

**Description de la diversité microbienne associée à *Chorocaris chacei* :**  
**une possible double symbiose.**

Direction de thèse : Marie-Anne Cambon-Bonavita, Ifremer Laboratoire de Microbiologie des  
Environnements Extrêmes, LM2E UR6197  
co direction : Magali Zbinden, Université Pierre et Marie Curie, Paris VI , Equipe Adaptations aux  
Milieux Extrêmes, UMR 7208 BOREA

Le fond des océans pourrait représenter le futur de l'industrie minière mondiale. Pourtant ces environnements profonds sont encore très peu explorés. De fait, l'impact écologique que ce type d'activité reste encore inconnu, notamment sur les cibles privilégiées que sont les systèmes hydrothermaux. Ce travail s'intéresse à la crevette *Chorocaris (Rimicaris) chacei* et à sa potentielle symbiose avec des bactéries chimioautotrophes. Cette crevette présente une alimentation mixte, entre nécrophagie et symbiose, et pourrait bénéficier de cette plasticité alimentaire en cas de modification de son environnement. De plus la proximité phylogénétique et écologique de *Chorocaris chacei* avec une autre crevette hydrothermale, *Rimicaris exoculata*, laisse supposer une possible histoire commune de leurs symbioses, mais à des niveaux d'associations différents.

Deux communautés microbiennes ont été étudiées au cours de ce travail, celle associée au céphalothorax et celle du tube digestif, via deux approches complémentaires : l'imagerie et la biologie moléculaire. L'objectif de ce travail était double : (1) Décrire les communautés microbiennes d'un point de vue morpho-anatomique et phylogénétique. (2) Evaluer le degré de similarité entre les symbiontes de *Chorocaris chacei* et *Rimicaris exoculata* via une approche de métabarcoding. Le but de cette deuxième étude est de déterminer s'il existe une variation de distribution des symbiontes : 1) entre les deux espèces (facteur hôte), 2) en fonction du site hydrothermal d'où elles proviennent (facteur environnemental/géographique), 3) ou de ces deux facteurs combinés.

La bioinformatique ayant une part importante dans l'analyse des données de barcoding/metabarcoding, une partie du manuscrit lui est dédiée pour « désacraliser » ce type d'analyse, et la rendre accessible à qui de droit.

## **Description of the microbial diversity associated with *Chorocaris chacei*:**

### **A possible double symbiosis.**

Thesis supervisor: Dr Marie-Anne Cambon-Bonavita, Ifremer Laboratoire de Microbiologie des Environnements Extrêmes, LM2E UR6197

Thesis co supervisor: Magali Zbinden, Université Pierre et Marie Curie, Paris VI, Equipe Adaptations aux Milieux Extrêmes, UMR 7208 BOREA

Deep-sea ocean may soon represent the deep-sea mining industry future. However, these environments are still poorly explored. Therefore, the mining issues on deep-sea ecosystems are not yet evaluated, mostly on one of their probably main target: the deep-sea hydrothermal vents. Our study focused on a hydrothermal shrimp, *Chorocaris (Rimicaris) chacei* and to its potential symbioses with chemoautotrophic microbial communities. This shrimp have a mixotrophic behaviour, mixed between necrophagy and symbiosis. It could therefore have a potential trophic plasticity in case of steep environmental modifications. Moreover, *Chorocaris chacei* is closely related to *Rimicaris exoculata*, another hydrothermal shrimp, in terms of both phylogeny and ecology. This could let suppose a common symbiosis history, presenting nowadays two different levels of association.

Two potential symbiotic microbial communities have been studied here, one located in the cephalothorax and the other in the digestive tract, using two complementary approaches: microscopy and molecular analyses. Two main points have been focused in our work: (1) describing the shrimp and its associated microbial communities in terms of morphology, repartition and phylogeny. (2) Using a metabarcoding approach, to evaluate the similarity level shared between *Chorocaris chacei* and *Rimicaris exoculata* associated microbial communities. In this last part, we intend to analyse a possible genetic variation among symbionts of the two hosts, whether it would be linked to the hydrothermal vent origin (geography), or to the studied shrimp (host), or both of them. As bioinformatics was an important part of my work to analyse barcoding/metabarcoding data, a part of my thesis is dedicated to explain these analyses as a tutorial for all future users.