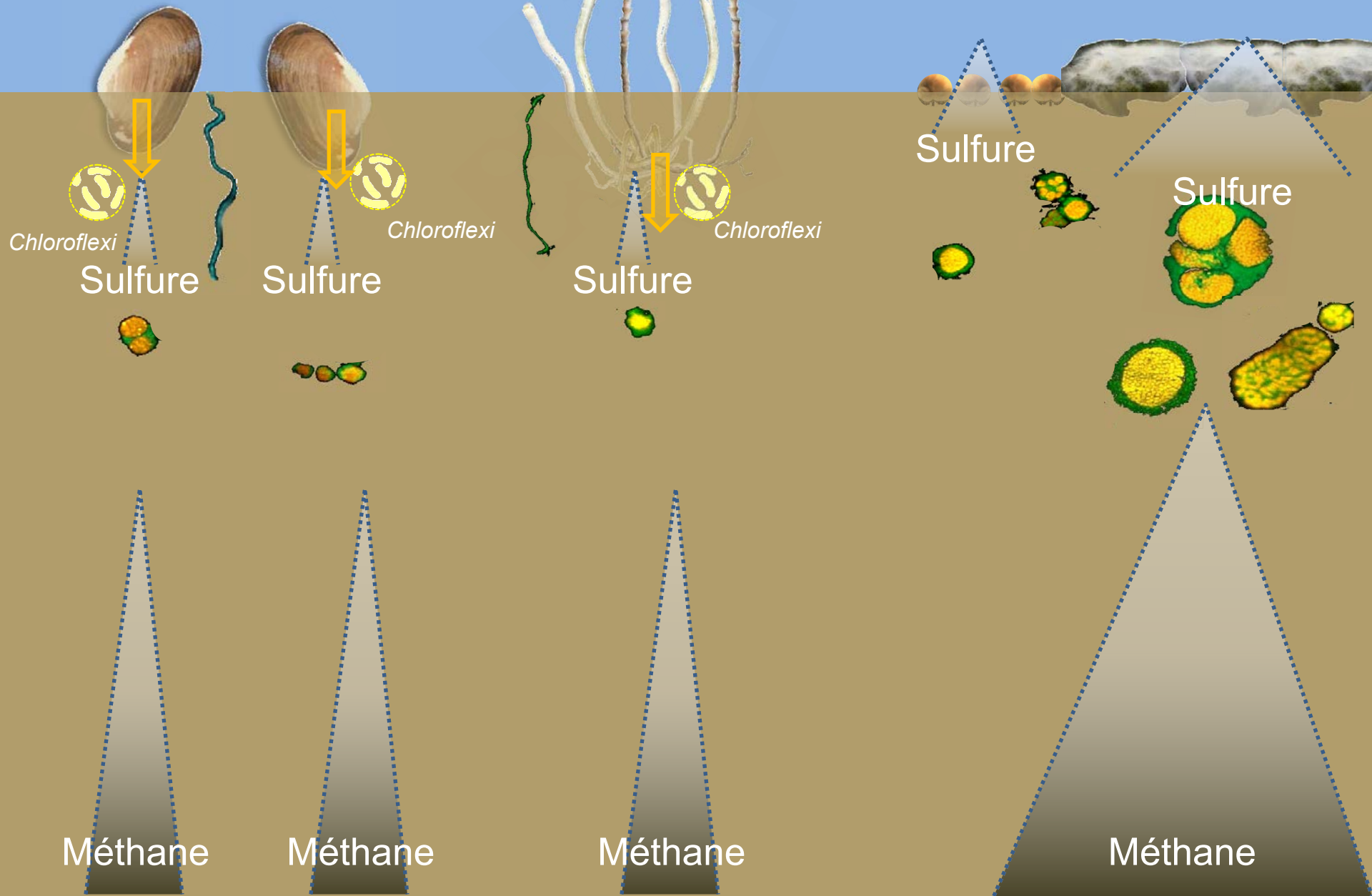
Pourtour Tapis microbien



Vésicomydés

Siboglinidés

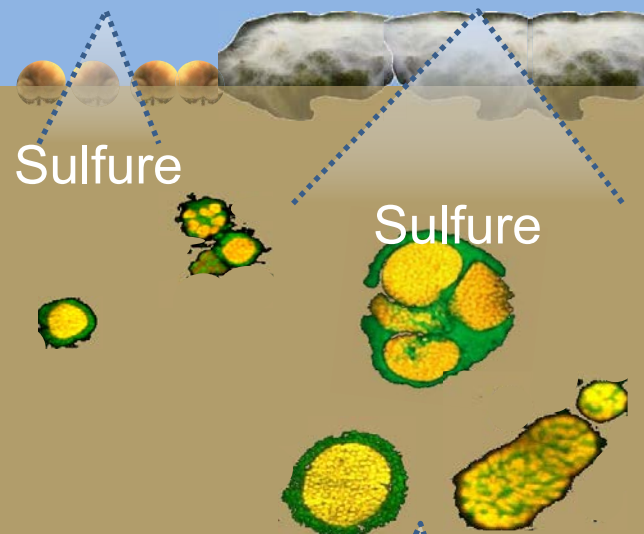
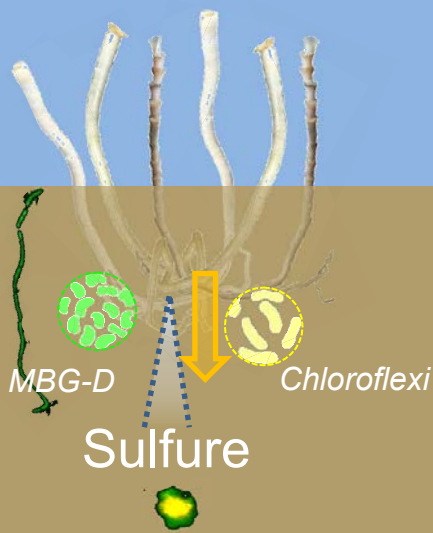
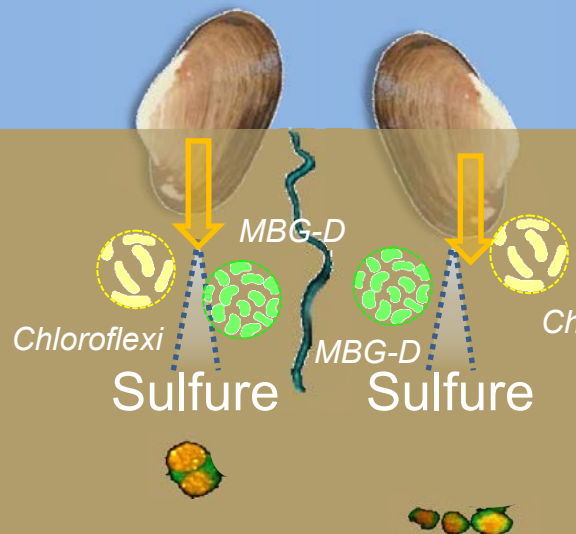
Pourtour Tapis microbien



Vésicomydés

Siboglinidés

Pourtour Tapis microbien



Méthane

Méthane

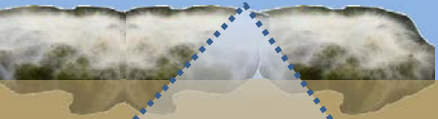
Méthane

Méthane

Tapis microbien

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

Tapis microbien
MegaMat



Sulfure



Méthane

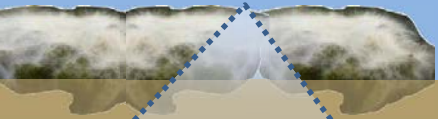
Température

Méthane
Sulfure

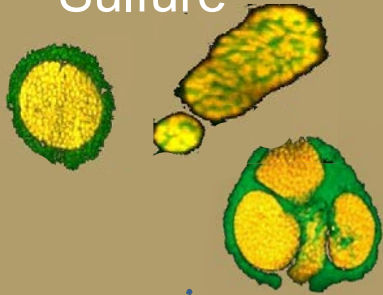
Tapis microbien

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

Tapis microbien
MegaMat



Sulfure



ANME-2/SRB2?

Thermophiles...

Sulfure

ANME-1 Guaymas / GBG?



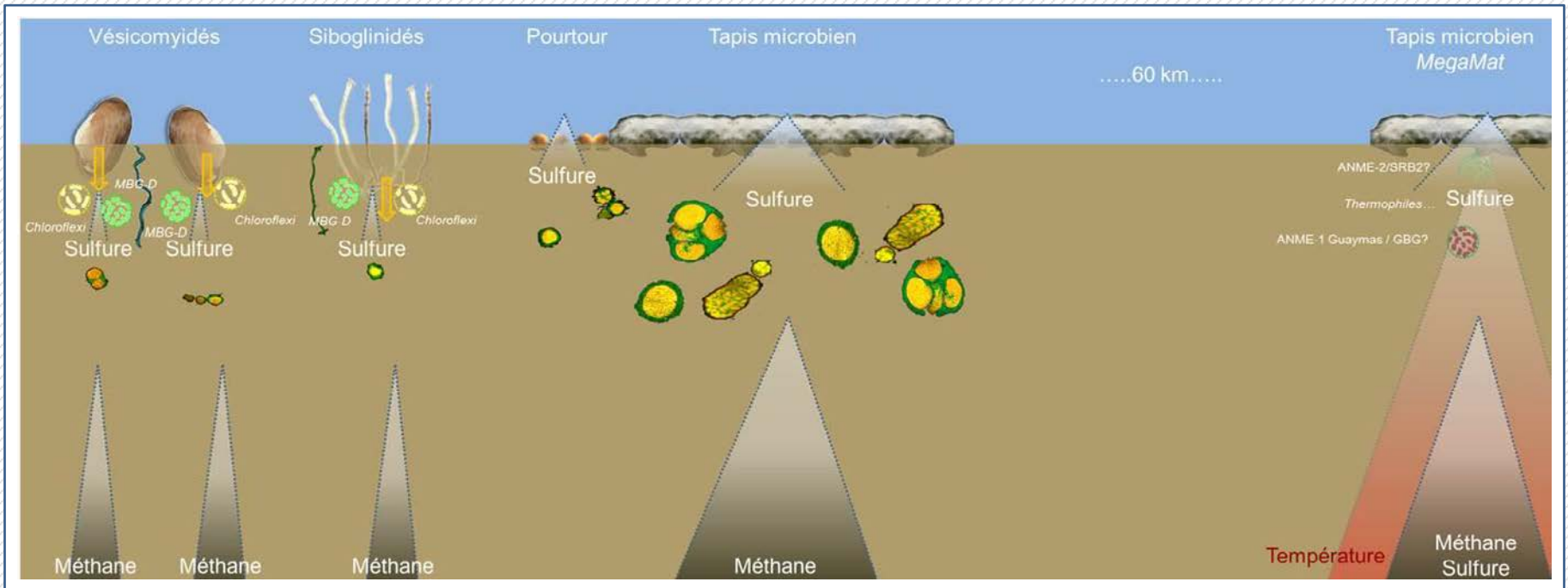
Méthane

Température

Méthane
Sulfure



SCHÉMA BILAN



Systemes complexes et dynamiques

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



MERCI