

> **Marie-Charlotte CHEUTIN**

# Biodiversité et rôle des microbiomes entériques des poissons dans les écosystèmes coralliens

## Soutenance de thèse

**Jedi 16 décembre 2021 à 14h00**

Bâtiment 36, Salle SC 36.05

Campus Triolet, Université de Montpellier  
Place Eugène Bataillon  
Montpellier



### JURY

**Gwenaëlle LE BLAY**

Professeure, Université de Bretagne Occidentale,  
Institut Universitaire Européen de la Mer, UMR LEMAR, Brest  
Rapporteuse

**Sébastien DUPERRON**

Professeur, Muséum National d'Histoire Naturelle  
UMR MCAM, Paris  
Rapporteur

**Ève TOULZA**

Maître de conférence, Université de Perpignan, UMR IHPE  
Examinatrice

**Pierre GALAND**

Directeur de recherche, HDR, CNRS,  
Observatoire Océanologique de Banyuls, UMR LECOB  
Examineur

**Frédéric DELSUC**

Directeur de recherche, HDR, CNRS, UMR ISEM, Montpellier  
Examineur

**Thierry BOUVIER**

Directeur de recherche, HDR, CNRS, UMR MARBEC Montpellier  
Directeur de thèse

**Jean-Christophe AUGUET**

Chargé de recherche CNRS, UMR MARBEC Montpellier  
Co-encadrant de thèse

**Sébastien VILLÉGER**

Chargé de recherche, HDR, CNRS, UMR MARBEC Montpellier  
Co-encadrant de thèse

**Guillaume BORREL**

Chargé de recherche, Institut Pasteur, Paris  
Invité

### Résumé

Le microbiome entérique est aujourd'hui considéré comme un organe à part entière pour son rôle bénéfique apporté à l'hôte. Bien que les poissons représentent le plus vieux et diversifié groupe de vertébrés sur terre, son microbiome entérique et les fonctions associées restent peu documentés en comparaison de leurs pairs terrestres. Ceci est d'autant plus vrai concernant les > 6 000 espèces coralliennes de plus en plus menacées par le changement climatique et les activités humaines. Cette thèse vise à caractériser et à quantifier la biodiversité microbienne intestinale des poissons coralliens pour identifier ses déterminants afin de mieux comprendre : (i) comment les poissons et leurs symbiotes ont co-évolué au cours de leur histoire mutuelle, et (ii) quelle est en retour l'influence de cette relation sur les flux de matière vers le milieu marin. Dans un premier temps, nous avons pu démontrer que les archées, et principalement les méthanogènes, sont en présence de trace dans le microbiome entérique des poissons marins, suggérant une contribution négligeable dans les émissions de méthane. Cette absence semble être liée à l'abondance de bactéries sulfato-réductrices, plus compétitives dans l'utilisation d'un substrat commun (e.g. l'acétate). Nous intéressant aux mécanismes expliquant l'assemblage du bactériome intestinal des poissons au cours de leur évolution, nos résultats apportent la première preuve d'un modèle cohérent de phyllosymbiose chez les poissons coralliens et soulignent l'effet combiné de la phylogénie de l'hôte et du régime alimentaire. Bien que jouant un rôle moins influent, le régime alimentaire structure les compositions bactériennes et leurs fonctions associées, avec une richesse et une variabilité du bactériome corrélées à la position trophique de l'hôte. Enfin, nous avons pu démontrer que la transition d'une couverture corallienne à une domination macroalgale dans les récifs influence les compositions entériques bactériennes des poissons, notamment des herbivores, avec une augmentation significative de bactéries et de métabolismes fermenteurs. Compte tenu de l'érosion croissante des systèmes coralliens, inventorier la biodiversité microbienne récifale et comprendre sa vulnérabilité face au changement climatique et aux pressions anthropiques est une problématique de conservation urgente pour le maintien des processus écologiques dans les systèmes coralliens.

### Mots-clés

Écologie microbienne, Poissons coralliens,  
Diversité taxonomique, phylogénétique et fonctionnelle,  
Méthanogenèse, Co-évolution, Perturbation environnementale

Soutenance à suivre sur Zoom