



Colloque AdebioTech

BiomInnov

La biologie moléculaire appliquée à l'Environnement et au service de l'innovation industrielle

9 décembre 2013
 Parc Biocitech
 93230 Romainville

Avec le soutien de



Colloque Adebiotech

**La biologie moléculaire appliquée à
l'Environnement et au service de
l'innovation industrielle**

9 décembre 2013

Parc Biocitech, Romainville

Table des matières

Préface	4
Programme détaillé	6
Résumés des Conférences	9
<i>TIMOTHY M. VOGEL - ÉCOLE CENTRALE DE LYON</i>	<i>9</i>
<i>ANNE-LAURE BLIEUX - GENOBIOME</i>	<i>10</i>
<i>OLIVIER SIBOURG – ENOVO</i>	<i>10</i>
<i>VALERIE TANCHOU - CEA MARCOULE, DSV/IBEB/SBTN</i>	<i>11</i>
<i>MARINA MOLETTA-DENAT - INRA TRANSFERT ENVIRONNEMENT</i>	<i>11</i>
<i>ANNE-SOPHIE LEPEUPLE - VEOLIA.....</i>	<i>12</i>
<i>ZDRAVKA DO QUANG - SUEZ ENVIRONNEMENT.....</i>	<i>12</i>
<i>ARNAUD PARENTY - POLE DE COMPETITIVITE TEAM2</i>	<i>13</i>
<i>LUDIVINE GUERINEAU - ADEBIOTECH</i>	<i>13</i>
<i>SESSION 2 : NOUVELLES APPLICATIONS DE LA BIOLOGIE MOLECULAIRE AU SERVICE DE L'AIR.....</i>	<i>14</i>
<i>NATHALIE WÉRY - INRA NARBONNE.....</i>	<i>14</i>
<i>PIERRE LE CANN - EHESP/INSERM</i>	<i>15</i>
<i>CLAUDE VAUCHIER - CEA/LETI.....</i>	<i>15</i>
<i>SESSION 3 : NOUVELLES APPLICATIONS DE LA BIOLOGIE MOLECULAIRE AU SERVICE DES SOLS ET DES ENVIRONNEMENTS PROFONDS..</i>	<i>16</i>
<i>EMMANUELLE GÉRARD - INSTITUT PHYSIQUE DU GLOBE PARIS.....</i>	<i>16</i>
<i>ALAIN DUMESTRE – SERPOL.....</i>	<i>18</i>
<i>JEAN-MICHEL MONIER - ENOVO</i>	<i>17</i>
<i>SESSION 4 : NOUVELLES APPLICATIONS DE LA BIOLOGIE MOLECULAIRE AU SERVICE DE L'EAU</i>	<i>19</i>
<i>GREGORY MARANDAT - VEOLIA-IRSTEA</i>	<i>19</i>
<i>TONY DEJEAN – SPYGEN - NICOLAS POULET - ONEMA.....</i>	<i>20</i>
<i>KARINE DELABRE - GWRC-VEOLIA - SOPHIE COURTOIS - GWRC-SUEZ.....</i>	<i>20</i>
Résumés des posters.....	21
Parcours des intervenants et des membres des comités.....	43
<i>Pierre AMATO.....</i>	<i>43</i>
<i>Anne-Laure BLIEUX</i>	<i>43</i>
<i>Théodore BOUCHEZ</i>	<i>43</i>
<i>Sophie COURTOIS.....</i>	<i>43</i>
<i>Tony DEJEAN</i>	<i>44</i>
<i>Karine DELABRE</i>	<i>44</i>
<i>Zdravka DO QUANG</i>	<i>44</i>
<i>Anne Marie DELORT.....</i>	<i>45</i>
<i>Alain DUMESTRE.....</i>	<i>45</i>
<i>Stéphanie FERREIRA.....</i>	<i>45</i>
<i>Françis GARRIDO.....</i>	<i>45</i>
<i>Emmanuelle GÉRARD.....</i>	<i>46</i>
<i>Jean-Jacques GODON.....</i>	<i>46</i>
<i>Cécile GRAND.....</i>	<i>46</i>
<i>Danielle LANDO</i>	<i>46</i>
<i>Pierre LE CANN.....</i>	<i>47</i>
<i>Anne-Sophie LEPEUPLE</i>	<i>47</i>
<i>Grégory MARANDAT</i>	<i>47</i>
<i>Abel MAUNOURY</i>	<i>47</i>
<i>Marina MOLETTA-DENAT.....</i>	<i>47</i>

<i>Jean-Michel MONIER</i>	48
<i>Dominique MORIN</i>	48
<i>Bernard OLLIVIER</i>	48
<i>Arnaud PARENTY</i>	49
<i>Nicolas POULET</i>	49
<i>Lionel RANJARD</i>	49
<i>Olivier SIBOURG</i>	49
<i>Valérie TANCHOU</i>	50
<i>Catherine TRUFFERT</i>	50
<i>Claude VAUCHIER</i>	50
<i>Timothy M. VOGEL</i>	51
<i>Nathalie WÉRY</i>	51
Sponsors	53
<i>ADEME</i>	55
<i>BERTIN TECHNOLOGIES</i>	57
<i>BRGM</i>	58
<i>CEERAM</i>	61
<i>VEOLIA ENVIRONNEMENT</i>	63
Stands	65
Liste des Participants	66



Préface

La biologie moléculaire appliquée à l'Environnement et au service de l'innovation industrielle

L'association Adebitech a pour mission, par l'organisation de colloques et de rencontres, de valoriser les biotechnologies en intervenant de manière transversale dans tous ses champs d'application afin de rassembler les acteurs académiques et industriels pour les fédérer et favoriser le développement des filières industrielles. Le colloque BiomInnov s'inscrit dans cette démarche.

Initié par une action conjointe entre Adebitech et le BRGM (*Bureau de Recherche Géologique et Minière*), cet événement a pu s'organiser grâce à la collaboration enthousiaste et fructueuse des membres du Comité d'Organisation et du Comité Scientifique, que nous remercions vivement.

Ces dernières décennies ont constitué une période extrêmement riche en termes de découvertes scientifiques et d'innovations technologiques dans le domaine de l'écologie moléculaire microbienne et de ses applications. Ces avancées ont permis, entre autre, de « démocratiser » l'utilisation de ces techniques dans de nombreux domaines tels que la médecine, l'agroalimentaire, l'environnement... et ont eu un apport déterminant dans l'accélération de l'innovation en biotechnologies. De nombreux laboratoires académiques français possèdent désormais l'expertise et des équipements de pointe permettant une meilleure compréhension des écosystèmes terrestres. Ils disposent ainsi de nouveaux outils sous forme de protocoles et d'indicateurs pour :

- Caractériser la biodiversité des milieux et mieux connaître l'environnement à l'échelle microbienne ;
- Suivre et assurer des actions de protection et de gestion de l'environnement (qualité des sols, des eaux, de l'air...) ;
- Identifier et quantifier des perturbations des milieux (sol, sous-sol, eau et air) et leurs impacts sur les écosystèmes ;
- Avoir accès à des « principes actifs » (molécules, micro-organismes...) susceptibles d'être les sources d'innovations biotechnologiques, notamment dans le domaine de la bioremédiation des sols et des eaux, de la valorisation minérale, des services rendus par les écosystèmes (production végétale et atténuation naturelle).

La biologie moléculaire est une source d'innovations extrêmement rapide et régulière en termes d'équipements et de services. Même si l'utilisation de la biologie moléculaire tend à se démocratiser, la question de l'adéquation entre l'offre et la demande du fait du rapport coûts/bénéfices des technologies à disposition ou à venir est récurrente. Par ailleurs, se pose aussi la question des besoins réels des marchés et des capacités des structures actuelles (laboratoires, start-up...) à assurer les prestations et les développements de filière attendus pour répondre aux demandes et aux enjeux.

Dans ce contexte, ce colloque a pour objectif de dresser un panorama des avancées du savoir-faire français des attentes dans ce domaine et d'identifier les besoins éventuels pour dynamiser/renforcer cette filière dans notre pays. Afin d'atteindre cet objectif, les membres du Comité d'Organisation et du Comité Scientifique ont structuré un programme pour ce colloque avec des intervenants issus d'organismes publics et de structures privées (PME, grands groupes...) afin de mettre en interactions des initiateurs (équipes de recherche...), des fournisseurs (prestataires de services, équipementiers...) et des utilisateurs (bureau d'études, industriels, instituts techniques, exploitants...) des innovations liées à la biologie moléculaire dans le domaine environnemental (sol, sous-sol, eau et air).

Nous sommes reconnaissants aux entreprises Bertin Technologies, Ceeram et Veolia Environnement, à l'ADEME et au BRGM qui nous apportent leur soutien financier à l'organisation de ce colloque.

Nous adressons également nos remerciements aux intervenants et aux organisateurs de sessions et de tables rondes pour leur contribution très précieuse.

Nous remercions les soutiens constants de Biocitech, Sup'Biotech et du Conseil Général de la Seine-Saint-Denis.

Nous souhaitons à tous les participants un excellent colloque et de fructueuses discussions.

Francis GARRIDO, BRGM

Danielle LANDO, Adebitech

Programme détaillé

8h30 Accueil café

9h00 Introduction, **Francis GARRIDO**, Responsable de l'Unité BioGéochimie Environnementale et Qualité de l'Eau au sein de la Direction Eau, Environnement et Ecotechnologies (D3E/BGE), BRGM

La journée sera animée par Valéry DUBOIS, journaliste scientifique

9h10-9h40 Implication des approches de biologie moléculaire pour le traitement biologique des polluants

Timothy VOGEL, Professeur, École Centrale de Lyon

9h45-10h15 Pause café/Posters

10h15-11h45 Session 1 : Innovations et transferts appliqués à la biologie moléculaire au service de l'Environnement : les mécanismes de mise en œuvre en France

Introduction par les responsables :

Stéphanie FERREIRA, Responsable Recherche, Développement et Innovation Santé Humaine et Environnement, Genoscreen ,

Lionel RANJARD, Directeur de recherche INRA, directeur scientifique de la plateforme GenoSol, INRA Dijon

Témoignages sur la mise en place de laboratoires de prestation en environnement qui utilisent la biologie moléculaire

Anne Laure BLIEUX, Chargée de projet, GenoBiome

Olivier SIBOURG, Gérant, ENOVO

Témoignages d'organismes de recherche impliqués dans le transfert technologique en biologie moléculaire appliqué à l'environnement

Valérie TANCHOU, Chef de laboratoire, CEA Marcoule

Marina MOLETTA-DENAT, Chargée de projet, INRA transfert Environnement

Témoignages d'utilisateurs de la biologie moléculaire appliquée à l'environnement

Anne-Sophie LEPEUPLE, Responsable du Pole Biotechnologie & Agronomie chez Veolia Environnement Recherche et Innovation, VEOLIA

Zdravka DO QUANG, Responsable du Pôle Analyse et Santé au CIRSEE, SUEZ Environnement

Témoignage d'un Pôle de compétitivité

Arnaud PARENTY, Chargé d'affaires, Pôle de compétitivité TEAM²

11h45-12h15 Présentation flash de Posters

12h15-14h00 Déjeuner Buffet/Posters

14h00-14h15 **Etude pour identifier les freins à l'utilisation des outils de biologie moléculaire en environnement**, *Ludivine GUERINEAU, Chargée de missions, Adebitech*

14h15-15h15 Session 2 : Nouvelles applications de la biologie moléculaire au service de l'air

Introduction par les responsables :

Jean-Jacques GODON, Directeur de Recherche, INRA Narbonne,
Pierre AMATO, Chargé de Recherche, CNRS, Institut de Chimie de Clermont Ferrand

A/ Bioaérosols issus du compostage industriel : étude de leur dispersion par utilisation d'indicateurs microbiens

Nathalie WÉRY, Chargée de Recherche, INRA Narbonne

B/ Mesures de bioaérosols en air intérieur

Pierre LE CANN, Enseignant chercheur de Microbiologie, EHESP/INSERM

C/ Outils de détection en ligne des pathogènes aéroportés

Claude VAUCHIER, Responsable Programme Lab-On-Chip pour la Biologie et la Chimie, CEA/Leti

15h15-16h15 Session 3 : Nouvelles applications de la biologie moléculaire au service des sols et des environnements profonds

Introduction par les responsables

Abel MAUNOURY, Ingénieur Recherche – Spécialiste Site et Sols pollués, Total, Bernard OLLIVIER, Directeur adjoint de l'Institut Méditerranéen d'Océanologie, IRD MOI, Olivier SIBOURG, Gérant, ENOVEO

A/ Dynamiques de la biosphère profonde par pyroséquençage

Emmanuelle GERARD, Ingénieure de Recherche en biologie, Institut Physique du Globe Paris

B/ Utilisation d'échantillonneurs passifs pour la caractérisation des communautés microbiennes dans les nappes et sols pollués

Jean-Michel MONIER, Responsable scientifique et coordinateur du développement de biocapteurs environnementaux, ENOVEO

C/ Utilisation des Outils de Biologie Moléculaire en travaux de dépollution biologique des sols et nappes phréatiques

Alain DUMESTRE, Directeur Technique, SERPOL

16h15-16h30 Pause café

16h30-17h30 Session 4 : Nouvelles applications de la biologie moléculaire au service de l'eau

Introduction par les responsables

Anne-Sophie LEPEUPLE, Responsable du Pole Biotechnologie & Agronomie chez Veolia Environnement Recherche et Innovation, VEOLIA,

Théodore BOUCHEZ, Chef de l'équipe BIOMIC, Bioprocédés et biotechnologies microbiennes pour la valorisation des déchets, IRSTEA

A/ La Metatranscriptomique, un outil pour le suivi des communautés microbiennes de digesteurs anaérobie en régime stationnaire et dynamique

Grégory MARANDAT, Doctorant en microbiologie moléculaire, VEOLIA-IRSTEA

B/ Utilisation des techniques d'ADN environnemental pour la surveillance de l'état écologique des eaux de surface

Tony DEJEAN, Président, SPYGEN

Nicolas POULET, Chargé de missions à la Direction de l'Action Scientifique et Technique, ONEMA

C/ Surveillance de la qualité de l'eau potable : quels nouveaux outils d'analyse pour les traiteurs d'eau - la vision du GWRC (Global Water Research Coalition)

Karine DELABRE, Expert Risques Microbiologiques, GWRC-VEOLIA

Sophie COURTOIS, Ingénieur projets, GWRC-SUEZ

17h30-18h00 Restitution et mise en perspectives

Un responsable de chaque session et Francis GARRIDO, BRGM

18h00-18h15 Discours de clôture

Catherine TRUFFERT, Directrice de la Recherche, BRGM

18h15-19h15 Cocktail

Résumés des Conférences

IMPLICATION DES APPROCHES DE BIOLOGIE MOLECULAIRE POUR LE TRAITEMENT BIOLOGIQUE DES POLLUANTS

Timothy M. VOGEL - *École Centrale de Lyon*

Environmental Microbial Genomics, Laboratoire Ampère, UMR CNRS 5005, École Centrale de Lyon, Université de Lyon, Ecully, France

Les technologies de traitement de l'eau, du sol, de l'air impliquant des microorganismes sont souvent considérés comme les plus économiques même si, historiquement la maîtrise et les connaissances sur les agents impliqués étaient très limitées. Une réelle (r)évolution dans ces approches est liée à la découverte de la technique d'amplification de l'acide désoxyribonucléique (ADN) impliquant des enzymes polymérase résistantes et efficaces à haute température. Cette technique, simple, efficace a réellement marqué le point de départ à la fin des années 1980 de l'intégration de la biologie moléculaire en écologie microbienne et plus particulièrement pour l'étude des microorganismes impliqués dans la biodégradation des polluants. Les technologies ont évolué et aujourd'hui l'ADN des microorganismes peut être directement extrait de l'environnement pour être analysé par toute la batterie de méthodes de biologie moléculaire (restriction, dénaturation, hybridation, clonage, séquençage). Ces approches permettent d'identifier et quantifier les microorganismes présents dans l'environnement considéré mais également leurs potentialités cataboliques avec un niveau de sensibilité bien supérieur aux techniques traditionnelles basées sur l'isolement *in vitro* des organismes, méthode qui ne concernait qu'une infime minorité de la biodiversité microbienne. Les dernières avancées techniques concernent maintenant l'extraction et la quantification des ARNm afin de déterminer, pour les gènes qui ont été caractérisés, leur niveau de transcription et permettre d'évaluer ainsi la réponse effective de la microflore aux polluants.

Les applications de ces avancées sont nombreuses en ce qui concerne les traitements biologiques des sites pollués. La présence, la diversité, le nombre de cellules pour chacune des populations microbiennes indigènes potentiellement impliquées dans un processus de dégradation peuvent être relativement aisément déterminés. C'est alors toute leur dynamique *in situ* en fonction du niveau de pollution dans l'environnement qui peut être étudiée comme pourra l'être le devenir de souches sélectionnées en laboratoire et réinoculées dans l'environnement. Mais, aussi capitales qu'elles puissent l'être ces données ne doivent pas masquer que l'efficacité des traitements de bioremédiation vont requérir l'expression des gènes cataboliques de ces microorganismes et l'activité de leurs enzymes qu'une mesure quantitative du nombre de molécules d'ARNm produites aide à estimer.

Métagénomique, métatranscriptomique, séquençage à haut débit, bioinformatique sont devenus des outils courants des écologistes microbiens. La bioremédiation des sols, des sédiments, des eaux, de l'air ne pourra que profiter des futurs développements qui devraient ajouter la métaprotéomique à la panoplie déjà impressionnante des outils disponibles.

TÉMOIGNAGES SUR LA MISE EN PLACE DE LABORATOIRES DE PRESTATION EN ENVIRONNEMENT QUI UTILISENT LA BIOLOGIE MOLÉCULAIRE

Anne-Laure BLIEUX - *GenoBiome*

GenoBiome valorise les outils de biologie moléculaire et les référentiels d'interprétation développés au sein de la plateforme GenoSol de l'UMR Agroécologie de l'INRA de Dijon. GenoBiome peut ainsi proposer des indicateurs microbiologiques sensibles et robustes pour qualifier l'état microbiologique des sols et de l'environnement par l'évaluation de leur patrimoine génétique, de leur fertilité et stabilité biologique ainsi que de leur état sanitaire. Ces indicateurs sont interprétés grâce à la comparaison aux référentiels nationaux et régionaux générés par la plateforme GenoSol.

La création de GenoBiome est née d'une demande croissante d'utilisation de ces indicateurs de la part d'industriels de l'agrofourmiture ou de l'environnement, d'instituts techniques ou de chambres d'agriculture, à laquelle la plateforme GenoSol ne pouvait plus répondre. En parallèle, GenoSol est impliqué dans un projet CASDAR qui a pour but de former les exploitants agricoles à la biologie de leurs sols et à l'intérêt et l'utilisation de ces indicateurs biologiques. Ce projet a permis de révéler l'intérêt des agriculteurs, qui représentent un marché important, pour les indicateurs microbiologiques. GenoBiome a donc été créée dans ce contexte, afin de répondre à ces demandes.

La présence d'indicateurs opérationnels rapidement transférables et novateurs, en perpétuelle amélioration au sein de la plateforme, ainsi que l'existence de marchés actuels et potentiels importants seront des clés du succès de GenoBiome. Un effort devra en revanche être fourni pour diffuser l'information auprès d'un marché large et souvent novice dans le domaine de la biologie des sols, ainsi que pour rendre l'information apportée par la mesure des indicateurs accessible et valorisable.

Olivier SIBOURG – *ENOVEO*

Alors qu'aux Etats-Unis, l'ITRC (Interstate Technology and Regulatory Council) a édité en avril 2013 un guide sur l'application des outils de biologie moléculaire dans la problématique des sites et sols pollués, en France et en Europe, l'utilisation de ces outils dans la gestion des problématiques environnementales reste à ce jour relativement rare. Pourtant, lorsque l'on souhaite mettre en œuvre des techniques de dépollution par biodégradation, il n'en reste pas moins que les principaux acteurs de cette stratégie sont les micro-organismes. C'est la notion de Management des Ressources Microbiennes que nous proposons chez ENOVEO. Les outils de biologie moléculaire que nous développons permettent d'établir un diagnostic précis de l'activité microbienne d'un environnement. Quand les analyses chimiques permettent d'élaborer des hypothèses sur les conséquences d'une activité bactérienne, la biologie moléculaire répond directement à la question de l'activité des bactéries d'intérêt. En tant que société d'expertise proposant des prestations de Bioingénierie Environnementale, nous nous heurtons trop souvent au manque d'intérêt et scepticisme que suscitent ces approches innovantes. Pourtant, la compréhension et la maîtrise des mécanismes microbiens restent la clé du succès de toutes les stratégies de traitement par voie biologique.

TÉMOIGNAGES D'ORGANISMES DE RECHERCHE IMPLIQUÉS DANS LE TRANSFERT TECHNOLOGIQUE EN BIOLOGIE MOLÉCULAIRE APPLIQUÉ À L'ENVIRONNEMENT

Valérie TANCHOU - CEA Marcoule, DSV/iBEB/SBTN

Le CEA (Commissariat à l'Énergie Atomique et aux Énergies Alternatives) est un établissement public à caractère industriel et commercial qui se consacre à la recherche, au développement et à l'innovation dans quatre domaines : les énergies bas carbone (nucléaire et renouvelables), les technologies pour l'information et les technologies pour la santé, les très grandes infrastructures de recherche (TGIR), la défense et la sécurité globale.

Au sein du CEA, La DSV (Direction des Sciences du Vivant) a pour mission de répondre à des enjeux sociétaux majeurs: l'énergie et la santé. Pour assurer la valorisation de son savoir-faire et de ses produits, la DSV a mis en place une cellule de valorisation associée à un service juridique qui vient en support aux chercheurs et les assiste dans leur démarche de transfert de technologie.

Le SBTN (Service de Biochimie et Toxicologie Nucléaire) à Marcoule a acquis des compétences dans le domaine de la biologie moléculaire, et plus particulièrement en PCR quantitative, dans le but de développer des tests de détection génétique de microorganismes environnementaux pathogènes pour l'homme. La valorisation de l'expertise au travers de cette technologie de base a permis, grâce à divers partenariats académiques et industriels, de réaliser des transferts de technologie, mais également d'augmenter notre visibilité, d'élargir notre réseau de connaissances et de trouver de nouvelles sources de financements.

Marina MOLETTA-DENAT - INRA transfert Environnement

INRA Transfert Environnement est une unité de service d'INRA Transfert, filiale privée de l'INRA (Institut National de la Recherche Agronomique), adossée au Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement (LBE-INRA). Depuis 10 ans, INRA Transfert Environnement a construit une offre de services répondant à la demande sociétale. Dans ce cadre, INRA Transfert Environnement est amenée à réaliser :

- des prestations "standards" telles que des analyses et des caractérisations de sources de pollution, des mesures de biodégradabilité, des mesures et des caractérisations de la diversité microbienne par des outils moléculaires,
- des prestations "sur-mesure" qui correspondent à une réponse spécifiquement adaptée au problème du demandeur : études de faisabilité au stade laboratoire et/ou au stade pilote, étude des microorganismes dans leur environnement, expertise des procédés industriels de dépollution, ...etc.

Les activités de microbiologie moléculaire proposées sont issues des compétences scientifiques et techniques du LBE en termes de caractérisation des écosystèmes microbiens complexes. Spécialisées sur les écosystèmes microbiens de dépollution, les compétences analytiques d'INRA Transfert Environnement s'étendent également à l'eau et à d'autres matrices environnementales plus particulières dont l'air, les surfaces et les matériaux. Les prestations d'IT-E regroupent des analyses quantitatives et qualitatives permettant de diagnostiquer, identifier, surveiller, prévenir et suivre le microbiome. En particulier, les prestations de PCR et RT-PCR quantitative permettent la quantification de groupes microbiens spécifiques, qu'ils soient pathogènes (*Legionella*, *Salmonella*, *E. coli*...) ou impliqués dans des services éco-systémiques d'intérêt (méthanogénèse, cycle de l'azote, dégradation des hydrocarbures...). Les analyses qualitatives du microbiome s'appuient sur un outil d'empreinte moléculaire, la CE-SSCP (Capillary Electrophoresis-Single Strand Conformation Polymorphism) et sur les techniques de Next Generation Sequencing. INRA Transfert Environnement propose également le développement

de moyens de gestion tels que la construction de base de données spécifiques et la définition d'indicateurs microbiens basés sur ces métadonnées.

TÉMOIGNAGES D'UTILISATEURS DE LA BIOLOGIE MOLÉCULAIRE APPLIQUÉE À L'ENVIRONNEMENT

Anne-Sophie LEPEUPLE - VEOLIA

La Biologie Moléculaire regroupe un ensemble d'outils analytiques qui sont depuis de nombreuses années développés et utilisés par le groupe Veolia Environnement. Initialement, les outils de biologie moléculaire étaient surtout appliqués pour l'analyse de l'eau potable avec la recherche de pathogènes. Progressivement, la prise en compte de l'écologie microbienne dans les procédés biologiques de traitement des eaux usées et des déchets a conduit à développer de nouveaux outils moléculaires. Depuis 2004, une équipe de Biotechnologie a été constituée et a développé tout un panel de méthodes (extraction d'ADN et d'ARN, qPCR, RT-qPCR, DGGE et maintenant métagénomique et métatranscriptomique) qui permettent de répondre précisément aux questions des exploitants (par exemple diagnostic en cas de dysfonctionnement) et de développer de nouveaux procédés de traitement biologique avec une bonne connaissance des phénomènes microbiologiques en lien avec les paramètres opératoires et le design des procédés. Cette discipline a peu à peu été intégrée à tous les projets de développement de nouveaux procédés.

Zdravka DO QUANG - SUEZ Environnement

Au sein de Suez Environnement la biologie moléculaire existe depuis 1997 avec le projet de développement d'une puce ADN en collaboration avec BioMérieux pour l'analyse des eaux et le contrôle du risque sanitaire. Plusieurs autres projets ont été réalisés depuis 15 ans et qui ont notamment abouti au développement de nouvelles offres de services :

- l'analyse rapide par PCR de E.coli et Entérocoques pour le suivi de la qualité des eaux de baignade
- la maîtrise du risque légionelles sur les installations d'eaux chaudes sanitaires et les tours aéro-réfrigérantes industrielles basée sur l'utilisation de la PCR quantitative pour la surveillance et de pilotage des traitements de désinfection.

Dans le groupe Suez Environnement, les outils de biologie moléculaire aujourd'hui font partie des outils incontournables dans :

- la gestion de crises sanitaires et/ou la gestion préventive des risques pour la détection et quantification des pathogènes émergents par PCR quantitative,
- la quantification du risque micro-biologique (QMRA) pour l'identification de l'espèce, du génotype, ou encore du pouvoir infectieux.

Les futurs développements en biologie moléculaire porteront sur les applications de la métagénomique et séquençage à haut débit pour accroître le savoir-faire de Suez Environnement dans les domaines précédemment cités mais également approfondir ses connaissances en écologie microbienne, telles que la compréhension des phénomènes de survie et de recroissance bactérienne dans les systèmes de distribution d'eau potable, le suivi des populations fonctionnelles spécifiques impliquées dans les bioprocédés (méthanogénèse, bioremédiation) ou encore l'étude des réservoirs et dissémination des gènes de résistance aux antibiotiques.

Arnaud PARENTY - *Pôle de compétitivité TEAM²*

La région Nord Pas de Calais est une ancienne région industrielle qui possède de nombreuses fiches polluées mais également une grande façade maritime avec plusieurs ports importants et un réseau fluviale dense. Les sédiments et les terres pollués sont considérés comme des déchets. Afin de permettre une meilleure valorisation de ces matériaux, il est nécessaire de faire évoluer à la réglementation tout en s'assurant de la sécurité des nouvelles voies de valorisation. Pour ce faire, la région Nord Pas de Calais développe depuis plusieurs années des initiatives complémentaires :

- La démarche SEDIMATERIAUX et Le centre de ressource SEDILAB.
- Le pôle de compétitivité TEAM2 dédié à l'innovation collaborative notamment autour des problématiques de valorisation sols pollués et aux sédiments

Le diagnostic est un des moments clés pour déterminer la future valorisation de ces matériaux. Jusqu'à présent, les diagnostics sont chimiques et pédologiques. Le caractère vivant de ces matériaux n'est absolument pas pris en compte par ces méthodes. De plus, le développement de nouvelles technologies de dépollution et de valorisation nécessitent de disposer des méthodes fiables et efficaces permettant de s'assurer de l'innocuité et de la sécurité de ces voies de valorisation.

Dans ce cadre TEAM2 et SEDILAB animent conjointement un groupe de travail sur la thématique des bioindicateurs. Beaucoup de travaux ont été réalisés autour des bioindicateurs mais peu sont disponibles et utilisées de façon routinière. Le groupe de travail vise maintenant à travailler à l'industrialisation ces méthodes de diagnostic et de suivi environnemental pour en limiter les coûts compatible avec les délais et les exigences de qualités et de traçabilités des analyses. Il vise aussi à faciliter l'appropriation de ces méthodologies pour les donneurs d'ordres et les bureaux d'études.

ETUDE POUR IDENTIFIER LES FREINS A L'UTILISATION DES OUTILS DE BIOLOGIE MOLECULAIRE EN ENVIRONNEMENT

Ludivine GUERINEAU - *Adebiotech*

Dans le cadre du colloque BiomInnov, une étude a été réalisée dans l'optique d'identifier les freins au développement et à l'utilisation des outils de biologie moléculaire en environnement.

Un questionnaire a été établi afin d'obtenir un nombre de réponses suffisantes et exploitables et une représentativité assez complète des acteurs publics et privés en ciblant à la fois des professionnels spécialisés (air, eau, sols et environnements profonds) ou non.

Trois types de destinataires ont été identifiés et ont reçu ce questionnaire adapté en fonction de leur statut :

- Fournisseurs d'outils de biologie moléculaire,
- Prestataires de services,
- Utilisateurs finaux.

Plus de quatre-vingt réponses ont été obtenues dont cinquante-six pourcent proviennent du secteur privé et quarante-quatre pourcent du secteur public/ parapublic.

Ces réponses permettent de donner un premier état des lieux des principaux freins à l'utilisation des outils de biologie moléculaire en environnement. Une discussion dans le cadre du colloque permettra de proposer des actions concrètes pour dynamiser ce secteur.

Introduction : **Jean-Jacques GODON**, *INRA Narbonne* et **Pierre AMATO**, *CNRS, Institut de Chimie de Clermont Ferrand*

L'air, partagé, gratuit, est le principal vecteur utilisé par les microbes pour se propager. L'air que nous respirons aujourd'hui est principalement de l'air intérieur car nous passons 90 % de notre temps dans un milliardième de la troposphère. Les activités humaines impactent aussi l'air extérieur (villes, agriculture, industrie) en émettant dans l'air des aérosols (molécules, poussières mais surtout microbes). Une prise de conscience des risques émerge avec une évolution des réglementations et de critères de qualité microbiologique de l'air. Dans ce contexte une boîte à outils se met en place avec des capteurs, des indicateurs et des outils moléculaires adaptés.

BIOAÉROSOLS ISSUS DU COMPOSTAGE INDUSTRIEL : ÉTUDE DE LEUR DISPERSION PAR UTILISATION D'INDICATEURS MICROBIENS

Nathalie WÉRY - *INRA Narbonne*

INRA, UR0050, Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement, Avenue des Etangs, Narbonne

Il n'existe pas aujourd'hui de consensus sur la zone impactée par les bioaérosols émis par les sites de compostage. Une des difficultés est l'absence de traceur spécifique de ces émissions. Les risques associés aux bioaérosols de compostage émis lors des manipulations des déchets et des andains sont liés à la présence de certaines espèces bactériennes et fongiques (*Aspergillus fumigatus*, actinomycètes...), aux endotoxines et aux β -(1-3)-D-glucanes.

Différents outils moléculaires ont été utilisés pour i) identifier les traceurs potentiels au sein des bioaérosols, ii) valider ces indicateurs par comparaison de leur concentration dans les bioaérosols de compostage et dans l'air environnant (bruit de fond), iii) étudier la dispersion des bioaérosols autour des sites industriels par des mesures sur le terrain.

Des inventaires moléculaires, basés sur le séquençage de l'ARNr 16S et de l'ARNr 18S ont été réalisés pour identifier les espèces microbiennes présentes dans ces bioaérosols de manière conservée et pouvant servir de traceur. Deux phylotypes bactériens affiliés respectivement à *Saccharopolyspora* et à la famille des *Thermoactinomycetaceae*, ont été identifiés comme traceurs potentiels et des systèmes de PCRq ont été développés afin de les quantifier dans les bioaérosols de compostage. Les espèces thermophiles constituent de bons candidats car leur croissance est favorisée lors du procédé et leur niveau dans le 'bruit de fond' de l'air est bas. L'utilisation de ces deux phylotypes comme indicateurs des bioaérosols de compostage a été validée sur les critères de i) concentrations à l'émission (concentrations augmentées d'un facteur 100 à 1000 lors des activités, comparativement au bruit de fond), ii) généricité (présents dans les bioaérosols associés aux principales activités émettrices d'un site de compostage), iii) spécificité (concentrations plus élevées que dans les autres sources d'émissions investiguées), iv) représentativité (leurs concentrations lors de l'émission et de la dispersion sont corrélées à celles de l'ensemble des bactéries de l'aérosol). Les indicateurs identifiés étant plus spécifiques des bioaérosols de compostage que les paramètres globaux étudiés classiquement (bactéries et moisissures cultivables), ils s'avèrent plus pertinents pour évaluer la dispersion de ces émissions dans l'atmosphère. Une méthodologie d'étude de la sphère d'influence d'un site de compostage en conditions normales de fonctionnement a été mise en place : elle est basée sur des mesures en amont et sous les vents dominants à différentes distances et sur la prise en compte des conditions météorologiques.

La démarche proposée de définition d'indicateurs par l'utilisation d'outils moléculaires est générale et est applicable à d'autres sources d'émission.

Ce projet est réalisé dans le cadre du programme national de recherche Environnement-Santé-Travail conduit par l'ANSES (PNREST) en collaboration avec VEOLIA Environnement Recherche et Innovation. Il bénéficie du soutien financier de l'ADEME.

MESURES DE BIOAÉROSOLS EN AIR INTÉRIEUR

Pierre LE CANN - EHESP/INSERM

Les bioaérosols sont composés de micro-organismes présents dans l'air qu'il soit extérieur ou intérieur. Ici nous nous limiterons à l'environnement intérieur. Les effets sur la santé associés à ces microorganismes sont multiples : irritations, réactions immunoallergiques, infections et effets toxiques. Selon le niveau d'exposition et la vulnérabilité des populations, ces agents peuvent représenter des risques plus ou moins importants pour la santé publique.

Les logements humides et moisis ont par exemple été associés à des maladies chroniques respiratoires telles que l'asthme et les rhinites allergiques, en particulier liés à la présence de moisissures. Cependant, le manque d'outils valides permettant d'évaluer quantitativement l'exposition environnementale aux bioaérosols constitue une des principales difficultés pour mieux appréhender leur rôle sur la santé humaine. La communauté internationale s'est surtout focalisée sur l'analyse de la flore fongique des aérosols en environnement intérieur mais depuis peu quelques études montrent aussi le rôle des bactéries dans ces pathologies. Les principales techniques d'échantillonnage et méthodes d'analyses, en particulier moléculaires, utilisées afin de mesurer la contamination biologique de l'air, des surfaces et des poussières seront présentées. En effet, les surfaces et les poussières peuvent aussi être utilisées comme représentatives de la contamination aérienne sédimentée. Par exemple, un indice moléculaire basé sur la technique de PCR quantitative a notamment été testé et comparé à d'autres approches pour mesurer l'exposition fongique dans des logements. Après analyse des poussières domestiques collectées au sol, cet indice a permis de discriminer les habitats avec ou sans moisissures visibles. Des données sur la contamination bactérienne de l'air en environnement intérieur obtenues par les dernières techniques d'analyse moléculaire seront présentées. L'utilisation de ces techniques s'avère prometteuse pour la mesure de l'exposition aux bioaérosols dans les environnements intérieurs.

En conclusion, outre le développement et la validation d'outils de mesure, une démarche globale de prévention du risque aérobiologique semble nécessaire, particulièrement chez les populations vulnérables.

OUTILS DE DÉTECTION EN LIGNE DES PATHOGÈNES AÉROPORTÉS

Claude VAUCHIER - CEA/Leti

Le CEA LETI poursuit des travaux de développement dans le domaine du contrôle de la qualité d'air depuis plusieurs années. Une des applications visées concerne le contrôle biologique de l'air pour la sécurité civile, le bâtiment (hôpitaux et laboratoire pharmaceutique, dans le cadre d'un projet PISI « VAICTEUR AIR2 ») et l'agriculture. Les cibles visées sont les bactéries, les virus, les champignons et les spores. L'approche retenue consiste à intégrer et automatiser un véritable laboratoire d'analyse biologique pour une utilisation décentralisée. Ce dispositif appelée Biocaptair est constitué de trois principaux modules : un module de collecte des pathogènes présents dans l'atmosphère (la

collecte se fait en phase liquide d'une dizaine de millilitres), un autre intégrant la concentration des espèces cibles, suivi d'une lyse cellulaire et de l'extraction et la concentration de l'ADN, enfin l'analyse et la quantification de l'espèce est réalisée dans un troisième module gérant la réalisation de PCR quantitatives en parallèle. La présentation permettra de montrer plus précisément cette architecture, tout en donnant les caractéristiques obtenues pour la détection de différents pathogènes.

Session 3 : Nouvelles applications de la biologie moléculaire au service des sols et des environnements profonds

Introduction : **Abel MAUNOURY**, *Total*, **Olivier SIBOURG**, *ENOVEO*, **Bernard OLLIVIER**, *IRD MOI*

Face à un important développement des enjeux industriels et urbains, les sociétés modernes sont de plus en plus confrontées à la pollution des ressources naturelles par des contaminants minéraux ou organiques. Ces nouvelles contraintes impliquant une adaptation des stratégies de traitement contre les polluants, les ressources microbiennes d'un environnement deviennent dans bien des cas un outil de dépollution. Lors de cette session seront mises en valeur (i) les technologies d'échantillonnage appropriées pour analyser correctement la biodiversité microbienne indigène à l'environnement profond et (ii) les outils moléculaires indispensables à la compréhension du bio-fonctionnement de ces écosystèmes soumis à ces bouleversements.

DYNAMIQUES DE LA BIOSPHERE PROFONDE PAR PYROSÉQUENÇAGE

Emmanuelle GÉRARD - *Institut Physique du Globe Paris*

Paul Le champion¹, Bénédicte Ménez¹, Sigurður Reynir Gíslason², Helgi Arnar Alfreðsson², Kiflom G. Mesfin², Hólmfríður Sigurðardóttir³, Edda Sif Aradóttir³, **Emmanuelle Gérard**¹

¹ *Equipe Géobiosphère actuelle et Primitive, IPGP, UMR 7154 CNRS, Univ. Paris Diderot, Sorbonne Paris Cité, Paris, France & Centre de Recherches sur le Stockage Géologique du CO2 (IPGP/TOTAL/SCHLUMBERGER/ADEME)*

² *Institute of Earth Sciences, University of Iceland, Reykjavik, Iceland*

³ *Reykjavik Energy, Reykjavik, Iceland*

Une des options envisagées pour réduire les émissions de CO₂ anthropogéniques dans l'atmosphère et leurs conséquences environnementales est de capter ce gaz à effet de serre émis lors des activités industrielles et de l'injecter dans la subsurface profonde. Dans ce but, le stockage minéral cherchant à convertir le dioxyde de carbone en carbonates solides apparaît comme une solution sûre et pérenne. Nous nous intéressons ici à l'injection de CO₂ dans un aquifère basaltique profond, une technologie qui tente d'imiter l'altération naturelle de la croûte océanique qui stocke chaque année naturellement environ 3,4 x 10¹² mol. C.

Les habitats basaltiques profonds sont cependant encore mal explorés et les prédictions des interactions possibles entre les écosystèmes profonds et le gaz injecté sont délicates. La nature de ces écosystèmes, leur diversité métabolique et les transformations biogéochimiques associées restent peu connues. L'injection de CO₂ pourrait induire le développement de biofilms ou de minéraux bio-induits, conduisant à l'obstruction des puits d'injection et à une diminution de l'injectivité. De plus l'activité microbienne peut influencer les interactions fluide/roche en modifiant les conditions physico-chimiques favorisant ainsi la formation de carbonates solides. Cela pourrait être intéressant à utiliser dans la perspective d'un stockage minéral contrôlé à faible coût énergétique, que ce soit in situ ou ex situ.

Afin d'évaluer et de suivre les interactions qui ont lieu entre la biosphère profonde et le CO₂ injecté, nous étudions l'évolution de la diversité microbienne associée au site pilote islandais de la centrale géothermique Hellisheidi. Avant l'injection, l'état initial microbiologique a été caractérisé par un échantillonnage régulier des eaux souterraines durant plus de deux ans dans les différents puits d'observation entre 400-1306 m de profondeur. L'analyse des gènes des ARNr 16S par clonage et séquençage Sanger a permis de mettre en évidence une grande diversité microbienne comprenant des espèces bactériennes et archéennes. Nous avons identifié des archées hyperthermophiles ainsi que des archées et des bactéries potentiellement thermophiles, des bactéries impliquées dans les cycles du soufre et du fer, dans l'oxydation de l'hydrogène et un grand nombre d'espèces autotrophes pouvant utiliser CO₂ et CO comme source de carbone. La majorité des archées et une grande proportion de bactéries sont cependant phylogénétiquement éloignées des espèces cultivables connues ou de microorganismes non cultivés détectés dans d'autres environnements. Le site pilote Hellisheidi représente donc un écosystème inexploré comportant des métabolismes potentiellement inconnus. Suite à l'injection de 180 tonnes de CO₂ pur puis de 65 tonnes d'un mélange de CO₂ et d'H₂S, la réactivité de ces écosystèmes profonds a été suivie par pyroséquençage des gènes des ARN 16S des bactéries et clonage et séquençage Sanger des gènes des ARN 16S des archées. Par ces méthodes nous avons pu mettre en évidence une réactivité importante et rapide la biosphère profonde à l'injection de CO₂. La biomasse augmente et certaines espèces autotrophes se développent au dépend d'autres espèces précédemment présentes dans l'aquifère. C'est le cas notamment de bactéries ferroxydantes et de Thaumarchaeota oxydant l'ammonium qui deviennent dominantes. Une partie du CO₂ injecté est donc directement utilisée par la biosphère profonde et transformée en biomasse. Cette modification drastique de la biosphère profonde doit de plus influencer la géochimie de l'aquifère et le taux de précipitation de CO₂ sous forme de carbonates.

UTILISATION D'ÉCHANTILLONNEURS PASSIFS POUR LA CARACTÉRISATION DES COMMUNAUTÉS MICROBIENNES DANS LES NAPPES ET SOLS POLLUÉS

Jean-Michel MONIER - *ENOVEO*

Successful bioremediation of subsurface environments, such as contaminated soil or groundwater, can depend on a good understanding of microbial degradation processes. Taking into account the complexity of interactions that occur between the solid matrix, indigenous microorganisms and pollutants, initial on-site characterization and in situ monitoring of microbial communities over time are essential. One of the major challenges with subsurface systems has been the development of sampling techniques for microbiological investigations. Reliable sampling is highly critical since detection of microbes and/or their expression, and the quantification of genes involved in degradation processes are often used to design and monitor remediation processes. The objective of our work was to develop and optimize tools for reliable on-site passive sampling of microbial communities in non-destructive manner.

UTILISATION DES OUTILS DE BIOLOGIE MOLÉCULAIRE EN TRAVAUX DE DÉPOLLUTION BIOLOGIQUE DES SOLS ET NAPPES PHRÉATIQUES

Alain DUMESTRE – SERPOL

Depuis une dizaine d'années, les outils de biologie moléculaire ont de plus en plus pris part dans le suivi des traitements de biostimulation suite à un impact de polluants organiques au sein d'une nappe souterraine.

SERPOL a pris part dans ce développement en testant ces outils innovants dans le cadre d'une :

- biostimulation anaérobie d'une nappe contaminée en TCE suite au déversement chronique d'un atelier de dégraissage d'un site industriel. Ce projet a été soutenu par l'ADEME et réalisé en collaboration avec ENOVEO ;
- biostimulation, couplée à une bioaugmentation, d'une nappe contaminée en ETBE suite à une pollution essence au droit d'une station service autoroutière. Ces travaux font suite au projet de recherche TISATIE soutenu par le pôle de compétitivité AXELERA.

Deux études de cas seront donc présentées en se focalisant sur l'application pratique de ces outils (échantillonnage actif/passif, analyse de gènes spécifiques par PCR, quantifications de ces populations par q-PCR et de leur activité RT-qPCR) au sein d'un projet de dépollution biologique et de la pertinence des informations obtenues dans la compréhension et l'optimisation du traitement mis en place au regard des outils de suivi classiques (paramètres physico-chimiques, accepteurs/donneurs d'électron, sous produits de dégradation).

Au regard des leçons tirées de ces 2 études de cas menées par SERPOL, il s'avère que les outils de biologie moléculaire sont nécessaires dans le suivi des traitements de bioaugmentation et ou biostimulation de molécules dont les sous-produits de dégradation ne sont pas facilement identifiables par les techniques analytiques actuelles (HC, BTEX, ETBE). En revanche, notamment dans le cadre d'un traitement de biostimulation anaérobie de solvants chlorés, les résultats obtenus par les outils de biologie moléculaire, bien que corrélés à l'évolution des paramètres physico-chimiques et des analyses chimiques, ne semblent pas apporter des informations complémentaires pertinentes au suivi du traitement. La lecture des paramètres physico-chimiques et des ratios entre sous-produits de dégradation est suffisante pour mener à bien le traitement.

Du point de vue de l'industriel utilisateur de ces outils de biologie moléculaire, des avancées techniques demeurent nécessaires dans la discrimination/identification des bactéries exogènes introduites dans le milieu (bioaugmentation) pour en faire des outils fiables, robustes indispensables à la compréhension et l'optimisation d'un traitement biologique aérobie.

Session 4 : Nouvelles applications de la biologie moléculaire au service de l'eau

Introduction : **Anne-Sophie LEPEUPLE**, *VEOLIA*, **Théodore BOUCHEZ**, *IRSTEA*

A chaque étape du cycle de l'eau (eau de rivière ou de mer en passant par l'eau potable ou l'eau usée), les outils de la biologie moléculaire peuvent présenter des applications d'intérêt. A travers cette session, nous avons choisi de balayer quelques grands sujets dans lesquels la biologie moléculaire est utile. Ainsi, les intervenants de la session 4 vous illustreront que les outils de biologie moléculaire sont devenus de véritables supports pour la gestion des communautés aquatiques, la gestion de la qualité de l'eau potable ou encore la connaissance et la maîtrise des consortia microbiens impliqués dans le traitement.

LA METATRANSCRIPTOMIQUE, UN OUTIL POUR LE SUIVI DES COMMUNAUTÉS MICROBIENNES DE DIGESTEURS ANAÉROBIE EN RÉGIME STATIONNAIRE ET DYNAMIQUE

Grégory MARANDAT - *VEOLIA-IRSTEA*

Actuellement, les procédés biologiques anaérobies appliqués au traitement de l'eau et des déchets s'orientent vers une logique de valorisation énergétique, par la production de dérivés à valeur ajoutée. La conception et la conduite de bioréacteurs n'est pas triviale. Elles nécessitent une meilleure connaissance des biomasses, pour améliorer le fonctionnement des pilotes et orienter plus précisément les flux de matière vers des composés d'intérêt. Le suivi de ces systèmes biologiques à travers des paramètres physico-chimiques n'est pas suffisant, et doit être couplé à une caractérisation microbiologique. En effet, leurs pouvoirs épuratoires reposent sur des communautés complexes de microorganismes, qui peuvent être fortement impactées par les conditions opératoires.

De nouveaux outils de biologie moléculaire se développent afin d'obtenir des points de vue, les plus complets possibles, lors de l'analyse d'échantillons biologiques complexes. Dans ce cadre, le développement d'approches métatranscriptomiques, par séquençage haut-débit, visent à acquérir, en une seule manipulation, des images taxonomiques et/ou fonctionnelles, quasi exhaustives, de communautés fonctionnelles complexes. Elles sont désormais réalisables grâce à la démocratisation des séquenceurs de nouvelle génération, couplée au développement d'outils bioinformatiques (programmes, logiciels, bases de données). La métatranscriptomique présente plusieurs avantages, car travailler avec l'ARN permet de cibler uniquement les microorganismes actifs, par ailleurs il contient à la fois les informations taxonomiques (espèces présentes et niveau d'activité - ARNr) et métaboliques (fonctions génétiques exprimées - ARNm). Le développement de tels outils « de nouvelles génération » doit permettre d'avoir un point de vue sur la structure des communautés fonctionnelles et les réactions biochimiques qu'elles effectuent ; en d'autres termes, répondre aux questions : Qui fait quoi ? dans quelles proportions ? et par quelles voies métaboliques ?

Cette présentation fera l'objet d'une description de la méthodologie développée (laboratoire et bioinformatique), qui sera ensuite illustrée par quelques résultats, issus du séquençage de métatranscriptomes de pilotes de digestion anaérobie (CSTR (Continuous Stirred Tank Reactor) et UASB (Upflow Anaerobic Sludge Blanket)).

UTILISATION DES TECHNIQUES D'ADN ENVIRONNEMENTAL POUR LA SURVEILLANCE DE L'ÉTAT ÉCOLOGIQUE DES EAUX DE SURFACE

Tony DEJEAN – SPYGEN - Nicolas POULET - ONEMA

Les milieux aquatiques sont source d'une importante biodiversité à la base de nombreux services pour la société. En termes de gestion, il est possible d'identifier deux types de questions : la surveillance des espèces en danger et des espèces invasives d'une part et les inventaires d'espèces d'autre part. Dans le premier cas, il s'agit de détecter des espèces souvent rares afin de prévenir soit leur extinction soit leur colonisation. Dans le second cas, l'idée est d'obtenir la liste et si possible la densité des espèces d'une ou plusieurs communautés aquatiques afin, par exemple, d'établir des indicateurs biologiques destinés à surveiller l'évolution de l'état écologique des milieux aquatiques. Malheureusement, la barrière aquatique fait que ces milieux et les espèces qui y vivent sont généralement délicats à observer ce qui pose de nombreuses difficultés pour la gestion. En 2008, une nouvelle méthode d'inventaire de la biodiversité, basée sur la détection de l'ADN environnemental a vu le jour. Le principe de base est de détecter, d'amplifier et d'identifier des fragments d'ADN présents dans le milieu naturel. Cette technique peut se décliner sous deux approches possibles : l'eDNA Barcoding et l'eDNA Metabarcoding qui apportent des solutions innovantes pour la surveillance de la biodiversité aquatique. Des exemples d'applications en milieux aquatiques (milieux stagnants, courants et marins) et les perspectives de développement de cette technologie seront exposés au cours de cette présentation.

SURVEILLANCE DE LA QUALITÉ DE L'EAU POTABLE : QUELS NOUVEAUX OUTILS D'ANALYSE POUR LES TRAITEURS D'EAU - LA VISION DU GWRC (GLOBAL WATER RESEARCH COALITION)

Karine DELABRE - GWRC-VEOLIA - Sophie COURTOIS - GWRC-SUEZ

*Sophie COURTOIS, SUEZ ENVIRONNEMENT – GWRC - CIRSEE, 38 rue du président Wilson, 78230, Le Pecq.
Karine DELABRE, VEOLIA ENVIRONNEMENT – GWRC, VERI, 1, Place de Turenne, 94410, Saint-Maurice.
Frans SCHULTING, GWRC, www.globalwaterresearchcoalition.net*

Le GWRC (Global Water Research Coalition) a été créé en 2002 et regroupe sous la forme d'une organisation internationale à but non lucratif 12 entités impliquées dans la gestion du cycle de l'eau afin, entre autres, de mettre en commun des ressources (humaines et/ou monétaires) pour réaliser des actions de recherche.

En 2003, le thème des Pathogènes Emergents a été identifié comme prioritaire. Différentes actions ont été menées, parmi lesquelles des actions en lien avec les méthodes d'analyse qui permettent de s'assurer de la qualité de l'eau aux différents stades de la production et de la distribution de l'eau potable, de l'eau chaude sanitaire ou encore des eaux utilisées dans les tours aéroréfrigérantes.

Aujourd'hui, le cadre réglementaire qui régit l'évaluation de la conformité d'un échantillon d'eau est basé sur la recherche de microorganismes à l'aide de méthodes normalisées utilisant la culture bactérienne ou le comptage microscopique. Ces méthodes sont souvent peu spécifiques, peu sensibles et le délai de rendu de résultat peut être de plusieurs jours.

Au niveau normatif, des évolutions ont pu être mises en évidence ces dernières années avec l'apparition de quelques méthodes normalisées faisant appel à la biologie moléculaire.

Lors de cette présentation, les enjeux liés au contrôle de la qualité des différents types d'eau seront évoqués, les cadres réglementaire et normatif en France et à l'International seront présentés et un focus sera fait sur les développements analytiques et les besoins identifiés par des membres du GWRC.

PROCARYOTES THERMO-PIEZOPHILES : TEMOINS DE LA BIOSPHERE PROFONDE

Mohamed JEBBAR - Université de Brest

D'une manière générale, les techniques de biologie moléculaire et de génomique environnementale ont démontré que pour tous les milieux et notamment ceux de la biosphère profonde seule une infime fraction des microorganismes présents était susceptible d'être cultivée, puis isolée en culture pure (ou clonale). Cette fraction est considérée en moyenne inférieure à 1% de la diversité présente. Ceci a d'ailleurs conduit à considérer que les 99% (ou plus) d'incultivés constituaient la « matière noire » microbienne.

L'exploration de la biosphère profonde (à partir de 1000 m de profondeur) nécessite des technologies avancées et le développement d'instruments innovants pour étudier et caractériser la diversité microbienne de l'écosystème le plus vaste de notre planète, caractérisé par des conditions physico-chimiques extrêmes et notamment par des fortes pressions hydrostatiques. La diversité microbienne de la biosphère profonde est étudiée en combinant des approches culturelles et moléculaires (Biologie moléculaire, métagénomique, etc) afin de comprendre le fonctionnement et l'adaptation des microorganismes aux conditions extrêmes de la biosphère profonde. Ces microorganismes extremophiles constituent une source potentielle de nouveaux biocatalyseurs et biomolécules pouvant être utilisés dans des procédés industriels "propres" ou pour la production d'énergie ; ils ont aussi stimulé la communauté d'astrobiologie et d'exobiologie en raison de leur nature, leur propriété et leur rôle dans l'évolution de la vie, afin d'élargir les horizons de recherche d'une vie extraterrestre.

Bien que des procaryotes des deux domaines du vivant (Archaea et Bacteria) aient été isolés de différents environnements océaniques profonds (colonne d'eau, sources hydrothermales, zones d'émission de fluides froids, sédiments de subsurface), très peu sont piézophiles (du grec piezo = presser) voire piézophiles stricts. Parmi la cinquantaine de procaryotes piézophiles isolés à ce jour, plus de 70% sont des bactéries psychrophiles du groupe gamma-proteobacteria dont 17 espèces appartenant aux genres *Colwellia* et *Shewanella* sont piézophiles strictes. Peu de procaryotes piézophiles hyper/thermophiles ont été isolés, comme l'archée hyperthermophile piézophile *Thermococcus barophilus* (Topt 85°C, Popt 40 MPa) (4), la bactérie thermophile piézophile *Marinitoga piezophila* (Topt 65°C, Popt 40 MPa) (1) et enfin, la première et l'unique archée hyperthermophile piézophile stricte *Pyrococcus yayanosii* CH1 qui croît entre 80 et 108°C (Topt 98°C) et entre 15 et 120 MPa (Popt 52 MPa) (6). Les génomes de *T. barophilus* (5), de *P. yayanosii* (2) et de *M. piezophila* (3) ont été entièrement séquencés en utilisant les techniques de séquençage NGS (Illumina et 454). Les études génomiques et postgénomiques sont abordées en utilisant des puces à ADN combinées à la qPCR et à la protéomique, ceci constitue le point de départ pour élucider les traits de l'adaptation à la pression hydrostatique ou piézophilie.

Mots clés : extremophiles, (méta)génomique, qPCR, puces à ADN

1- Alain K. et al., 2002. IJSEM 52(Pt 4):1331-1339.

2- Jun et al., 2011. J. Bact. 193(16):4297-4298.

3- Lucas et al., 2012. J. Bact. 194(21):5974-5975

4- Marteinsson V.T. et al. 1999. IJSEM. 49 Pt 2:351-359.

5- Vannier et al., 2011. J Bact. 193(6):1481-1482

6- Zeng X. et al. 2009. ISME J 3(7):873-876

Phytochips : Une nouvelle biopuce pour l'étude de la biodiversité du phytoplancton.

Véronique LE BERRE - LISBP

Développement d'un outil de biologie moléculaire de type Biopuce pour caractériser la biodiversité phytoplanctonique à l'origine des blooms d'algues toxiques.

Au sein du phytoplancton, certaines espèces produisent des toxines ayant des effets majeurs sur l'environnement et la santé humaine. Les efflorescences algales toxiques sont des phénomènes sporadiques naturels connus depuis longtemps et répandus à travers le monde. Néanmoins depuis une trentaine d'années, on note une augmentation des épisodes toxiques à la fois en termes de fréquence, d'intensité et de distribution géographique. En France, la présence de ces espèces posent de réels problèmes économiques et sanitaires (fermeture des zones de pêches, destruction de stocks, ...). Par exemple en 2011, la pêche à la coquille St Jacques a dû être complètement fermée pendant plusieurs semaines en Baie de Seine, en raison d'épisodes ASP (Amnesic Shellfish Poisoning) produits par certaines diatomées du genre *Pseudo-nitzschia*. Parmi toutes les espèces appartenant à ce genre et référencées à ce jour, seules onze d'entre elles sont capables de produire de l'acide domoïque, neurotoxine responsable de ces syndromes amnésiants. Il est donc crucial de les discriminer parfaitement afin de savoir quelle est l'espèce responsable de l'épisode toxique. Seuls des examens en microscopie électronique réalisés par des experts en taxonomie du phytoplancton permettent leur détermination précise. Ces techniques d'identification sont extrêmement chronophages, longues, coûteuses et difficilement compatibles avec les contraintes de temps imposés pour les suivis de dynamique des efflorescences et de surveillance sanitaire. Il est donc nécessaire de développer une méthode de diagnostic robuste, fiable, rapide et rendant son utilisation accessible pour la surveillance de routine des eaux du littoral. La nouvelle technique choisie est celle des biopuces à ADN car elle permet une identification génétique rapide et simultanée de groupes ou d'espèces ciblées, mais aussi une estimation du nombre de taxons présents dans les échantillons. Malgré l'intérêt croissant pour les puces à ADN de diagnostic dans le secteur médical, il existe, paradoxalement, peu de puces à ADN de détection dans le domaine de la surveillance environnementale à ce jour. Le développement de la PHYTOCHIP s'insère dans le projet Comanche (ANR-2010-STRA-010), dont un des objectifs est de comprendre l'origine des blooms d'algues toxiques, leur interaction et leur impact sur les stocks de coquilles Saint Jacques en Manche. La PHYTOCHIP a été conçue pour être la plus exhaustive possible dans la détection des espèces toxiques. Actuellement, elle est parfaitement adaptée à la détection et la discrimination des espèces du genre *Pseudo-nitzschia* (ASP) et *Alexandrium* (PSP) et *Karenia* (NSP) présentes dans les échantillons d'eau de mer.

Mots clés : puce à ADN, phytoplancton

Enzymatic degradation of chloroalkanes

Cécile PERSILLON - PROTEUS

L'identification par criblage fonctionnel et la production par expression recombinante d'une haloalcané déhalogénase sont présentées ainsi que des évaluations de l'enzyme en traitement de surface. L'objectif est la dégradation des alcanes chlorés et particulièrement des dichlorés.

Afin de surmonter certaines des limitations de la bioremédiation microbienne, Protéus a développé des enzymes qui complètent l'action des microorganismes. Les enzymes sont plus tolérantes que les microorganismes aux variations des conditions environnementales. Elles sont très spécifiques ce qui limite les réactions secondaires et l'apparition de sous-produits. Elles sont aussi biodégradables. La bioremédiation enzymatique permet de diminuer la toxicité d'un polluant organique, facilitant ainsi la dégradation par les microorganismes qui terminent le traitement.

criblage à haut débit - banque génomique - expression recombinante

POSTER #5 - SESSION 2

Collecte des micro-organismes aéroportés par technologie cyclonique

Esmeralda CARVALHO - *Bertin Technologies*

Dans le contexte de monitoring de la qualité de l'air en environnement intérieur ou extérieur, Bertin Technologies (France) développe une technologie dédiée à la bio-contamination aéroportée. Le but de nos travaux est de proposer une méthode d'échantillonnage de l'air compatible avec les méthodes de microbiologies rapides incluant la PCR pour des applications en milieu hospitalier, vétérinaire ou lors d'études environnementales.

La technologie cyclonique collecte les agents biologiques présents dans l'air et les concentre dans un liquide stérile. Cet échantillon liquide est compatible avec les méthodes de biologie moléculaire. Cette technologie a été validée selon la norme ISO14698-1 démontrant l'efficacité de collecte des particules physiques et biologiques.

Ces développements visent à aller plus loin que les résultats traditionnels (impaction sur gel d'agarose), en réduisant la durée globale des analyses, offrant des informations complémentaires et non limitées à la flore cultivable et n'étant pas soumis à une éventuelle saturation du milieu de collecte. De nombreuses expérimentations ont été menées avec cette technologie pour l'échantillonnage de virus, bactéries, moisissures etc.

Mots clés : PCR, qPCR, immunologie, cytométrie

POSTER #6 - SESSION 4

Evaluation de la dégradation de pesticides dans l'environnement par les approches combinées d'analyse isotopique et de génotypage bactérien

Stéphane VUILLEUMIER - *CNRS*

Le génotypage des populations microbiennes par analyse de l'ADN environnemental allié à l'analyse isotopique est une approche combinée de grand potentiel pour une application pratique de bioindication dans la caractérisation d'écosystèmes anthropisés et de leur retour à un bon état fonctionnel au cours de démarches de réhabilitation.

Evaluer et prédire la dégradation de polluants et notamment de pesticides dans les conditions spécifiques du terrain reste aujourd'hui un défi majeur. En sortie d'agroécosystèmes, des zones humides tampon (ZHT) peuvent intercepter les flux de pesticides et les réduire avant qu'ils n'atteignent les écosystèmes aquatiques. Nous étudions ces 'laboratoires naturels' pour développer des approches innovantes d'évaluation de la dégradation des pesticides et de remédiation des pollutions diffuses agricoles.

Dans des zones humides modèles établies au laboratoire, nous avons utilisé le géotypage bactérien (polymorphisme de longueur des fragments de restriction (T-RFLP) du gène de l'ARNr 16S amplifié par PCR) et l'analyse des signatures des isotopes stables du carbone pour caractériser le transport et la dissipation d'herbicides de la famille des chloroacétanilides (métolachlore, alachlore et acétochlore) (Elsayed et al., soumis). Ces herbicides sont couramment utilisés dans la culture du maïs, de la betterave sucrière et du tournesol. Le dispositif expérimental consistait en 4 colonnes de verre (diamètre : 15 cm, hauteur : 65 cm), remplies de gravier et de sable et plantées avec Phragmites australis. Trois colonnes ont été alimentées séparément en continu avec 1,8 µM de rac-métolachlore, d'acétochlore ou d'alachlore dans une eau de ruissellement provenant d'un bassin versant agricole sur une période de trois mois (temps de séjour nominal de l'eau de 9,3 jours). Une quatrième colonne de contrôle a été alimentée uniquement en eau de ruissellement.

Dans ces expériences, la dissipation des flux d'acétochlore et d'alachlore entre l'entrée et la sortie des colonnes a atteint 56%, tandis que le métolachlore s'est montré plus persistant (dissipation de 23%). L'analyse des isotopes stables du carbone a révélé un fractionnement isotopique pour l'alachlore ($\epsilon = -2,0 \pm 0,3 \text{ ‰}$) et l'acétochlore ($\epsilon = -3,4 \pm 0,5 \text{ ‰}$), suggérant leur biodégradation in situ. L'analyse de géotypage suggère que le gradient biogéochimique établi entre l'entrée et la sortie des colonnes de sol constitue le déterminant principal de la structure de la communauté bactérienne.

En permettant de mettre en évidence le lien entre les changements de conditions biogéochimiques, la dynamique des communautés bactériennes et la dégradation d'herbicides en zone humide, notre approche se montre prometteuse pour i) identifier les processus de dégradation et de remédiation à l'échelle des agroécosystèmes et les écosystèmes aquatiques connexes, et ii) définir des nouvelles stratégies de contrôle des flux de pesticides en sortie d'agroécosystèmes.

Cette recherche est financée par l'Union Européenne (7th Framework Program, Marie Curie ITN 'CSI:ENVIRONMENT', contrat : PITN-GA-2010-264329.).

Littérature

Elsayed O, Maillard E, Vuilleumier S, Nijenhuis I, Richnow HH, Imfeld G. Using compound specific isotope analysis to assess the degradation of chloroacetanilide herbicides in lab-scale wetlands. Chemosphere, 13-01484, in press.

Imfeld G, Vuilleumier S (2012). Measuring the effects of pesticides on bacterial communities in soil: a critical review. Eur. J. Soil Biol. 49, 22-30.

Mots clés : T-RFLP, qPCR, compound-specific isotope analysis

POSTER #7 - SESSION 2

Développement d'un biosenseur bactérien rapide, spécifique et sensible pour la détection et la quantification du chlorométhane dans l'environnement

Stéphane VUILLEUMIER - CNRS

L'ingénierie de biosenseurs basés sur des promoteurs géniques spécifiques représente une alternative compétitive, rapide et efficace aux méthodes de chimie analytique pour la détection et la quantification rapides de composés chimiques d'intérêt dans l'environnement.

Nous présentons ici une nouvelle "preuve de concept" de cette approche pour le chlorométhane, un gaz toxique, abondant dans l'atmosphère et impliqué dans la destruction de l'ozone stratosphérique. Même si le chlorométhane fait l'objet d'une production industrielle, des quantités plus importantes de ce composé sont générées par les écosystèmes terrestres, principalement par la phyllosphère, c'est-à-dire les parties aériennes des végétaux, et par la décomposition de la matière organique dans les sols. Le budget atmosphérique du chlorométhane est soumis à de grandes incertitudes, de par la méconnaissance des sources de ce composé d'une part, et de la capacité de bactéries chlorométhane-dégradantes à réduire les émissions correspondantes d'autre part. La complexité des mesures

d'analyse chimique du chlorométhane nous a encouragé à développer une mesure alternative de type biosenseur.

Les bactéries connues pour leur capacité à utiliser le chlorométhane pour leur croissance possèdent toutes la voie métabolique cmu (pour "chloromethane utilisation"). Nous avons caractérisé cette voie pour la souche bactérienne méthyloprophile *Methylobacterium extorquens* CM4. L'enzyme-clé de cette voie est la chlorométhane déshalogénase, constituée de deux méthyltransférases CmuA et CmuB fonctionnant avec la vitamine B12 et le tétrahydrofolate respectivement (Vannelli et al., 1998; 1999; Studer et al., 1999, 2001, 2002). L'expression de la chlorométhane déshalogénase requiert la présence de son substrat (Vannelli et al., 1998; Studer et al., 2002 ; Roselli et al., 2013).

Ces travaux ont permis le développement d'un biosenseur bactérien spécifique et sensible pour la détection d'halogénures de méthyle (chlorométhane, mais aussi bromométhane et iodométhane), basé sur la région promotrice du gène *cmuA* fusionnée au gène *yfp* codant pour une protéine fluorescente (Farhan UI Haque et al., 2013). Ce système possède une grande spécificité puisqu'il n'émet de fluorescence qu'en présence d'halogénures de méthyle, il présente une sensibilité à ces composés de niveau femtomolaire (fM), et il permet une quantification de la fluorescence produite à partir d'une concentration de 10 pM (environ 240 ppt). L'application de ce biosenseur au criblage et à l'identification de plantes contribuant aux émissions de chlorométhane dans l'environnement a été démontrée (Farhan UI Haque et al., 2013).

Nous souhaitons étendre cette approche à d'autres types de polluants chimiques pour lesquels une alternative rapide, sensible et compétitive par rapport aux méthodes de chimie analytique en termes de coûts d'analyse est souhaitable.

Mots clés : Biosenseur, fluorescence, induction, polluants chlorés

Remerciements

Ce travail a été financé par le réseau REALISE des laboratoires alsaciens en ingénieries et sciences de l'environnement, le programme EC2CO de l'INSU du CNRS, et une bourse doctorale pakistanaise du Ministère des Affaires Etrangères.

Littérature récente

Farhan UI Haque M, Nadalig T, Bringel F, Schaller H, Vuilleumier S (2013). Fluorescence-based bacterial bioreporter for specific detection of methyl halide emissions in the environment. *Appl. Environ. Microbiol.* 79, 6561-6567.

Roselli S, Nadalig T, Vuilleumier S, Bringel F (2013). Plasmid pCMU01 features chloromethane utilization genes and gene redundancy for vitamin B12- and tetrahydrofolate-dependent chloromethane metabolism in *Methylobacterium extorquens* CM4: a proteomic and bioinformatics study. *PLoS One* 8, e56598.

Assessing the impact of genetically modified plants on the environment using NGS; a case study on transgenic grapevine rootstocks expressing viral coat protein and bacterial nptII transgenes

Timothy VOGEL - *École Centrale de Lyon*

Demanèche, S.¹, Beuve, M.², Vignerot, S.², Djennane, S.², Vigne, E.², Marais, A.³, Candresse, T.³, Vogel T.M.¹, Simonet, P.¹ and Lemaire, O.²

¹ *Ecole Centrale de Lyon, UMR CNRS 5005 Laboratoire Ampère, 'Génomique Microbienne Environnementale', 69134 Ecully Cedex, France*

² *INRA, UMR 1131 'Santé de la Vigne et Qualité du Vin', 68021 Colmar, France. Université de Strasbourg, France.*

³ *INRA et Université de Bordeaux, UMR 1332 'Biologie du Fruit et Pathologie'. BP 81 33883 Villenave d'Ornon Cedex, France*

Ce projet utilise les technologies de séquençage de nouvelle génération (454 et Illumina) et la PCR quantitative pour répondre aux demandes de la société relatives à l'impact des OGM et de développer des outils pour détecter la diffusion des OGM.

Le virus du court-noué de la vigne (Grapevine fanleaf virus - GFLV), transmis par un nématode du sol, est responsable de la maladie virale la plus grave de la vigne dans le monde entier. Le GFLV provoque des pertes économiques importantes (plusieurs centaines de millions d'euros/an), en induisant un dépérissement de la vigne, en réduisant le rendement en raisin, en abaissant la qualité des moûts, et en raccourcissant la durée de vie de la vigne. En outre, avec l'interdiction des nématicides et des désinfectants du sol, les jachères de plus de 8 ans sont le seul moyen efficace de se débarrasser de cette virose dans le sol.

Parmi les nouvelles stratégies développées pour contrôler le court-noué, le génie génétique, utilisé pour modifier le porte-greffe en s'appuyant sur le concept de résistance dérivée du pathogène (PDR), est la stratégie la plus prometteuse pour développer des vignes GFLV-résistantes. En ce qui concerne la PDR, nous nous sommes intéressés à déterminer si les porte-greffes transgéniques exprimant le gène codant la protéine de capsid du GFLV, ont un impact sur la variabilité génétique des isolats de GFLV et sur la structure des populations naturelles du GFLV. Nous voulons également évaluer si cette stratégie pourrait contribuer à l'émergence de recombinants viables, impliquant l'intégration de fragments de transcrits de transgènes viraux dans les populations de GFLV autochtones.

Ces études d'impact ont été étendues aux conséquences environnementales potentielles des deux transgènes (gène de la protéine de capsid du GFLV et le gène de sélection, nptII) exprimés dans les porte-greffes OGM. Notre projet de recherche (ANR IMA-GMO), vise à une meilleure évaluation des conséquences de la croissance des plantes génétiquement modifiées sur la microflore associée de 2 types de sols. IMA-GMO va profiter des technologies de séquençage de nouvelle génération (NGS) et de la PCR quantitative, afin d'analyser l'impact potentiel de la croissance des plantes GM soit via l'expression de transgènes ou via de possibles événements de transfert de transgènes (transfert horizontal de gènes) pour les populations microbiennes (y compris les virus) à partir d'un sol de référence (Appletree Rothamsted, Royaume-Uni) et d'un sol viticole (Bergheim, France), indépendamment de la cultivabilité de ces microbes. Les résultats préliminaires ne montrent pas de modifications importantes dans la structure du virus et des populations bactériennes, et aucun transfert de gènes. Nos résultats doivent encore être confirmés par des expériences à long terme dans des conditions agronomiques réelles pour effectuer une évaluation approfondie et sur un temps long de l'impact environnemental potentiel.

Mots clés: Technologies de Séquençage de Nouvelle Génération ; NGS ; PCR quantitative ; Porte-greffe de Vigne Génétiquement Modifié ; Résistance aux Virus et aux Antibiotiques ; Transfert Horizontal de Gènes.

GenoBiome - Pour une exploitation durable des sols et de l'environnement

Anne-Laure BLIEUX - *GenoBiome- Welience Agro-Environnement*

GenoBiome est un laboratoire d'analyse et d'expertise de l'état microbiologique des sols et de l'environnement. Il maîtrise des techniques de pointe issues de la recherche en microbiologie environnementale et dispose de référentiels d'interprétation uniques et indispensables pour un diagnostic robuste de l'état biologique d'un environnement. Les microorganismes interviennent en effet dans la qualité de notre environnement, la dégradation de polluants, l'état structural du sol, les cycles biogéochimiques du carbone, de l'azote, du phosphore, etc... et jouent ainsi un rôle dans la fertilité biologique du sol et la production végétale.

Les techniques modernes de biologie moléculaire utilisées par GenoBiome permettent de proposer de nouveaux indicateurs opérationnels qui peuvent trouver de nombreuses applications dans le diagnostic environnemental et l'aide à la décision pour la gestion des environnements agricoles, naturels et anthropisés (sols, eaux, produits alimentaires...). Ces indicateurs concernant la mesure de l'abondance, de la diversité et de l'activité des microorganismes. Les résultats obtenus sont ensuite comparés à des référentiels régionaux ou nationaux afin d'évaluer la qualité biologique de l'environnement étudié. GenoBiome peut ainsi proposer de mesurer l'impact de pratiques agricoles ou industrielles, de qualifier les produits de l'agrofourmiture en termes d'innocuité et de processus biologiques associés, ou de surveiller la réhabilitation des sites agricoles, industriels ou naturels.

Evaluation par dHPLC de la diversité bactérienne rhizosphérique d'*Arabidopsis halleri* en sol pollué.

Claude Olivier SARDE - *UNIVERSITE TECHNOLOGIE COMPIEGNE*

La chromatographie liquide haute performance en condition dénaturante (dHPLC), une technologie novatrice permettant l'analyse des produits complexes d'amplification par PCR, a été utilisée pour étudier les variations de diversité de la population bactérienne associée au système racinaire d'*Arabidopsis halleri*, une plante hyperaccumulatrice poussant sur un sol pollué.

Dans le cadre d'une étude sur la phytoextraction par *Arabidopsis halleri*, nous avons analysé la diversité bactérienne de la rhizosphère associée à la plante dans un sol (Auby, France) contaminé par du zinc (Zn) et du cadmium (Cd). L'examen a été réalisé par chromatographie liquide haute performance en condition dénaturante (dHPLC). Neuf amplicons (amorces 63F et 1378R) reflétant différents degrés de pollution et/ou de la distance à la racine de la plante ont été établis à partir d'ADNr 16S. Une seconde amplification (amorces 984F-GC et 1378R) a permis de conditionner les échantillons avec l'ajout un GC-clamp. Ces nouveaux amplicons ont été séparés par dHPLC à 67°C à l'aide d'un gradient d'acétate de triéthylammonium (TEAA) et d'acétonitrile (ACN). Les profils dHPLC font apparaître une douzaine de pics distincts pour l'ensemble des échantillons. Les résultats sont comparés avec ceux obtenus en parallèle par RFLP/séquençage et confirment les effets liés à l'augmentation de la pollution ou à la proximité de la racine. Le couplage de l'approche globale par dHPLC avec l'analyse échantillonnée et/ou le séquençage semble être une approche pertinente pour la caractérisation des communautés bactériennes du sol. L'existence d'une ou plusieurs espèces majoritaires est en outre un facteur facilitant l'analyse.

Technologies de biologie moléculaire : PCR, dHPLC, RFLP, séquençage

Biomarqueurs moléculaires pour le diagnostic de sites pollués

Jennifer HARRIS-HELLAL - BRGM

Ce travail vise à valider l'utilisation d'outils moléculaires tels que la diversité et la présence de gènes fonctionnels pour évaluer un potentiel de biodégradation ou biotransformation, voire de contribuer à l'identification des zones sources de pollution sur un site multi-pollué et ainsi contribuer au diagnostic et au suivi de sites pollués.

Les activités anthropiques, dont les activités industrielles et pétrochimiques, ont entraîné l'apparition de nombreux polluants complexes et regroupant plusieurs familles de polluants organiques (BTEX, DCE, TCE, DCA, MCB, DCB, TCB...) ou inorganiques (oxyanions, éléments métalliques, etc.). En fonction de leur nature, ces composés sont soit très mobiles, soit relativement sédentaires, mais ont tous en commun leur persistance dans l'environnement et leur forte toxicité. Ces polluants sont tous susceptibles d'être dégradés ou transformés par des microorganismes, ce qui laisse envisager des possibilités de bioremédiation écologique et à moindre coût, à condition de bien évaluer les panaches de pollution et le potentiel de dégradation exploitable. En effet, bien que les analyses chimiques soient incontournables pour évaluer l'étendue et la composition d'une pollution, elle atteint parfois ses limites en termes de seuils de détection d'une part et de coût d'analyses complexes (isotopie...) d'autre part. Une solution pour combler et/ou renforcer ces analyses est l'utilisation d'outils moléculaires microbiologiques.

Dans ce contexte de sites pollués complexes, nous cherchons à évaluer un potentiel de biodégradation ou biotransformation, voire de contribuer à l'identification des zones sources de pollution, en lien étroit avec la caractérisation (initiale et dynamique) des sols et eaux des sites. Notre approche consiste à utiliser des biomarqueurs microbiens, à savoir des gènes fonctionnels spécifiques de la dégradation ou de la transformation des polluants ciblés, ainsi que des outils génériques (diversité microbienne, abondance). Cette approche sera présentée, ainsi qu'un exemple concret d'application en contexte de multi-pollution et orienté sur les gènes spécifiques de l'oxydation (gène *dhIA*) et la réduction (gènes *dca*) du 1,2 DCA, et la réduction des perchlorates (gène *pcrA*) ainsi que le lien entre présence et abondance des gènes et réelle activité de dégradation des molécules ciblées.

Les résultats obtenus et la spécificité des gènes ciblés ouvrent des perspectives intéressantes pour l'utilisation de ces outils moléculaires dans le diagnostic, le suivi et la remédiation de sites pollués.

Techniques de biologie moléculaires : PCR, qPCR, SSCP, DGGE

Vers la définition de biomarqueurs moléculaires associés à la mobilité de l'arsenic dans l'environnement

Catherine JOULIAN - BRGM

Ce travail présente le développement d'outils moléculaires (diversité, abondance) ciblant deux gènes fonctionnels impliqués dans la biotransformation de l'arsenic inorganique, avec pour objectif, à terme, leur application comme indicateurs prédictifs du comportement de l'arsenic dans l'environnement.

La pollution des sols par l'arsenic (As), métalloïde d'origine naturelle et anthropique toxique pour le vivant, représente une menace environnementale majeure. Il est présent dans l'environnement es-

sentiellement sous deux formes inorganiques, l'arsénite As(III) et l'arséniate As(V). Sa biodisponibilité et sa mobilité sont directement influencées par l'activité de la microflore du sol. Les bactéries As(III)-oxydantes vont oxyder l'As(III), forme la plus mobile, en As(V) plus facilement piégé par les phases minérales du sol, et donc contribuer à l'atténuation des impacts de la pollution. Une microflore va quant à elle respirer l'As(V) et le réduire en As(III), favorisant ainsi la mobilisation de l'As des sols et sa dispersion dans l'environnement, notamment vers les ressources en eaux. Ces microflores coexistent dans l'environnement et peuvent conduire à des biotransformations réversibles de l'As inorganique selon les conditions plus ou moins réductrices du milieu. Dans ce contexte, l'objectif de nos travaux est de définir des biomarqueurs moléculaires de la mobilité de l'arsenic dans les sols, avec pour ambition à terme d'évaluer leur pertinence comme outils prédictifs du comportement de l'As dans l'environnement, en complément des outils physico-chimiques déjà disponibles.

Nous avons développé des outils moléculaires de suivi et de quantification de ces microflores antagonistes en utilisant comme biomarqueurs deux gènes fonctionnels spécifiques : *aioA* et *arrA*, codant les sous-unités catalytiques de l'As(III) oxydase et de l'As(V) réductase respiratoire, respectivement. Pour chacun, l'alignement de séquences protéiques de bactéries appartenant à des phyla distincts a permis de dessiner des amorces dégénérées spécifiques et efficaces pour cibler ces gènes sur des ADN environnementaux (sols, eaux). Selon la taille des fragments amplifiés, différentes approches moléculaires sont disponibles pour i) détecter la présence des gènes par PCR classique, ii) quantifier les gènes, donc les communautés microbiennes associées, par PCR quantitative en temps réel, iii) étudier leur diversité génétique et son évolution par des techniques «d'empreinte moléculaire», iv) réaliser des inventaires de biodiversité par construction de librairies de gènes et phylogénie.

Ces outils, appliqués sur des sols ou des eaux plus ou moins riches en As, ont permis de révéler des changements de structure et d'abondance des communautés en réponse à la présence d'As. Ils pourraient être des indicateurs pertinents de l'implication de ces bactéries dans la mobilisation de l'arsenic et constituer, à terme, un outil prédictif de son comportement dans l'environnement.

Technologies de biologie moléculaire : dessin d'amorces, qPCR, DGGE, T-RFLP, clonage, séquençage.

POSTER #13 - SESSION 4

Bio-Puces universelles de détection et d'identification des pathogènes et de leur toxines pour l'évaluation de la qualité des eaux

Delphine GUILLEBAULT - UPMC

L'objectif du projet européen μ AQUA est de développer et tester une bio-puce universelle et abordable, basée sur des sondes ADN et des anticorps capables de détecter et identifier rapidement des micro-organismes pathogènes ou tout autre risque biologique dans les eaux de consommation et de baignades. Cette bio-puce universelle sera désignée de façon à être spécifique de pathogènes et/ou producteurs de toxines majeurs véhiculés par l'eau douce (virus, bactéries, cyanobactéries et protozoaires eucaryotes). Elle permettra également de détecter la présence des toxines produites par les cyanobactéries ainsi que de quelques espèces de diatomées définies comme biomarqueurs représentatifs pour l'évaluation de la qualité de l'eau. A l'issue du projet, la bio-puce universelle pourra être intégrée à des dispositifs automatisés, faciles d'utilisation et peu coûteux pour établir des routines de surveillance de l'eau de façon semi-continue. Un objectif complémentaire du projet μ AQUA repose sur une étude exploratoire de l'utilisation de cyanophages pour mitiger ou terminer les effets d'une efflorescence de cyanobactéries.

Mots clés : Pathogènes, Cyanobactéries, Toxines, Puce à ADN

Ultra-sensitive Conductometric Detection of Pesticides Based on Inhibition of Esterase Activity from *Arthrospira platensis*

Philippe NAMOUR - Institut des Sciences Analytiques UMR 5280 - Irstea

Des cellules d'*Arthrospira platensis* (spiruline) sont immobilisées sur électrode d'or interdigitée afin de détecter des pesticides dans l'eau. Les cellules de spiruline sont revêtues de nanoparticules d'or couvertes de PAH et immobilisées sur l'électrode de travail interdigitée en or en présence de BSA par la co-réticulation sous vapeur glutaraldéhyde. L'inhibition de l'activité de la cholinestérase (AChE) par les pesticides en présence du chlorure d'acétyl-thiocholine (AChCl) se traduit par une variation locale de la conductivité proportionnelle à la quantité de pesticides. La constante de Michaelis-Menten (K_m) est de 1,8 mM pour l'AChCl. L'inhibition de l'AChE a été observée en présence de méthyl-paraoxone, méthyl-parathion, triazine et diuron avec un seuil de détection de respectivement : 10(-18) M, 10(-20) M, 10(-20) M et 10(-12) M, et la concentration inhibitrice 50% (CI50) était de respectivement : 10(-16) M, 10(-20) M, 10(-18) M et 10(-06) M. Une diminution importante du temps de réponse τ_{90} % de l'AChE pour AChCl a été enregistrée après une exposition des cellules pendant 30 minutes aux pesticides. L'analyse au microscope électronique de la surface cellulaire a révélé des déformations en présence de pesticides à 10(-06) M.

Biocapteur algal, cellule immobilisée, nanoparticule d'or,

Comparison between total and active bacterial communities in soil contaminated by chlorinated compounds using pyrosequencing and microarrays.

Timothy VOGEL - École Centrale de Lyon

Maude M David^(1,3), Janet K Jansson⁽³⁾, Timothy M Vogel⁽²⁾

⁽¹⁾ Environmental Microbial Genomics Group, Laboratoire AMPERE, UMR CNRS 5005, Ecole Centrale de Lyon, Université de Lyon, 36 avenue Guy de Collongue, 69134 Ecully cedex, France

⁽²⁾ Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, UMR 113 IRD-CIRAD-SupAgro-UM2, Campus de Baillarguet, F-34398 Montpellier cedex 5, France

⁽³⁾ Department of Ecology, Earth Science Division, Lawrence Berkeley National Laboratory, 1 cyclotron Road, Berkeley, CA 94720 USA

Over 100 tons of the solvent tetrachloroethylene (PCE) were released into the environment (air, soil, water) during the year 2004. Unfortunately, PCE is degraded to metabolites, which can be more toxic than the PCE. In some cases, these metabolites are further degraded to relatively harmless products such as ethylene. This study focused on the bacterial community structure during PCE degradation in order to evaluate the relationship between the microbial community and the accumulation of these toxic metabolites. Multiple microcosms supplied with different organic substrates were artificially contaminated with PCE. A thymine analog, bromodeoxyuridine was added to the microcosms and incorporated in the DNA double strand of the active cells. We compared the total and the active bacterial communities at different times by using phylogenetic microarrays and pyrosequencing in order to identify micro-organisms and functional genes associated with the complete PCE degradation to ethylene. In addition, the differential effects of the organic substrate addition on bacterial communities were analyzed by using phylogenetic microarray.

Assessing interactions between mercury and microbial populations in the snowpack: a metagenomic approach

Timothy VOGEL - *École Centrale de Lyon*

Catherine Larose^(1,2,3), Sibel Berger¹, Christophe Ferrari⁽²⁾, Elisabeth Navarro⁽¹⁾, Aurélien Dommergue⁽²⁾, Nicolas Maruszczak⁽²⁾, Sébastien Cecillon⁽¹⁾, Dominique Schneider⁽³⁾ and Timothy M. Vogel⁽¹⁾

⁽¹⁾ Environmental Microbial Genomics Group, Laboratoire AMPERE, UMR CNRS 5005, Ecole Centrale de Lyon, Université de Lyon, 36 avenue Guy de Collongue, 69134 Ecully, France

⁽²⁾ Laboratoire de Glaciologie et Géophysique de l'Environnement (LGGE), UMR 5183, Université Joseph Fourier, 54 rue Molière, 38402 Saint Martin d'Hères cedex, France

⁽³⁾ Laboratoire Adaptation et Pathogénie des Microorganismes (LAPM), UMR 5163, Université Joseph Fourier, Bâtiment Jean Roger, Domaine de la Merci, 38700 La Tronche, France

Mercury (Hg), a persistent and toxic element, is found both naturally and as an anthropogenically-produced compound in the environment. Industrial use of Hg, and its subsequent release to the environment, has contributed to increasing Hg levels in soil, sediments and aquatic ecosystems worldwide. The Arctic is at risk for Hg toxicity. This is particularly the case for coastal sites, which appear to be involved in Hg cycling. The role of micro-organisms in the biogeochemical Hg cycle has recently become the focus of a large number of studies. The inorganic form of Hg, HgII, can be reduced to the relatively inert gaseous elemental mercury (GEM) form by bacteria possessing the mer operon. Bacteria, such as sulphate or iron reducers, are also reported to mediate the transformation of HgII to the more toxic and bioaccumulative organic form, methyl mercury (MeHg). However, the extent to which bacterial populations interact with mercury remains to be elucidated, especially in polar ecosystems. In order to understand how microbial populations respond to mercury, we used a metagenomic approach to describe both community structure and gene function variations in the Arctic snow pack over a two-month period during the spring of 2008 in Ny-Alesund, Svalbard, Norway. Using taxonomic DNA microarrays, a high throughput molecular biology technique, we monitored the evolution of bacterial communities within the snowpack. Community structure was then correlated to environmental factors and mercury concentrations. Gene function was analyzed by pyrosequencing as well as Q-PCR. The potential interdependence of the microbial community controlled mercury transformations and the community structure could provide insights into mercury cycling in the Arctic. In addition, the role of mercury resistant bacteria in the survival of the entire microbial community can be induced by the correlation between community members and mercury functional genes.

Understanding bacterial response to environmental perturbations at multiple spatial scales using a metagenomic approach

Timothy VOGEL - *École Centrale de Lyon*

Jean-Sébastien Beaulne, Sébastien Cecillon, Ipshita Mukherjee, Timothy M. Vogel

Environmental Microbial Genomics, CNRS, Ecole Centrale de Lyon, Université de Lyon, Ecully, France.

Soils are among the most microbial diverse ecosystems of the Earth. Despite considerable sequencing of DNA and rRNA from different soils, much remains to be explored in terms of how these communities are structured, the extent of their interactions and their role in ecosystem functioning. The spatial distribution of bacterial communities inhabiting the soil shows high heterogeneity at different

scales, but is still almost unexplored. Some studies have attempted to link the spatial diversity of soil microbes with soil physicochemical parameters (e.g., relationship between soil pH and Acidobacter abundance). By using various metagenomic tools, such as phylogenetic microarrays and metagenomic sequencing, we studied the spatial distribution of bacteria in a soil core (30cm diameter) at different spatial scales in order to understand the relationship between genetic diversity of microbial communities, spatial distance and soil physicochemical parameters. Half of the core was contaminated by hydrocarbons prior to distance-based sub-sampling. The result of metagenomic analysis provided evidence of the relative importance of spatial distance and hydrocarbon pollution. Both bacterial phylogenetic diversity and community function were evaluated. Initial spatial modeling of the soil contamination, soil physicochemical characteristics and microbial community distribution using a geographic information system (GIS) and geostatistical tools quantified the relative importance of the different parameters. This spatial approach was also applied to larger-scale structures, such as Chilika Lake in eastern India.

POSTER #18

Chemically-enhanced microbial degradation of recalcitrant chlorinated compounds

Timothy VOGEL - *École Centrale de Lyon*

Sebastien Cecillon, Alexiane Godain, Catherine Larose, Timothy M. Vogel

Environmental Microbial Genomics, CNRS, Ecole Centrale de Lyon, Université de Lyon, Ecully, France

Many of persistent organic pollutants (POPs) addressed by the Convention of Stockholm are chlorinated compounds (such as lindane, mirex or kepone). While several factors (such as bioavailability) can play important roles in blocking biodegradation, often the first step of the degradation pathway is rate limiting. Thus, while the degradation might be thermodynamically favorable, the slow kinetics can inhibit our exploration of possible biodegradation pathways and the effect of degradation on the microbial community of the impacted ecosystem. The approach used here was to apply a range of different chemical conditions (oxidizing and reducing) in order to favor the biodegradation of a range of POPs (lindane, mirex, TCE, Kepone). A range of metallic salts with different standard potentials were added to polluted soil incubations. Biodegradation was monitored by gas chromatography/mass spectrometry. The metallic salts acted as catalysers for degradation of chlorinated molecules, and thus, affected the potential biodegradation mediated by the soil bacterial community. The changes in the microbial community were monitored by both RISA fingerprinting and phylogenetic microarray. These results were correlated with the biodegradation rates and metabolites in order to identify potential pollutant degraders.

POSTER #19 - SESSION 1

Plateforme GenoSol : une structure innovante de standardisation et transfert de bioindicateurs microbiens pour l'évaluation environnementale.

Samuel DEQUIEDT - *INRA*

La plateforme GenoSol centralise le savoir-faire scientifique et technique de l'UMR Agroécologie dans l'évaluation environnementale par l'utilisation d'outils moléculaires de caractérisation des communautés microbiennes (bactéries et champignons) de l'environnement.

L'environnement et plus particulièrement le sol, renferme une quantité et une diversité énorme de microorganismes indigènes (106 bactéries et 105 champignons par gramme de sol) ce qui permet de dire que le sol est un des derniers remparts de la biodiversité sur notre planète. Depuis le développement de l'industrialisation, de l'urbanisation et de l'agriculture intensive, le sol est de plus en plus soumis à de nombreuses perturbations environnementales entraînant des modifications de la diversité structurelle et fonctionnelle des communautés microbiennes indigènes. Il en résulte des modifications de l'aptitude des sols à fournir certains services (production végétale, qualité de l'atmosphère, recyclage des éléments minéraux, dépollution...) puisque les microorganismes sont fortement impliqués dans ces services. Il est donc primordial de pouvoir caractériser la diversité taxonomique et fonctionnelle des communautés microbiennes, ainsi que leur stabilité dans le temps, afin de pouvoir évaluer et prédire les modifications du fonctionnement biologique du sol qui peuvent avoir des répercussions en termes de production agricole, de santé publique et de qualité de l'environnement.

L'UMR Agroécologie a créé en 2008 la plateforme « GenoSol » (http://www.dijon.inra.fr/plateforme_genosol), dont l'objectif est de fournir une structure logistique et technique assurant l'acquisition, la conservation, la caractérisation et la mise à disposition des ressources génétiques microbiennes (ADN) des sols issues d'échantillonnages de grande envergure (plusieurs centaines à plusieurs milliers correspondant à de grandes échelles spatiales et/ou temporelles). Cette plateforme est le fruit de l'expertise et du savoir-faire de l'UMR Agroécologie en termes de standardisation des outils moléculaires de caractérisation des communautés microbiennes du sol, mais aussi de mise en place d'une librairie et d'une base de données des ressources génétiques microbiennes sur les sols servant à l'élaboration d'un Référentiel sur la diversité microbienne des sols.

Le savoir-faire de la plateforme dans le domaine du développement d'outils moléculaires de caractérisation et d'évaluation de la composante microbienne de l'environnement lui confère des potentialités de transfert technologique d'outils standardisés vers les industriels de l'environnement et les bureaux d'études. Un des exemples est l'émergence de la structure GenoBiome soutenue par INRA Transfert et UB Filiale qui propose un tableau de bord de prestations analytiques moléculaires pour le diagnostic environnemental.

Technologies de biologie moléculaire : Extraction d'ADN d'échantillons environnementaux, qPCR, pyroséquençage 454.

POSTER #20 - SESSION 4

Développement d'outils analytiques innovants pour les bioprocédés et biotechnologies microbiennes de valorisation des déchets

Olivier CHAPLEUR - *Irstea*

La connaissance de l'écologie des biomasses épuratrices fut pendant longtemps très rudimentaire. Les bioprocédés dépolluaient, cependant il n'était pas possible de comprendre précisément comment leur « moteur microbien », essentiellement composé de microorganismes non isolables, fonctionnait. L'arrivée, au cours des années 1990, de techniques de biologie moléculaire s'appuyant sur l'ADN ribosomique 16S a permis d'ouvrir cette boîte noire et de décrire les microorganismes épurateurs. Désormais, il faut aller plus loin et identifier le rôle et la contribution de chacun aux processus de dégradation de la matière organique. Dans ce sens, les activités de l'équipe BIOMIC d'Irstea visent à comprendre et à optimiser l'exploitation des écosystèmes microbiens au sein des bioprocédés de traitement et de valorisation de déchets organiques. Ceci passe par le développement et la maîtrise d'outils analytiques pointus et l'élaboration de modèles conceptuellement innovants. Parmi ceux-là, des approches permettant d'appréhender l'écologie microbienne sous l'angle fonctionnel ont été développées et mises en œuvre, notamment à travers l'utilisation d'isotopes stables (13C, 15N). Il s'agit des méthodologies de « Stable Isotope Probing » (SIP), qui permettent de localiser directement

au sein des écosystèmes complexes les micro-organismes actifs. Elles sont associées à des outils d'exploration fonctionnelle relevant de la biogéochimie isotopique (GC- et EA-C-IRMS) pour décrire conjointement les flux de matière qui y sont associés. Pour compléter ces techniques, la méthodologie SIMSISH a été développée. Elle permet de visualiser simultanément l'identité et la fonction d'un microorganisme au sein d'un écosystème complexe (microscopie ionique de type NanoSIMS). Ces observations sont ensuite intégrées au sein de modèles simulant le fonctionnement de l'écosystème microbien. Parallèlement, les approches méta-omiques font également l'objet de développements importants. Elles permettent de décrire les gènes présents (métagénomique) et exprimés (méta-transcriptomique) par la communauté microbienne du bioprocédé dans un certain nombre de situations opératoires. En particulier l'outil métatranscriptomique a été développé pour le diagnostic du fonctionnement de bioprocédés de traitement en s'appuyant sur le séquençage de nouvelle génération. Les outils de métaprotéomique ont été mis en œuvre sur des écosystèmes de méthanisation de la cellulose. La métabolomique, qui permet d'étudier l'ensemble des métabolites présents dans un échantillon, complète cette approche. Ces outils de pointe permettront d'avoir une vision holistique du fonctionnement de l'écosystème microbien, nécessaire pour éliminer, exploiter et valoriser au mieux la matière organique de nos déchets.

POSTER #21 - SESSION 4

Molecular biology tools to the comprehension of water treatment processes: case of granular sludge removing nitrogen.

Guillermina HERNANDEZ-RAQUET - INRA- LISBP - Université de Toulouse

Aerobic granulation is a promising technology for nitrogen removal. In aerobic granules, both nitrification and denitrification can be performed simultaneously. In this study, the microbial communities involved in these processes were quantified in two parallel granular sludge sequencing batch reactors (GSBR) operated in anoxic/aerobic (R1) and anaerobic/aerobic (R2) conditions. Microbial communities were characterized by FISH, qPCR targeting the 16S rRNA and functional genes for nitrification-denitrification. 16S rRNA diversity was also analyzed by pyrosequencing. Our results clearly show that R1 and R2 displayed distinct microbial communities in function of the conditions applied. In R1, anoxic conditions favored a higher abundance of nitrifying and denitrifying microorganisms; with a consequently higher.

POSTER #23 - SESSION 4

Vers un prototype pour la biodétection en continue de toxiques environnementaux

Daniel GARCIA - CEA, Laboratoire de Bioénergétique Cellulaire

Biodétection des polluants de l'eau par l'utilisation d'un gène rapporteur bioluminescent via différents systèmes biologiques intégrés dans une unité de mesures multiparamètres, mobile et autonome.

COMBITOX, pour COncEption d'un instrument de Mesure Biologique multiparamétriques en continu de TOXiques, associe quatre laboratoires de recherche et un industriel. Il vise à développer et à optimiser des modules de biodétection issus des technologies de biologie moléculaire des laboratoires de recherche académique, pour les transférer vers un dispositif de mesure en ligne. Ce projet fait l'objet d'un financement ANR (Ecotech 2011)

La surveillance des réseaux d'eaux, brutes, usées et de surface (lacs, rivières p. e.) est au centre de ce projet. Nous avons retenu 3 familles «d'objets» à détecter: les métaux (cadmium, mercure, arsenic, nickel etc..), les toxines environnementales et/ou alimentaires et les micro-organismes pathogènes.

La détection est basée sur les techniques i) du gène rapporteur sous le contrôle d'un promoteur inductible (pour les métaux par exemple), ii) de l'interaction antigène-anticorps pour les toxines et les micro-organismes, et iii) de l'infection spécifique par un bactériophage pour les bactéries. Dans tous les cas, le signal détecté est lumineux (bioluminescence ou fluorescence), gage de sensibilité de la mesure, et permettant une uniformité du dispositif technologique avec la conception d'une tête de lecture unique intégrant les différents signaux. Ce volet du projet est pris en charge par une PME spécialisée en métrologie environnementale, la société AP2E (Aix en Provence). A ce jour, les preuves de concept dans les laboratoires de recherche académiques impliqués (CNRS, INSA, CEA et Ecole des Mines d'Alès) ont été validées. Le challenge réside dans l'uniformisation de l'intensité du signal, le développement et la mise en place du prototype (échantillonnage, mesure du signal, conditionnement des consommables) qui sera ensuite testé sur site (SIVOM Sud Luberon).

En résumé, nous proposons de faire la preuve de concept du développement d'un système intégré et transportable permettant la détection rapide et « à la carte » de multiples polluants par des opérateurs non-spécialistes.

Biodetection, luminescence, phages, bactéries, anticorps, gène rapporteur.

POSTER #24 - SESSION 4

Approches métabotéomiques pour la caractérisation des bioprocédés de valorisation des déchets : présentation de la méthodologie et des résultats obtenus pour la digestion thermophile de déchets celluloses

Ariane BIZE - IRSTEA

Les analyses métabotéomiques permettent d'identifier un grand nombre de protéines et fonctions enzymatiques exprimées par l'ensemble des microorganismes présents dans un écosystème ; dans un contexte industriel, ce type d'approche peut contribuer à une meilleure caractérisation et compréhension du fonctionnement des bioprocédés ainsi qu'à l'élaboration de bioindicateurs et d'outils de surveillance des procédés.

Les approches métabotéomiques haut-débit figurent parmi les techniques prometteuses en écologie microbienne et ont encore rarement été appliquées à la caractérisation de bioprocédés impliquant des communautés microbiennes complexes. Au cours de ces dernières années, l'équipe BIO-MIC d'Irstea a développé et mis en œuvre cette méthodologie en partenariat avec la plate-forme d'analyse protéomique INRA-PAPPSO. Ces travaux s'insèrent dans une démarche plus générale visant à comprendre et optimiser l'exploitation des écosystèmes microbiens au sein des bioprocédés de traitement et de valorisation de déchets organiques.

La méthode générale consiste à extraire et purifier les protéines contenues dans des échantillons de quelques grammes ou millilitres, à fragmenter ces protéines en peptides par une étape de digestion enzymatique et à analyser les peptides obtenus par spectrométrie de masse LC-MS/MS. Les protéines sont identifiées à partir des spectres de masse en utilisant une base de données de référence.

Par rapport aux autres approches moléculaires haut-débit, la métabotéomique présente 3 principaux avantages : un coût modéré, une relative simplicité de préparation des échantillons et l'obtention de données directement issues des produits finaux de l'expression des gènes. Il existe certaines limites. A l'heure actuelle, il est nécessaire de travailler avec des bases de données de référence, qui ne sont donc pas toujours spécifiques de l'échantillon étudié. Par ailleurs, les peptides présentent une grande diversité sur le plan biochimique et sont donc associés à des comportements

très variés dans le spectromètre de masse et au sein d'une matrice donnée. Ceci limite les possibilités de comparaisons quantitatives inter-protéines, et selon les cas, inter-échantillons. Il peut donc être intéressant de coupler la métaprotéomique à d'autres approches, comme la métagénomique ou d'autres mesures expérimentales.

Nous avons récemment combiné des analyses métaprotéomiques avec d'autres techniques d'écologie moléculaire (FISH, isotopie, pyroséquençage tag 16S) pour étudier des microcosmes de méthanisation thermophile de papier blanc (Fan et al., *The ISME Journal*, 2013, doi:10.1038/ismej.2013.120). En utilisant des bases de données publiques, plus de 500 fonctions non-redondantes ont été identifiées. Elles incluent un grand nombre d'enzymes liées à la cellulolyse exprimées par 2 groupes distincts de microorganismes cellulolytiques ainsi qu'un nombre surprenant de fonctions liées au recyclage de la biomasse. Un modèle de dégradation décrivant les principales voies métaboliques et les interactions écologiques entre les groupes fonctionnels microbiens a pu être proposé.

Technologies de biologie moléculaire : métaprotéomique, pyroséquençage "tag" du gène de l'ARNr 16S.

Technologies d'écologie microbienne : FISH (fluorescent in situ hybridisation), analyses isotopiques.

POSTER #25 - SESSION 4

Un challenge : évaluer la biodiversité des microorganismes présents dans une station d'épuration industrielle grâce à la métagénomique

Pierric JEANNIN - SANOFI

Les avancées des techniques de biologie moléculaire offrent aujourd'hui la possibilité de suivre la population microbienne des stations d'épurations (STEP) et permettra dans un futur proche d'optimiser ses paramètres de fonctionnement.

Les boues activées, dont la biodiversité est fondamentale dans les capacités de dégradation des STEP, représentent un écosystème complexe. Les techniques de culture traditionnelle ont limité pendant des années notre connaissance puisque moins de 10% des microorganismes sont cultivables. Grâce aux outils de biologie moléculaire actuels cet écosystème n'est plus une boîte noire impénétrable.

Par l'analyse de l'ADN des gènes codant pour l'ARNr 16S et 18S, qui sont spécifiques respectivement des procaryotes et des eucaryotes, nous évaluons la biodiversité microbienne de nos stations d'épuration. Après extraction de l'ADN et amplification par PCR, un séquençage haut débit est réalisé. Les séquences obtenues sont ensuite regroupées en Unités Taxonomiques Opérationnelles (OTU) et comparées à une base de données. 100 OTU de procaryotes et 70 OTU d'eucaryotes ont ainsi été déterminées.

Avec l'objectif fondamental de limiter autant que possible notre impact sur l'environnement, les outils de biologie moléculaire nous permettrons de prévenir un dysfonctionnement des stations d'épurations et maximiser leurs capacités de dégradation.

Mots clés : PCR, Séquençage Haut Débit, Biodiversité, Station d'épuration, Unité Taxonomique Opérationnelle, ARNr 16S, ARNr 18S

Les approches de séquençage à haut-débit dans la caractérisation moléculaire et fonctionnelle des microbiotes environnementaux

Stéphanie FERREIRA - GENOSCREEN

DENONFOUX J., ADELE DIT-RENSEVILLE N., WAHL C., VANDEBORGH T.-E. & FERREIRA S

Société de biotechnologies, Genoscreen développe et réalise, depuis 2001, des prestations innovantes en génomique, pour répondre aux besoins de performance des laboratoires de recherche en sciences de la vie: séquençage d'ADN, génotypage de marqueurs moléculaires, bioinformatique. Fort de ses expertises, l'entreprise concourt de plus en plus à l'ingénierie et à la réalisation de nombreux projets de recherche menés au sein d'équipes académiques et industrielles. Ces dernières années, des programmes de Recherche Propre, menés en partenariat avec des unités de recherche de l'Institut Pasteur de Lille, de l'INSERM et de l'INRA ont permis de développer des applications très compétitives dans les domaines de la génétique de la maladie d'Alzheimer, du typage moléculaire microbien, du contrôle de la biodiversité mais aussi de l'environnement, avec des applications EAU, AIR, SOL.

En effet, un intérêt tout particulier se développe depuis quelques années sur des approches biologiques, permettant à la fois de disposer d'indicateurs biologiques précis pour réaliser des diagnostics de sites d'intérêt mais aussi pour suivre les résultats des méthodes mises en place pour aboutir à l'élimination de polluants et/ou contaminants. De fait, une bonne connaissance et caractérisation des communautés biologiques (microorganismes, plantes, petits eucaryotes etc.) est cruciale pour l'identification de bons biomarqueurs permettant de donner une image multi-variable du stress existant, et se révèle être un véritable défi tant les communautés présentes dans les écosystèmes environnementaux sont denses et diversifiées.

Les stratégies de diagnostic et développement de biomarqueurs se sont donc progressivement orientées vers l'utilisation de techniques de biologie moléculaire. Ces dernières utilisent les potentialités de la réaction de polymérisation en chaîne (PCR) pour amplifier et isoler des gènes biomarqueurs d'intérêts. Plus récemment, l'émergence des outils à « haut débit » comme la métagénomique ou la métatranscriptomique lié à l'évolution du séquençage massif, rend la caractérisation structurale et fonctionnelle des communautés plus aisée et permettent d'accéder de manière plus exhaustive à l'immense réservoir génétique des organismes présents au niveau des environnements.

Ainsi nous proposons d'illustrer au travers de cette présentation le potentiel d'application technique et méthodologique du séquençage à haut débit pour le diagnostic moléculaire et la caractérisation structurale et fonctionnelle dans un contexte environnemental.

Caractérisation de l'activité microbienne de biodégradation des solvants chlorés lors d'un projet de biostimulation in situ

Jean-Michel MONIER - ENOVEO

Cédric MALANDAIN, Céline BAGUELIN, Sandra ENTRESANGLES, Olivier SIBOURG

ENOVEO, 7 place Antonin Poncet, Lyon, France.

Dans le cadre de la mise en place d'un traitement d'une nappe polluée par des solvants chlorés (COHV), une étude amont, basée sur l'utilisation d'outils de biologie moléculaire (qPCR, RT qPCR, empreintes génétiques) a été réalisée afin de déterminer la présence et l'activité des bactéries responsables de la dégradation des COHV sous différentes conditions. Le but de l'étude est de comparer les cinétiques de biodégradation des solvants chlorés (TCE, cis-1,2-DCE et Chlorure de vinyl) après amendement avec différentes sources de carbone. Une première phase pilote a été menée en laboratoire, à partir de trois substrats carbonés afin de sélectionner le traitement le plus efficace en termes de biostimulation des bactéries responsables de la dégradation des COHV. Les microcosmes ont été constitués de sol et d'eau prélevés sur le site lors de deux campagnes. La voie de dégradation du PCE est codée par 5 gènes (*prdA*, *pceA*, *tceA*, *vcrA* et *bvcA*) caractérisés notamment chez des bactéries du genre *Dehalococcoides*. Un suivi et une quantification des 5 gènes fonctionnels et des bactéries possédant ces gènes ont été effectués par PCR quantitative.

Dans le microcosme témoin (atténuation naturelle), les résultats montrent que, malgré la présence de bactéries du genre *Dehalococcoides*, les gènes de la dégradation des chloroéthylènes ne sont pas actifs. Les concentrations en solvants chlorés n'ont pas ou peu évolué au cours des six mois d'incubation. Tandis que les trois amendements permettent un abattement efficace des concentrations en polluants. Toutefois nous pouvons noter des différences de comportement entre les trois amendements. Ainsi le biostimulant 1 et le biostimulant 3 provoquent une accumulation transitoire de CV plus importante que le biostimulant 2. De plus le biostimulant 2 permet une production d'éthène plus importante. Il était donc important de vérifier que l'abattement observé et au moins une partie de la production d'éthène était d'origine biologique en montrant l'activité des gènes. Biologiquement, pour les trois amendements, nous observons que la voie de dégradation est complète, toutefois deux gènes analysés n'ont pas d'activité, il s'agit du gène *prdA* et du gène *bvcA*. Les trois autres gènes *pceA*, *tceA* et *bvcA* présentent des activités importantes. De plus l'analyse gènes au cours du temps montre que l'huile de soja permet un maintien de l'activité de ces gènes de manière plus durable que les autres substrats carbonés. Cette information donnée par la biologie moléculaire nous a conduit à sélectionner le biostimulant 2 comme substrat pour un pilote sur site. Les résultats de la mise en place du traitement sur site seront exposés. Ce projet représente un exemple de l'intérêt que des outils de la biologie moléculaire dans la gestion des sites et sols pollués.

Utilisation de la Biologie Moléculaire pour l'optimisation du traitement de terres polluées par des hydrocarbures

Jean-Michel MONIER - ENOVEO

Céline BAGUELIN, Sandra ENTRESANGLES, Cédric MALANDAIN, Jean-Michel MONIER, Olivier SIBOURG

ENOVEO, 7 place Antonin Poncet, Lyon, France.

Quelque soit la nature du polluant ciblé ou de la matrice environnementale (aquifère, sol, sédiment...), la réussite d'un projet de bioremédiation est conditionnée par la prise en compte de deux composantes essentielles. La première est la présence de populations microbiennes indigènes pouvant être stimulées afin de favoriser leur activité de biodégradation. La seconde est la biodisponibilité de la pollution, qui peut être influencée par les caractéristiques physico-chimiques du site. Une bonne compréhension des mécanismes microbiens impliqués dans ces phénomènes de biodégradation est alors un atout majeur quant à la réussite de tels projets.

Dans ce cadre, le but du travail réalisé par ENOVEO est d'anticiper l'évolution de l'activité des communautés microbiennes afin d'optimiser la mise en œuvre de la stratégie de dépollution. La prise en compte des outils de biologie moléculaire depuis l'élaboration du plan de gestion jusqu'au traitement sur site permet d'améliorer l'appréhension de certaines contraintes liées à la transposition d'échelle. Ainsi, l'identification de biomarqueurs spécifiques des voies de biodégradation d'intérêt, combinée à une cartographie de ces biomarqueurs sur site, permet de définir en amont les conditions optimales (oxygénation, température, disponibilité en nutriments carboné ou azoté...) pour la stimulation des bactéries d'intérêt et d'en vérifier l'efficacité sur l'activité de ces bactéries au cours du traitement.

La présentation s'articulera autour du scénario de la réalisation d'un traitement sur site par mise en œuvre de terres impactées par un polluant. Pour chacune des étapes, du plan de gestion à la dépollution (étude préliminaire, caractérisation initiale, monitoring de la bioremédiation...), les résultats de cas d'études et nos retours d'expérience, illustreront les réponses apportées par l'utilisation des outils de biologie moléculaire à chacune de ces étapes, et les informations pouvant être retirées par chacun des acteurs impliqués dans un projet de réhabilitation (bureau d'étude, assistant maître d'œuvre, client final, collectivité...).

Application des outils de biologie moléculaire en forensie environnementale : Identification de l'origine d'une pollution par des hydrocarbures

Jean-Michel MONIER - ENOVEO

Olivier SIBOURG, Cédric MALANDAIN, Jean-Michel MONIER

ENOVEO, 7 place Antonin Poncet, 69002 Lyon, France

Le développement des recherches et outils permettant de déterminer l'origine et la datation des pollutions environnementales a donné naissance dans les années 1980 à une discipline baptisée Forensie Environnementale (Environmental Forensics). Cette discipline encore émergente en Europe est notamment amenée à jouer un rôle déterminant dans l'application de la Directive Européenne

2004/35/CE sur la responsabilité environnementale, la prévention et la réparation des dommages environnementaux. Historiquement basée sur l'utilisation de techniques physico-chimiques, la forensie environnementale bénéficie aujourd'hui du développement des outils de biologie moléculaire. Ces outils, appliqués à l'environnement, viennent compléter la gamme d'outils déjà disponibles (eg, empreintes chimiques, analyses isotopiques) mais offrent également de nouvelles perspectives en favorisant l'émergence de nouveaux domaines d'application en forensie.

Dans le cadre de cette étude, des outils de biologie moléculaire (eg, empreintes génétiques, PCR quantitative) ont été appliqués en complément de techniques de forensie classiques (empreintes chimiques et analyses isotopiques) afin d'identifier la source d'une pollution aux hydrocarbures. Quatre zones ont été identifiées comme sources potentielles de la zone impactée par la pollution en produit pétrolier (P). Les essais de traçage réalisés dans un sous-sol dont l'hydrogéologie est complexe n'ont pas permis d'établir de lien direct entre les zones sources potentielles et la pollution. Alors que l'établissement de profils chromatographiques des différents produits a permis d'exclure certaines sources, la source potentielle la plus probable (Z3) présentait des densités d'hydrocarbures et teneur en soufre différentes de celles observées en P, amenant une incertitude sur l'origine de la pollution. La présentation montrera comment l'analyse des bactéries environnementales et des gènes de biodégradation des hydrocarbures a permis de réduire les incertitudes sur l'origine de la pollution et abordera, dans un contexte plus global, les atouts de la biologie moléculaire en forensie environnementale.

POSTER #30

EFFET DE COMPLEMENTS DE FERTILISATION SUR LES COMMUNAUTES MICROBIENNES DES SOLS Etudes en conditions contrôlées et expérimentation au champ

Diane LEMENAGER - *Timac Agro International*

Anne-Laure Blieux¹, Samuel Dequiedt², Pierre-Alain Maron², Lionel Ranjard², Jean-Claude Yvin³, Diane Leménager³

¹ *Welience Agro-Environnement Maison Régionale de l'Innovation, 64A rue de Sully – CS 77124 – 21071 DIJON Cedex*

² *Plateforme GenoSol, UMR Agroécologie, INRA/AgroSup/Université de Bourgogne, 17 rue Sully – BP 86510 – 21065 DIJON Cedex*

³ *Timac Agro International, 55, rue Jules Verger 35800 Dinard*

Grâce aux outils de biologie moléculaire, l'analyse de la diversité microbienne des sols a permis de mettre en évidence une optimisation du fonctionnement microbien par des compléments de fertilisation.

Dans les agro-écosystèmes, l'apport d'intrants organiques ou minéraux a pour but d'augmenter la productivité végétale. Toutefois, la plupart de ces amendements sont mal gérés et peuvent également avoir des conséquences sur le stockage du carbone dans le sol. Il devient donc nécessaire de développer de nouvelles pratiques de fertilisation impliquant de nouveaux amendements afin de répondre aux enjeux environnementaux et de durabilité de l'agriculture moderne.

Dans ce contexte, le développement de produits permettant d'optimiser le fonctionnement microbien du sol représente un potentiel considérable. Les microorganismes indigènes des sols sont impliqués dans nombre de processus biogéochimiques à la base du recyclage des éléments minéraux, et donc de la fertilité biologique du sol.

L'objectif de ce projet est de tester l'efficacité de plusieurs produits utilisés comme complément de fertilisation et stimulateur de la vie microbiologique des sols, composés de coquillers marins et/ou d'algues sur les communautés microbiennes des sols.

1 : étude en conditions contrôlées (microcosmes) permettant d'évaluer l'effet des produits (coquillers marins, Phéoflore et Solenature) sur la diversité microbienne (Séquençage haut débit des gènes 16S et 18S).

2 : essai au champ avec plusieurs produits (Coquillers marins, Solenature et Minactiv) et évaluation de leur effet sur l'abondance (Biomasse Moléculaire Microbienne, PCR quantitative des gènes ribosomiques 16S et 18S) et la diversité microbienne des sols.

Les résultats montrent un effet marqué du Maerl et du Phéoflore dans l'étude en microcosmes, avec une stimulation de la richesse et de la diversité bactérienne, essentiellement des populations copiotrophes. En revanche, cette stimulation bactérienne peut se faire au détriment des champignons, dont la communauté devient alors dominée par les Basidiomycota, aptes à dégrader la matière organique récalcitrante. L'application du produit Solenature stimule des populations copiotrophes également, mais a peu d'impact sur les indices de diversité des bactéries et des champignons.

Sur l'essai au champ, les résultats sont moins marqués, probablement en raison de la variabilité des paramètres environnementaux. Une stimulation de l'abondance microbienne est toutefois visible avec les coquillers marins et le Minactiv, tandis que ce sont les coquillers marins et le Solenature qui ont tendance à stimuler la diversité bactérienne. L'analyse de la composition microbienne est en cours et permettra de préciser les effets des produits sur les communautés microbiennes.

Ces résultats démontrent donc une stimulation microbienne par les compléments de fertilisation qui peut amener à une meilleure dégradation de la MO du sol et se traduire par une meilleure fertilité biologique du sol.

Technologies de biologie moléculaire : Séquençage haut débit des gènes 16S et 18S, Biomasse Moléculaire Microbienne, PCR quantitative des gènes ribosomiques 16S et 18S.

POSTER #31 - SESSION 3

Apports du séquençage haut-débit (NGS) dans l'étude de l'impact des métaux lourds dans les sols à micro-échelle

Frédéric LEHEMBRE - CNRS/INP-G

Lehembre F., Navel A., Lejon D.P.H, Vince E., Spadini L., Martins J.M.F

L'accumulation de polluants métalliques dans les sols perturbe et modifie les équilibres compétitifs entre espèces microbiennes. A long terme, les écosystèmes subissant une pollution chronique élevée se trouvent colonisés par des espèces et des individus capables de résister aux toxiques, faisant d'eux des candidats de choix pour servir de bio-indicateurs de l'état sanitaire de l'environnement. Par ailleurs, la distribution spatiale non homogène et spécifique des microorganismes entre les différents micro-compartiments des sols suppose un impact écotoxicologique variable lors d'une contamination métallique par un ou plusieurs métaux lourds. Afin de mieux comprendre l'impact d'une pollution multi-métallique sur la structure des communautés bactériennes à micro-échelle, nous avons développé une approche multidisciplinaire basée sur l'utilisation des nouvelles technologies de séquençage (NGS) corrélée aux données de distribution et de spéciation chimique de 3 métaux lourds (Cu, Cr et Cd) seuls et en mélange dans les différentes fractions granulométriques d'un sol sous vigne. Les premiers résultats montrent que chaque micro-compartiment des sols représente un micro-habitat spécifique pour les bactéries aux propriétés bio-géo-chimiques particulières. Cette spécificité confère aux communautés bactériennes de ces compartiments une sensibilité aux intrants métalliques d'intensité et de durée variables.

Mots clés : NGS, Ecotoxicologie, sols, métaux lourds, microéchelle, génomique microbienne

CIP 10-M : Echantillonneur microbiologique

Alexandre FELK - *TECORA FRANCE*

Le CIP 10-M permet d'effectuer un prélèvement d'air et de piéger des polluants microbiologiques sur un liquide maintenu dans une coupelle par centrifugation. Le CIP 10-M peut être équipé de têtes d'échantillonnage amovibles en vue du prélèvement des différentes fractions conventionnelles (alvéolaire, thoracique et inhalable), en accord avec les normes EN 481 et FD CEN/TR 15 230. Les bactéries ne subissent ni traumatisme causé par un impact sur une surface dure, ni par une vitesse trop importante du flux d'air, ni déshydratation grâce à la présence d'un milieu de culture (par exemple une solution de lyse). L'aspiration créée par la coupelle du CIP 10-M assure le prélèvement hélicoïdal et permet ainsi de maintenir l'intégrité et la survie des cellules microbiennes.

Parcours des intervenants et des membres des comités

Pierre AMATO

En tant que chargé de recherche à l'INEE du CNRS depuis fin 2009 à l'Institut de Chimie de Clermont-ferrand (ICCF), Pierre Amato étudie les interactions entre les microorganismes et les processus physico-chimiques se déroulant dans les nuages. Après un cursus universitaire en écologie des milieux aquatiques, suivi d'une spécialisation en climatologie et physico-chimie de l'atmosphère, il a pu aborder la thématique très interdisciplinaire de la microbiologie des nuages au cours de sa thèse de doctorat, pionnière dans le domaine, menée à Clermont-ferrand (2003-2006) sous la direction des Dr A.M. Delort et P. Laj. Pendant les 2 années qui ont suivies, il s'est consacré à l'étude des écosystèmes microbiens des milieux extrêmes froids, tels que les milieux polaires, et à la caractérisation de l'activité microbienne dans la glace lors d'un postdoctorat dans le laboratoire du Dr B. Christner à l'Université d'Etat de Louisiane de Baton Rouge (USA ; 2007-2008). Puis, fin 2008, il a rejoint les équipes des Dr C. Morris et D. Courault de l'INRA d'Avignon pour mesurer et modéliser les flux d'émission de microorganismes par les couverts végétaux, en relation avec le microclimat et l'organisation du paysage. Au cours de ses différentes expériences de recherche, P. Amato a ainsi pu traiter différents aspects de la microbiologie atmosphérique, depuis l'aérosolisation des microorganismes, leur survie et leur activité métabolique, jusqu'à leurs rôles dans les processus physiques et chimiques atmosphériques. Depuis fin 2009, il peut approfondir ces problématiques au sein du CNRS. Il développe actuellement des études de la structure et du fonctionnement des communautés microbiennes par des méthodes intégratives de biologie moléculaire telles que les -omics.

Anne-Laure BLIEUX

Chargée de projet GenoBiome

Pendant son Master Pro de microbiologie appliquée à l'Agro-alimentaire et à l'Agroenvironnement, Anne-Laure Blieux a développé des méthodes de détection de Mycobacterium bovis dans l'environnement lors de son stage à l'INRA de Dijon. Suite à cette expérience, elle intégrée en 2011 la plateforme GenoSol en tant que chef de projets, parmi lesquels la réalisation d'une cartographie de la microbiologie des sols au sein du département de l'Allier, ou la caractérisation de l'état microbiologique de la grotte de Lascaux. Depuis janvier 2013, elle s'occupe de la mise en place de la GenoBiome, structure de transfert de technologies de la plateforme GenoSol, et de la coordination des projets gérés au sein de GenoBiome.

Théodore BOUCHEZ

Ingénieur d'AgroParisTech, Théodore Bouchez a effectué une thèse en biotechnologie pour l'environnement à l'INRA-LBE. Il a ensuite intégré Irstea pour y développer des recherches sur la microbiologie appliquée au traitement anaérobie de déchets. Il anime le laboratoire de microbiologie des bioprocédés d'Irstea-Antony depuis 2007 et l'équipe BIOMIC (Bioprocédés et biotechnologies microbiennes pour la valorisation des déchets) depuis 2013. Ses travaux s'appuient sur l'utilisation couplée d'outils de biologie moléculaire et de biogéochimie isotopique pour la compréhension et la modélisation du fonctionnement des écosystèmes microbiens complexes. Ces approches sont en particulier appliquées à l'optimisation de la dégradation des déchets ligno-cellulosiques et à la production de molécules d'intérêt à partir de déchets organiques. Théodore Bouchez anime et coordonne de nombreux projets en partenariat académique et industriel dont le projet BIORARE (programme Investissement d'Avenir 2010).

Sophie COURTOIS

CIRSEE - Centre International de Recherche sur l'Eau et l'Environnement, Le Pecq, France

SUEZ ENVIRONNEMENT

Sophie COURTOIS, travaille depuis 2001 au Pôle Analyse et Santé du CIRSEE (SUEZ Environnement) en tant qu'ingénieur de recherche et est depuis 2005, elle est responsable des projets de recherche en biologie moléculaire. Ses principales activités de recherche sont le développement et l'implantation des nouveaux outils de

microbiologie et de biologie moléculaire pour les métiers de SUEZ Environnement (traitement de l'eau potable et eaux résiduaires, traitement des déchets et surveillance environnementale).

Sophie Courtois est titulaire d'un diplôme de doctorat en écologie microbienne (Université Claude Bernard Lyon I, obtenu en Avril 2000) sur les premiers travaux en métagénomique. Ses recherches dans ce domaine se sont poursuivies lors d'un Post-doctorat d'un an dans l'industrie pharmaceutique (Aventis Pharma, Centre de recherche de Vitry-Alfortville & Cambridge Genomic Center, MA, USA)

Sophie Courtois participe également aux travaux de normalisation AFNOR (commission T90D et T90E) et co-anime le groupe de travail sur les Waterborne Pathogens du GWRC (Global Water Research Coalition), regroupant les principaux centres de recherche mondiaux sur l'eau.

Tony DEJEAN

Utilisation des techniques d'ADN environnemental pour la surveillance de l'état écologique des eaux de surface.

Ingénieur Ecologue et Docteur en Ecologie moléculaire (Université de Grenoble), Tony Dejean est spécialisé dans l'étude de la biodiversité aquatique par l'ADN environnemental. Il a participé au développement de cette nouvelle technique d'inventaire au cours de son doctorat et a créé en 2011 le laboratoire SPYGEN.

Karine DELABRE

Karine DELABRE a obtenu un Doctorat de Biochimie et de Biologie Moléculaire en 1995 à l'Université Paris XI. Elle a rejoint VERI (Veolia Environnement Recherche et Innovation) en 1996 en tant que chercheur avec pour missions de développer de nouvelles méthodes de détection de bactéries pathogènes dans des échantillons d'eau. L'utilisation de la PCR a notamment permis de progresser dans ce domaine de l'analyse environnementale. Elle a géré de 2002 à 2009 le pôle « Analyses Microbiologiques » de VERI, pôle dont l'activité était focalisée sur le développement de méthodes d'analyse pour les paramètres microbiologiques en réponse aux besoins des différentes entités du groupe Veolia Environnement. En 2009, elle devient Expert « Risques Microbiologiques » au sein du département « Environnement et Santé » de VERI. Elle anime depuis 2005 le groupe de travail international « Pathogènes Emergents » dans le cadre du GWRC (Global Water Research Coalition).

Ses principales thématiques scientifiques d'intérêt sont :

- Les outils analytiques alternatifs pour l'analyse de microorganismes dans l'environnement (eau, matrices solides, air...),
- Les paramètres microbiologiques d'intérêt pour les filières de Veolia Environnement (Cryptosporidium, légionelles, virus, paramètres réglementaires...)
- Les enjeux liés à la microbiologie pour les filières de Veolia (production et distribution d'eau potable, compostage, qualité des eaux de baignade, tours aéroréfrigérantes, bioaérosols...),
- Gestion du risque microbiologique : application des concepts de « Water Safety Plans », d'analyse quantitative du risque microbiologique,
- La prévention des risques sanitaires pour les clients des services de Veolia, pour les salariés du groupe.

Zdravka DO QUANG

Zdravka DO QUANG travaille pour le groupe Suez Environnement depuis 18 ans. En tant qu'ingénieur chercheur, puis comme manager d'une équipe de recherche, elle est intervenue sur des sujets tels que le suivi qualité de l'eau, analyse industrielle et capteurs, les micro-polluants, la modélisation des flux hydrauliques et des procédés de traitement d'eau pour le contrôle des risques sanitaires et environnementaux. Elle est responsable du Pôle Analyse et Santé du CIRSEE, le principal centre de Recherche et d'Expertise de Suez Environnement depuis 2006. A la direction d'une équipe de 25 chercheurs, experts et techniciens elle a la responsabilité de la vision stratégique et de l'orientation technique et la réalisation des projets en support opérationnel au business, du pilotage de l'activité (objectifs et moyens), de la communication scientifique et de la gestion d'un réseau de partenaires internes et externes. En tant que expert technique elle participe également chaque année à des conférences internationales et des congrès scientifiques et intervient dans les contacts avec les media sur les questions sur la qualité de l'eau, les micro-polluants, la santé. Elle a publié plus d'une quarantaine d'articles scientifiques sur des sujets relatifs au traitement de l'eau potable et des eaux usées. Elle est membre actif des associations professionnelles telles que l'IOA (Association Internationale de l'Ozone) et l'IWA (International Water Association).

Elle est diplômée de l'ENSIACET (Toulouse) et a un Doctorat en Ingénierie du Traitement des Eaux de l'Institut National des Sciences Appliquées (INSA), Toulouse.

Anne Marie DELORT

Anne Marie Delort est Directrice de Recherche au CNRS, elle dirige l'Institut de Chimie de Clermont-Ferrand (UMR 6296 CNRS-Université Blaise Pascal-ENSCCF). Elle est également responsable de la section « Microbiologie industrielle et biotechnologies » de la SFM (Société Française de Microbiologie ».

Son expertise concerne l'étude du métabolisme microbien et se situe à l'interface entre la chimie et la biologie. Ses thèmes de recherche actuels sont centrés sur les microorganismes de l'atmosphère, et particulièrement des nuages :

- description de la biodiversité microbienne,
- rôle des microorganismes dans la transformation des composés organiques de l'atmosphère (chimie atmosphérique),
- rôle des microorganismes dans la formation des précipitations (microphysique des nuages),
- compréhension des mécanismes de résistances des microorganismes aux stress atmosphériques.

<http://iccf.univ-bpclermont.fr/spip.php?article396>

Alain DUMESTRE

Directeur Technique SERPOL SA (PME 130 p.)

Diplômé de l'ENSG, Ecole de Géologie de Nancy (Promotion 1992), Alain Dumestre débute sa carrière comme ingénieur de recherche chez Aluminium Pechiney dans le cadre d'un doctorat en Géosciences de l'environnement obtenu en 1995.

Après différentes expériences professionnelles, en France et aux Etats-Unis, il rejoint la société SERPOL en 1999, en tant que Chargé d'Affaires Diagnostic et Dépollution de Sites pollués. Ses missions s'orientent très vite vers l'innovation et le développement de nouvelles techniques de dépollution.

Il rejoint la Direction de SERPOL en 2006, en tant que Directeur Technique. Il occupe aujourd'hui le poste de Directeur Général Délégué, avec toujours une forte implication dans le développement technique et commercial de l'entreprise.

Stéphanie FERREIRA

Recherche et Développement, Société GenoScreen, Lille, France.

Stéphanie FERREIRA est Responsable du secteur de Recherche et Développement de la Société GenoScreen pour des applications de génomique en Santé Humaine et Environnement. Elle a obtenu son Doctorat en Sciences de la Santé en 2002 sur la caractérisation des voies physiopathologiques à l'origine des lésions cérébrales caractéristiques de la Maladie d'Alzheimer. Elle a ensuite intégré la Société GenoScreen pour initier un projet de Recherche et Développement sur la génétique de la Maladie d'Alzheimer en partenariat avec l'unité INSERM U774. Ce dernier portait sur l'utilisation des dernières technologies de pointe en génomique (séquençage de masse, transcriptomique sur puces ADN et géotypage de masse (GWAS)) pour identifier des marqueurs moléculaires d'intérêt et de nouveaux gènes cibles pour le diagnostic et la thérapeutique de la pathologie. Par la suite, elle a pris la Responsabilité du Service R&D qui a initié divers projets touchant des domaines d'applications tels que la Santé Humaine, la Microbiologie Infectieuse, la Microbiologie Environnementale et la Biodiversité afin de développer de nouvelles prestations de Services et /ou produits de destinés à la Recherche publique ou privée basés sur l'utilisation des dernières technologies en génomique. Aujourd'hui, elle se dédit, entre autres, au développement d'outils standardisés de Biologie Moléculaire pouvant répondre aux besoins des industriels du Secteur Environnement.

François GARRIDO

Responsable de l'Unité BioGéochimie Environnementale et Qualité de l'Eau au sein de la Direction Eau, Environnement et Ecotechnologies (D3E/BGE) du BRGM, Equipe de recherche pluridisciplinaire (30 chercheurs, doctorants et post-doctorants) associant géochimistes, hydrogéochimistes, microbiologistes et biologistes moléculaires.

Après une thèse de doctorat réalisée à l'INRA de Dijon sur les mécanismes biogéochimiques des sols contributeurs à la production de gaz à effet de serre, il a intégré le BRGM à Orléans en 2001. Chercheur en Géomicrobiologie, ses travaux ont été essentiellement consacrés à la caractérisation des processus biogéochimiques des sols (surface et sous-sol profond), des aquifères et des eaux souterraines impliqués dans la stabilité et le transfert de polluants, et au développement de bioprocédés de remédiation de milieux contaminés. Il a de plus contribué à animer au BRGM ces thématiques de recherche dans un contexte de gestion, de protection et de surveillance du

sol, du sous-sol et des aquifères en développant des approches pluridisciplinaires associant les outils et les approches de biologie moléculaire.

Il est actuellement membre nommé du Conseil Scientifique de l'INRA d'Orléans, membre du Comité Scientifique EC2CO MicrobiEn de l'INSU, membre du groupe thématique « Territoires et Ressources Naturelles » pour l'Alliance ALLENI du Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche, membre suppléant au Conseil d'Administration de la Fondation pour la Recherche sur la Biodiversité (FRB) et membre du Bureau du Réseau National Biofilms (RNB).

Emmanuelle GÉRARD

Ingénieure de Recherche en biologie (IR1) à l'Institut de Physique du Globe de Paris depuis décembre 2005.

Emmanuelle Gérard a une formation initiale de biologiste moléculaire et, à travers ses formations postdoctorales, est devenue experte dans la mise au point des techniques d'imagerie et d'identification microbienne dans des substrats minéraux, comme l'utilisation du FISH pour la microscopie électronique et la microscopie X ou le couplage entre la microscopie confocale à balayage laser et la spectroscopie Raman. Elle a de plus travaillé sur la caractérisation de la contamination microbienne des échantillons forés archéens. Elle pilote actuellement les analyses de diversité microbienne liées à l'étude de la réactivité de la biosphère profonde au niveau du site pilote d'injection du CO₂ de la centrale géothermique Heillish Heidi en Islande.

Jean-Jacques GODON

Directeur de Recherches - Thèse : Régulation génétique de la synthèse des acides aminés branchés chez Lactococcus lactis. Laboratoire de Génétique microbienne, INRA, Jouy en Josas.

Stage post-doctoral : Etude du facteur sexuel chez Lactococcus lactis. Institute of Food Research, Norwich, Angleterre.

Depuis 1994: INRA, Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement de Narbonne.

Thèmes de recherches

- Développement et optimisation d'outils moléculaires pour décrire la microbiologie des procédés de dépollution*
- Ecologie microbienne de la digestion anaérobie et des eaux usées*
- Diversité, stabilité et résilience des communautés microbiennes*
- Survie et dissémination des micro-organismes pathogènes dans les filières de dépollution*
- Microbiologie de l'air*

Cécile GRAND

Cécile Grand est chef de projets Sites et Sols Pollués depuis 2005 au sein du Service Friches Urbaines et sites Pollués (SFUSP) de l'Ademe. Elle a rejoint l'Agence en 2000 et a travaillé sur la classification des déchets dangereux en appui technique au Ministère en charge de l'Environnement pour la mise en application des Directives Européennes. Elle s'est progressivement orientée vers la conduite d'études et de travaux sur les sites pollués à responsable défaillant dont la maîtrise d'ouvrage est confiée à l'Ademe ainsi que la mise en œuvre d'actions de recherche dans le domaine de l'évaluation des risques pour les écosystèmes.

Les missions de maîtrise d'ouvrage dont elle a la charge consiste à définir les conditions techniques et financières de l'intervention de l'Ademe sur les sites à responsable défaillant et à suivre les opérations de diagnostics, surveillance et/ou traitement (déchets, sol et eau souterraine) sur ces mêmes sites.

Cécile Grand participe à la préparation et à la mise en œuvre de programmes d'actions et de recherche dans le domaine de l'évaluation des risques pour les écosystèmes sur les sites contaminés (méthode de caractérisation des expositions et des effets) et au développement d'outils de caractérisation biologique des sols et des eaux souterraines (de type bioindicateurs).

Danielle LANDO

Danielle Lando est titulaire d'un doctorat d'état obtenu à l'Institut Pasteur pour la recherche en virologie. Elle a effectué sa carrière dans l'industrie pharmaceutique ou elle a exercé des fonctions de chercheur en pharmacologie cellulaire et moléculaire avant de prendre la responsabilité des biotechnologies au sein de Roussel Claf devenu Aventis.

Elle a œuvré pour des rapprochements entre son entreprise et le secteur académique en soutenant des projets collaboratifs. Elle a été membre nommé au Comité National du CNRS de 1995 à 2000.

Depuis 2001, elle exerce des activités scientifiques bénévoles au sein d'Adebiotech et est actuellement vice Présidente d'Adebiotech.

Pierre LE CANN

De formation biologiste moléculaire, Pierre LE CANN a débuté sa carrière par l'étude de la contamination virale des coquillages à l'Ifremer comme cadre de recherche. Spécialisé dans les méthodes moléculaires de détection des microorganismes dans l'environnement, il a notamment développé la PCR quantitative en temps réel pour la recherche des astrovirus, virus impliqués dans les gastroentérites, dans les eaux usées et coquillages.

Depuis 2008, il est enseignant chercheur à l'Ecole des Hautes Etudes en Santé Publique en charge des enseignements de microbiologie auprès des ingénieurs sanitaires. Il est également responsable de l'Unité de Microbiologie du Laboratoire d'Etude et Recherche en Environnement et Santé (LERES). Ce laboratoire, plateforme technologique de l'Unité 1085 IRSET (Institut de Recherche en Santé Environnement Travail) de l'INSERM, a pour mission de développer des méthodes de mesures des contaminants dans l'environnement et d'assurer les analyses dans le cadre du contrôle sanitaire opéré par l'Agence Régionale de Santé.

Pierre LE CANN y a développé un axe de recherche sur l'étude du rôle des agents biologiques de l'environnement intérieur dans les pathologies respiratoires et s'est particulièrement intéressé aux méthodes moléculaires pour rechercher les moisissures dans l'air et les poussières des habitats en partenariat avec l'Environmental Protection Agency et l'Université de Cincinnati des Etats Unis. Il s'intéresse également aux méthodes de typage moléculaires rapides des microorganismes à travers l'étude de l'évolution spatio-temporelle des légionelles dans les réseaux d'eau chaude en utilisant la méthode MLVA (Multilocus Variable number of tandem repeats Analysis).

Anne-Sophie LEPEUPLE

Anne-Sophie Lepeuple est titulaire d'un Doctorat en Sciences Alimentaires obtenu en 1998 (Université Paris VII). Après deux ans passés en recherche & développement chez Yoplait, elle rejoint le Veolia Environnement en 2000 pour être chercheur en microbiologie puis devient Responsable de Pôle en 2002. Actuellement, elle est responsable du Pôle de Recherche « Biotechnologie & Agronomie » constitué d'une vingtaine de personnes.

Grégory MARANDAT

Concernant son cursus, il commença son parcours scientifique par un DUT Analyses Biologiques et Biochimiques à l'IUT d'Aubière, université de Clermont-Ferrand. Il obtiendra ensuite une licence de Biochimie à l'université de La Rochelle, puis enchainera par un master 1 Sciences de la Vie et de la Santé, et un master 2 professionnel Biotechnologie à l'université de Limoges.

Il effectua son stage de fin d'études, au sein du pôle Biotechnologie et Agronomie de VERI, concernant la mise en place d'outils moléculaires pour le suivi microbiologique de bioprocédés (RT-qPCR). Par la suite, dans le cadre d'une collaboration Irstea-VERI, Il fut engagé comme ingénieur d'études à Irstea Antony durant 9 mois, afin de développer le même type d'outil sur des bioréacteurs de digestion anaérobie.

Il réalise désormais un doctorat en microbiologie moléculaire, dans le cadre d'une nouvelle collaboration Irstea-VERI, sur le séquençage haut-débit de l'ARN d'échantillons environnementaux, ou approches métatranscriptomiques. Le développement de ces nouveaux outils a pour but d'optimiser les bioprocédés environnementaux, grâce à la caractérisation et l'étude de biomasses complexes impliquées dans la transformation de la matière organique.

Abel MAUNOURY

Ingénieur chimiste de formation (CPE Lyon 2005) - travaille dans le domaine des sites et sols pollués depuis 7 ans où il a réalisé de nombreuses études de faisabilités de traitements incluant notamment des processus de biodégradation in-situ et ex-situ. Au sein de TOTAL depuis 4 ans en tant que spécialiste sites et sols pollués et responsable de laboratoire au Pôle d'étude et de Recherche de Lacq (TOTAL EP/R&D), il dirige des études en laboratoire et sur site (pilotes de traitement) pour développer et valider des solutions innovantes de gestion des problématiques de pollution de sols et de nappe. Il intervient en support interne pour les sites industriels TOTAL et les directions Environnement du groupe. Domaines scientifiques : chimie, microbiologie, analyse des matrices sols et eaux souterraines, traitements in-situ, diagnostic de sites pollués.

Marina MOLETTA-DENAT

Marina Moletta-Denat est chargée de projet à INRA Transfert Environnement, Unité d'INRA Transfert, la filiale de valorisation de l'institut. Cette structure d'interface entre les laboratoires de Recherche publics et le monde

socio-économique, véritable centre de ressource technologique adossé au LBE, consacre son activité à la mise à disposition directe de services et de ressources auprès des acteurs du secteur des écotecnologies. Titulaire d'un doctorat en Ecologie Microbienne obtenu en 2005 pour ses travaux portant sur la caractérisation de la diversité microbienne des biogaz au Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement (LBE, Narbonne) de l'Institut National de la Recherche Agronomique (INRA), elle intègre ensuite le Centre Scientifique et Technique du Bâtiment dans le département Santé en tant que responsable du laboratoire de microbiologie moléculaire. Durant 6 ans, elle met en place le laboratoire de microbiologie moléculaire et coordonne des projets de recherche et développement sur le thème de la microbiologie des environnements intérieurs en particulier sur la qualité microbiologique de l'air et la caractérisation moléculaire par séquençage haut-débit des aérosols microbiens. Aujourd'hui chargée de projet à INRA Transfert Environnement, elle propose aux demandeurs des prestations analytiques de microbiologie basées sur les outils moléculaires, notamment, PCR quantitative en temps réel, empreinte moléculaire, indices de diversité, séquençage haut-débit et bioinformatique.

Jean-Michel MONIER

Jean-Michel Monier est titulaire d'un Doctorat en Science de l'Environnement de l'Université de Berkeley et cofondateur de la société ENOVEO. Après 10 années de recherche en Microbiologie et Génomique Environnementale dans le secteur public, il rejoint ENOVEO en 2012 en tant que responsable scientifique et coordinateur du développement de biocapteurs environnementaux.

Dominique MORIN

After an education as Chemical Engineer, Dominique Morin obtained his PhD degree at the School of Mines of Paris. He started his career at BRGM in 1983 as research engineer in the processing of primary resources of non-ferrous metals. In 1987, he specialised in the field of biohydrometallurgy and biotechnologies for environmental remediation. At BRGM, he implemented a research programme focussed on the use of microbiological processes for the remediation of soils, water and contaminated wastes, and the production of metals from primary and secondary resources. As an achievement in the latter area, he led the development work and the implementation of the industrial installation of bioleaching of cobaltiferrous pyrite of Kasese, Uganda. Recently, he was general coordinator of a large European project on biohydrometallurgy (40 partners, 15 countries) during four years from 2004 to 2008 (BioMinE: <http://www.biomine.brgm.fr>). During ten years, he led a team of 20 research engineers developing ecotechnologies in environment, mineral processing and applied geomicrobiology until September 2010. Presently, he is in charge of Innovation Development and Intellectual Property protection at the Corporate Strategic Directorate of BRGM.

After an education as Chemical Engineer, Dominique Morin obtained his PhD degree at the School of Mines of Paris. He started his career at BRGM in 1983 as research engineer in the processing of primary resources of non-ferrous metals. In 1987, he specialised in the field of biohydrometallurgy and biotechnologies for environmental remediation. At BRGM, he implemented a research programme focussed on the use of microbiological processes for the remediation of soils, water and contaminated wastes, and the production of metals from primary and secondary resources. As an achievement in the latter area, he led the development work and the implementation of the industrial installation of bioleaching of cobaltiferrous pyrite of Kasese, Uganda. Recently, he was general coordinator of a large European project on biohydrometallurgy (40 partners, 15 countries) during four years from 2004 to 2008 (BioMinE: <http://www.biomine.brgm.fr>). During ten years, he led a team of 20 research engineers developing ecotechnologies in environment, mineral processing and applied geomicrobiology until September 2010. Presently, he is in charge of Innovation Development and Intellectual Property protection at the Corporate Strategic Directorate of BRGM.

Bernard OLLIVIER

Grade : Directeur de Recherche 1ère classe IRD

Fonction : Directeur adjoint de l'Institut Méditerranéen d'Océanologie (MIO ; UM110) et Responsable avec Patricia Bonin de l'équipe MEB du MIO

Thèmes de recherche : Ecologie microbienne de la digestion anaérobie. Biogaz Microbiologie et écologie microbienne des écosystèmes extrêmes (environnements hypersalés, systèmes hydrothermaux (i) marins profonds, (ii) alcalins, (iii) terrestres, eaux de gisements pétroliers).

Arnaud PARENTY

Arnaud Parenty, Chargé d'affaires du pôle de compétitivité TEAM2

De chimiste de formation complété par un MBA, Arnaud Parenty a participé à de nombreux travaux de recherche dans le domaine de la chimie et des biotechnologies à la fois au sein d'organismes de recherche académiques comme le CNRS, le CEA ou l'IRD mais également dans des start-ups comme les sociétés de biotechnologies Libragen et AlzProtect.

Depuis 2012, Arnaud a rejoint le pôle de compétitivité TEAM2 dédié l'innovation pour l'économie circulaire et plus particulièrement le recyclage et la valorisation des déchets. Dans ce cadre, il accompagne des entreprises, laboratoires dans le développement de projets collaboratifs innovants notamment sur la thématique de la valorisation des déchets minéraux (dont les sédiments et les sols pollués) mais aussi sur les déchets plastiques et organiques et les métaux rares et précieux.

Nicolas POULET

Après une thèse en écologie des populations piscicoles à Irstea (ex Cemagref), Nicolas Poulet entre à la Direction de l'Action Scientifique et Technique de l'Office National de l'Eau et des Milieux Aquatique (Onema) en tant que chargé de mission « écologie des organismes aquatiques ». En partenariat avec différents organismes de recherches, il coordonne des projets de recherche et développement sur la biodiversité aquatique ; entre autres, il développe la thématique sur les espèces aquatiques invasives en fondant en partenariat avec Irstea, le Groupe de Travail National « Invasions Biologiques en Milieu Aquatique ».

Lionel RANJARD

Après une thèse de doctorat soutenue en 1999 à l'université Claude Bernard (Lyon I) en écologie microbienne du sol et un post doctorat en génétique bactérienne, Lionel Ranjard a intégré le laboratoire de Microbiologie du Sol et de l'Environnement en 2001. Sa thématique de recherche est de mieux définir et comprendre la dynamique et l'assemblage des communautés microbiennes telluriques en fonction des perturbations environnementales. Dans ce contexte, il a participé au développement de nombreux outils d'écologie moléculaire permettant la caractérisation de la densité et de la diversité des communautés indigènes. Dans ce contexte, il a ainsi créé une équipe au sein de l'UMR MSE avec PA Maron, portant sur l'écologie des communautés microbiennes telluriques en termes de diversité taxonomique et de traduction de cette diversité en fonctionnement biologique du sol et plus largement en services écosystémiques. Après avoir étudié les variations des communautés microbiennes sur de nombreux sites expérimentaux de l'INRA ainsi que sur des expérimentations en contions contrôlées, il a mis en place dès 2006 une stratégie d'étude des communautés microbiennes sur les sols du RMQS (réseau de mesure de la qualité des sols, projet ECOMIC-RMQS). Une telle approche lui a permis d'intégrer les grandes échelles spatiales en écologie des communautés et ainsi d'aborder les concepts de biogéographie mais aussi d'augmenter significativement la généralité des résultats obtenus à propos de l'assemblage des communautés telluriques. En parallèle, il a participé à la création de la plateforme GenoSol, dont il est le directeur scientifique, qui a permis d'augmenter significativement les capacités logistiques et techniques pour répondre aux enjeux et challenges du projet ECOMIC-RMQS. A ce jour cette plateforme représente le premier Centre de Ressource Génétique sur les sols par la conservation de plusieurs milliers de métagénomés microbiens des sols issus de grands échantillonnages (RMQS, ORE, réseaux de sites, LTO EU...). Après avoir optimisé les analyses en moyen débit de la densité et du génotypage des communautés microbiennes, la plateforme GenoSol est actuellement impliquée dans le développement d'un pipeline d'analyses bioinformatiques pour gérer les inventaires taxonomiques microbiens des sols obtenus par pyroséquençage des gènes ribosomiques. Les perspectives de recherche sont d'une part, d'ordre scientifique en initiant le lien entre la diversité microbienne à grande échelle et le fonctionnement biologique du sol centré sur le cycle du carbone (projet CARBOMIC-RMQS) et d'autre part, d'ordre finalisé avec le développement de bioindicateurs microbiens de l'état biologique des sols pour une meilleure évaluation environnementale des pratiques agricoles (projet CASDAR AgrInnov, projet Bioindcatuers ADEME).

Olivier SIBOURG

Avec plus de 15 années d'expérience dans le domaine des sites et sols pollués, Olivier Sibourg est actuellement gérant de la société ENOVEO basée à Lyon.

Chimiste de formation, il a exercé différentes responsabilités au sein d'équipes de recherche et développement sur les techniques de traitement des sols et nappes phréatiques impactés par différents polluants tels que les hydrocarbures, les PolyChloroBiphényles (PCB), les solvants chlorés, les composés aromatiques volatils et autres molécules persistantes dans l'environnement.

Avant de créer ENOVEO, il a dirigé un laboratoire d'analyses chimiques composé d'une centaine de personnes durant 5 ans.

Aujourd'hui, au sein d'ENOVEO, il met à profit cette expérience afin de proposer des approches innovantes liant la biologie moléculaire et l'expertise aux services des sites et sols pollués.

Valérie TANCHOU

Valérie TANCHOU est chef de laboratoire au CEA Marcoule - DSV / iBEB / SBTN Laboratoire de Détection et de Caractérisation des Agents du risque Environnemental

- *1993 : Doctorat de Pharmacologie Moléculaire et Cellulaire (Paris VI)*
- *1994-1998: Chercheur post-doctorant : Laboratoire: Virologie Humaine (INSERM U412)- Ecole Normale Supérieure de Lyon*
- *1999- 2000: Chercheur Ingénieur R&D : Service Recherche et Nouvelles Technologies - Cis Bio International - Marcoule*
- *2000-2006: Chef de projet : DSV - DIEP - SBTN - CEA - Marcoule*
- *2007-2013 : Chef de Laboratoire : DSV - iBEB -SBTN -LDCAE - CEA Marcoule*

Catherine TRUFFERT

Après avoir soutenu un doctorat en géologie et géophysique en 1992 à l'Ecole Normale Supérieure au Laboratoire de Géodynamique, Catherine Truffert a suivi une formation postdoctorale à l'IFP. Elle est embauchée au BRGM en 1993 dans le cadre du programme national GéoGrance3D pour lequel sa double formation géologie/géophysique est requise.

De 1994 à 2000, Catherine Truffert s'est consacrée principalement à la géophysique destinée à la cartographie géologique et à l'exploration des ressources naturelles (géophysique aéroportée dont magnétisme et radiométrie spectrale gamma, études gravimétriques, traitement de données sismiques et intégration de données multi-sources dans un référentiel 3D). De 2000 à 2002, elle pilote une unité de recherche, puis en 2007, elle est nommée Chef du service Géologie du BRGM après avoir assisté pendant plus de quatre ans le précédent responsable dans le rôle d'adjoint.

Elle a mené plusieurs projets dédiés à l'amélioration de la connaissance géologique en France et sur le continent africain (Mali, Guinée, Namibie, Gabon et Madagascar) et a contribué à des cycles de formations, en France et en Afrique, sur l'acquisition de données de géophysique aéroportée et leur interprétation dans un référentiel 3D.

Elle est l'auteur d'environ 50 publications sur des modèles géodynamiques et des interprétations géologiques et géophysiques. Elle publie en 2007 un brevet international en géophysique sur les "méthodes d'acquisition et les processus de données de magnétométrie par mise à jour locale en temps réel ».

Catherine Truffert est actuellement Directrice de la Recherche du BRGM dont le champ thématique comprend la géologie, les ressources minérales, la géothermie, le stockage géologique du CO₂, l'eau, l'après-mine, les risques naturels, les sols pollués et déchets, la métrologie et les systèmes d'information. Elle organise à ce titre la programmation des activités de recherche de l'établissement composée de projets collaboratifs (subventionnés ou non) et de projets propres. Elle contribue au montage des grands projets en concertation étroite avec les équipes opérationnelles.

Claude VAUCHIER

Claude Vauchier a été diplômé de l'Ecole Nationale de Chimie de Montpellier en 1979 et de l'Institut Supérieur de Gestion de Paris en 1981. Il a commencé sa carrière au Laboratoire Central de Recherche (LCR) de Thomson-CSF à Orsay, dans un laboratoire dédié à la synthèse chimique pour la micro-électronique. En 1984, il rejoint le CEA- Leti à Grenoble, où il a d'abord été en charge du développement de nouveaux composés cristaux liquides pour l'application écran plat LCD. A partir de 1989, il a travaillé dans le domaine des microcapteurs chimiques (microcapteur catalytique de méthane pour application domestique, capteurs gaz à semi-conducteurs en couches minces, capteur IR pour la détection de l'éthanol). En 1997, il a été en charge de mettre en place le laboratoire Microsystèmes pour la Biologie dont l'objectif était d'associer microtechnologies et biologie pour développer de nouveaux outils pour le diagnostic in-vitro. Dans ce cadre, il a été impliqué dans différents projets de développements de puces à ADN, de « laboratoire sur puce » pour le diagnostic médical, et de dispositifs implantés. Depuis 2004, il est en charge des programmes microsystèmes pour l'analyse biologique et chimique. Après avoir développé l'activité diagnostic médical, il a étendu le champ d'application des microsystèmes vers le monitoring environnemental et la sécurité et plus récemment sur le contrôle de procédé appliqué à l'industrie pharmaceutique.

Timothy M. VOGEL

Le professeur Timothy M. VOGEL (PhD, Stanford University), ingénieur travaille depuis 30 ans dans le domaine de la dégradation biologique des polluants, aux USA d'abord puis en France avec plus de 80 publications scientifiques, plus de 100 conférences invitées. Les étudiants qu'il a formés occupent maintenant des positions de professeur, de maître de conférence, d'ingénieur dans les entreprises de conseil et traitement de l'eau et du sol en France et à l'étranger. Depuis 2000, le professeur VOGEL met en œuvre des approches de biologie moléculaire pour mieux appréhender les possibilités des microorganismes pour la dépollution des eaux et sols/sites pollués par des composés pétroliers et chlorés. Ses travaux en génomique microbienne environnementale combinent volets de la recherche fondamentale (étude du remodelage et du transfert horizontal des gènes) à ceux de ses applications (détection des gènes codant les enzymes responsables de la dégradation des polluants, séquençage à haut débit, génomique et métagénomique, contrôle de procédés).

Le professeur Timothy M. VOGEL enseigne actuellement à l'Université de Lyon : Université Claude Bernard LYON 1, Villeurbanne et l'École Centrale de Lyon, Écully, France

Nathalie WÉRY

Evaluation de la zone impactée par les bioaérosols lors du compostage industriel : utilisation d'outils moléculaires pour la surveillance de l'air extérieur

Ingénieure de l'INSA de Toulouse, Nathalie Wéry a réalisé une thèse (IFREMER de Brest) et un post-doctorat (University of Bath, Angleterre) sur l'écologie des microorganismes extrêmophiles (sources hydrothermales abyssales, sol de l'Antarctique) et leur potentiel biotechnologique (activités enzymatiques).

En 2003, elle intègre l'équipe d'Ecologie Microbienne du Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement (INRA, Narbonne). Ses recherches au LBE ont pour objectif d'étudier le comportement des pathogènes lors du traitement biologique des déchets (traitement des eaux usées et recyclage, digestion anaérobie, compostage), leur dissémination et leur survie dans les milieux récepteurs (eau, sol, atmosphère). Ses travaux s'appuient sur l'utilisation des outils moléculaires pour décrire la diversité microbienne et tracer les microorganismes étudiés.

L'objectif finalisé de ces recherches est de mieux maîtriser le risque microbien sur les filières de traitement et de valorisation des déchets, en identifiant des leviers d'action pour améliorer l'hygiénisation et limiter la dissémination des pathogènes.

Sponsors

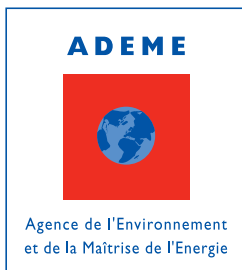
ADEME

Bertin Technologies

BRGM

Ceeram

**Veolia
Environnement**



L'ADEME EN BREF

L'Agence de l'Environnement et de la Maîtrise de l'Energie (ADEME) participe à la mise en œuvre des politiques publiques dans les domaines de l'environnement, de l'énergie et du développement durable. Afin de leur permettre de progresser dans leur démarche environnementale, l'agence met à disposition des entreprises, des collectivités locales, des pouvoirs publics et du grand public, ses capacités d'expertise et de conseil. Elle aide en outre au financement de projets, de la recherche à la mise en œuvre et ce, dans les domaines suivants : la gestion des déchets, la préservation des sols, l'efficacité énergétique et les énergies renouvelables, la qualité de l'air et la lutte contre le bruit.

L'ADEME est un établissement public sous la tutelle du ministère de l'écologie, du développement durable et de l'énergie et du ministère de l'enseignement supérieur et de la recherche. www.ademe.fr



Bertin Technologies is an international leader company in multi-disciplinary sectors including Defense, Aerospace, Environment & Energy and especially in the fields of Pharmaceuticals and Life Sciences. With a global expertise in Life Sciences, the company offers a full range of Laboratory equipment with two different ranges designed for biological sample preparation (Precellys®) and air contamination control (Coriolis®).

Bertin Technologies has a vast network of 50 distributors worldwide and headquartered in France and offices in Maryland, USA in order to quickly meet all the customers' requests.

Coriolis® is a range of biological air samplers for air contamination control. The Coriolis® technology gives access to rapid microbiology methods (RMM) and to rapid and sensitive type of analyses, especially in the case of specific pathogens monitoring.

- Coriolis® μ : air sampling equipment designed for hospitals, pharmaceutical industries, offices, houses and others indoor/outdoor applications.
- Coriolis® Recon: microbial air sampler dedicated to CBRN and First Responder Teams for biological agents detection.

Bertin Technologies est une société leader internationale dans les secteurs multi-disciplinaires de la Défense, l'Aérospatial, l'Environnement et l'Énergie et en particulier dans les Sciences de la vie.

Avec une expertise globale en Sciences de la vie, Bertin propose une gamme complète d'équipements de laboratoire avec deux gammes différentes conçues pour la préparation d'échantillons biologiques (Precellys®) et le contrôle de la contamination aérienne (Coriolis®).

Bertin Technologies dispose d'un vaste réseau mondial de 50 distributeurs. Son siège social est basé en France et dispose de bureaux dans le Maryland, États-Unis afin de répondre rapidement à toutes les demandes des clients.

Coriolis® est une gamme d'échantillonneurs d'air biologiques pour le contrôle de la contamination atmosphérique. La technologie Coriolis® donne accès à des méthodes microbiologiques rapides (RMM) et à des analyses de type rapide et sensible, en particulier dans le cas de la surveillance des agents pathogènes spécifiques.

- Coriolis® μ : biocollecteur d'air conçu pour les hôpitaux, les industries pharmaceutiques, les bureaux, les maisons et autres applications en intérieur / extérieur.
- Coriolis® Recon: échantillonneur d'air microbien dédié aux équipes CBRN et aux premiers intervenants pour la détection des agents biologiques.



Le BRGM, service géologique national

Le BRGM (Bureau de Recherches Géologiques et Minières) est l'établissement public de référence dans les applications des sciences de la Terre pour gérer les ressources et les risques du sol et du sous-sol. C'est un établissement public à caractère industriel et commercial (EPIC). Il est placé sous la tutelle du ministre de l'Enseignement supérieur et de la Recherche, du ministre de l'Écologie, du Développement durable et de l'Énergie et du ministre du Redressement productif.

Le BRGM poursuit deux objectifs :

- Comprendre les phénomènes géologiques et les risques associés, développer des méthodologies et des techniques nouvelles, produire et diffuser des données de qualité.
- Développer et mettre à disposition les outils nécessaires à la gestion du sol, du sous-sol et des ressources, à la prévention des risques naturels et des pollutions, aux politiques de réponse au changement climatique.

Les actions du BRGM s'articulent autour de **5 missions** :

- **Recherche scientifique** : La recherche scientifique du BRGM a pour objectif la connaissance géologique et la compréhension des phénomènes liés au sol et au sous-sol. Avec un enjeu majeur : répondre aux défis des changements globaux.
- **Appui aux politiques publiques** : La mission d'appui aux politiques publiques du BRGM regroupe l'ensemble des actions d'expertise, de surveillance et d'étude menées en soutien des politiques publiques.
- **Coopération internationale** : Avec plus de 200 projets chaque année dans plus de 40 pays, le BRGM intervient à l'international pour la protection durable des populations et des ressources.
- **Sécurité minière** : L'État a confié au BRGM, depuis 2006, la surveillance et les actions de prévention des pollutions et des risques des anciens sites miniers. Le BRGM est maître d'ouvrage délégué pour les travaux de mise en sécurité.
- **Formation** : Le BRGM assure la diffusion de ses compétences scientifiques et techniques par des actions de formation :
 - ☐ Formation supérieure diplômante dans le domaine des ressources minérales, à travers l'École nationale d'applications des géosciences (Enag) ;
 - ☐ Formation professionnelle continue dans tous les domaines des géosciences, avec BRGM Formation.

Autour de la géologie, son cœur de métier, le BRGM développe une expertise dans le secteur de la gestion des ressources, de la maîtrise des risques et des écotecnologies innovantes. Cette activité s'articule en **10 grands domaines d'activité**, destinées à répondre aux différents enjeux industriels et sociétaux : géologie, ressources minérales, géothermie, stockage géologique du CO₂, eau, après-mine, risques, sites et sols pollués / déchets, métrologie et laboratoires, systèmes d'information.

Au sein de la plupart de ces grands domaines d'activité, les activités scientifiques du BRGM sont réalisées en mobilisant des approches pluridisciplinaires parmi lesquelles la microbiologie et la biologie moléculaire sont intégrées et développées. Ceci constitue l'une des missions de **l'Unité Bio-Géochimie Environnementale et Qualité de l'Eau de la Direction Eau, Environnement et Ecotechnologies du BRGM** (Unité D3E/BGE ; Responsable : F. Garrido).

Les missions principales de cette Unité D3E/BGE sont l'identification, la compréhension et la modélisation des mécanismes microbiologiques et géochimiques qui contrôlent la qualité de l'eau, la mobilité, la transformation et/ou la dégradation des polluants anthropiques ou géogéniques (organiques, inorganiques, Eléments Traces Métalliques et métalloïdes, nanoparticules, émergents), dans les sols, l'eau souterraine, les environnements pollués et les déchets. L'unité mène une activité d'évaluation de la qualité des eaux souterraines, d'identification de l'origine des contaminants, et de l'impact sur la qualité des eaux de surface et des écosystèmes associés, à l'échelle des hydrosystèmes. L'Unité conduit des activités de bio-géochimie expérimentale multi-échelles (du laboratoire au site) et de modélisation. L'expérimental en **microbiologie et biologie moléculaire** vise à caractériser la biodiversité et les fonctions des populations microbiennes des environnements pollués mais également du sous-sol et des aquifères. L'Unité développe des approches de modélisation thermocinétique et bio-géochimique afin de prédire le transfert réactif des contaminants dans les milieux (sols, sédiments, aquifères) en considérant les spécificités des zones non saturées et saturée en eau du sous-sol. Cette connaissance des mécanismes biogéochimiques est essentielle pour comprendre le fonctionnement d'un site, d'une masse d'eau souterraine ou hydrosystème, pour développer des modèles bio-géochimiques et pour proposer les mesures de gestion appropriées: modélisation prédictive et plans d'action pour la préservation et la restauration des milieux dont les eaux souterraines.

Les compétences en microbiologie de l'unité sont également mobilisées sur des thématiques transverses comme la gestion durable du proche sous-sol (régolithe) et du sous-sol profond (stockage géologique de CO₂, comportement des réservoirs pétroliers ou des gisements de charbons, etc.) ainsi que les impacts potentiels de ces stockages sur la qualité des ressources en eau. Les avancées dans la compréhension de l'activité microbienne couplée aux phénomènes géochimiques servent de base au développement (1) d'outils de surveillance des eaux souterraines, des environnements pollués et (2) de procédés innovants de traitement des effluents pollués, exhaures, sols, sédiments ainsi que de déchets, voire des eaux souterraines par des techniques de traitements *in situ*. Les compétences en microbiologie permettent également des développements innovants en matière de gestion durable du proche sous-sol (régolithe) et du sous-sol profond ainsi qu'en matière de valorisation de ressources minérales par voie biohydrométallurgique.

Le BRGM est certifié ISO 9001 (Qualité) depuis 2004, et ISO 14001 (Environnement) depuis 2012. Ses laboratoires sont accrédités par le COFRAC. Le BRGM est l'un des instituts Carnot.



Ceeram, votre partenaire en Environnement

Ceeram, laboratoire privé certifié ISO 9001 et ISO 13485, spécialiste en biologie moléculaire, est un acteur incontournable dans la maîtrise des risques microbiologiques.



Seule entreprise française au sein du Consortium Européen AQUAVALENS (<http://www.ceeram.com/aquavalens-fp7-ceeramtools.html>), Ceeram mène des travaux scientifiques, qui portent sur la protection de la santé publique par l'amélioration des méthodes de détection des pathogènes dans l'eau de boisson et de préparation des aliments.

Ceeram développe et fabrique une gamme de produits commercialisés sous la marque ceeramTOOLS™ (kits de détection, kits de génotypage, kits de Microbial Source Tracking) propre à répondre aux attentes des professionnels exigeants de la filière Environnement. Entre autres outils, des kits ceeramTOOLS™ sont disponibles pour la détection, l'identification et la quantification des VIRUS entériques, mais aussi des parasites et amibes [www.ceeramtools.com].



Associé à un partenaire expert en bioinformatique - la société biomanda [www.biomanda.com] - Ceeram vous accompagne tout au long de votre projet, en vous apportant la solution clé en main, en accord avec vos attentes, dans le respect des délais et de la confidentialité.

Les solutions du Ceeram pour répondre à vos attentes

- Kits de biologie moléculaire
 - Microbial Source Tracking (bacteriophage + bacteroides)
 - Virus (norovirus, rotavirus, entérovirus, virus de l'hépatite E,...)
 - Parasites (entamoeba, cryptosporidium, giardia,...)
 - Bactéries (S. aureus, L. pneumophila, ...) : typage MLVA
- Microséquençage + Génotypage
 - 16S - Bactérie
 - D2LSU - Moisissures, Levures
- R&D
 - Recherche et Développement à façon
 - Valorisation de vos outils développés en propre



CEERAM S.A.S. • 1, allée de la Filée • 44244 La Chapelle sur Erdre Cedex • France
Tél. : +33 (0)2 40 84 25 39 • Fax +33 (0)2 40 89 45 62
• contact@ceeram.com • www.ceeram.com • www.ceeramtools.com
• APE 7120 B • N° TVA FR 88483083176 - Siren 483 083 176 RCS Nantes • Capital 1 214 812 euros



**La Recherche & Innovation :
Au cœur de la stratégie de Veolia Environnement**

Les activités de Veolia Environnement se situent à la convergence de plusieurs défis majeurs du monde moderne : explosion démographique et urbanisation, raréfaction des ressources, accès à l'eau, lutte contre le changement climatique. La résolution de ces défis requiert aujourd'hui une dimension industrielle et technologique globale. **Cette approche transversale est au cœur des réflexions et de la démarche de la Recherche et Innovation (R&I) de Veolia Environnement.**

C'est en s'appuyant pleinement sur l'inventivité de ses équipes de recherche que le Groupe entend répondre au défi environnemental, en proposant des solutions innovantes, performantes en termes économiques et environnementaux et accessibles en termes de coût.

Préserver les ressources naturelles, limiter les impacts sur les milieux naturels, réduire les émissions de gaz à effet de serre, gérer durablement le développement urbain : tels sont les grands axes qui mobilisent la R&I de Veolia Environnement aujourd'hui.

Dans ce cadre, la lutte contre le changement climatique figure également au premier rang des priorités. Les efforts de recherche portent essentiellement sur l'optimisation énergétique des installations du Groupe, le développement des énergies alternatives (bioénergies, biomasse, valorisation des déchets, carburants alternatifs), le dessalement de l'eau de mer et l'amélioration des procédés de traitement, le suivi de la qualité de l'eau potable, la prévention des contaminations microbiologiques, le recyclage et la valorisation des déchets, l'amélioration des services d'autopartage, la gestion intelligente des villes et de ses différents flux grâce aux technologies de l'information.

Les savoir-faire et les technologies du Groupe développés dans chacun de ses domaines constituent des facteurs différenciants clés. De par leurs complémentarités, ils sont aussi un atout unique du Groupe pour inventer à la croisée des métiers et dessiner les services à l'environnement de demain.

Ces efforts d'innovation s'appuient sur un réseau d'experts d'excellence au niveau international. Fort de cette intelligence des marchés et des besoins, l'application des programmes de recherche à des sites d'études répartis à travers le monde permet à Veolia Environnement d'apporter des réponses créatives à des problématiques et des contextes locaux bien spécifiques et adaptables à d'autres régions du monde.

Les chiffres clés de la Recherche et Innovation

- 900 experts au sein du Groupe : 450 chercheurs et 450 développeurs terrain,
- 3 centres de recherche en France spécialisés dans l'eau, la propreté, l'énergie fonctionnant en réseau (Maisons-Laffitte, Limay, Saint-Maurice),
- 4 centres internationaux spécialisés (Berlin : Ressource en eau / Varsovie : Réseaux de chaleur / Pékin ; Polluants émergents / Singapour : Centre d'excellence - Modélisation urbaine)
- 4 plates-formes d'essais (Eau Potable / Eaux usées municipales/ Tri /Dessalement)
- 250 pilotes de recherche pour valider et fiabiliser les technologies
- 220 partenaires internationaux académiques et industriels
- 5 chaires de recherche (Mathématiques & biodiversité / Analyse du Cycle de Vie / Hydrosociétés / Radar Météo / Gaz à Effet de Serre)
- Participation à 20 pôles de compétitivité et 5 programmes d'investissement d'avenir
- + de 2000 brevets déposés

Stands



Liste des Participants

Pierre..... AMATO CNRS
Khalil..... ARAR..... SIGMA-ALDRICH
Eléonore..... ATTARD..... UNIV. DE PAU ET DES PAYS DE L'ADOUR
Lydie..... AUGER..... BREST MÉTROPOLE OCÉANE
Yves..... BENOIT IFP ENERGIES NOUVELLES
Claire..... BERNARDIN..... UNIVERSITE LYON 1
Stéphane..... BERTHEZENE..... BIOLINE
Sylvie..... BETAT..... LABORATOIRES DES PYRENEES ET DES LANDES
Ariane..... BIZE..... IRSTEA
Didier..... BLAHA..... UNIVERSITE LYON 1
Céline..... BLANC..... BRGM D3E/DIR
Anne-Laure..... BLIEUX..... GENOBIOME (WELIENCE- INRA TRANSFERT)
Théodore..... BOUCHEZ..... IRSTEA
Christian..... BRIAND..... BPIFRANCE
Philippe..... BROUTIN..... CVT ALLENI
Catherine..... BRUTESCO..... CEA CADARACHE
Dominique..... BUFFARD..... UNIVERSITE PARIS DIDEROT
Florence..... CARRE..... INERIS
Anne-Sophie..... CARRESE..... BPI FRANCE INVESTISSEMENT
Pierre..... CHAGVARDIEFF..... CEA
Olivier..... CHAPLEUR..... IRSTEA
Franck..... CHATIGNY..... CEERAM
Semcheddine..... CHERRAD..... CONIDIA
Thierry..... CHESNOT EUROFINS EXPERTISES ENVIRONNEMENTALES
Mathilde..... CHEUCLE..... SERPOL SA
Nathalie..... CHEVIRON..... INRA
Chantal..... COMPERE..... IFREMER
Sophie..... COURTOIS..... SUEZ ENVIRONNEMENT
Pierre-Olivier..... CUOC..... PROMEGA
Isabelle..... CUOC..... KALLISTEM
Tony..... DEJEAN..... SPYGEN
Karine..... DELABRE..... VERI
Olivier..... DELMAS..... INERIS
Isabelle..... DEPORTES..... ADEME
Samuel..... DEQUIEDT..... INRA
Valérie..... DESJARDIN..... INSA DE LYON-LGCIE
Zdravka..... DO QUANG..... SUEZ ENVIRONNEMENT - CIRSEE
Maxime..... DOOMS..... LGCIE - INSA LYON
Nathalie..... DORFLIGER..... BRGM / D3E-DIR
Sylvie..... DUBROU..... DASES
Yves..... DUCLOS..... ADEME
Alain..... DUMESTRE..... SERPOL SA
Frédérique..... DUTHOIT..... IUT GÉNIE BIOLOGIQUE

Abdellatif.....	EL M'SELMI.....	ECOLE DE BIOLOGIE INDUSTRIELLE
Loïc.....	ESTURILLO.....	CEA
Eric.....	EZAN.....	CEA/DSV/IBEB/SBTN
Delphine.....	FAYOL.....	BERTIN TECHNOLOGIES
Lise.....	FECHNER.....	IRSTEA
Alexandre.....	FELK.....	TECORA
Stéphanie.....	FERREIRA.....	GENOSCREEN
Michel.....	FRANCK.....	VETAGRO SUP LYON
CHRISTOPHE.....	GANGNEUX.....	ESITPA - ECOLE D'INGÉNIEURS EN AGRICULTURE
Daniel.....	GARCIA.....	CEA
Julien.....	GARDÈS.....	BIOMANDA
Francis.....	GARRIDO.....	BRGM
Carole.....	GAÜZERE.....	AELORVE SAS
Jean-Yves.....	GEORGES.....	CNRS
Emmanuelle.....	GÉRARD.....	IPGP
Nicolas.....	GINET.....	UMR 7265 CEA/ CNRS / AIX-MARSEILLE UNIV.
Olivier.....	GIRINSKY.....	SUPBIOTECH
Jean-Jacques.....	GODON.....	INRA
Jean-Noël.....	GOUZE.....	GENBIOTECH
Cécile.....	GRAND.....	ADEME
Delphine.....	GUILLEBAULT.....	OBS. OCÉANOLGIQUE DE BANYULS SUR MER
Sylvie.....	HALLIER-SOULIER.....	PALL GENEDISC TECHNOLOGIES
Jennifer.....	HELLAL.....	BRGM / D3E-BGE
Guillermina.....	HERNANDEZ-RAQUET.....	INRA- LISBP - UNIV. DE TOULOUSE
Pierre.....	JEANNIN.....	SANOFI
Mohamed.....	JEBBAR.....	UNIV. DE BREST
Christine.....	JIMONET.....	CEA
Catherine.....	JOULIAN.....	BRGM / D3E-BGE
Véronique.....	LE BERRE.....	INSA - LISBP
Matthieu.....	LE BRUN.....	EDF R&D
Pierre.....	LE CANN.....	EHESP
Benoit.....	LEBEA.....	CEERAM
Frédéric.....	LEHEMBRE.....	CNRS/INP-G
Stéphan.....	LEHUEDE.....	KALLISTEM
David.....	LEJON.....	POLE ECOTOX
Diane.....	LEMENAGER.....	TIMAC AGRO INTERNATIONAL
Philippe.....	LENCEL.....	IUT CALAIS BOULOGNE
Anne-Sophie.....	LEPEUPLE.....	VEOLIA VERI
Anne.....	LIAUBET.....	ROCHE DIAGNOSTICS
Yi-Mei.....	LIU.....	IDIL FIBRES OPTIQUES
Christine.....	LORS.....	ECOLE NAT. SUP. DES MINES DE DOUAI
Jean.....	MALINGE.....	TOTAL EP
Grégory.....	MARANDAT.....	VERI - IRSTEA
Céline.....	MARTINEZ.....	SANOFI
Abel.....	MAUNOURY.....	TOTAL
Florence.....	MENARD-SZCZEBARA.....	L'OREAL R&I

Agnès MIHAJLOVSKI IUT DE CERGY-PONTOISE
 Marina MOLETTA-DENAT INRA TRANSFERT ENVIRONNEMENT
 Jean-Michel MONIER ENOVEO
 Dominique MORIN BRGM
 Philippe NAMOUR ISA/IRSTEA
 Najat NASSR RITTMO AGROENVIRONNEMENT
 MARIE-PAULE NORINI ESITPA - ECOLE D'INGÉNIEURS EN AGRICULTURE
 France NORMAND PLESSIER BASE BIOTECHNOLOGIE FRANCE
 Bernard OLLIVIER MIO/IRD
 Salma OUALI INSA DE LYON - LGCIE
 Andreas PARDIGOL EUROFINS ANALYTICS FRANCE
 Arnaud PARENTY PÔLE DE COMPÉTITIVITÉ TEAM2
 Stéphane PERENNES LABORATOIRES DES PYRENEES ET DES LANDES
 Frédéric PERIE TOTAL S.A.
 Cécile PERSILLON PROTÉUS
 Nicolas POULET ONEMA
 Sandra PREVERAL CEA CADARACHE
 Anais PROUST UCBL EA4610
 Catherine RAFIN ULCO
 Lionel RANJARD INRA
 Fanny RICHARD SIAAP-DDP
 Claude-Olivier SARDE UTC
 Abdelghani SGHIR UMR GENOMIQUE METABOLIQUE
 David SIAUSSAT UNIV. PIERRE ET MARIE CURIE
 Olivier SIBOURG ENOVEO
 Christelle SING LAFARGE SERVICES GROUPE
 Benoit SOUFFRE URS FRANCE
 CYRIL SWEETLOVE L'OREAL
 LAMINE TALL REVUE INFOS LUMIERE
 Valérie TANCHOU CEA
 Eric TARNAUD INERIS
 André TORDEUX GENOSCREEN
 Aurélie TOURON-BODILIS EDF R&D
 Catherine TRUFFERT BRGM
 Claude VAUCHIER CEA LETI
 Romain VEROLLET BERTIN TECHNOLOGIES
 Isabelle VITTE LAB. DES PYRENEES ET DES LANDES
 Timothy VOGEL ECOLE CENTRALE DE LYON
 Stéphane VUILLEUMIER CNRS
 Denis WATIER IUT CALAIS BOULOGNE
 Nathalie WÉRY INRA