Effet des métaux sur la méthylation du mercure chez les bactéries

Yannick Dahetze

▶ **To cite this version:**

Yannick Dahetze. Effet des métaux sur la méthylation du mercure chez les bactéries. [Travaux universitaires] Pau. Université de Pau et des Pays de l'Adour (UPPA), FRA. 2020. hal-03454795

HAL Id: hal-03454795
https://amu.hal.science/hal-03454795

Submitted on 29 Nov 2021

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Rapport Bibliographique

Année 2019-2020

Effets des métaux sur la méthylation du mercure chez les bactéries

Par Dahetze Yannick

M1 Biologie Moléculaire et Microbiologie de l'Environnement
Université de Pau et des pays de l'Adour

Institut des Sciences Analytiques et de Physico-Chimie pour l'Environnement et les Matériaux – pôle Chimie et Microbiologie de l'Environnement
Maître de stage : Mme Khalfaoui-Hassani

« Le présent rapport constitue un exercice pédagogique qui ne peut en aucun cas engager la responsabilité du Laboratoire d'accueil »

Table des matières

Introduction....1
1. Généralités sur le mercure....2
1.1. Propriétés physico-chimiques....2
1.2. Sources de mercure....2
1.3. Cycle biogéochimique du mercure....4
1.3.1. Réduction Hg(II)....4
1.3.2. Déméthylation $CH_3Hg(I)$....4
1.3.3. Oxydation Hg^0....5
1.3.4. Methylation Hg(II)....6
1.3.5. Réactions avec les sulfures....6
2. La méthylation du mercure....6
2.1. Bactéries impliquées dans la méthylation....6
2.2. Transport du Hg(II) en vue de sa méthylation et effet des thiols....7
2.3. Les gènes *hgcA* et *hgcB*....9
3. Effet des métaux....9
3.1. Sélénium....9
3.2. Fer....10
3.3. Zinc et Cadmium....11
3.4. Cuivre....11
Conclusion....12
Références....14
Résumé....19

Abréviations

bactéries sulfato-réductrices	:	BSR
cadmium	:	Cd
cuivre	:	Cu
cystéine	:	Cys
fer	:	Fe
mercure	:	Hg
méthylmercure	:	MeHg
monométhylmercure	:	MMeHg
sélénium	:	Se
zinc	:	Zinc

Introduction

Le mercure (Hg) est un métal trouvé de façon ubiquitaire dans l'environnement (Bercker et Rinckelbe 2017). Cet élément a fait parler de lui après les évènements dans la baie de Minamata au Japon qui furent un désastre de santé publique dans le pays (Sakamoto *et al.* 2001).

Le mercure existe sous plusieurs formes méthylées. Le méthylmercure (MeHg) est connu pour sa capacité à se bioaccumuler, jusqu'à quatre fois plus que le Hg(II) (Mason *et al.* 1996). C'est principalement le monométhylmercure (MMeHg) qui est connu pour ses capacités à se bioaccumuler chez les cyanobactéries (Huang et al. 2012). Le diméthylmercure a moins été étudié et pour simplifier le texte, le MeHg se rapportera au MMeHg dans la suite de ce rapport. Il se retrouve tout au long de la chaîne alimentaire, des poissons jusqu'à la nourriture ingérée par l'homme (Dos Anjos *et al*. 2016, Chen *et al.* 2008, Dorea 2006). Les effets du MeHg sur la santé les plus documentés sont de type neurologique,s mais il peut aussi affecter le système cardiovasculaire, modifier le sexe-ratio à la naissance (il est possible que le MeHg augmente la mortalité des foetus mâles) (Sakamoto *et al.* 2001), ou encore augmenter la toxicité d'autres molécules (Mergler *et al.* 2007). Du fait de sa forte capacité à se bioaccumuler et ses danger pour les organismes vivants, les écosystèmes et la santé humaine, comprendre les mécanismes liés à la production du MeHg est indispensable.

Ce rapport se propose dans un premier temps de présenter des généralités sur le mercure et de comprendre son cycle biogéochimique. En effet, les microoganismes, outre leur participation dans la méthylation du Hg, interviennent dans plusieurs étapes de ce cycle : la réduction du Hg(II) en Hg^0, la déméthylation du MeHg ou même dans l'oxydation du Hg^0 en Hg(II). Sa biodisponibilité est aussi importante et donc sa propension à réagir avec les sulfures impacte son cycle, notamment lors de sa méthylation.

Un deuxième chapitre sera dédié à comprendre les mécanismes impliqués dans la méthylation du Hg, de son transport sous forme inorganique à sa transformation en MeHg via des gènes comme les gènes *hgcA* et *hgcB*.

Enfin, le cas des métaux et leur impact sur la méthylation du Hg sera abordé. Ce rapport se concentre sur l'effet du Sélénium (Se), du Fer (Fe), du Zinc (Zn), du Cadmium (Cd) et du Cuivre (Cu).

1. Généralités sur le mercure

1.1. Propriétés physico-chimiques

Le Hg est de numéro atomique 80 et possède une masse atomique de 200,6. Aussi appelé argent liquide de part son point de fusion de -38,8 °C et d'ébullition de 356,7 °C, il conserve sa forme liquide à température ambiante (Bercker et Rinklebe 2017). Selon la classification de Mendeleïv, le mercure appartient au groupe 12, comme le Zn, le Cd et le Copernicium (Fluck 1988). Cet élément existe sous trois états d'oxydations différents : (1) Hg^0, le mercure élémentaire, volatil, (2) Hg(I), l'ion mercureux et (3) Hg(II), l'ion mercurique. Il peut passer d'un état à un autre, suivant des processus naturels et anthropiques. Ces formes inorganiques peuvent former des amalgames avec d'autres métaux. On retrouve le Hg également sous diverses formes organiques en fonction du nombre de radicaux organiques substitués au Hg. Ainsi il peut y avoir des composés alkylmercuriels comme le méthylmercure, des arylmercuriels ou encore des alkoxyalkylmercuriels (Hintelmann 2010).

1.2. Sources de mercure

Dans la nature, la couche supérieure contient 56 ppb de Hg, la couche inférieure en contient quant à elle 21 (Wedepohl 1995). Même si c'est un métal rare, le Hg reste présent de façon ubiquitaire dans les sols, au moins sous la forme de traces. Il existe de nombreuses estimations de la concentration moyenne de Hg dans les sols mais la moyenne mondiale serait de 1,1 ppm (Kabata-Pendias 2010). Les principales sources naturelles sont les activités volcaniques, les incendies, le dégazage des sols et des milieux aquatiques.

Les rejets de mercure liés à l'activité anthropique se concentrent autour du cinabre et du travail minier. De 1900 à 1939 sa production était constante et d'environ $3{,}6.10^2$ tonnes par an (Gavis et Ferguson 1972). Cette production a largement augmenté à la fin des années 60 pour atteindre les 10.10^3 tonnes par an (Hylander et Meili 2003). À partir de la fin des années 90 certains produits à base de Hg ont été proscrits et interdits à la vente dans certains pays. De ce fait, la production mondiale de mercure a réduit de $2{,}035.10^3$ tonnes par an pour rester quasiment constante après 1994 (Hylander et Meili 2003).

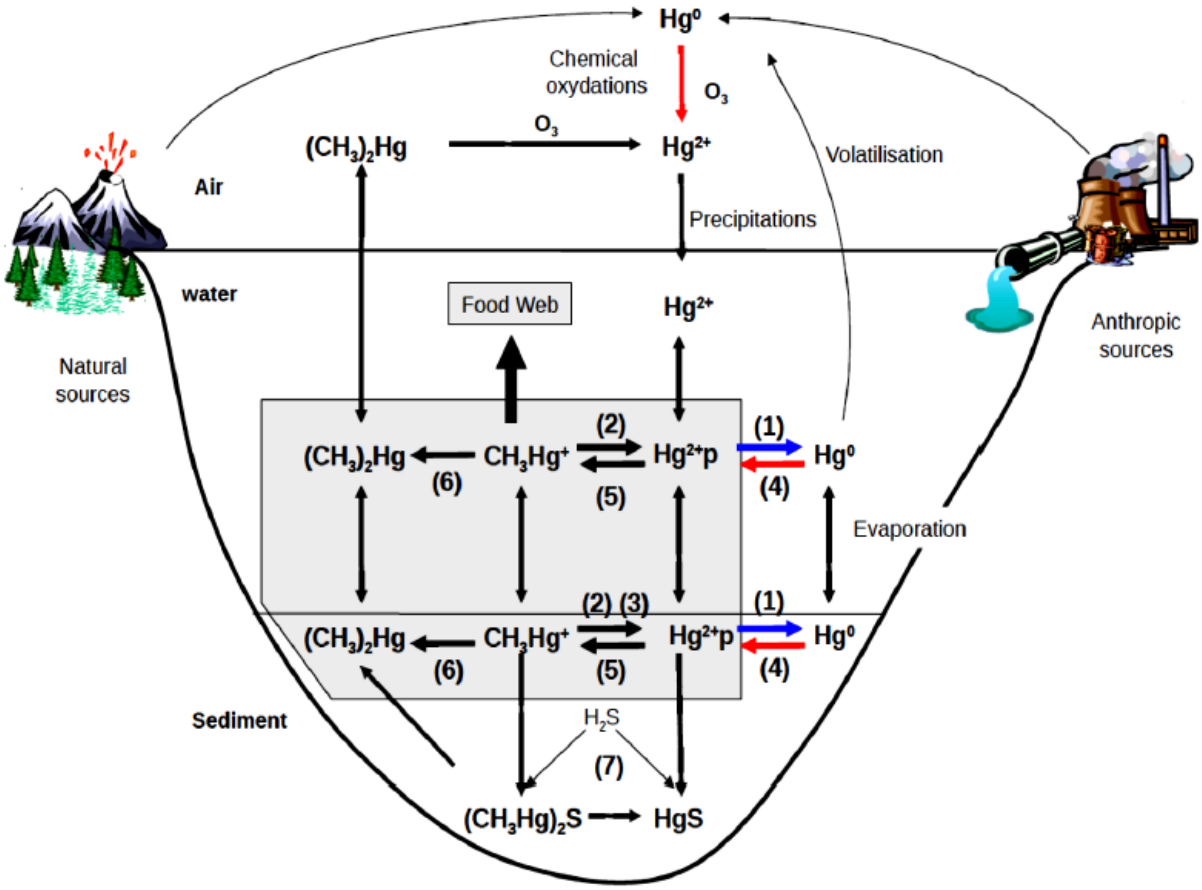

Figure 1. Schéma du cycle biogéochimique du mercure. (1) Réduction du Hg(II). (2) Déméthylation réductive. (3) Déméthylation oxydative. (4) Oxydation du Hg^0. (5 et 6) Méthylation et diméthylation du Hg^{2+}. (7) Réactions avec les sulfures (Bertrand *et al.* 2011)

1.3. Cycle biogéochimique du mercure

Le Hg va principalement être largué dans l'environnement sous forme élémentaire et volatile. C'est sous sa forme oxydée qu'il pourra être sujet à des transformations, enfouissement, réduction (et donc réémission de Hg^0) ou encore méthylation qui mène à la production de MeHg, forme bioaccumulable du mercure tout au long de la chaîne alimentaire (Li *et al*. 2018).

Ces transformations peuvent être abiotique ou biotique. Les microorganismes jouent un rôle majeur dans le cas des transformations biotiques. La figure 1 récapitule les étapes du cycle biogéochimique du Hg. Elle va être décrite dans les prochains paragraphes.

1.3.1. Réduction Hg(II)

De façon abiotique, la réduction du Hg peut se produire dans l'atmosphère, les eaux et les sols. La réduction du Hg peut se faire à la fois par des réaction photochimiques ou à l'obscurité (Barkay *et al.* 2003).

La réduction biotique du Hg(II) en Hg^0 (Figure 1, étape 1) se produit à la fois dans les sols (Kocman et Horvat 2010) et dans les eaux (Mason *et al*. 1995). Cette étape est largement étudiée chez des bactéries anaérobies, comme les bactéries à réduction dissimilatrice des métaux qui possèdent un mécanisme de résistance au Hg (Lovley 1995). Il existe plusieurs voies pour la réduction du Hg(II). La plus étudiée et comprise est la voie qui utilise les gènes de l'opéron *mer.* Cet opéron est retrouvé chez les bactéries Gram négatives. Il regroupe les principaux gènes impliqués dans l'adsorption de Hg, son transport et son élimination. Son expression est induite par la concentration intracellulaire en Hg (Barkay *et al*. 2003).

L'opéron *mer* possède le gène *merA* qui code pour une réductase mercurique. C'est la protéine MerA qui est donc responsable de la réduction du Hg(II) dans le cytoplasme avec le NADPH comme source d'électron (Schelert *et al*. 2004).

Les bactéries oxydant le soufre et possédant aussi MerA peuvent, en plus de réduire le HgS minéral dans les milieux aquatique, l'utiliser comme une source de soufre (S) (Vazquez-Rodriguez *et al*. 2015).

Enfin, les organismes phototrophes peuvent aussi utiliser le Hg(II) pour le réduire. Cela pourrait leur servir à conserver leur état rédox en échangeant des électrons pour produire du Hg^0 (Grégoire et Poulain 2016).

1.3.2. Déméthylation $CH_3Hg(I)$

De façon abiotique, la déméthylation peut être physique ou chimique. Lorsqu'elle est

physique, il semblerait qu'il s'agisse d'une photodégradation du MeHg. Elle représente même 80 à 83% de la déméthylation du MeHg dans les eaux de surface (Hammerschmidt et Fitzgerald 2008, Li *et al.* 2010,). La déméthylation abiotique du MeHg n'a jusqu'à présent été observée qu'en laboratoire en présence de composés organosélénié comme la sélénométhionine ou sélénocystéine (Asaduzzaman et Schreckenbach 2011, Khan et Wang 2010, Du *et al.* 2019).

Il existe deux voies de déméthylation biotique différentes, la réductive (Figure 1, étape 2) et la voie de déméthylation oxydative (Figure 1 étape 3). Ces réactions de déméthylation sont anaérobies.

Chez les bactéries possédant l'opéron de résistance au mercure, la lyase MerB va cliver le MeHg en Hg(II) et CH_4 (Parks *et al.* 2009). Ce produit peut ensuite être utilisé par la réductase MerA afin d'éliminer le Hg de la cellule (Fox et Walsh 1982). Il est notable qu'en changeant uniquement un résidu d'acide aspartique par une sérine, la protéine perd de son affinité pour le MeHg et devient alors capable de s'accrocher au Cu (Wahba *et al*. 2016). Dans ce cas, MerB présente plus d'affinité pour le Cu que pour le Hg. D'après les auteurs de cette étude, la protéine MerB serait impliquée à la fois dans la méthylation réductive et dans l'homéostasie du Cu.

La voie oxydative serait quant à elle un processus cométabolique liée au métabolisme des monocarbones. Les produits sont alors le Hg(II) et du CO_2 (Hsu-Kim *et al*. 2013).

1.3.3. Oxydation Hg^0

L'oxydation abiotique du Hg^0 en Hg(II) peut se produire dans tous les milieux, sols, eaux et atmosphère. Elle peut se faire en présence de lumière mais aussi à l'obscurité tant qu'il y a de l'O_2 (Barkay *et al.* 2003).

Si les mécanismes d'oxydation biotique du Hg^0 (Figure 1 étape 4) restent encore à être élucidés, des bactéries anaérobies telles que *Desulfovibrio desulfuricans* ND132 sont aujourd'hui étudiées. Il a été démontré chez cette bactérie que les thiols jouent un rôle dans les réactions redox de la membrane cellulaire (Colombo *et al*. 2013). D'ailleurs, plus la quantité de thiols cellulaire est importante par rapport à la concentration en Hg^0 extracellulaire, plus ce phénomène d'oxydation est important (Lin *et al*. 2014).

Dans les milieux anoxiques, et donc dominés par le Hg^0, les bactéries anaérobies pourraient avoir un rôle clé dans l'étape de la méthylation de ce Hg, tout juste oxydé, en catalysant ces réactions redox. (Grégoire et Poulain 2018).

1.3.4. Methylation Hg(II)

La méthylation biotique du Hg(II) conduit à la production de MeHg (Figure 1 étape 5). Il s'agit d'un processus anaérobie. Il existe également des bactéries capables de produire du diméthylmercure (Figure 1 étape 6). La méthylation biotique étant le sujet de ce rapport, un chapitre lui est entièrement dédié (Chapitre 2 : La méthylation du mercure)

1.3.5. Réactions avec les sulfures

Un facteur à prendre en compte dans le cycle du Hg est sa capacité à se lier avec les sulfures. Les bactéries sulfato-réductrices (BSR) sont connues pour être les principales actrices de la méthylation du Hg dans les sédiments aquatiques (Compeau et Bartha 1985, Gilmour *et al.* 1992). Les sulfates améliorent l'activité de ces BSR et la production de MeHg dans des sédiments d'eau douce (Gilmour *et al.* 1992). La production de MeHg est donc liée à la biodisponibilité du Hg. En exposant la BSR *Desulfobulbus propionicus* 1pr3 à du Hg et différents minerais sulfurés, Benoit *et al*. ont démontré qu'il existe une relation linéaire entre la production de MeHg et la concentration en HgS^0 ; un complexe neutre (Benoit *et al.* 1999, Benoit *et al.* 2001). Les sulfures, en affectant la spéciation du Hg et sa biodisponibilité, affectent son cycle biogéochimique.

2. La méthylation du mercure

Il existe des processus à la fois biotiques et abiotiques amenant à la production du MeHg (Barkay *et al*. 1992), mais l'activité des BSR reste la première source, notamment dans les environnements aquatiques (Compeau et Bartha 1985). Le produit de la méthylation du Hg est le MeHg.

Dans un premier temps, ce chapitre présente les bactéries impliquées dans la méthylation. Ensuite, il s'agit d'étudier quelles voies permettent aux bactéries de récupérer du mercure inorganique en vue de sa méthylation. Enfin, les gènes *hgcA* et *hgcB* sont présentés ; il s'agit des gènes retrouvés chez toutes les bactéries impliqués dans la méthylation.

2.1. Bactéries impliquées dans la méthylation

La méthylation est connue pour être un processus principalement réalisé par les BSR en conditions anaérobies (Compeau et Bartha 1985). En revanche, toutes ne sont pas capable de faire cette méthylation où alors elles peuvent avoir des rendements différents (King *et al*. 1999 et 2000). C'est le genre *Desulfovibrio* qui est le plus étudié et connu pour faire la méthylation (Choi *et al.* 1994). Cependant les BSR sont loin d'être les seuls organismes

capables de faire cette méthylation. On retrouve aussi les ferriréductrices (Kerin *et al.* 2006), des méthanogènes (Gilmour *et al.* 2018, Yu *et al.* 2013) et des *Firmicutes* faisant de la fermentation ou l'acétogénèse (Gilmour *et al.* 2013). Cette récente découverte sur les *Firmicutes* a permis de suggérer qu'il y aurait des zones de production du MeHg au niveau des rizières et des intestins.

2.2. Transport du Hg(II) en vue de sa méthylation et effet des thiols

Les mécanismes de méthylation étant intracellulaire, comprendre comment les cellules récupèrent le Hg(II) depuis leur environnement est une étape importante. D'abord, les bactéries possédant l'opéron *mer* du système de résistance au Hg possèdent des protéines de transport spécifiques : MerP qui récupère le Hg(II) dans le périplasme et le transfère à MerT qui a son tour le fait traverser la membrane interne pour être par la suite réduit par MerA (Barkay *et al*. 2003). Les bactéries connues pour faire la méthylation ne possèdent généralement pas l'opéron *mer*. Il est possible que le Hg pénètre dans la cellule via des voies autres que celle de *mer* (Lin *et al*. 2012). Il n'y a pas encore de consensus sur la voie qui serait privilégiée pour l'import du Hg, mais il existe aujourd'hui un débat entre la diffusion passive, la diffusion facilitée et le transport actif (Hsu-Kim *et al*. 2013).

De plus, il a été démontré que certains complexes "thiols" augmentent l'import et le taux de méthylation du Hg (Schaefer et Morel 2009, Schaefer *et al.* 2011). Parmi les thiols testés sur *Geobacter sulfurreducens* par Schaefer et Morel (2009), la cystéine (Cys) augmente le plus les rendements de méthylation (Schaefer et Morel 2009). Cet acide aminé va former des complexes Hg-Cys qui augmentent l'import du mercure inorganique. De plus, lorsque *G. sulfurreducens* est cultivée avec de la Cys dans des conditions où la bactérie ne peut pas produire d'énergie, l'import de Hg est stoppé et il n'y a plus de production de MeHg. De même lorsqu'elle est aussi exposé à du cyanure de carbonyle m-chlorophénylhydrazone, un découpleur de proton qui inhibe la phosphorylation, l'import est stoppé. Cela suggère que le Hg (complexe Hg-thiol) pénètre dans la cellule via un transport actif (Schaefer *et al.* 2011).

La spéciation du Hg avec la Cys peut aussi donner des complexes comme $Hg(Cys)_2$ ou encore $Hg(Cys)_3$. Cependant, $Hg(Cys)_3$ a été démontré comme le moins efficace pour la méthylation du Hg (Schafer et Morel 2009). Chez *G. sulfurreducens*, les espèces de $Hg(Cys)_2H_2$ sont les plus efficaces dans les réactions d'import en fonction du temps (Lin *et al.* 2015).

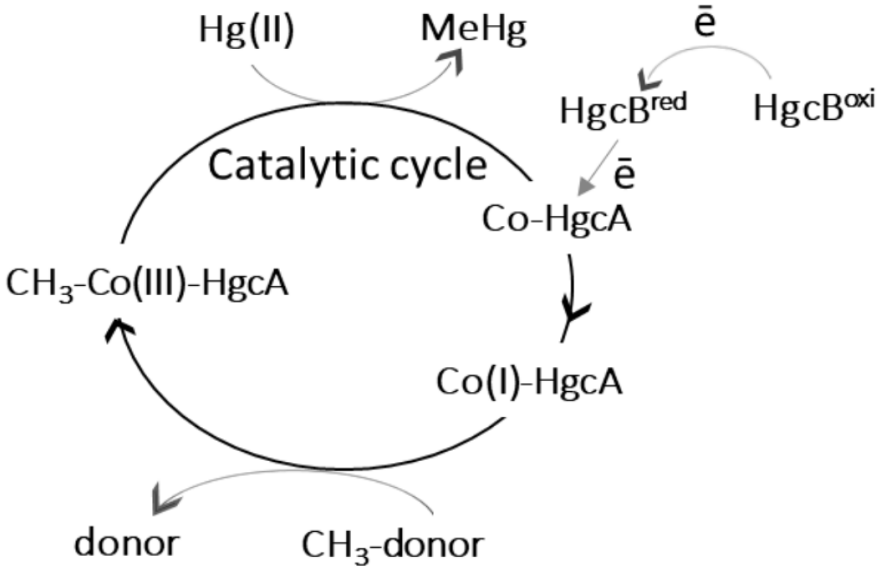

Figure 2 : Proposition d'un modèle décrivant le transfert du groupe méthyle jusqu'au mercure. Le cofacteur corrinoïde Co-HgcA est à un état d'oxydation inconnu mais il est réduit en Co(I)-HgcA par la protéine HgcB. Co(I)-HgcA accepte ensuite un groupe méthyle d'un donneur de CH_3 inconnu et devient CH_3-Co(III)-HgcA. Le groupement méthyle peut être transféré à Hg(II) pour former le MeHg (Cooper *et al.* 2020).

2.3. Les gènes *hgcA* et *hgcB*

Il s'avère qu'en comparant les séquences de génomes de bactéries et archées connus pour faire la méthylation, tous présentaient des gènes homologues aux gènes *hgcA* et *hgcB*. De plus, les organismes non-méthylateurs ne possèdent pas de tels gènes (Parks *et al.* 2013). Ainsi, il existerait une voie commune à tous les microorganismes afin de méthyler le mercure.

Le gène *hgcA* code pour une protéine dépendante des corrinoïdes qui présente des homologies avec des méthyltransférases, comme la méthyltransferase impliquée dans la voie réductrice de l'acétyl-CoA (Gilmour *et al.* 2013, Parks *et al*. 2013). Le gène *hgcB,* quant à lui, code pour une protéine corrinoïde lié à une ferrédoxine de type 2[4Fe-4S]. HgcB est supposée être la protéine qui transmet un électron à HgcA afin d'en réduire son centre et de produire le MeHg (Gilmour *et al.* 2013, Parks *et al.* 2013). Le cycle du transfert d'électrons et du méthyl est détaillé en figure 2. Des expérience de mutagenèse chez *D. desulfuricans* ND132 révèlent que dans HgcA, un résidus Cys93, qui se situe dans une structure en « cap helix », est indispensable pour faire la méthylation. Dans HgcB, il a été montré que les deux Cys situées à l'extrémité C-terminale sont importantes pour la méthylation (Smith *et al.* 2015).

En revanche, il n'existe pas un lien direct entre le niveau d'expression d'*hgcAB* et les taux de méthylation du Hg (Goñi-Urriza *et al*. 2015).

3. Effet des métaux

Il a été démontré que certains métaux peuvent avoir des effets sur la méthylation du Hg. Ce chapitre décrit les connaissances actuelles concernant les effets du Sélénium, Fer, Zinc, Cadmium et Cuivre.

3.1. Sélénium

Des études ont démontrées que l'apport de Se a un effet antagoniste sur la bioaccumulation de Hg dans les biomes des environnements aquatiques (Bjerregaard et Christensen 2012, Chen *et al.* 2001). Ces effets de bioaccumulation sont même plus clairs lorsque c'est le méthylmercure qui est observée (Belzize *et al.* 2006).

Jin *et al.* (1999) ont démontré qu'en ajoutant du Se dans des sédiments lacustres facultatifs une diminution du taux de méthylation était observable à 20 °C. À 37,3 °C, l'activité cellulaire augmente et la production de MeHg aussi. En ajoutant le Se, la diminution était toujours aussi importante qu'à 20 °C (Jin *et al.* 1999) suggérant que le Se a bien des effets biotiques sur la cellule. D'autres études démontrent ce même résultat et arrivent aux

conclusions qu'étant donné la rapide réaction entre le Se inorganique et le Hg il n'est pas impossible qu'un amalgame Hg-Se se forme (Wang *et al.* 2015). Une fois formé, le Hg-Se est moins biodisponible pour la cellule. Il se pourrait aussi qu'une forte concentration en Se deviennent toxique pour les microorganismes, réduisant ainsi le taux de méthylation.

Sachant que les BSR sont les principales actrices de la méthylation (Compeau et Bartha 1995) dans les sédiments et que le Se se retrouve à ses plus hautes concentrations dans les sédiments que dans les autres compartiments aquatiques, Truong *et al.* (2014) ont réalisé une étude chez la BSR *Desulfovibrio desulfuricans*. Par analyse spectroscopique à rayons X, ils ont révélé des résidus de Hg-Se inertes sur la membrane, ce qui limitait la biodisponibilité du Hg pour la cellule. Ils ont aussi réalisé une étude protéomique en présence de Se. Ils ont révélé une interruption de la production de la protéine Dde_1198, une glutamate O méthyltransférase qui jouerait un rôle important dans les processus de méthylation (Truong *et al.* 2014). Cet effet inhibiteur du Se sur Dde_1198 est en corrélation avec l'effet antagoniste du Se sur la méthylation du Hg vu jusqu'à présent.

3.2. Fer

Les effets du Fe sur la méthylation du Hg ne sont toujours pas bien compris. D'abord, il a été observé que des minéraux contenant du Fe, comme la magnétite (Wiatrowski *et al.* 2008), mènent à une réduction du Hg(II) en Hg^0. Cela laisse penser qu'il y aurait une diminution de la méthylation. Dans l'objectif de réduire la production de MeHg dans l'optique de réhabiliter des zones humides, Mehrotra *et al.* (2003) ont cherché à développer une méthode de biorémédiation en utilisant le fer ferreux (Fe(II)). Ainsi, l'ajout de Fe(II) à des cultures de *Desulfobulbus propionicus* 1pr3 pures diminue les taux de méthylation. Avec des sédiments il y avait trois fois moins de MeHg produit avec 10^{-2} M de Fe qu'avec 10^{-6} M de Fe. Mehrotra *et al.* émettent l'hypothèse que cette baisse de la production de méthylmercure serait due à une diminution du sulfure produite par *D. propionicus* et à une diminution concomitante de la concentration de Hg dissous (Mehrotra *et al.* 2003).

Mais le Fe peut avoir plusieurs effets. Effectivement, l'ajout d'oxyhydroxyde de Fe (i.e. Fe(III)) à un mésocosme aux Everglades à de fortes concentrations, inhibe complètement la production de MeHg dans le sol. À plus faibles doses, cette méthylation est améliorée par l'apport en Fe(III) (Gilmour *et al.* 2007). Selon les auteurs, cela pourrait venir d'un effet de complexation entre le Hg et le Fe. Par contre, en ajoutant de la Cys à des culture de *D. desulfuricans* ND132 ou *Geobacter sulfurreducens* pour augmenter les taux de méthylation le

Fe n'a alors plus d'effets visible sur la méthylation. La Cys favorisant l'importation du Hg, il ne serait pas assez compétitif pour avoir des effets significatifs sur la méthylation. (Schaefer *et al.* 2014a).

Les effets du Fe restent encore à être compris, de même que les interactions entre les BSR et les ferriréductrices et des études plus poussées sur le Fe sont nécessaires pour bien comprendre ses effets.

3.3. Zinc et Cadmium

Les thiols, notamment la Cys, sont importants pour l'absorption et la méthylation du Hg(II). Schaefer *et al*. (2014a) ont émis l'hypothèse que l'absorption de Hg(II) est effectuée par un transporteur de métal divalent plutôt que par une Cys ou un autre transporteur d'acides aminés (Schaefer *et al.* 2014a).

D. desulfuricans ND132 et *G. sulfurreducens* ont été exposées à de la cystéine et à divers métaux divalents : Zn, Cd, Nickel, Cobalt et Fe. La Cys était utilisée pour atteindre des taux de méthylation optimaux (Schaefer et Morel 2009, Schaefer *et al*. 2011). Le Zn a le plus fort effet inhibiteur sur la méthylation par rapport aux autres métaux, pourtant le Ni, qui a la plus forte affinité avec la Cys, n'a pas eu d'effets visibles sur la méthylation (Schaefer *et al.* 2014a). L'hypothèse que le Zn(II) interagit avec les Cys a été exclue et une expérience sans Cys montre tout de même une baisse de l'efficacité de la méthylation. En ajoutant une concentration de Zn qui n'inhibe pas la croissance de *G. sulfurreducens*, les chercheurs ont pu mesurer l'import et la production de MeHg avec ou sans Zn. Il se pourrait que le Hg(II) passe par les transporteurs de Zn(II) (Figure 3, Schaefer *et al.* 2014). Le Cd(II) s'est avéré avoir des effets similaires au Zn(II) bien qu'un peu moins importants.

3.4. Cuivre

Suite aux travaux de Schaefer *et al.* de 2014, Lu *et al.* (2018) se sont proposés d'étudier les effets du cuivre sur la méthylation du Hg étant donné que peu d'études avaient été menées sur ce métal (Lu *et al.* 2018). Le Cu est connu pour être à la fois toxique et essentiel pour la cellule (Khalfaoui-Hassani *et al.* 2016). Ainsi, ils ont étudié les effets du Cu sur *D. desulfuricans* ND132. Ils notent qu'à des concentrations nanomolaires en Cu(II), l'import est facilité et la méthylation double en moins de 24 h. Ces effets diminuent au cours du temps parallèlement à la diminution de la concentration en Cu(II) extracellulaire. En revanche, à des concentrations micromolaire, le Cu(II) devient toxique pour la cellule et l'organisme ne peut

pas se remettre du stress, inhibant alors complètement la méthylation (Lu *et al.* 2018). Une étude protéomique chez *D. desulfuricans* ND132 démontre qu'une délétion des gènes *hgcAB,* et donc des protéines impliquées, augmente l'expression de pompes à efflux membranaires (Qian *et al.* 2018). Une de ces pompes est liée à l'export de Cu. Le mutant *ΔhgcAB* voit ses capacités d'import de Cu diminuées. Il se pourrait qu'il existe une synergie entre le Cu(II) et le Hg(II) lors de leur import dans la cellule et qu'il existe un lien entre les mécanismes d'efflux des métaux, l'homéostasie des métaux et la méthylation du Hg (Lu *et al.* 2018, Qian *et al.* 2018).

Conclusion

La méthylation biotique du Hg est un mécanisme complexe. Plusieurs facteurs environnementaux peuvent influencer ce processus, notamment (1) l'import de Hg(II), (2) les mécanismes intracellulaires conduisant à sa méthylation et (3) l'export du MeHg.

Le Hg(II) peut facilement réagir hors de la cellule et subir diverses spéciations empêchant ou facilitant son import en vu de sa méthylation au niveau de la cellule. En observant son cycle biogéochimique, il est remarquable que sa réactivité avec les sulfures affecte directement sa biodisponibilité pour la méthylation. La réactivité du Hg lui permet de former des complexes thiolés. Ces complexes Hg-thiol peuvent améliorer les taux de méthylation en favorisant l'adsorption et l'import du Hg.

La relation entre la méthylation du Hg et les métaux est tout aussi complexe. Les métaux présentés dans ce rapport peuvent augmenter les taux de méthylation des microorganismes quand d'autres peuvent aussi l'inhiber. Le Se aurait plutôt des effets antagonistes sur la méthylation, comme le Zn et le Cd. Pour le Fe et le Cu, ces effets sont moins clairs et dépendent grandement des concentrations. Tous deux inhibent la méthylation à de fortes concentrations mais l'améliorent à plus faibles doses. À ce stade il est difficile d'expliquer l'effet de ces métaux sur la méthylation. Il est possible, néanmoins, que le Hg(II) utilise les mêmes systèmes d'imports qu'utilisent ces métaux (avec différentes affinités) ou que sa complexation avec ces denriers favorise son passage dans la cellule.

Aujourd'hui, des études utilisent les gènes *hgcAB* comme marqueur moléculaire de la méthylation (Schaefer *et al.* 2014b). Or, l'expression de ces gènes peut être affectée par les facteurs environnementaux et leur présence n'assure pas toujours les meilleurs taux de méthylation. D'autres études vont être nécessaire afin de mieux comprendre comment des facteurs, tels que les métaux, affectent l'import de Hg et modifient sa méthylation.

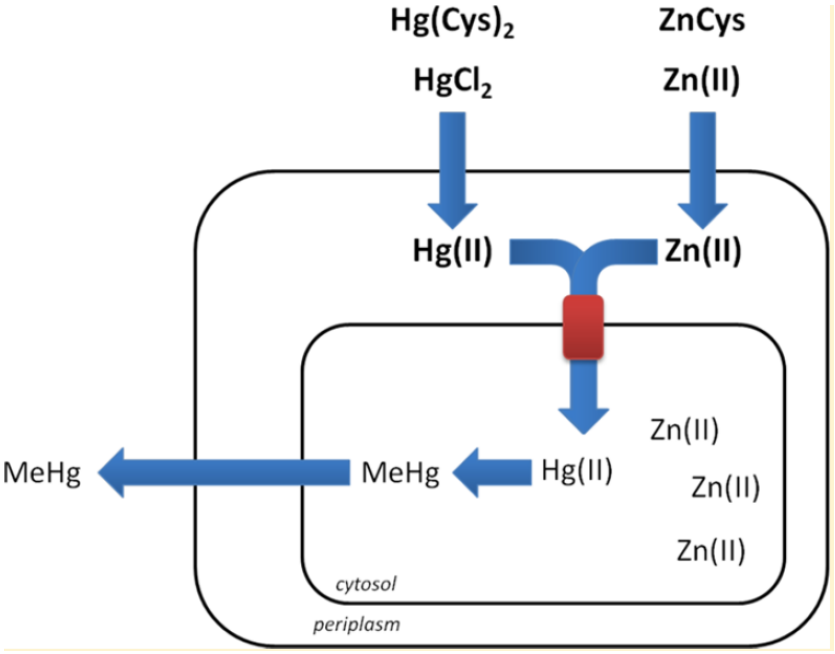

Figure 3. Schéma de la possible co-occurence d'une voie de transport du Zinc (Zn(II)) et du mercure (Hg(II)) (Shaefer *et al.* 2014a)

Références

- Asaduzzaman, A. Md., & Schreckenbach, G. (2011). Degradation Mechanism of Methyl Mercury Selenoamino Acid Complexes : A Computational Study. *Inorganic Chemistry*, *50*(6), 2366-2372. https://doi.org/10.1021/ic1021406

- Barkay, T., Miller, S. M., & Summers, A. O. (2003). Bacterial mercury resistance from atoms to ecosystems. *FEMS Microbiology Reviews*, *27*(2-3), 355-384. https://doi.org/10.1016/S0168-6445(03)00046-9

- Beckers, F., & Rinklebe, J. (2017). Cycling of mercury in the environment : Sources, fate, and human health implications: A review. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*, *47*(9), 693-794. https://doi.org/10.1080/10643389.2017.1326277

- Benoit, Janina M., Gilmour, C. C., Mason, R. P., & Heyes, A. (1999). Sulfide Controls on Mercury Speciation and Bioavailability to Methylating Bacteria in Sediment Pore Waters. *Environmental Science & Technology*, *33*(6), 951-957. https://doi.org/10.1021/es9808200

- Benoit, J. M., Gilmour, C. C., & Mason, R. P. (2001). The Influence of Sulfide on Solid-Phase Mercury Bioavailability for Methylation by Pure Cultures of *Desulfobulbus propionicus* (1pr3). *Environmental Science & Technology*, *35*(1), 127-132. https://doi.org/10.1021/es001415n

- Bertrand, JC., Bonin, P., Caumette. P, Gattuso, JP, Grégori, G, Guyoneaud R., Le roux, X., Matheron, R., Franck Poly. (2011) Livre écologie microbienne : microbiologie des milieux naturels et anthropisés. Chapitre 14 : Les cycles biogéochimiques.

- Bjerregaard, P., & Christensen, A. (2012). Selenium Reduces the Retention of Methyl Mercury in the Brown Shrimp *Crangon crangon*. *Environmental Science & Technology*, *46*(11), 6324-6329. https://doi.org/10.1021/es300549y

- Chen, Y.-W., Belzile, N., & Gunn, J. M. (2001). Antagonistic effect of selenium on mercury assimilation by fish populations near Sudbury metal smelters? *Limnology and Oceanography*, *46*(7), 1814-1818. https://doi.org/10.4319/lo.2001.46.7.1814

- Chen, C. Y., Serrell, N., Evers, D. C., Fleishman, B. J., Lambert, K. F., Weiss, J., Mason, R. P., & Bank, M. S. (2008). Meeting Report : Methylmercury in Marine Ecosystems—From Sources to Seafood Consumers. *Environmental Health Perspectives*, *116*(12), 1706-1712. https://doi.org/10.1289/ehp.11211

- Colombo, M. J., Ha, J., Reinfelder, J. R., Barkay, T., & Yee, N. (2013). Anaerobic oxidation of Hg(0) and methylmercury formation by Desulfovibrio desulfuricans ND132. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, *112*, 166-177. https://doi.org/10.1016/j.gca.2013.03.001

- Compeau, G. C., & Bartha, R. (1985). Sulfate-reducing bacteria : Principal methylators of mercury in anoxic estuarine sediment. *Applied and Environmental Microbiology*, *50*(2), 498-502.

- Cooper, C. J., Zheng, K., Rush, K. W., Johs, A., Sanders, B. C., Pavlopoulos, G. A., Kyrpides, N. C., Podar, M., Ovchinnikov, S., Ragsdale, S. W., & Parks, J. M. (2020). Structure determination of the HgcAB complex using metagenome sequence data : Insights into microbial mercury methylation. *Communications Biology*, *3*(1), 320. https://doi.org/10.1038/s42003-020-1047-5

- Dórea, J. G. (2006). Fish Meal in Animal Feed and Human Exposure to Persistent Bioaccumulative and Toxic Substances. *Journal of Food Protection*, *69*(11), 2777-2785. https://doi.org/10.4315/0362-028X-

69.11.2777

- Dos Anjos, M. R., Machado, N. G., Da Silva, M. E. P., Bastos, W. R., Miranda, M. R., De Carvalho, D. P., Mussy, M. H., De Holanda, I. B. B., Biudes, M. S., & Fulan, J. Â. (2016). Bioaccumulation of methylmercury in fish tissue from the Roosevelt River, Southwestern Amazon basin. *Ambiente e Agua - An Interdisciplinary Journal of Applied Science*, *11*(3), 508. https://doi.org/10.4136/ambi-agua.1830
- Du, H., Ma, M., Igarashi, Y., & Wang, D. (2019). Biotic and Abiotic Degradation of Methylmercury in Aquatic Ecosystems : A Review. *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology*, *102*(5), 605-611. https://doi.org/10.1007/s00128-018-2530-2
- Fluck, E. (1988). New notations in the periodic table. *Pure and Applied Chemistry*, *60*(3), 431-436. https://doi.org/10.1351/pac198860030431
- Fox, B., & Walsh, C. T. (1982). Mercuric reductase. Purification and characterization of a transposon-encoded flavoprotein containing an oxidation-reduction-active disulfide. *The Journal of Biological Chemistry*, *257*(5), 2498-2503.
- Gavis, J., & Ferguson, J. F. (1972). The cycling of mercury through the environment. *Water Research*, *6*(9), 989-1008. https://doi.org/10.1016/0043-1354(72)90053-X
- Gilmour, C. C., Henry, E. A., & Mitchell, R. (1992). Sulfate stimulation of mercury methylation in freshwater sediments. *Environmental Science & Technology*, *26*(11), 2281-2287. https://doi.org/10.1021/es00035a029
- Gilmour, C. (2007). *Appendix 3B-2 : Status reporton ACME studies on the control of mercury methylation and bioaccumulation in theEverglades. Volume I, The South Florida environment.*
- Gilmour, C. C., Podar, M., Bullock, A. L., Graham, A. M., Brown, S. D., Somenahally, A. C., Johs, A., Hurt, R. A., Bailey, K. L., & Elias, D. A. (2013). Mercury Methylation by Novel Microorganisms from New Environments. *Environmental Science & Technology*, *47*(20), 11810-11820. https://doi.org/10.1021/es403075t
- Gilmour, C. C., Bullock, A. L., McBurney, A., Podar, M., & Elias, D. A. (2018). Robust Mercury Methylation across Diverse Methanogenic *Archaea*. *MBio*, *9*(2), e02403-17, /mbio/9/2/mBio.02403-17.atom. https://doi.org/10.1128/mBio.02403-17
- Goñi-Urriza, M., Corsellis, Y., Lanceleur, L., Tessier, E., Gury, J., Monperrus, M., & Guyoneaud, R. (2015). Relationships between bacterial energetic metabolism, mercury methylation potential, and hgcA/hgcB gene expression in Desulfovibrio dechloroacetivorans BerOc1. *Environmental Science and Pollution Research*, *22*(18), 13764-13771. https://doi.org/10.1007/s11356-015-4273-5
- Grégoire, D. S., & Poulain, A. J. (2016). A physiological role for HgII during phototrophic growth. *Nature Geoscience*, *9*(2), 121-125. https://doi.org/10.1038/ngeo2629
- Grégoire, Daniel S., & Poulain, A. J. (2018). Shining light on recent advances in microbial mercury cycling. *FACETS*, *3*(1), 858-879. https://doi.org/10.1139/facets-2018-0015
- Hammerschmidt, C. R., & Fitzgerald, W. F. (2008). Methylmercury in arctic Alaskan mosquitoes : Implications for impact of atmospheric mercury depletion events. *Environmental Chemistry*, *5*(2), 127. https://doi.org/10.1071/EN08003
- Hans Wedepohl, K. (1995). The composition of the continental crust. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, *59*(7), 1217-1232. https://doi.org/10.1016/0016-7037(95)00038-2

- Hintelmann, H. (2010). 11. Organomercurials. Their Formation and Pathways in the Environment. In A. Sigel, H. Sigel, & R. K. O. Sigel (Éds.), *Metal Ions in Life Sciences* (p. 365-401). Royal Society of Chemistry. https://doi.org/10.1039/9781849730822-00365

- Hong, Y.-S., Kim, Y.-M., & Lee, K.-E. (2012). Methylmercury Exposure and Health Effects. *Journal of Preventive Medicine & Public Health*, *45*(6), 353-363. https://doi.org/10.3961/jpmph.2012.45.6.353

- Hsu-Kim, H., Kucharzyk, K. H., Zhang, T., & Deshusses, M. A. (2013). Mechanisms Regulating Mercury Bioavailability for Methylating Microorganisms in the Aquatic Environment : A Critical Review. *Environmental Science & Technology*, *47*(6), 2441-2456. https://doi.org/10.1021/es304370g

- Huang, W.-J., Lu, Y.-M., & Yu, W.-L. (2012). Toxicity and Bioaccumulation of Monomethylmercury in Freshwater Cyanobacteria : *Oscillatoria tenuisa* and *Microcystis aeruginosa*. *Environmental Forensics*, *13*(3), 255-261. https://doi.org/10.1080/15275922.2012.676601

- Hylander, L. D., & Meili, M. (2003). 500 years of mercury production : Global annual inventory by region until 2000 and associated emissions. *Science of The Total Environment*, *304*(1-3), 13-27. https://doi.org/10.1016/S0048-9697(02)00553-3

- Jin, L., Guo, P., & Xu, X. (1999). Effect of selenium on mercury methylation in facultative lake sediments. *Toxicological & Environmental Chemistry*, *69*(1-2), 255-261. https://doi.org/10.1080/02772249909358707

- Kabata-Pendias, A. (2010). *Trace Elements in Soils and Plants* (0 éd.). CRC Press. https://doi.org/10.1201/b10158

- Kerin, E. J., Gilmour, C. C., Roden, E., Suzuki, M. T., Coates, J. D., & Mason, R. P. (2006). Mercury Methylation by Dissimilatory Iron-Reducing Bacteria. *Applied and Environmental Microbiology*, *72*(12), 7919-7921. https://doi.org/10.1128/AEM.01602-06

- Khalfaoui-Hassani, B., Verissimo, A. F., Koch, H.-G., & Daldal, F. (2016). Uncovering the Transmembrane Metal Binding Site of the Novel Bacterial Major Facilitator Superfamily-Type Copper Importer CcoA. *MBio*, *7*(1), e01981-15, /mbio/7/1/e01981-15.atom. https://doi.org/10.1128/mBio.01981-15

- Khan, M. A. K., & Wang, F. (2010). Chemical Demethylation of Methylmercury by Selenoamino Acids. *Chemical Research in Toxicology*, *23*(7), 1202-1206. https://doi.org/10.1021/tx100080s

- Kocman, D., & Horvat, M. (2010). A laboratory based experimental study of mercury emission from contaminated soils in the River Idrijca catchment. *Atmospheric Chemistry and Physics*, *10*(3), 1417-1426. https://doi.org/10.5194/acp-10-1417-2010

- Li, Y., Mao, Y., Liu, G., Tachiev, G., Roelant, D., Feng, X., & Cai, Y. (2010). Degradation of Methylmercury and Its Effects on Mercury Distribution and Cycling in the Florida Everglades. *Environmental Science & Technology*, *44*(17), 6661-6666. https://doi.org/10.1021/es1010434

- Li, P., Du, B., Chan, H. M., Feng, X., & Li, B. (2018). Mercury bioaccumulation and its toxic effects in rats fed with methylmercury polluted rice. *Science of The Total Environment*, *633*, 93-99. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.03.185

- Lin, C.-C., Yee, N., & Barkay, T. (2011). Microbial Transformations in the Mercury Cycle. In G. Liu, Y. Cai, & N. O'Driscoll (Éds.), *Environmental Chemistry and Toxicology of Mercury* (p. 155-191). John Wiley & Sons, Inc. https://doi.org/10.1002/9781118146644.ch5

- Lin, H., Lu, X., Liang, L., & Gu, B. (2015). Cysteine Inhibits Mercury Methylation by *Geobacter sulfurreducens* PCA Mutant Δ *omcBESTZ*. *Environmental Science & Technology Letters*, *2*(5), 144-148. https://doi.org/10.1021/acs.estlett.5b00068

- Lovley, D. R. (1995). Bioremediation of organic and metal contaminants with dissimilatory metal reduction. *Journal of Industrial Microbiology*, *14*(2), 85-93. https://doi.org/10.1007/BF01569889

- Lu, X., Johs, A., Zhao, L., Wang, L., Pierce, E. M., & Gu, B. (2018). Nanomolar Copper Enhances Mercury Methylation by *Desulfovibrio desulfuricans* ND132. *Environmental Science & Technology Letters*, *5*(6), 372-376. https://doi.org/10.1021/acs.estlett.8b00232

- Mason, R. P., Morel, F. M. M., & Hemond, H. F. (1995). The role of microorganisms in elemental mercury formation in natural waters. *Water, Air, & Soil Pollution*, *80*(1-4), 775-787. https://doi.org/10.1007/BF01189729

- Mason, Robert P., Reinfelder, J. R., & Morel, F. M. M. (1996). Uptake, Toxicity, and Trophic Transfer of Mercury in a Coastal Diatom. *Environmental Science & Technology*, *30*(6), 1835-1845. https://doi.org/10.1021/es950373d

- Mehrotra, A. S., Horne, A. J., & Sedlak, D. L. (2003). Reduction of Net Mercury Methylation by Iron in *Desulfobulbus propionicus* (1pr3) Cultures : Implications for Engineered Wetlands. *Environmental Science & Technology*, *37*(13), 3018-3023. https://doi.org/10.1021/es0262838

- Mergler, D., Anderson, H. A., Chan, L. H. M., Mahaffey, K. R., Murray, M., Sakamoto, M., & Stern, A. H. (2007). Methylmercury Exposure and Health Effects in Humans : A Worldwide Concern. *AMBIO: A Journal of the Human Environment*, *36*(1), 3-11. https://doi.org/10.1579/0044-7447(2007)36[3:MEAHEI]2.0.CO;2

- Norambuena, J., Wang, Y., Hanson, T., Boyd, J. M., & Barkay, T. (2017). Low-Molecular-Weight Thiols and Thioredoxins Are Important Players in Hg(II) Resistance in Thermus thermophilus HB27. *Applied and Environmental Microbiology*, *84*(2), e01931-17. https://doi.org/10.1128/AEM.01931-17

- Parks, Jerry M., Guo, H., Momany, C., Liang, L., Miller, S. M., Summers, A. O., & Smith, J. C. (2009). Mechanism of Hg−C Protonolysis in the Organomercurial Lyase MerB. *Journal of the American Chemical Society*, *131*(37), 13278-13285. https://doi.org/10.1021/ja9016123

- Parks, J. M., Johs, A., Podar, M., Bridou, R., Hurt, R. A., Smith, S. D., Tomanicek, S. J., Qian, Y., Brown, S. D., Brandt, C. C., Palumbo, A. V., Smith, J. C., Wall, J. D., Elias, D. A., & Liang, L. (2013). The Genetic Basis for Bacterial Mercury Methylation. *Science*, *339*(6125), 1332-1335. https://doi.org/10.1126/science.1230667

- Qian, C., Chen, H., Johs, A., Lu, X., An, J., Pierce, E. M., Parks, J. M., Elias, D. A., Hettich, R. L., & Gu, B. (2018). Quantitative Proteomic Analysis of Biological Processes and Responses of the Bacterium *Desulfovibrio desulfuricans* ND132 upon Deletion of Its Mercury Methylation Genes. *PROTEOMICS*, *18*(17), 1700479. https://doi.org/10.1002/pmic.201700479

- Sakamoto, M., Nakano, A., & Akagi, H. (2001). Declining Minamata Male Birth Ratio Associated with Increased Male Fetal Death Due to Heavy Methylmercury Pollution. *Environmental Research*, *87*(2), 92-98. https://doi.org/10.1006/enrs.2001.4293

- Schaefer, Jeffra K., & Morel, F. M. M. (2009). High methylation rates of mercury bound to cysteine by Geobacter sulfurreducens. *Nature Geoscience*, *2*(2), 123-126. https://doi.org/10.1038/ngeo412

- Schaefer, J. K., Rocks, S. S., Zheng, W., Liang, L., Gu, B., & Morel, F. M. M. (2011). Active transport,

substrate specificity, and methylation of Hg(II) in anaerobic bacteria. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *108*(21), 8714-8719. https://doi.org/10.1073/pnas.1105781108

- Schaefer, Jeffra K., Szczuka, A., & Morel, F. M. M. (2014a). Effect of Divalent Metals on Hg(II) Uptake and Methylation by Bacteria. *Environmental Science & Technology*, *48*(5), 3007-3013. https://doi.org/10.1021/es405215v

- Schaefer, J. K., Kronberg, R.-M., Morel, F. M. M., & Skyllberg, U. (2014b). Detection of a key Hg methylation gene, *hgcA* , in wetland soils : Detection of the Hg methylation gene, hgcA, in soils. *Environmental Microbiology Reports*, *6*(5), 441-447. https://doi.org/10.1111/1758-2229.12136

- Schelert, J., Dixit, V., Hoang, V., Simbahan, J., Drozda, M., & Blum, P. (2004). Occurrence and Characterization of Mercury Resistance in the Hyperthermophilic Archaeon Sulfolobus solfataricus by Use of Gene Disruption. *Journal of Bacteriology*, *186*(2), 427-437. https://doi.org/10.1128/JB.186.2.427-437.2004

- Smith, S. D., Bridou, R., Johs, A., Parks, J. M., Elias, D. A., Hurt, R. A., Brown, S. D., Podar, M., & Wall, J. D. (2015). Site-Directed Mutagenesis of HgcA and HgcB Reveals Amino Acid Residues Important for Mercury Methylation. *Applied and Environmental Microbiology*, *81*(9), 3205-3217. https://doi.org/10.1128/AEM.00217-15

- Truong, H.-Y. T., Chen, Y.-W., Saleh, M., Nehzati, S., George, G. N., Pickering, I. J., & Belzile, N. (2014). Proteomics of Desulfovibrio desulfuricans and X-ray absorption spectroscopy to investigate mercury methylation in the presence of selenium. *Metallomics*, *6*(3), 465. https://doi.org/10.1039/c3mt00323j

- Vázquez-Rodríguez, A. I., Hansel, C. M., Zhang, T., Lamborg, C. H., Santelli, C. M., Webb, S. M., & Brooks, S. C. (2015). Microbial- and thiosulfate-mediated dissolution of mercury sulfide minerals and transformation to gaseous mercury. *Frontiers in Microbiology*, *6*. https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.00596

- Wahba, H. M., Lecoq, L., Stevenson, M., Mansour, A., Cappadocia, L., Lafrance-Vanasse, J., Wilkinson, K. J., Sygusch, J., Wilcox, D. E., & Omichinski, J. G. (2016). Structural and Biochemical Characterization of a Copper-Binding Mutant of the Organomercurial Lyase MerB : Insight into the Key Role of the Active Site Aspartic Acid in Hg–Carbon Bond Cleavage and Metal Binding Specificity. *Biochemistry*, *55*(7), 1070-1081. https://doi.org/10.1021/acs.biochem.5b01298

- Wiatrowski, H. A., Das, S., Kukkadapu, R., Ilton, E. S., Barkay, T., & Yee, N. (2009). Reduction of Hg(II) to Hg(0) by Magnetite. *Environmental Science & Technology*, *43*(14), 5307-5313. https://doi.org/10.1021/es9003608

- Yu, R.-Q., Reinfelder, J. R., Hines, M. E., & Barkay, T. (2013). Mercury Methylation by the Methanogen Methanospirillum hungatei. *Applied and Environmental Microbiology*, *79*(20), 6325-6330. https://doi.org/10.1128/AEM.01556-13

Résumé

Le méthylmercure est une neurotoxine fortement bioaccumulable. Les processus biotiques de la méthylation du mercure sont assez bien connus. De même qu'aujourd'hui, l'existence d'effets des thiols et des métaux divalents sur la méthylation du mercure n'est plus à débattre.

Ce rapport bibliographique présente tout d'abord des généralités sur le mercure et sur son cycle biogéochimique, notamment sur ce qui est connu des mécanismes de méthylation. Ensuite, les effets de certains paramètres sur la méthylation du Hg, particulièrement des métaux seront présentés. Dans le présent rapport, les cas du Sélénium, du Fer, du Zinc, du Cadmium et du Cuivre seront abordés. Il faut noter qu'il existe encore de nombreux métaux dont les effets sont inconnus.

Au final, la méthylation du mercure peut-être inhibée ou améliorée en fonction de la concentration des métaux à laquelle un microorganisme méthylateur est exposé. Cela veut dire que la présence de gènes rapporteurs *hgcAB* communément utilisée n'est pas forcément révélatrice de la quantité de méthylmercure qu'une communauté bactérienne peut produire.

Abstract

Methylmercury is a neurotoxin, higly bioaccumulated in the food chain. The biotic processes of methylation of mercury are very well known. The effects of thiols and metals on Hg methylation is no longer debatable. However, the nature of these effects remains to be fully understood.

This report present an overview of what is known about mercury and its biogeochemical cycle. Then, the effect of parameters, in particular metals on Hg methylation will be presented. The cases of Selenium, Iron, Zinc, Cadmium and Copper will be discussed. It should be noted that the effect of other metals on Hg methylation (not listed in this report) are unknown and requires further research.

Finally, the methylation of mercury can be inhibited or improved depending on the concentration of metals to which a methylator is exposed. This means that the presence of commonly used *hgcAB* reporter genes is not necessarily indicative of the amount of methylmercury that a bacterial community can produce.

6 mots clés : méthylmercure, méthylation, transport, thiols, métaux, neurotoxique