

Exploration de la diversité des métabolismes du méthane par approche métagénomique

Mots clés : Archées, méthanogènes, méthanotrophes, genome binning, prédiction métabolique

Résumé du projet avec bibliographie :

Ce stage va porter sur l'exploration de la diversité des métabolismes du méthane dans le « 3^{ème} domaine du vivant », le domaine Archaea. Les membres de ce domaine se distinguent des bactéries et des eucaryotes par un certain nombre de caractéristiques génomiques et physiologiques. Une grande partie des archées possède notamment un métabolisme énergétique unique, dont le produit terminal est le méthane. Ce métabolisme de méthanogenèse joue un rôle clé dans la dégradation anaérobie de la matière organique à l'échelle globale, les méthanogènes étant présentes dans tous types de milieux anoxiques, depuis les sédiments marins jusqu'au système digestif des animaux¹. D'autre part, le méthane émis par ces archées est un puissant gaz à effet de serre. Les premières traces d'une activité de la méthanogenèse étant datées de 3,46 milliards d'années², il est probable que ces archées ont eu un impact direct sur l'évolution du climat de la Terre depuis les prémices de la vie jusqu'à nos jours, où la stimulation de leur activité par les pratiques humaines participe au réchauffement climatique.

Six ordres de méthanogènes sont connus depuis plus de trente ans et sont regroupés en deux groupes appelés méthanogènes de Classe I et de Classe II. Ces dernières années, notre vision de la diversité des méthanogènes et de la versatilité des métabolismes du méthane a été profondément modifiée par l'obtention de nouveaux isolats et de génomes assemblés à partir de données métagénomiques³. En 2012, nous avons participé à la découverte et à la description des Methanomassiliicoccales⁴, la première lignée de méthanogènes phylogénétiquement distante des méthanogènes de Classe I/II. Plusieurs autres lignées de méthanogènes ont été découvertes depuis, notamment les Methanofastidiosa, les Methanonatronarchaeia et les Verstraetearchaeota. Étonnamment, la voie de méthanogenèse de l'ensemble de ces nouvelles lignées diffère de celle présente chez les méthanogènes de Classe I/II³. D'autre part, il apparaît que certaines des enzymes impliquées dans la méthanogenèse sont aussi utilisées par des archées méthanotrophes (oxydant le méthane en dioxyde de carbone) et des archées utilisant une nouvelle voie de dégradation des alcanes à chaîne courte^{5,6}. Ceci signifie que tous ces métabolismes sont évolutivement liés. Nous cherchons à déterminer lequel de ces métabolismes est le plus ancestral et à comprendre comment il a évolué pour aboutir à la diversité des métabolismes du méthane que nous connaissons aujourd'hui. Pour cela, nous avons commencé une évaluation à grande échelle de la diversité des métabolismes du méthane en se basant sur l'ensemble des métagénomes présent dans la base de données publique JGI/IMG⁵. Les nouvelles lignées et nouveaux métabolismes mis en évidence par ce criblage permettent d'affiner les résultats sur l'histoire évolutive de ces métabolismes mais aussi de déterminer le rôle environnemental de lignées d'archées précédemment inconnues.

Ce stage a pour but de poursuivre l'exploration des données métagénomiques présentes dans la base JGI/IMG et dans la base EMBL. Le criblage se fera par la recherche du gène *mcrA* (marqueur des métabolismes du méthane) afin d'identifier les métagénomes contenant des archées d'intérêt, appartenant à des nouveaux groupes ou à des groupes encore peu connus. Les génomes de ces archées seront reconstruits par différentes approches basées sur les signatures en tétranucléotides des contigs et/ou leur co-abondance dans de multiples métagénomes. La qualité des génomes obtenus par différentes approches sera évaluée afin de choisir les plus complets et les moins contaminés. Ces génomes seront placés dans une phylogénie de référence, basée sur la concaténation de plusieurs markers phylogénétiques, afin de déterminer s'ils correspondent effectivement à des nouvelles lignées ou à des lignées encore inconnues. Une annotation des gènes impliqués dans la méthanogenèse sera effectuée sur ces génomes afin de prédire leur métabolisme et d'identifier de potentielles divergences par rapport aux voies actuellement connues. L'ARNr 16S de ces lignées sera recherché dans plusieurs bases de données publiques afin d'avoir une première appréciation de leur habitat.

1. Liu, Y. & Whitman, W. B. Metabolic, phylogenetic, and ecological diversity of the methanogenic archaea. *Ann. N. Y. Acad. Sci.* **1125**, 171–189 (2008).

2. Ueno, Y., Yamada, K., Yoshida, N., Maruyama, S. & Isozaki, Y. Evidence from fluid inclusions for microbial methanogenesis in the early Archaean era. *Nature* **440**, 516–519 (2006).
3. Borrel, G., Adam, P. S. & Gribaldo, S. Methanogenesis and the Wood-Ljungdahl Pathway: An Ancient, Versatile, and Fragile Association. *Genome Biol. Evol.* **8**, 1706–1711 (2016).
4. Borrel, G. *et al.* Comparative genomics highlights the unique biology of Methanomassiliicoccales, a Thermoplasmatales-related seventh order of methanogenic archaea that encodes pyrrolysine. *BMC Genomics* **15**, 679 (2014).
5. Borrel, G. *et al.* Wide diversity of methane and short-chain alkane metabolisms in uncultured archaea. *Nat. Microbiol.* **4**, 603–613 (2019).
6. Laso-Pérez, R. *et al.* Thermophilic archaea activate butane via alkyl-coenzyme M formation. *Nature* **539**, 396–401 (2016).

Publications significatives de l'équipe :

G. Borrel, P.S. Adam, L.J. McKay, L-X. Chen, I.N. Sierra-García, C.M.K. Sieber, *et al.*: Wide diversity of methane and short-chain alkane metabolisms in uncultured archaea. *Nature Microbiology* (2019) 4: 603–613.

P.S. Adam, **G. Borrel**, S. Gribaldo: An archaeal origin of the Wood–Ljungdahl H₄MPT branch and the emergence of bacterial methylotrophy. *Nature microbiology* (2019).

P.S. Adam, **G. Borrel**, C. Brochier, S. Gribaldo: The growing tree of Archaea: new perspectives on their diversity, evolution and ecology. *The ISME journal* (2017) 11: 2407–2425.

G. Borrel, P.S. Adam, S. Gribaldo: Methanogenesis and the Wood–Ljungdahl Pathway: An Ancient, Versatile, and Fragile Association. *Genome Biology and Evolution* (2016) 8: 1706-1711.

Lieu

Intitulé de l'Unité : Biologie Évolutive de la Cellule Microbienne

Adresse : 25 rue du Docteur Roux, Institut Pasteur, 75015, Paris

Responsable de l'encadrement de M2 : Guillaume Borrel

Contact

Tél : 01.44.38.92.91

Email : guillaume.borrel@pasteur.fr