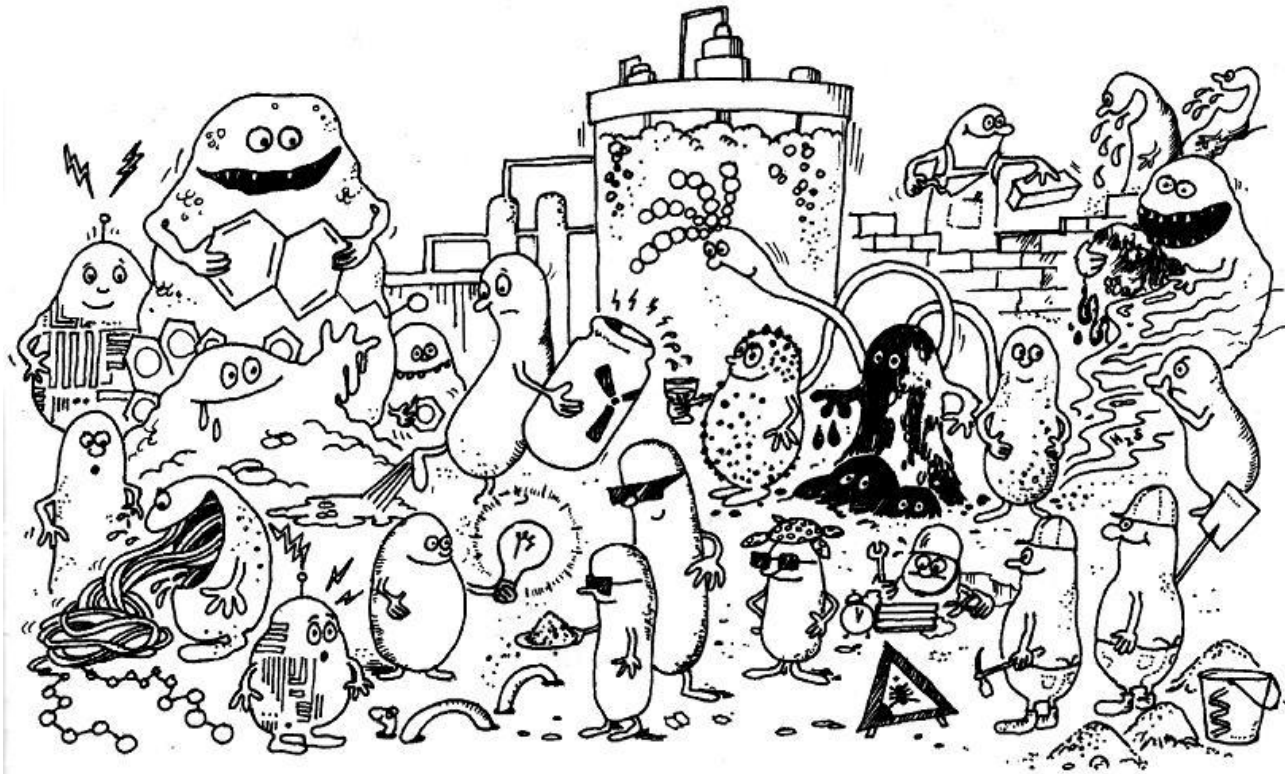


Diversité – Fonction chez les microbes

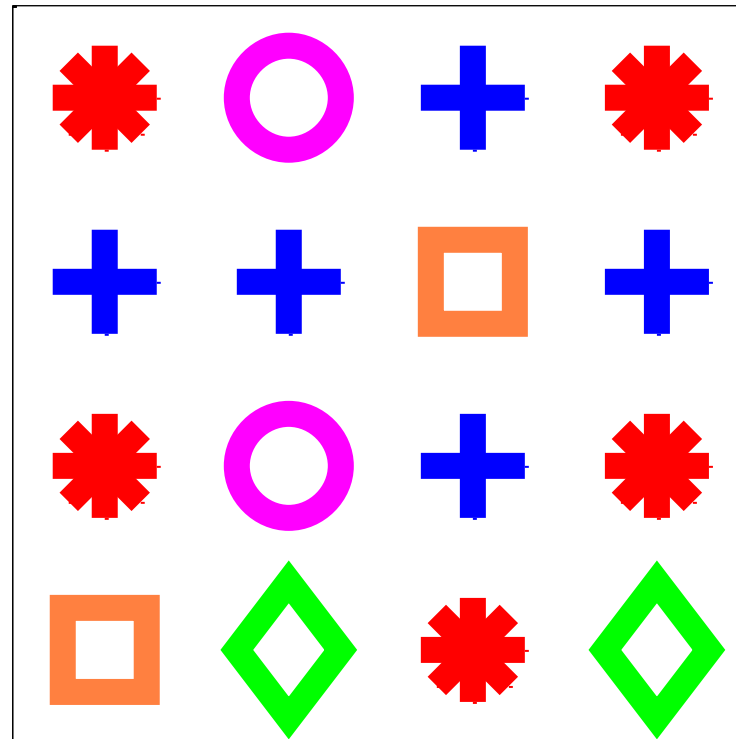
Jérôme Hamelin



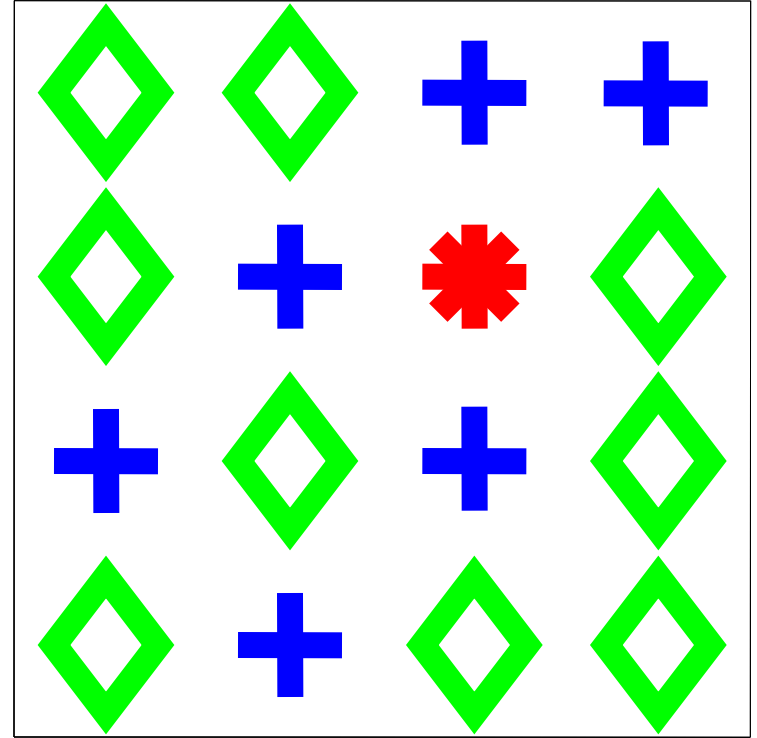
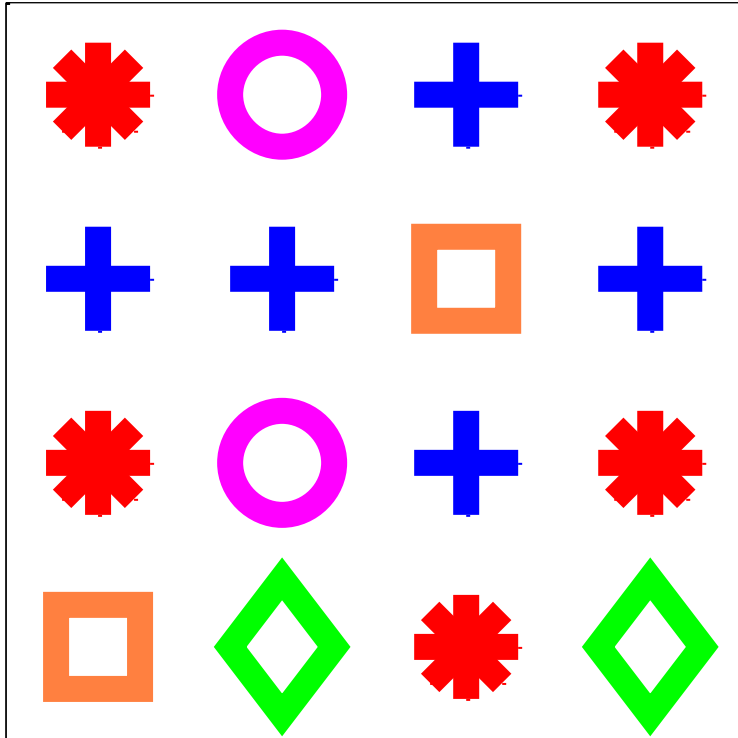
Diversité – Fonction chez les microbes



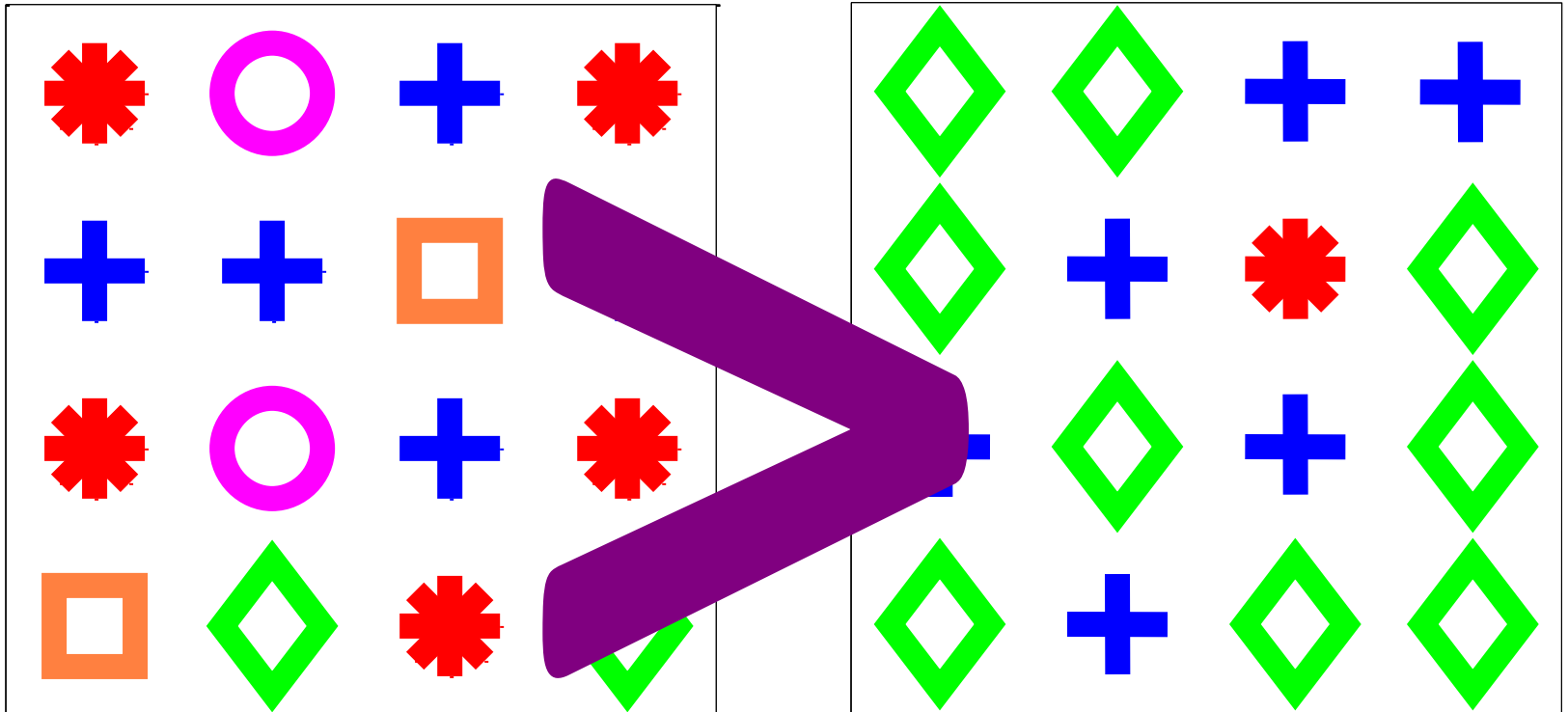
Exemple d'une communauté avec des individus pouvant appartenir à des espèces différentes



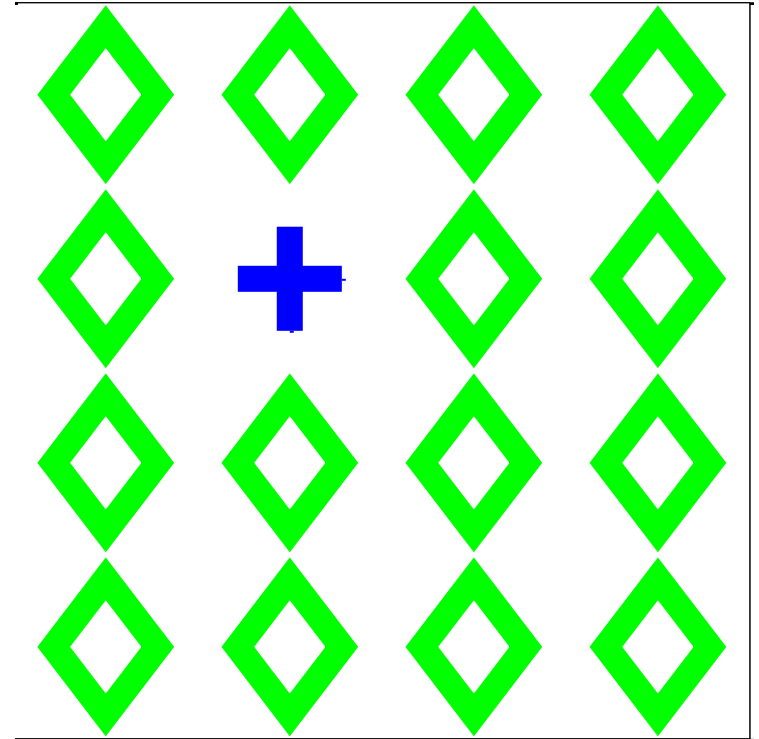
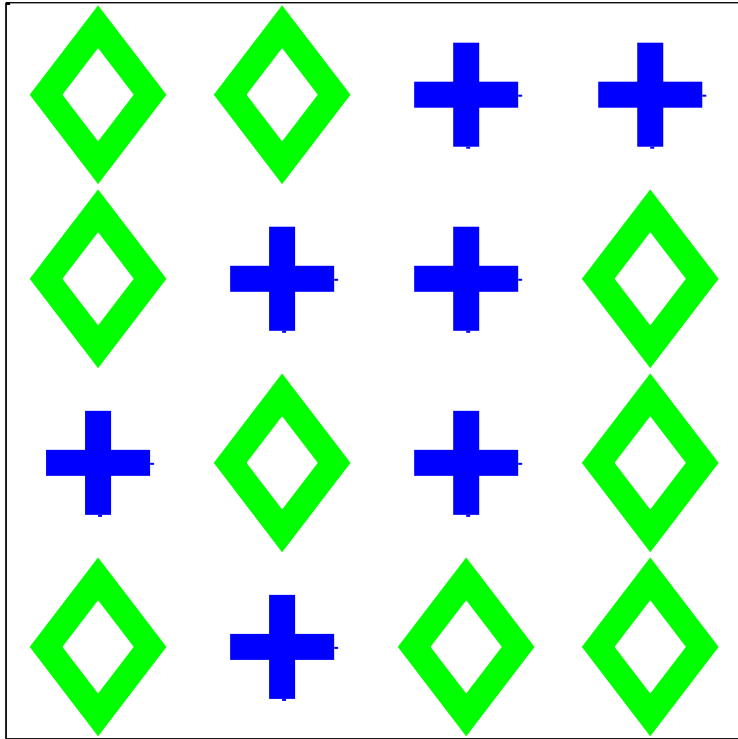
Quelle communauté a la diversité la plus importante?



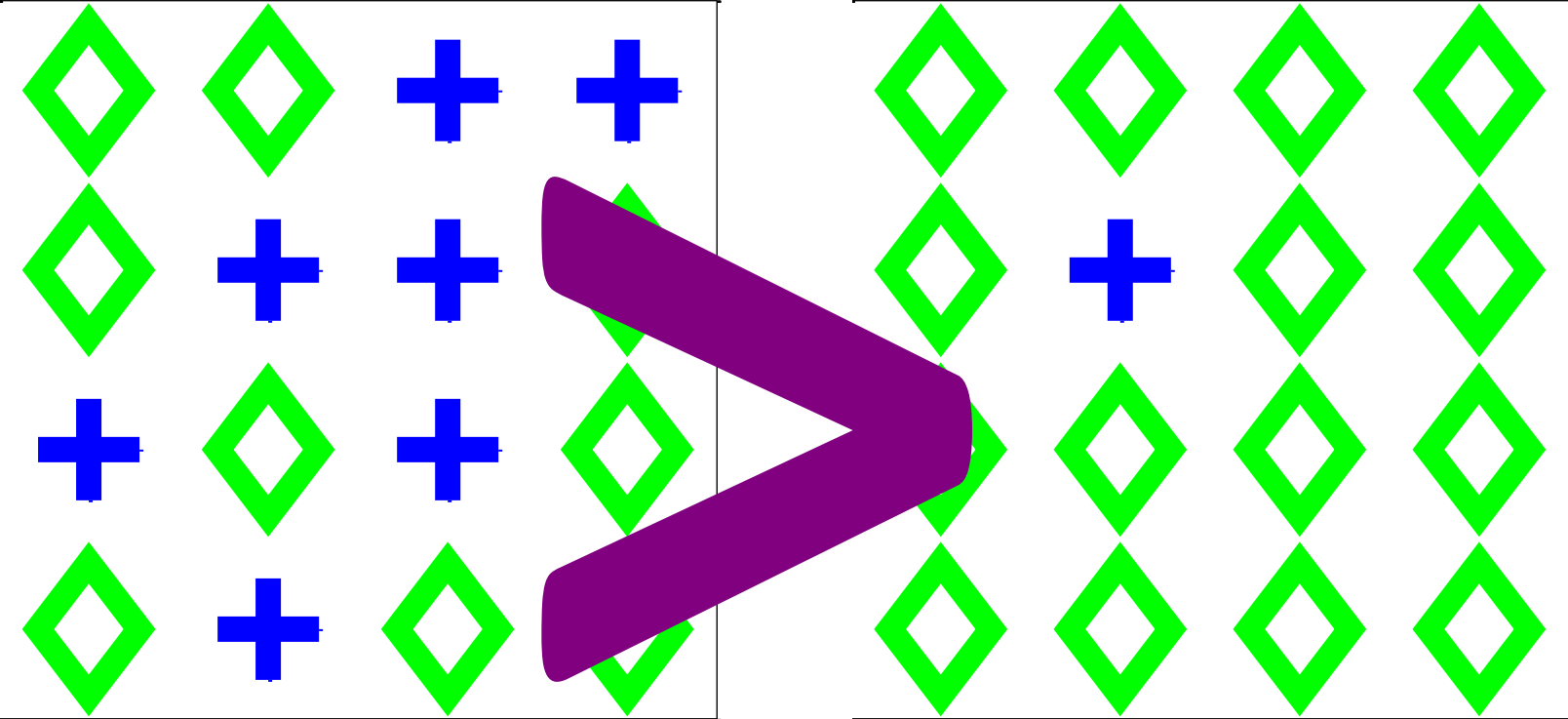
Quelle communauté a la diversité la plus importante?



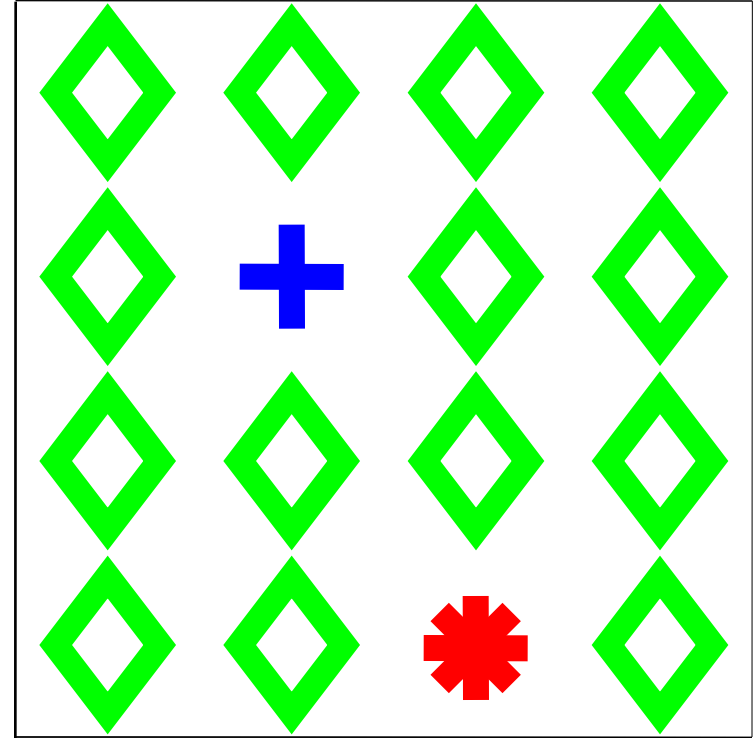
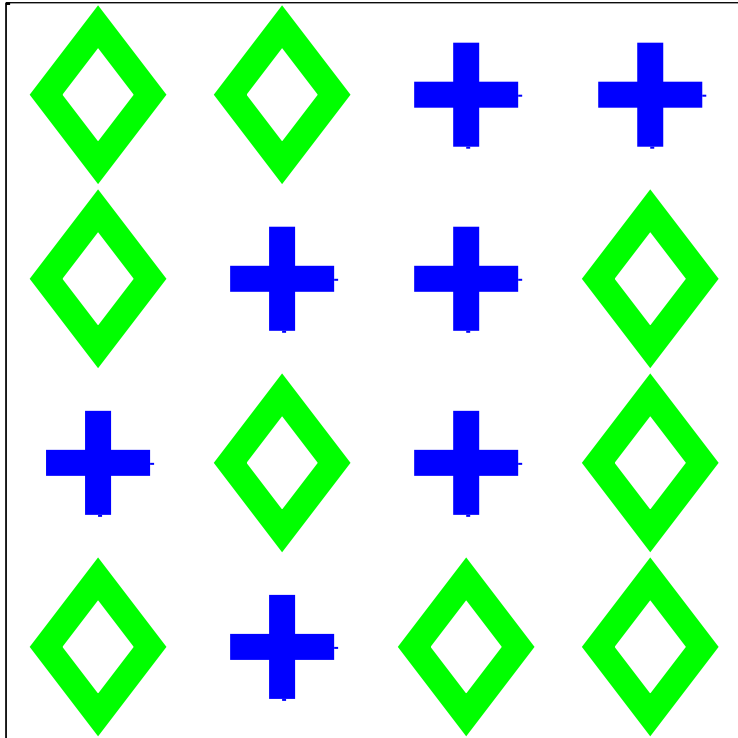
Quelle communauté a la diversité la plus importante?



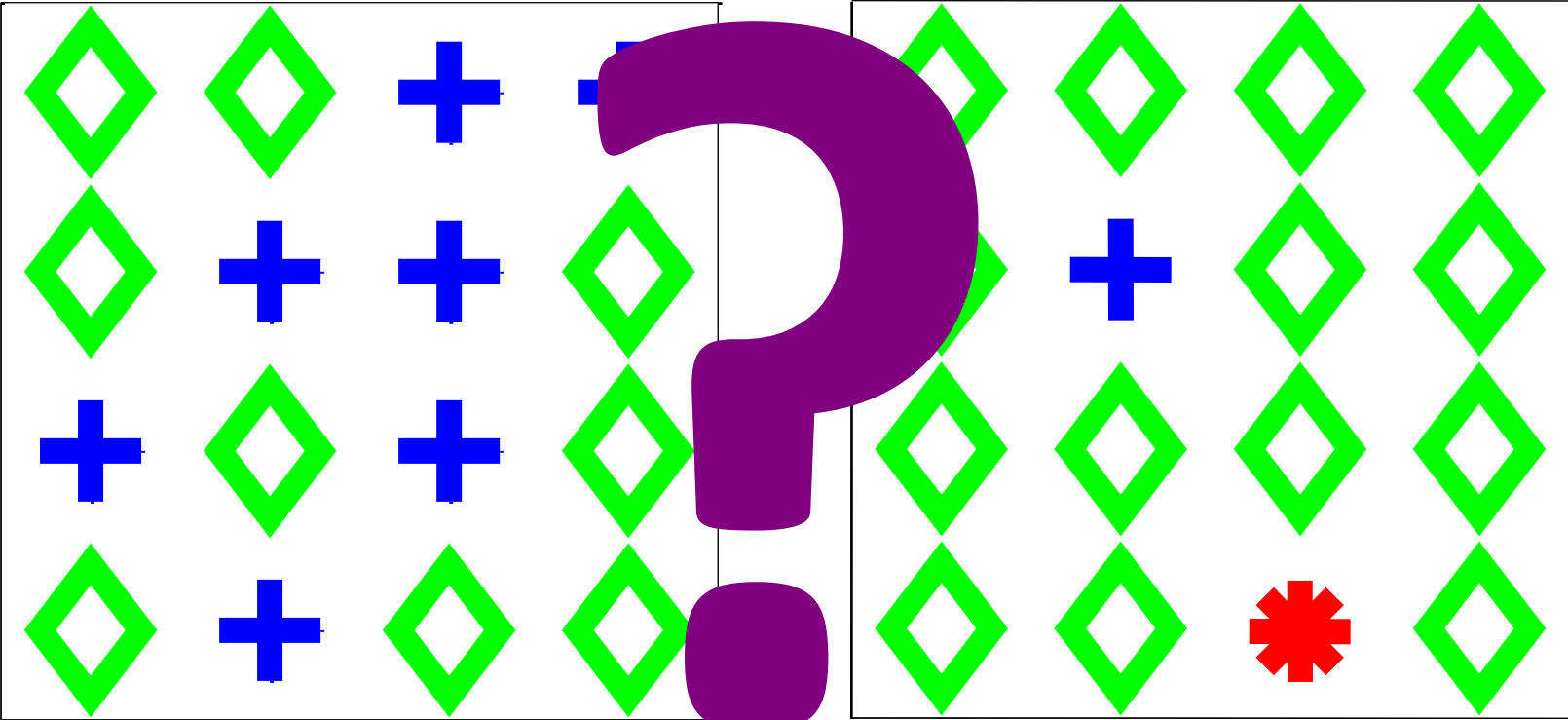
Quelle communauté a la diversité la plus importante?



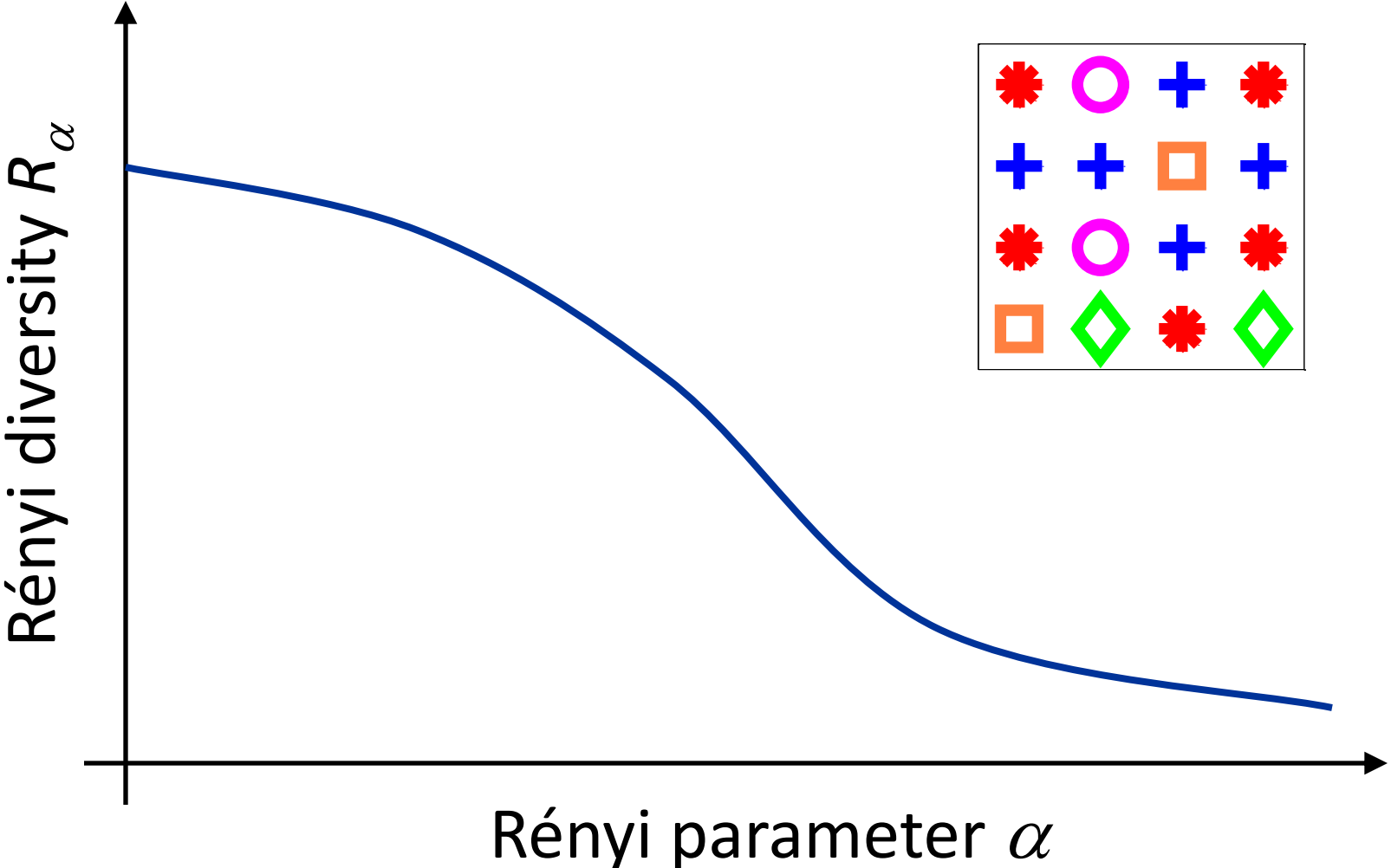
Quelle communauté a la diversité la plus importante?



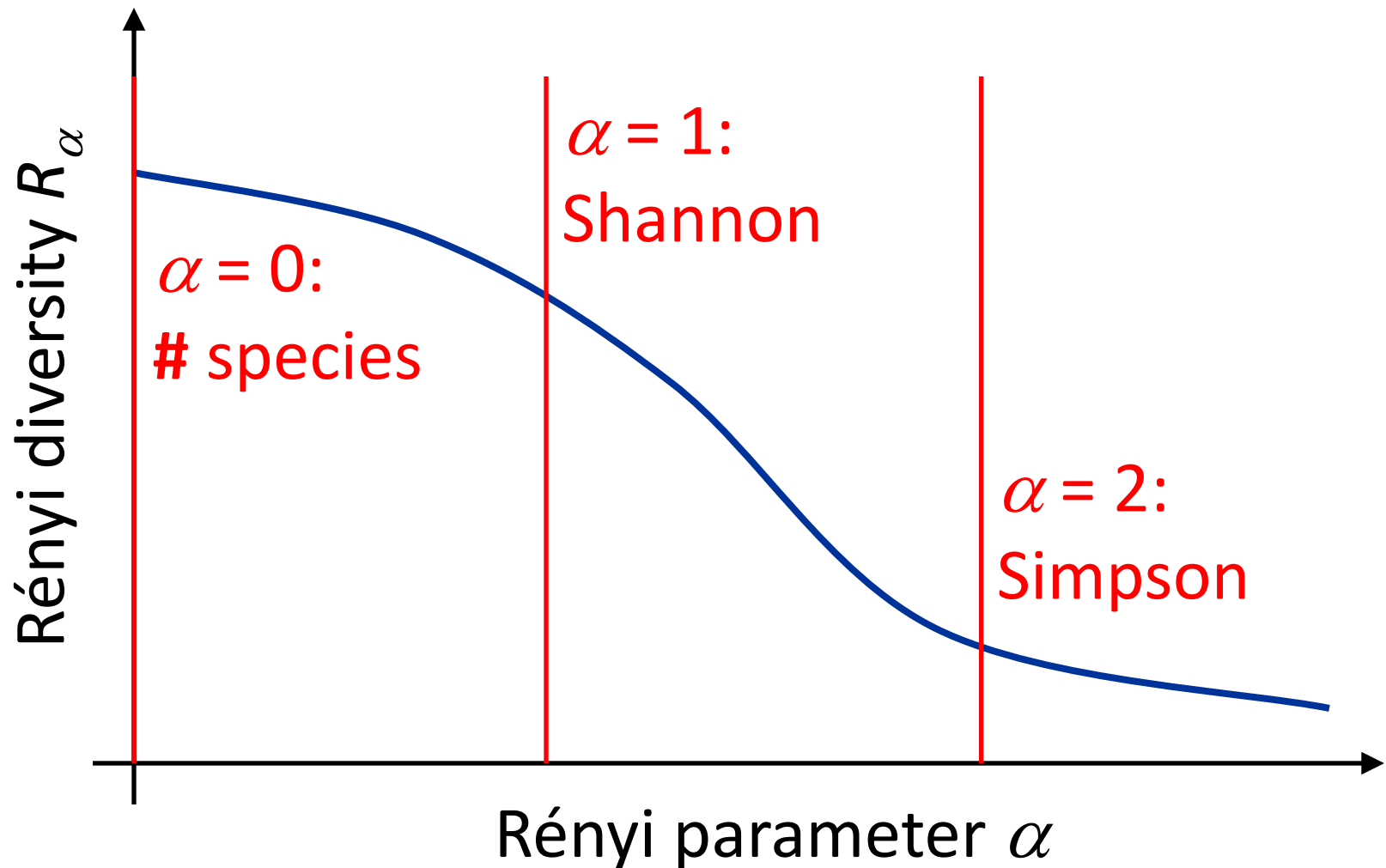
Quelle communauté a la diversité la plus importante?



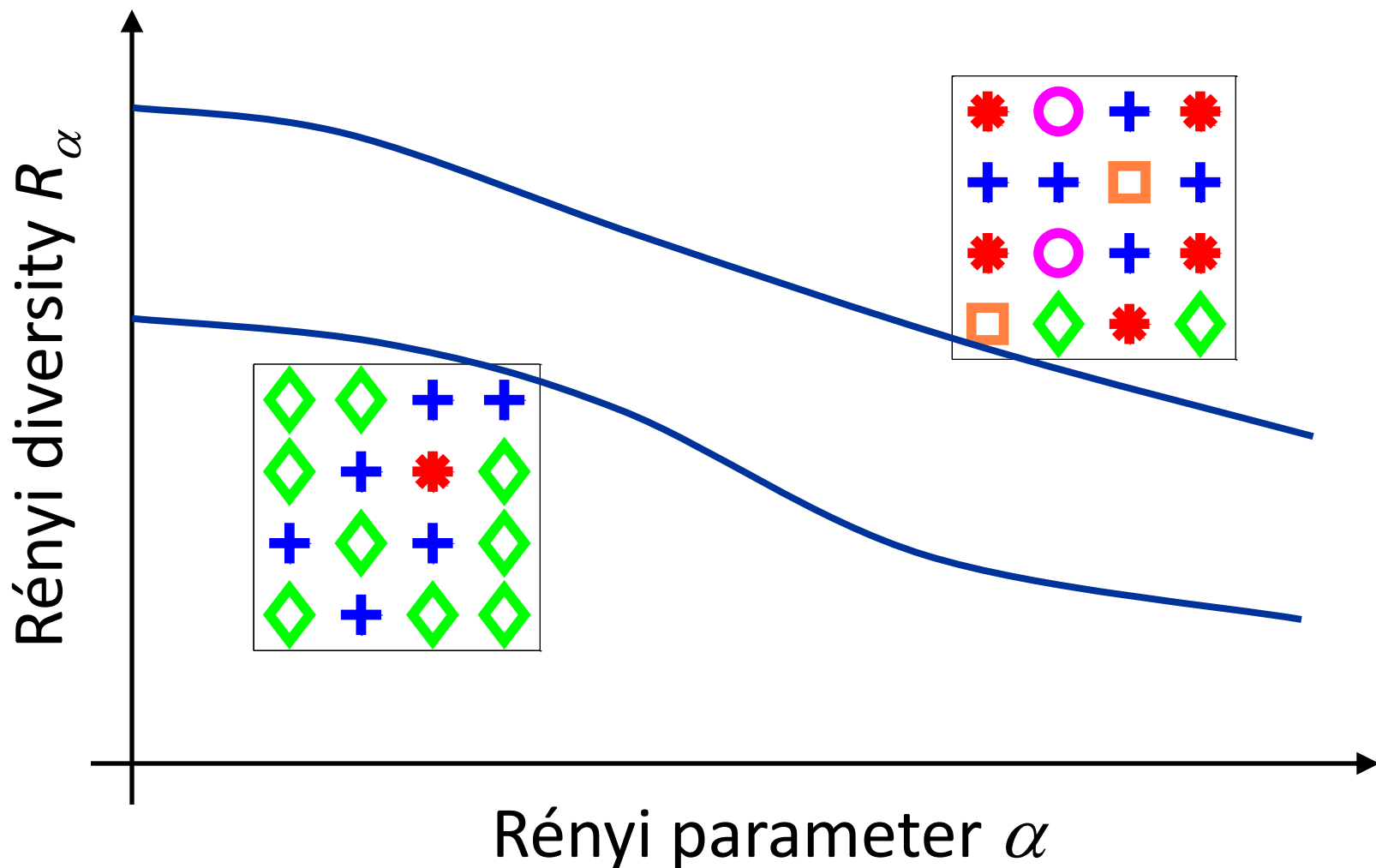
De la notion d'entropie (physique) à la notion de diversité (écologie)



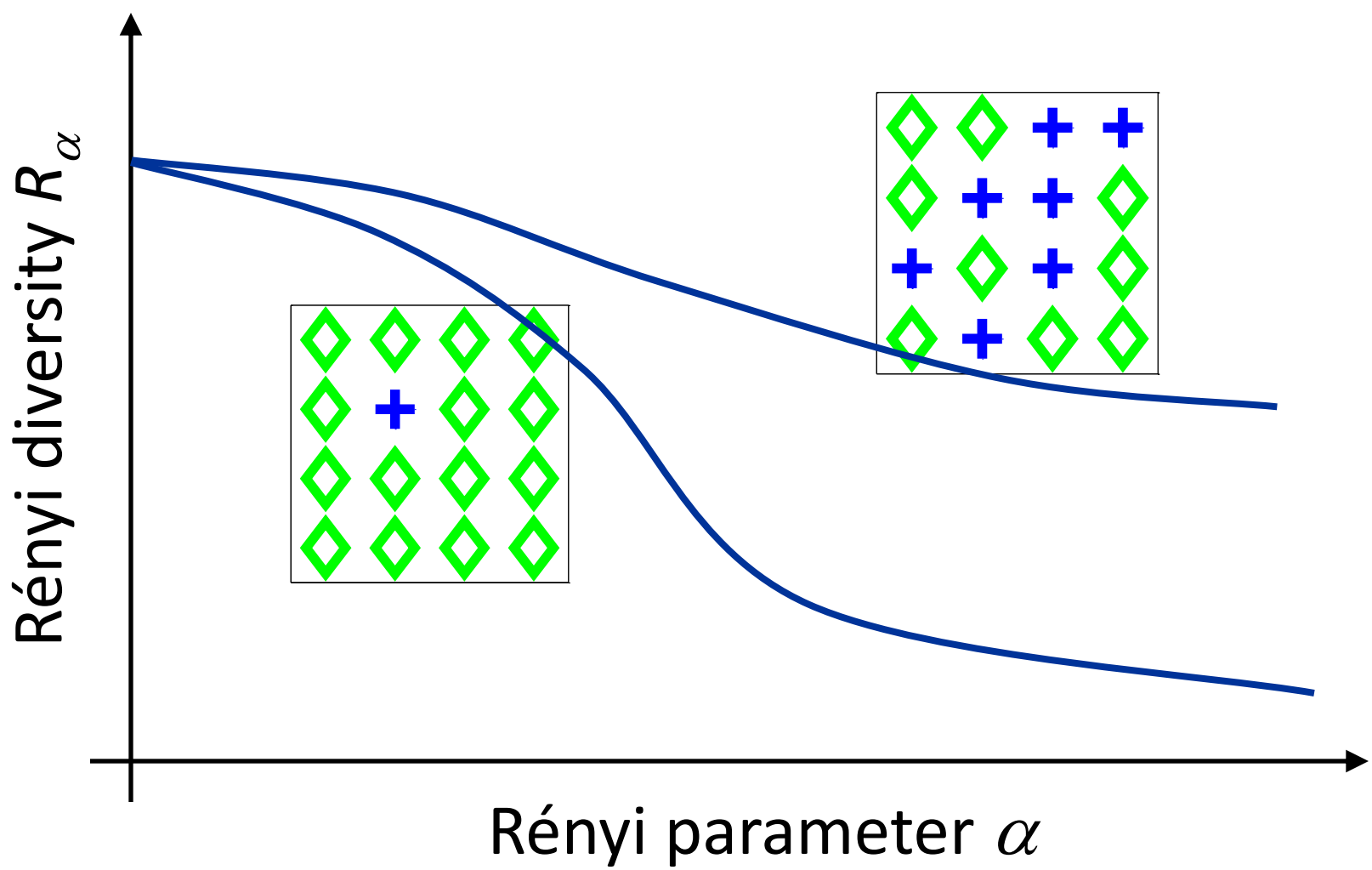
La « famille » d'indices de diversité de Rényi



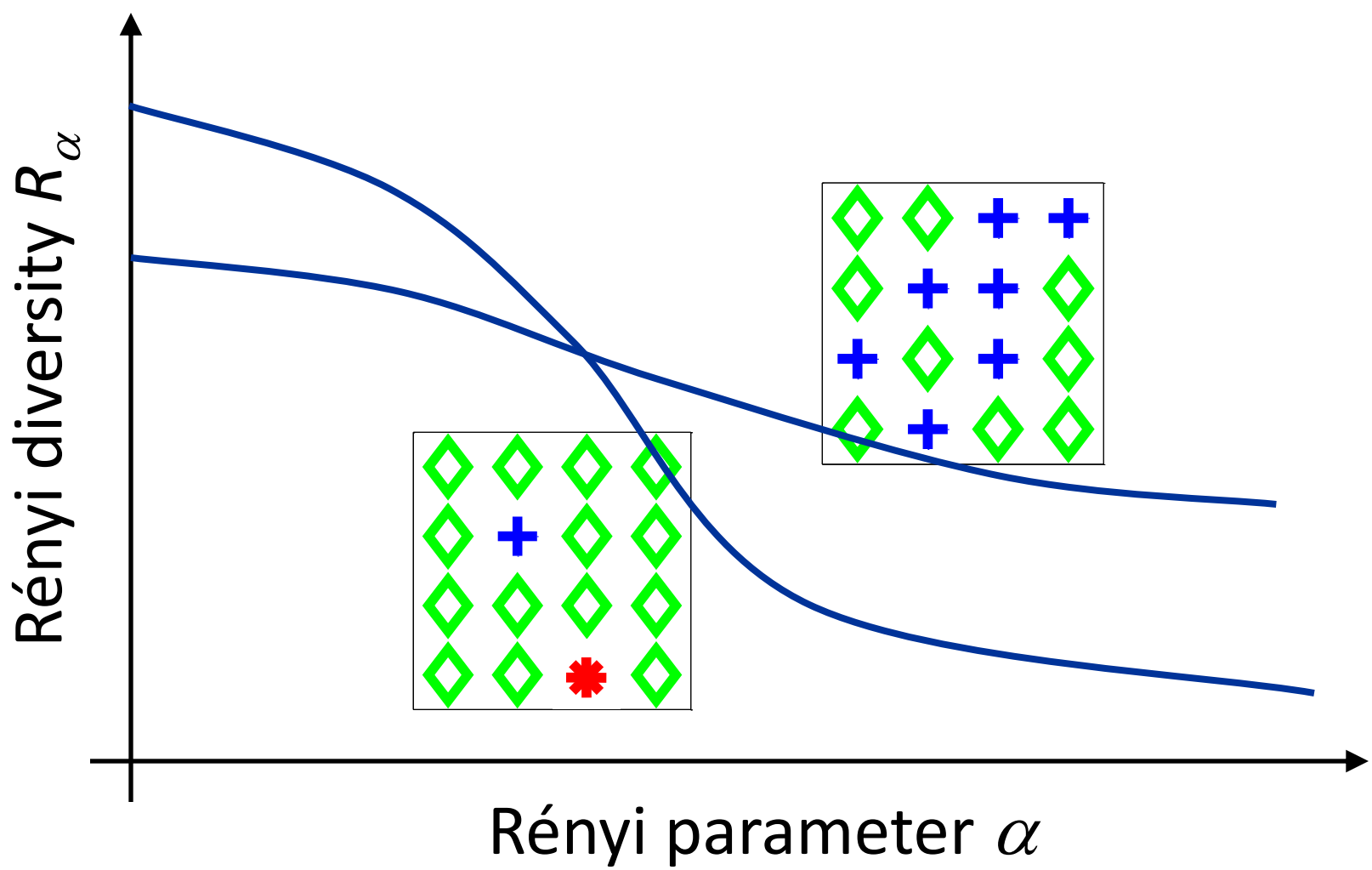
La « famille » d'indices de diversité de Rényi



La « famille » d'indices de diversité de Rényi

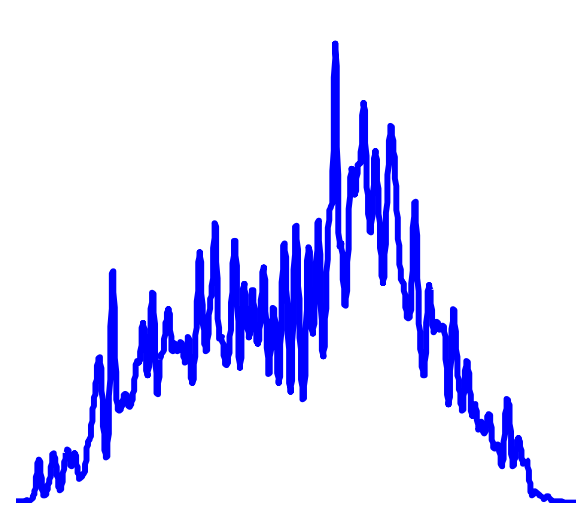


La « famille » d'indices de diversité de Rényi

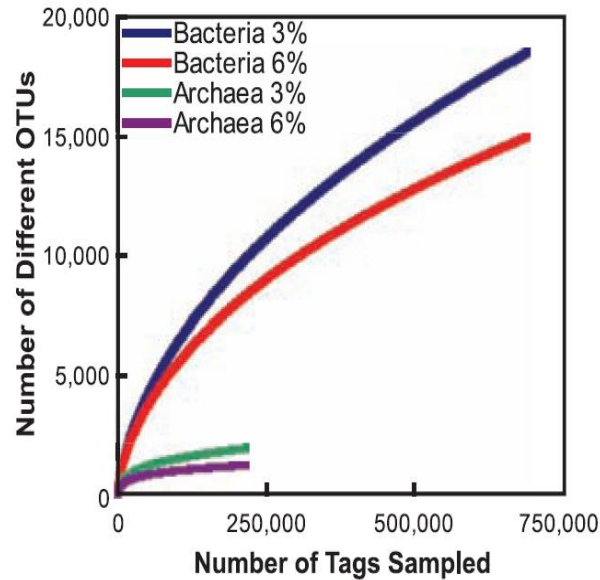


Différentes techniques de caractérisation des microorganismes permettent de décrire différentes notions de diversité

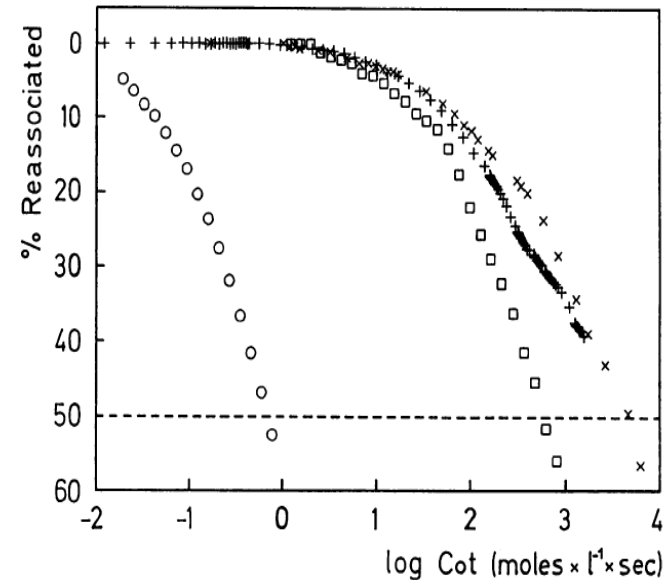
fingerprint



clonage-
séquençage

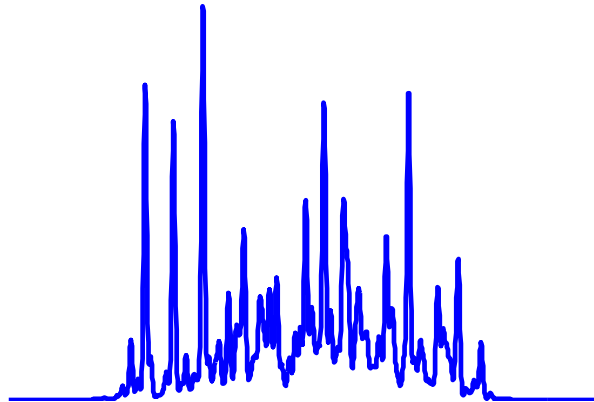
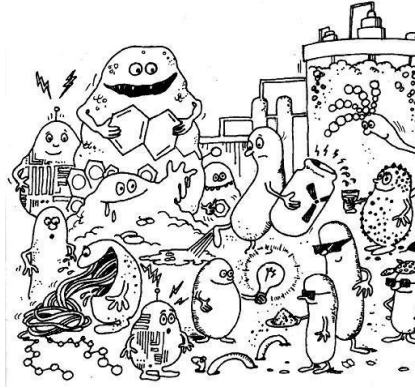
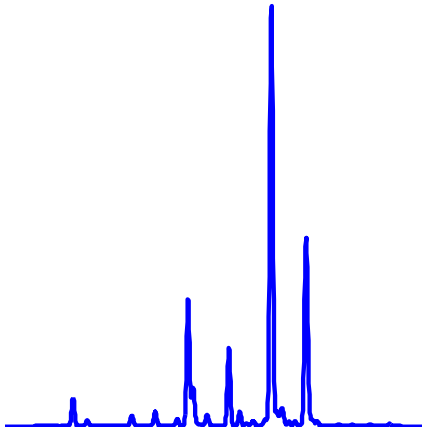


courbe Cot



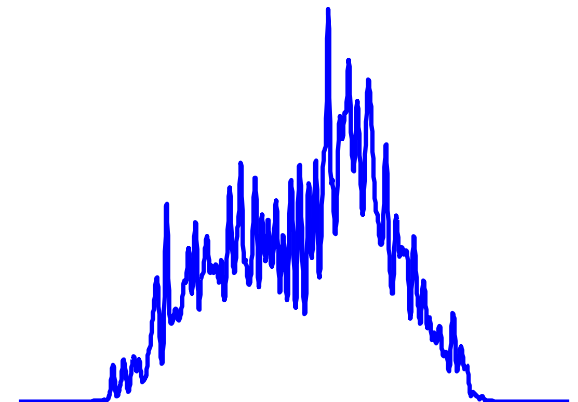
cas I:

les espèces présentes
peuvent être discriminées

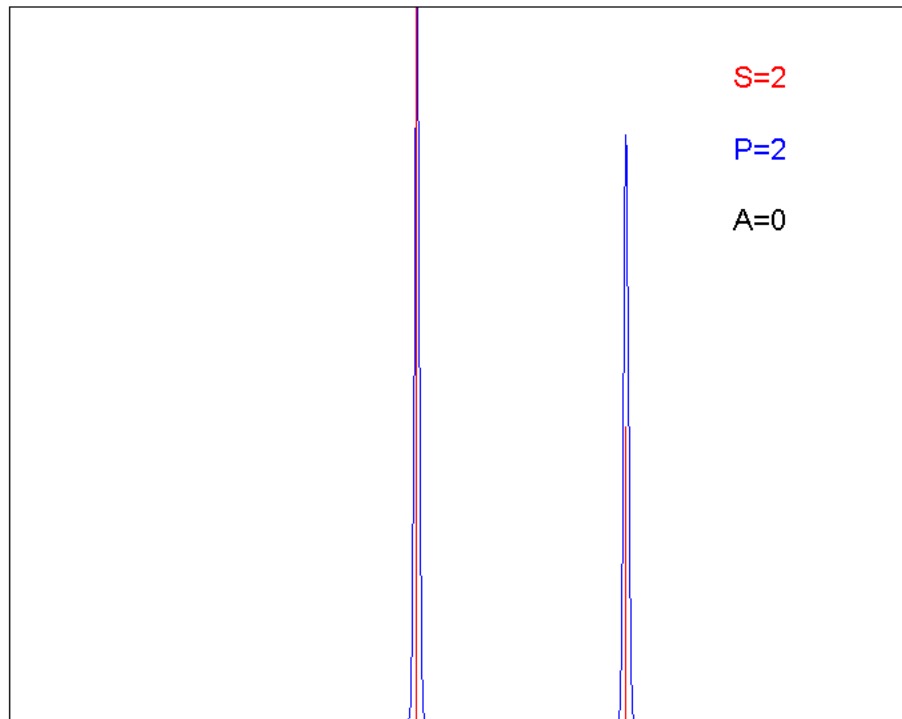


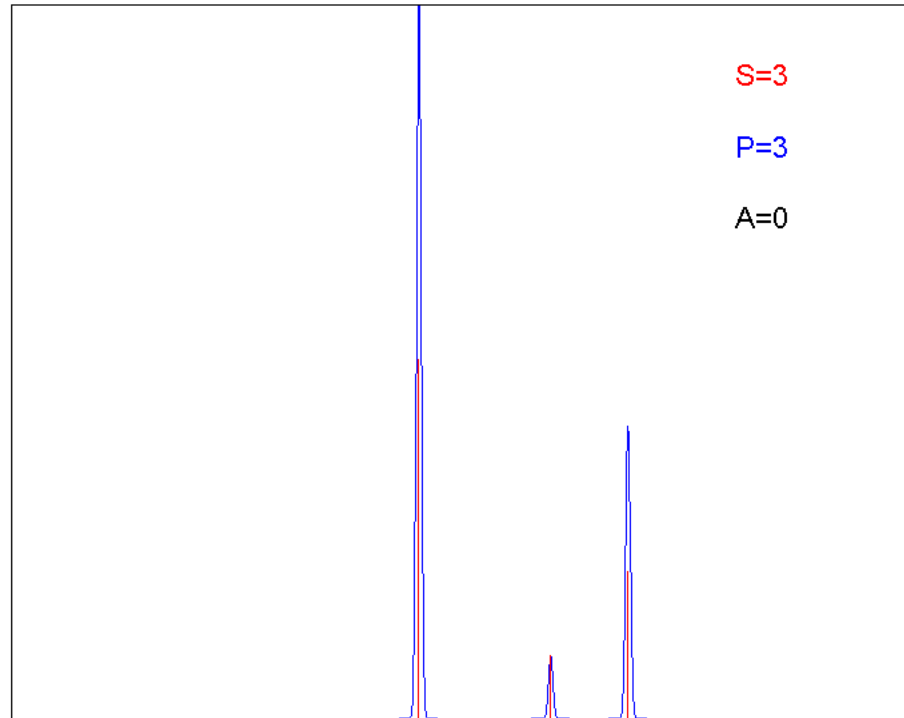
cas II:

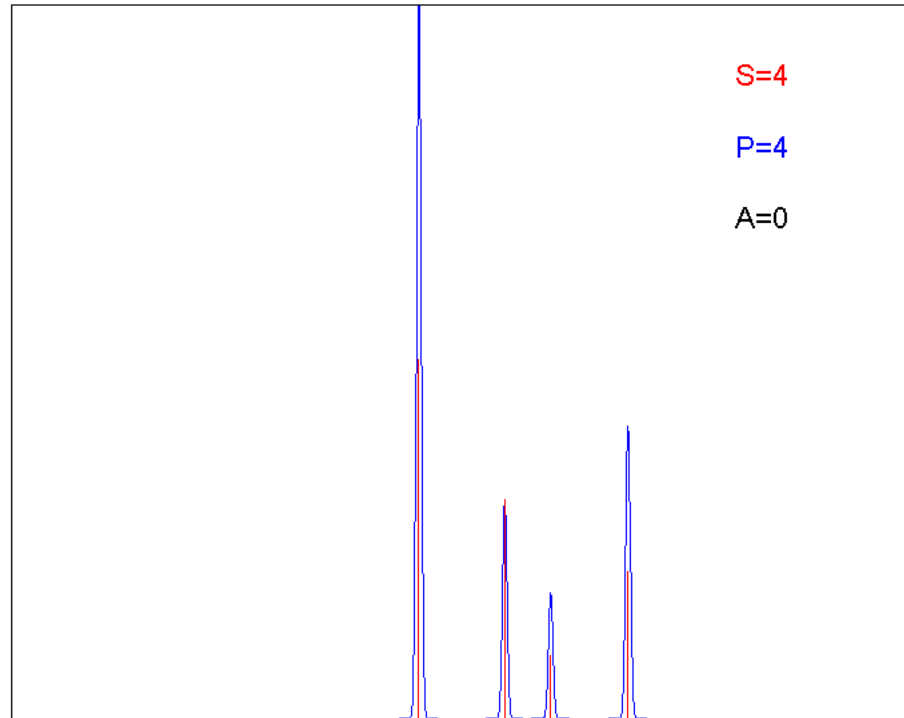
les pics des espèces
se chevauchent

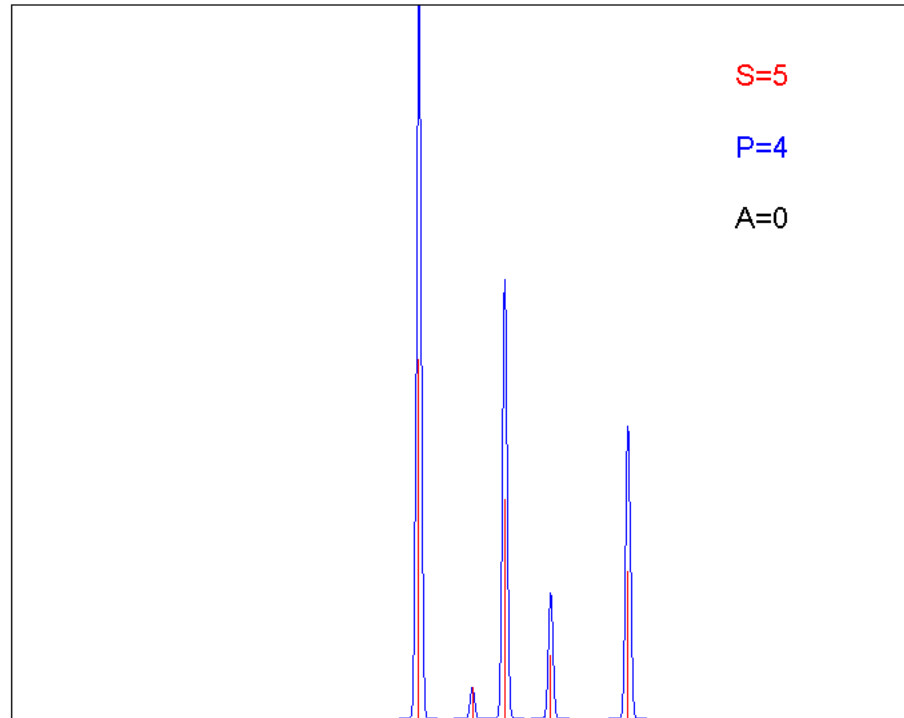


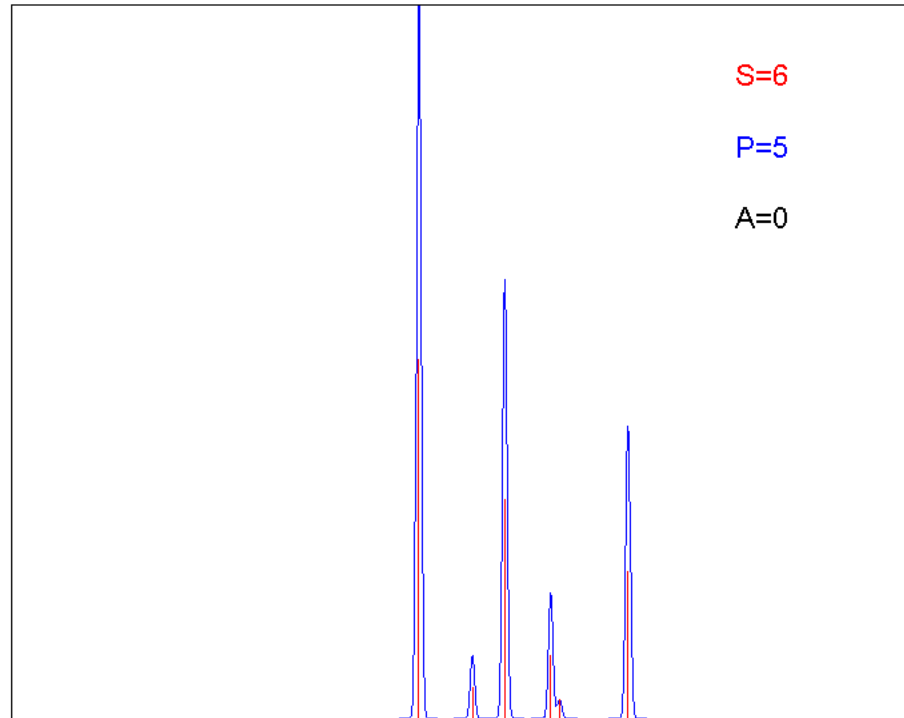


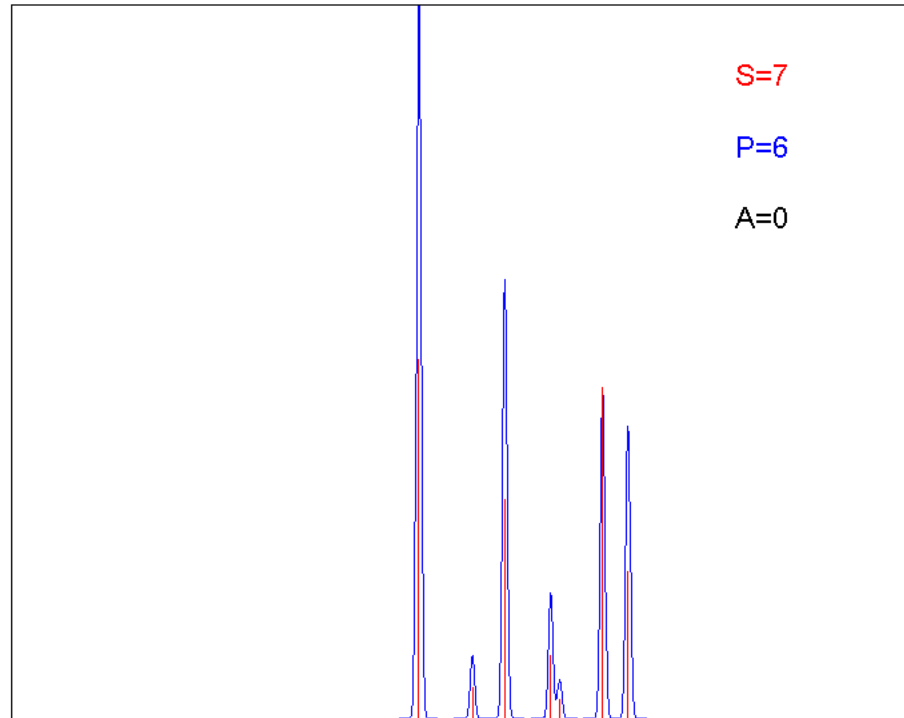


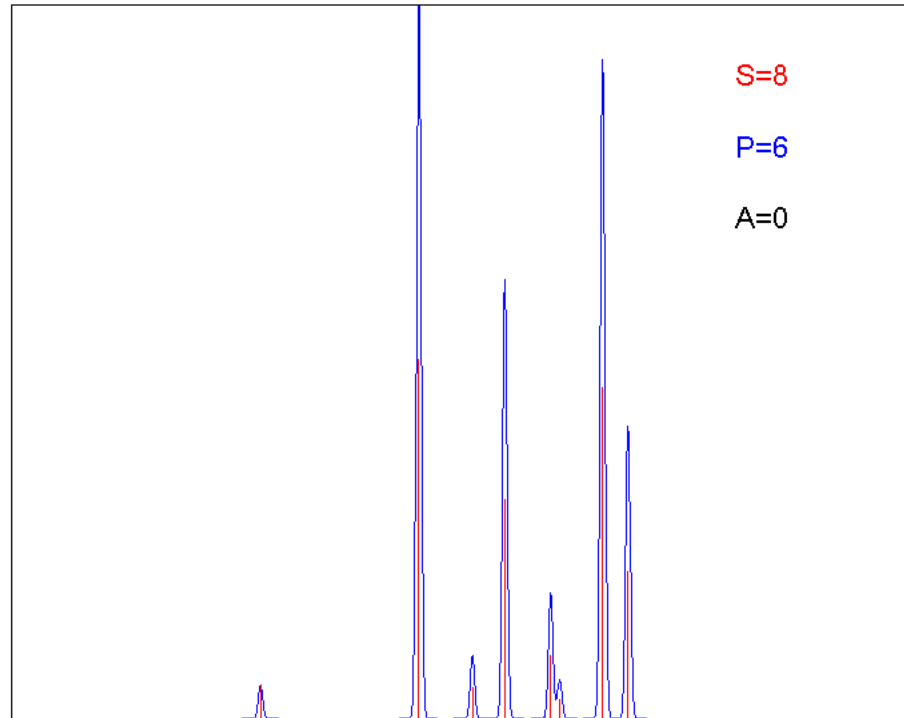


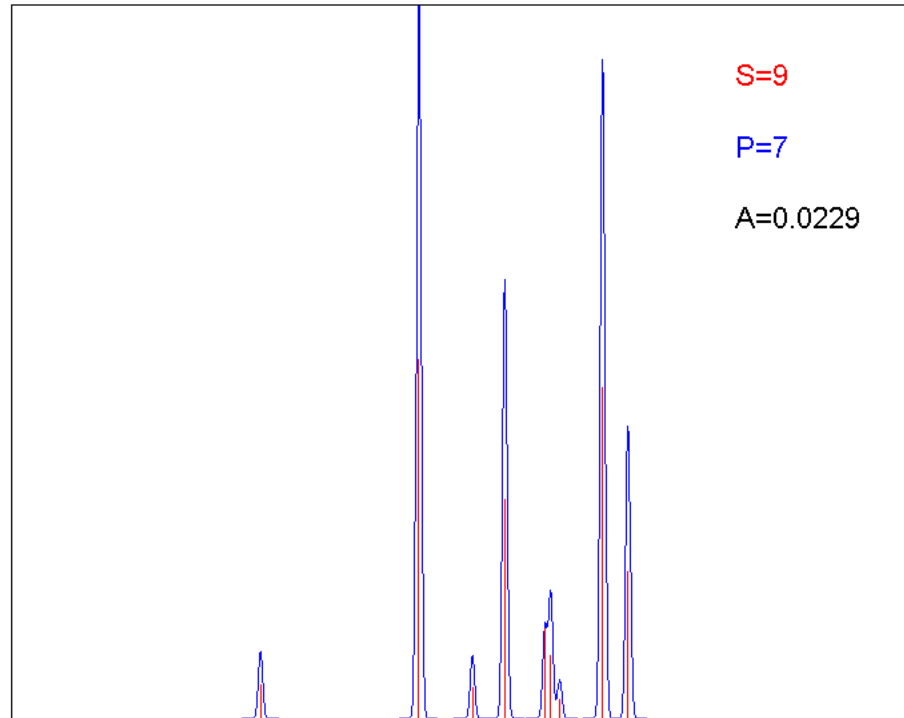


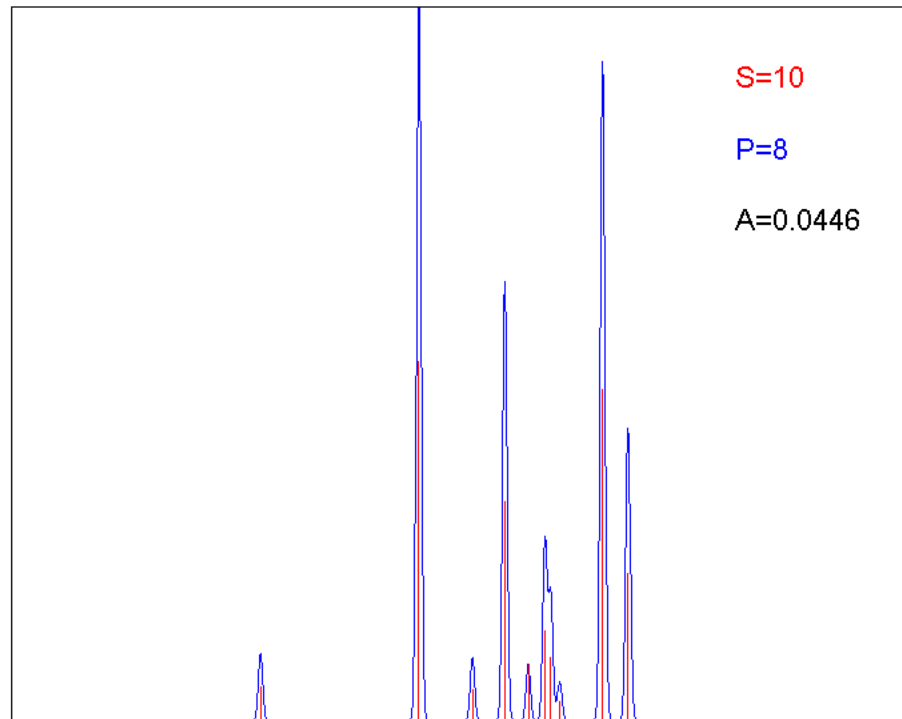




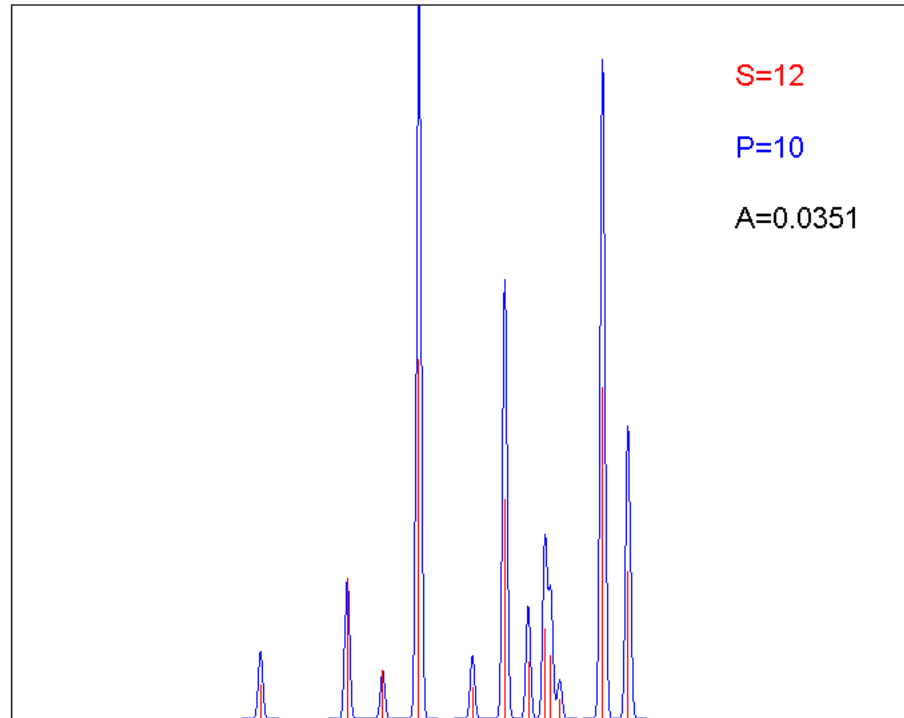


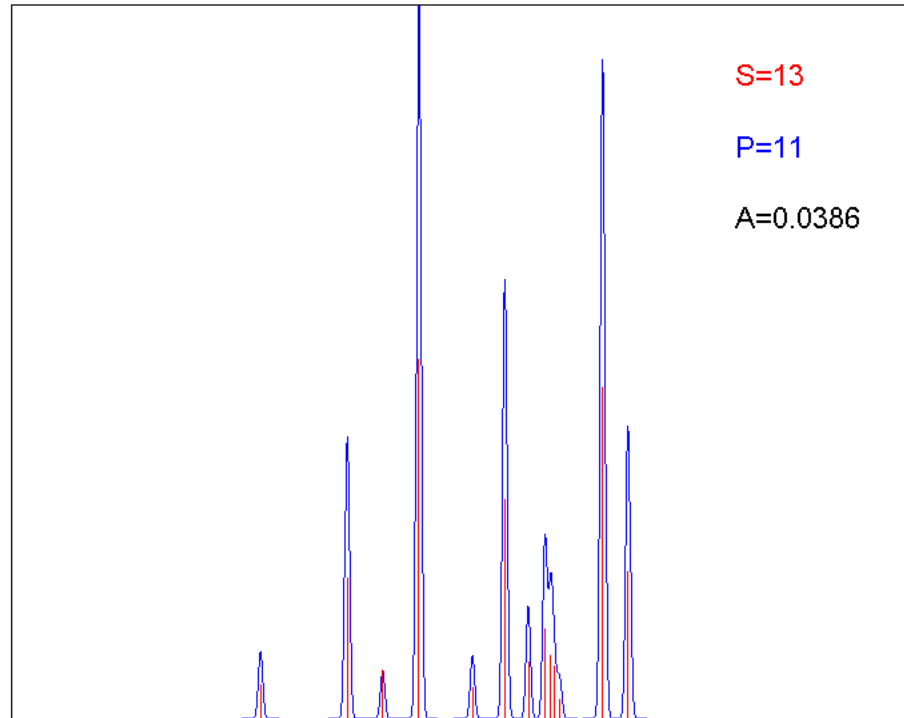


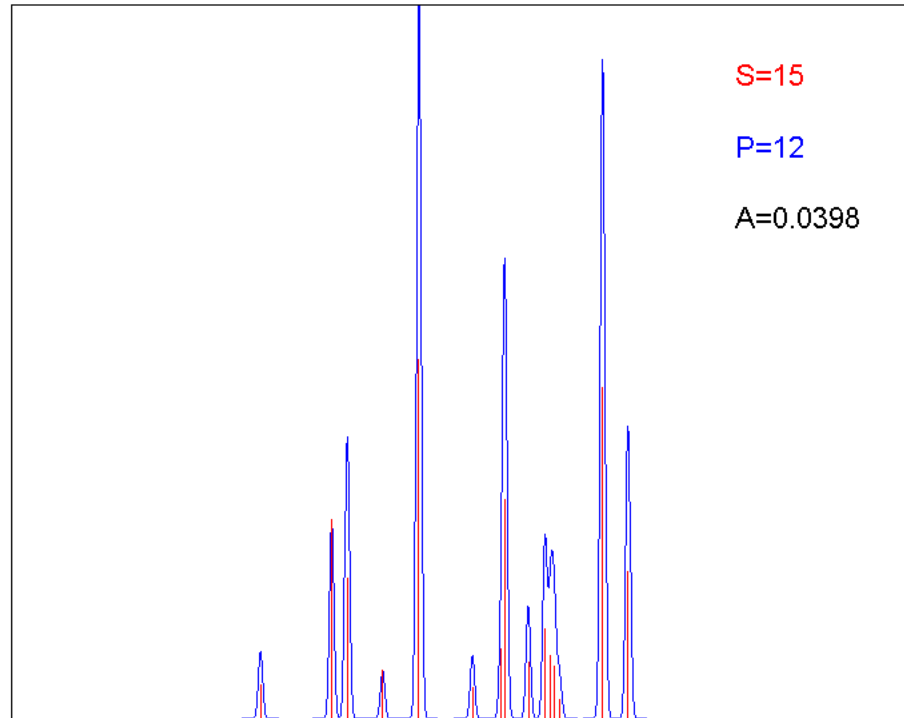


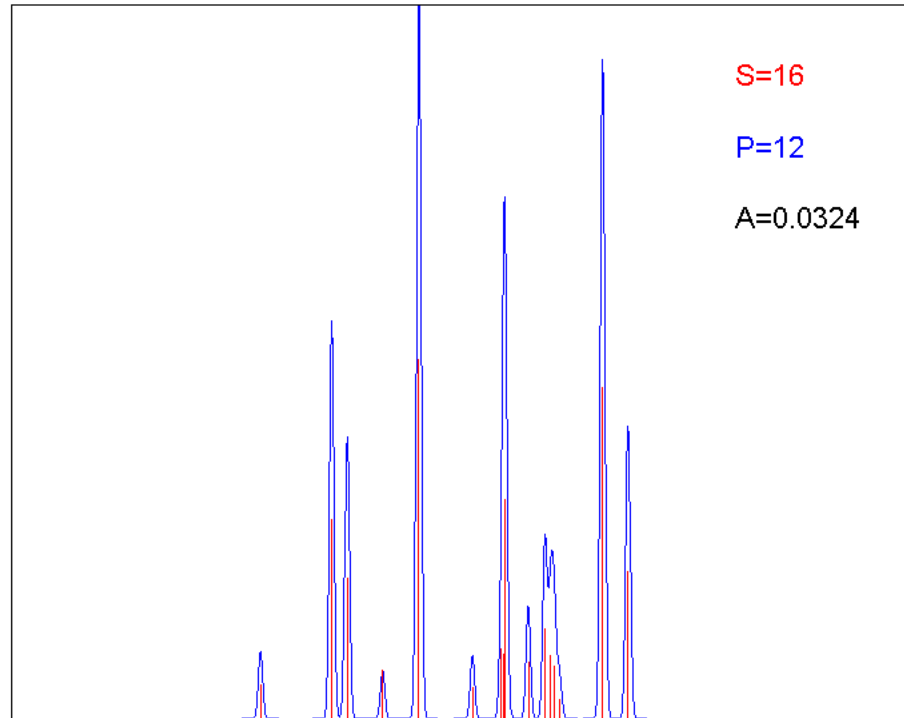


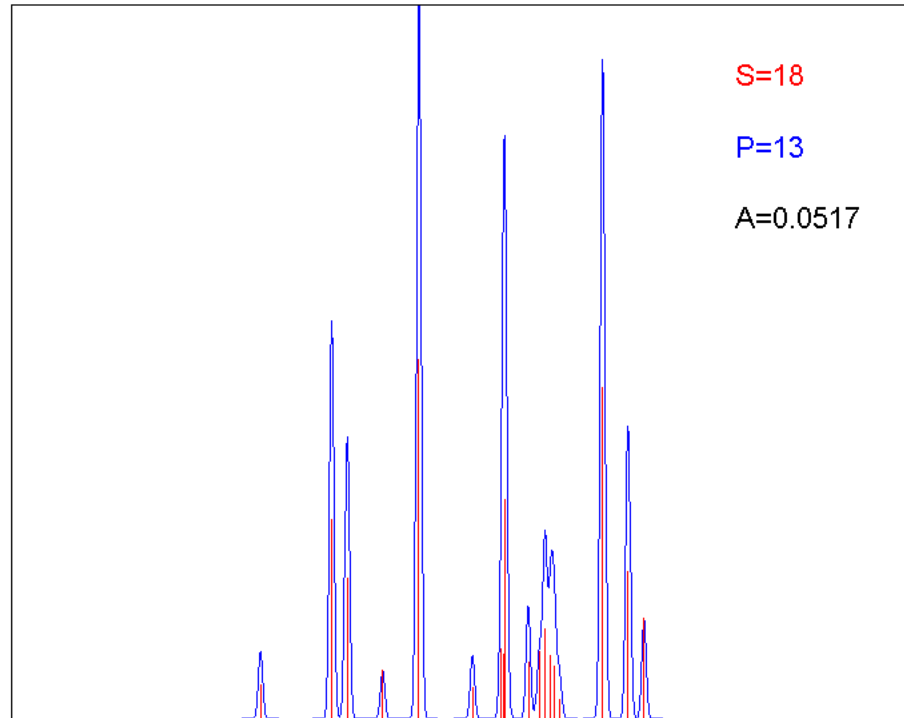
dès ± 10 espèces: sous estimation
du nombre d'espèces (**S**) en comptant les pics (**P**)

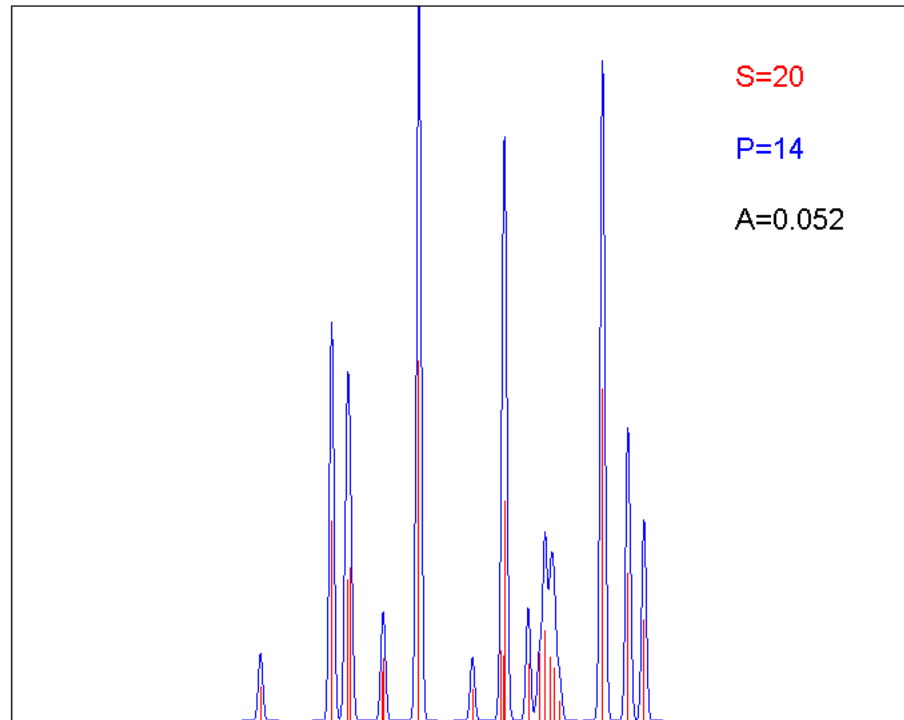


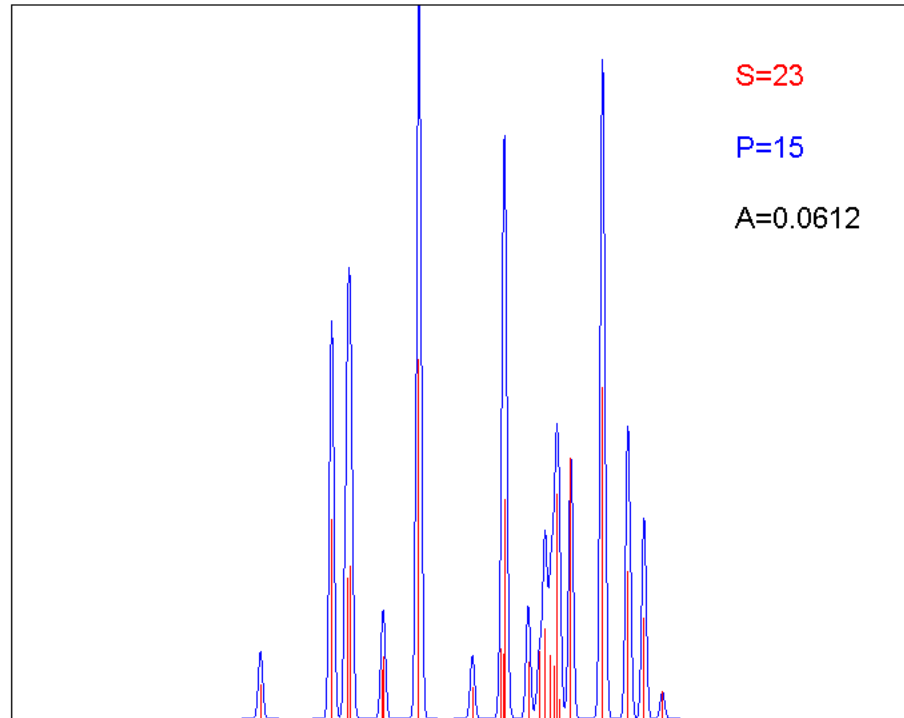


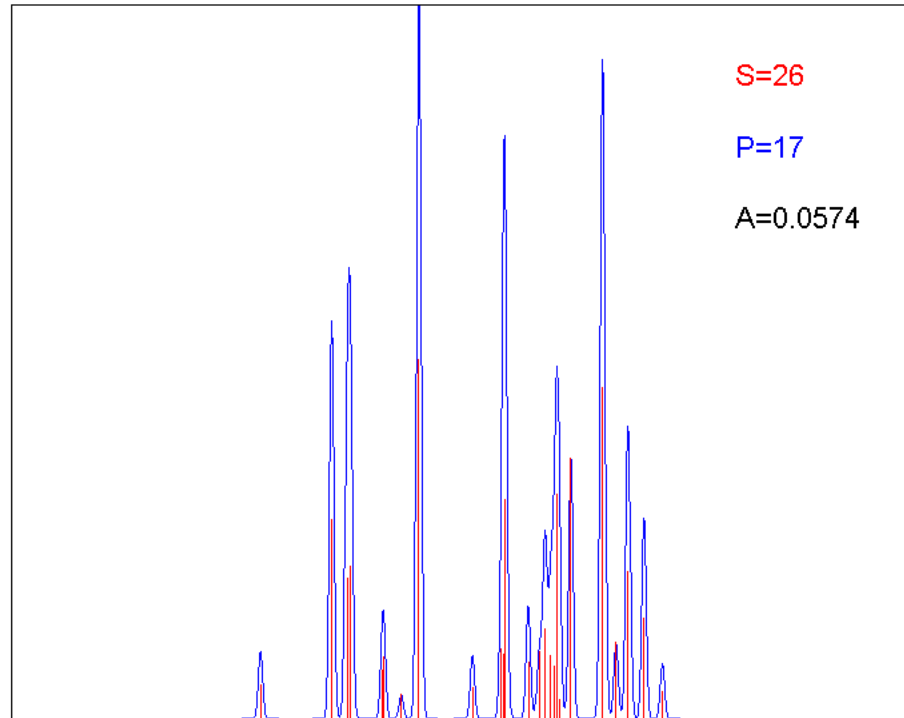


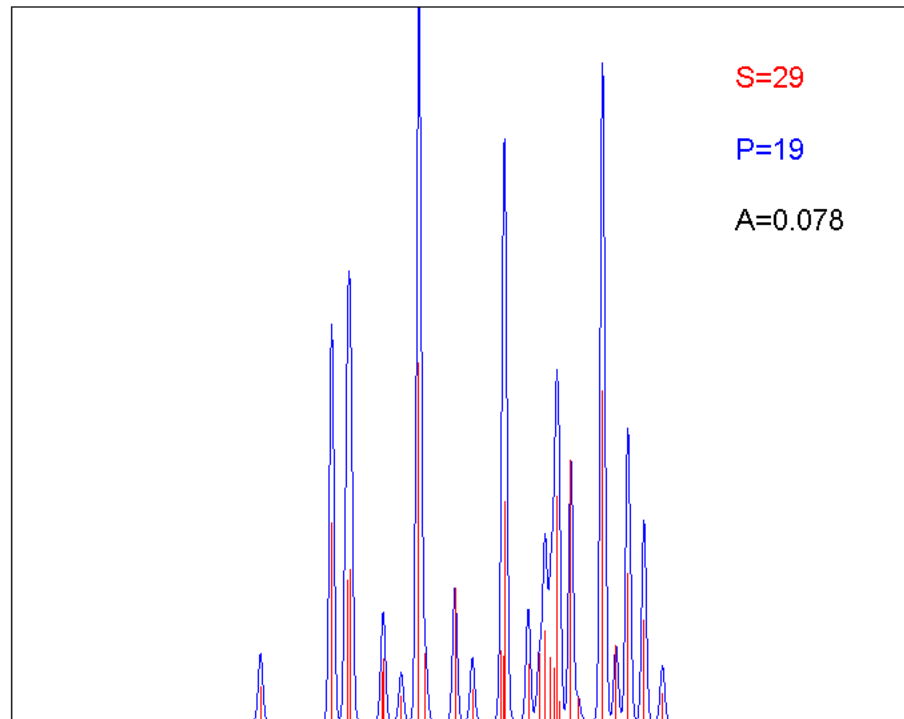


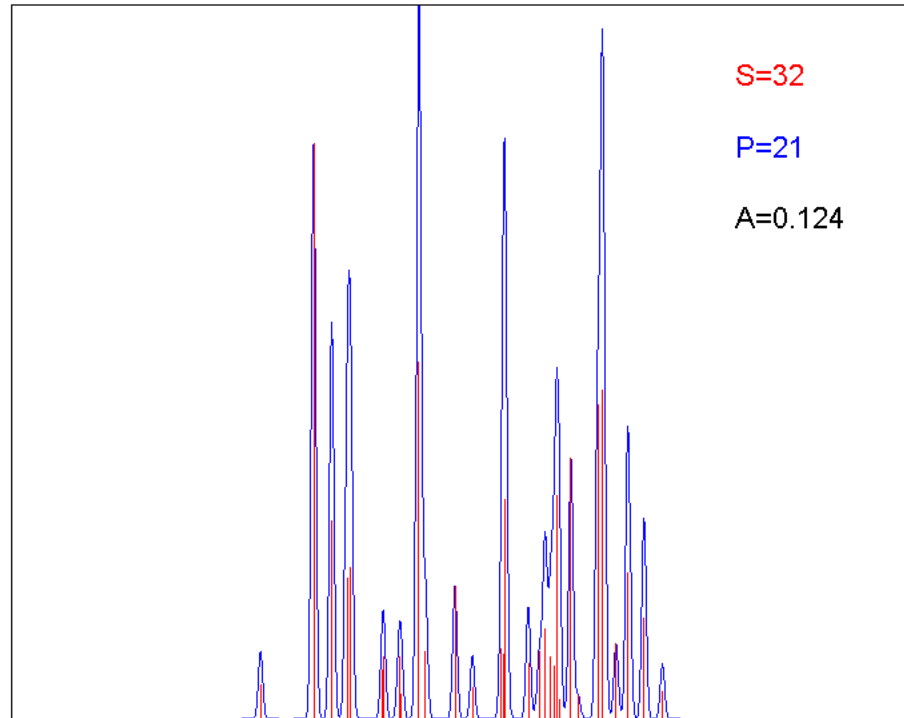


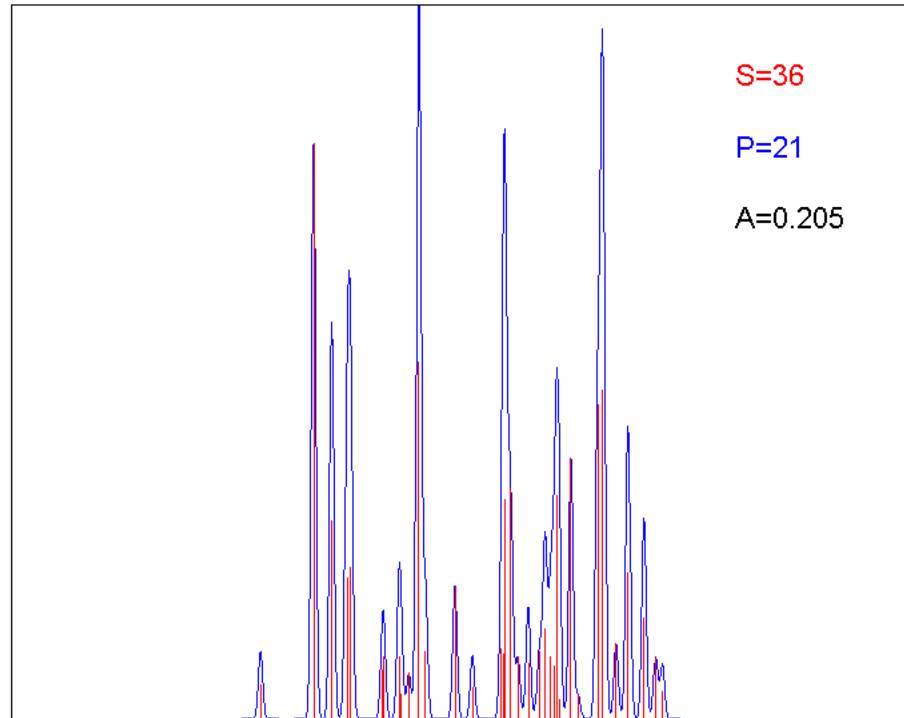


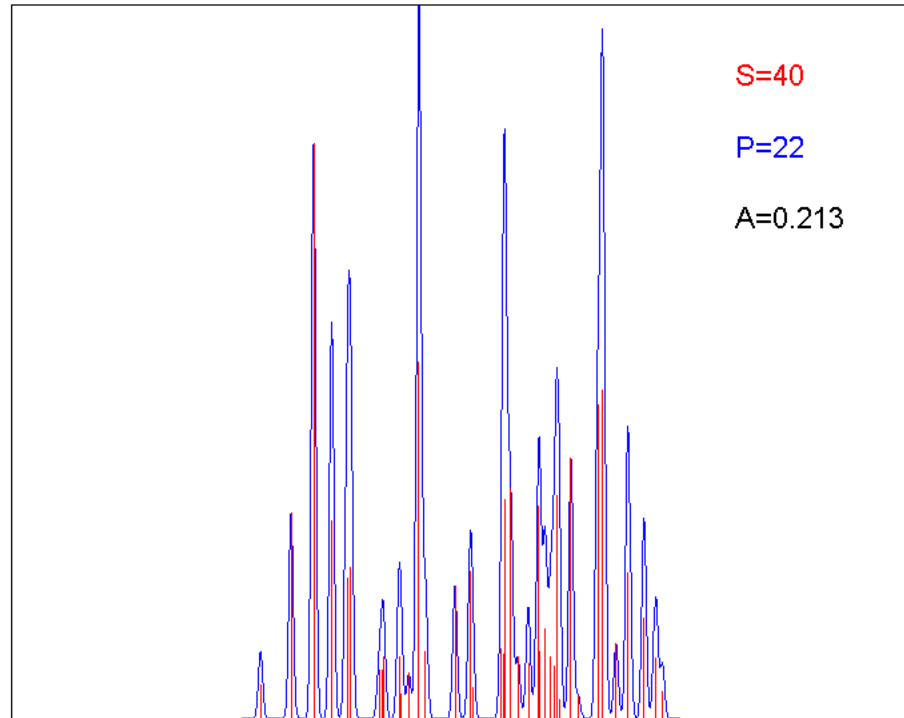


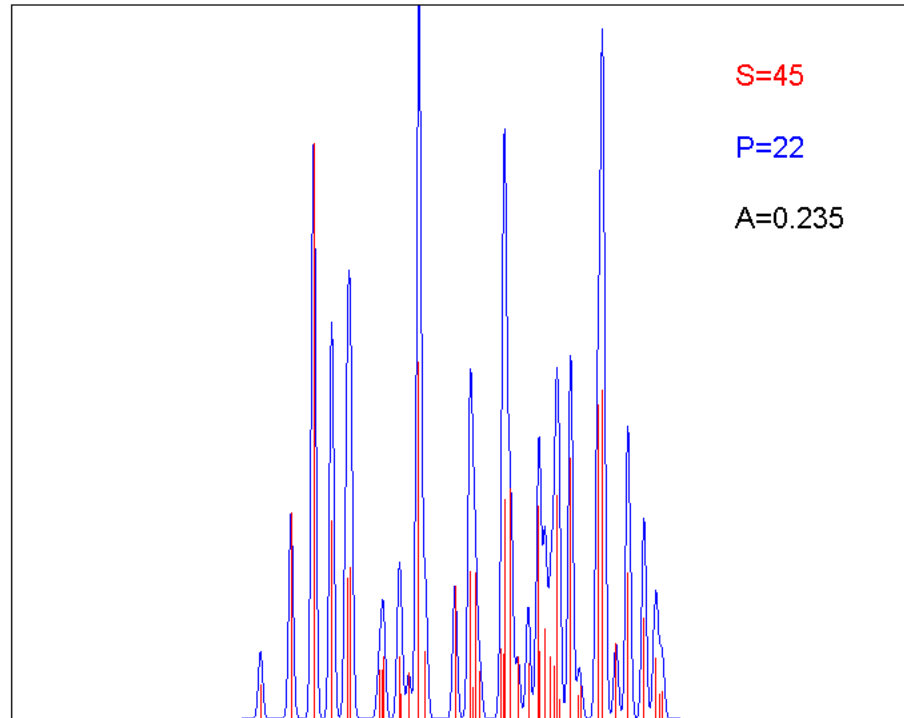


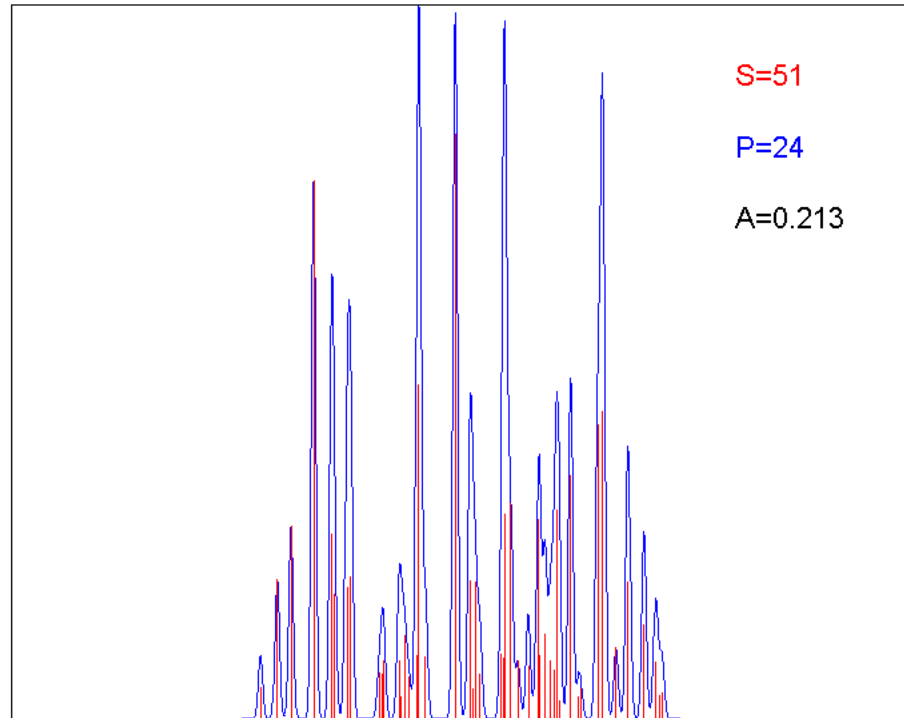


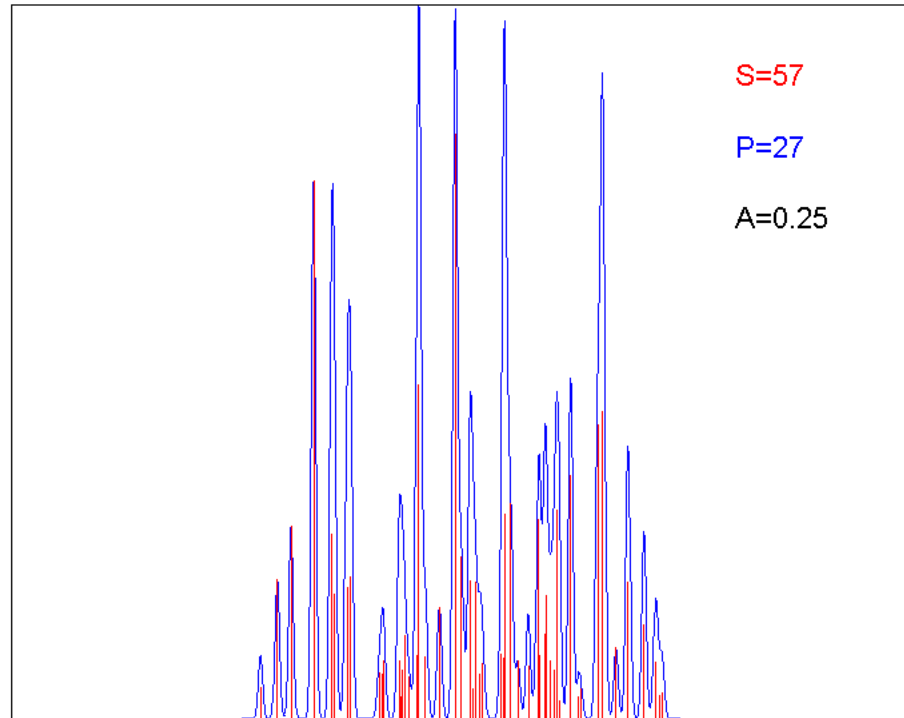


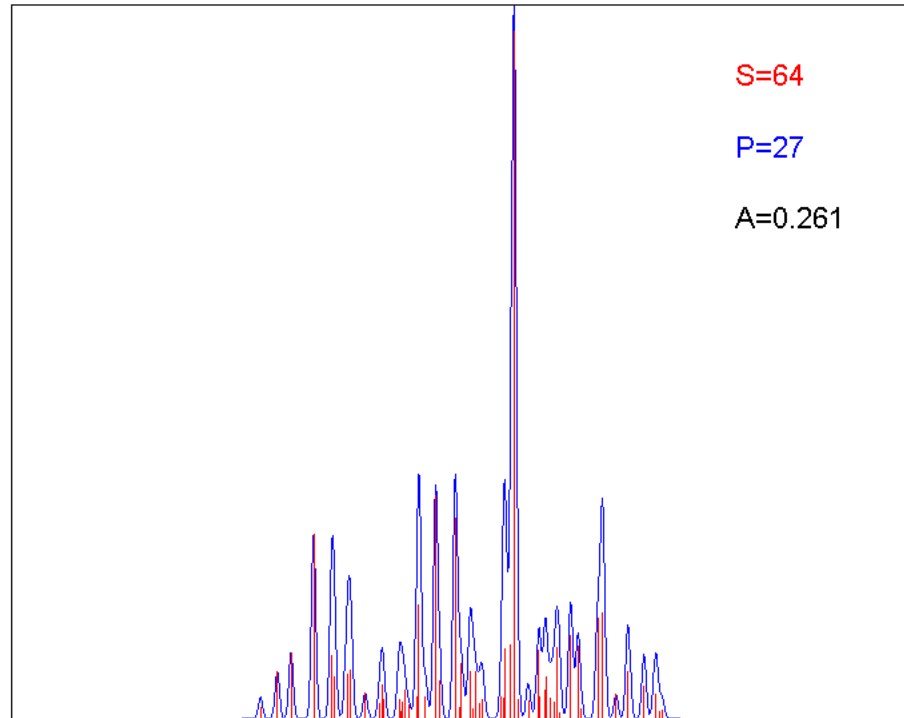


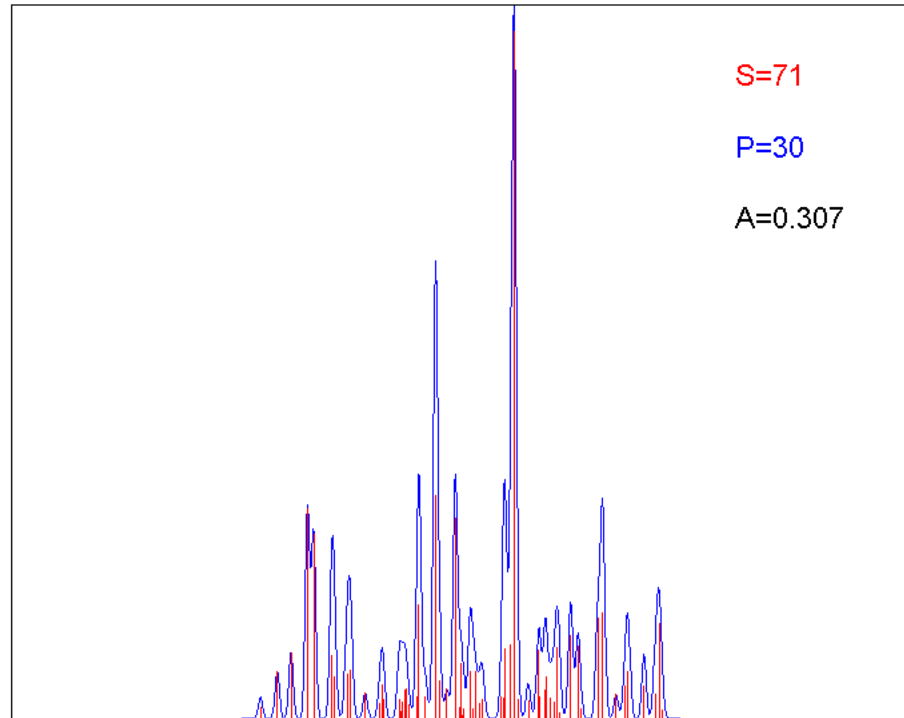


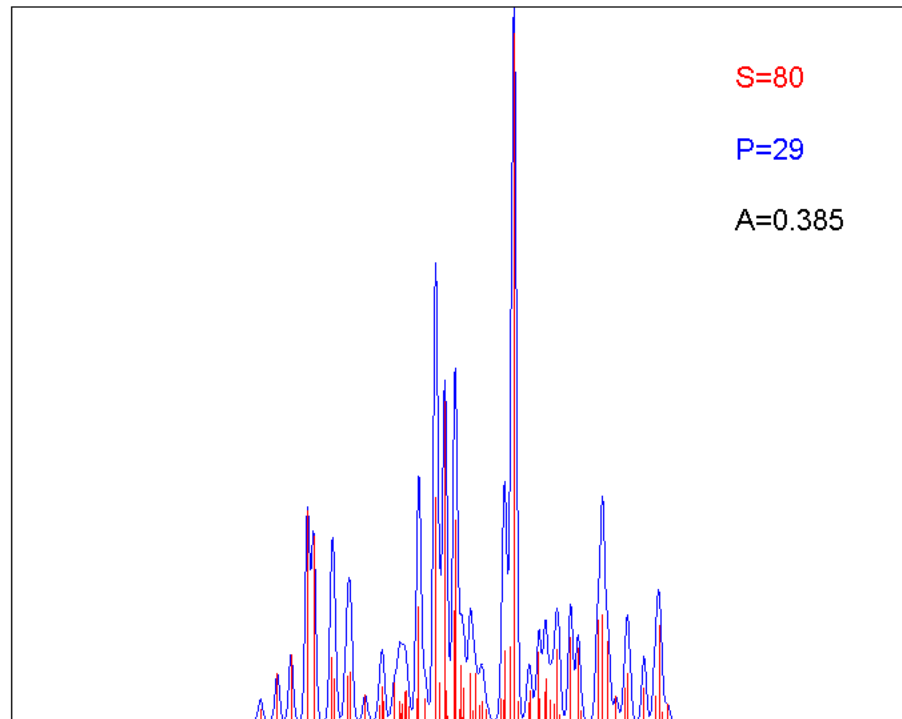








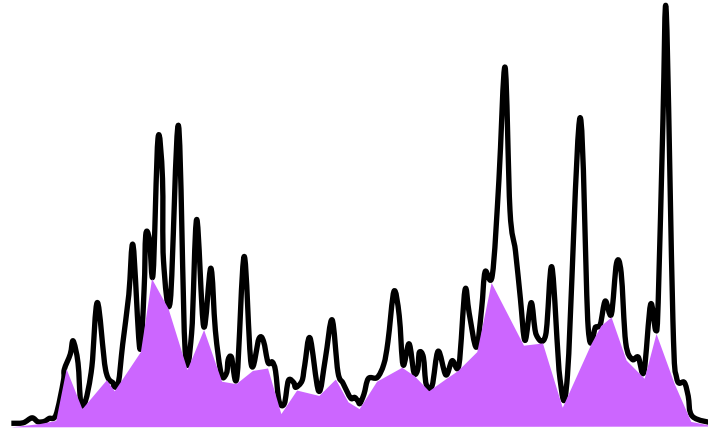




augmentation du signal sous les pics
(**A** = aire sous les pics = «background»)

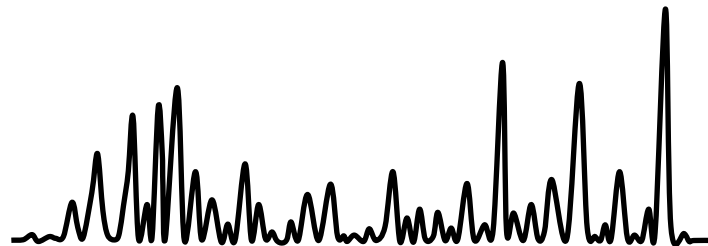
CAS II: ESPECES CHEVAUCHANTES

avec background

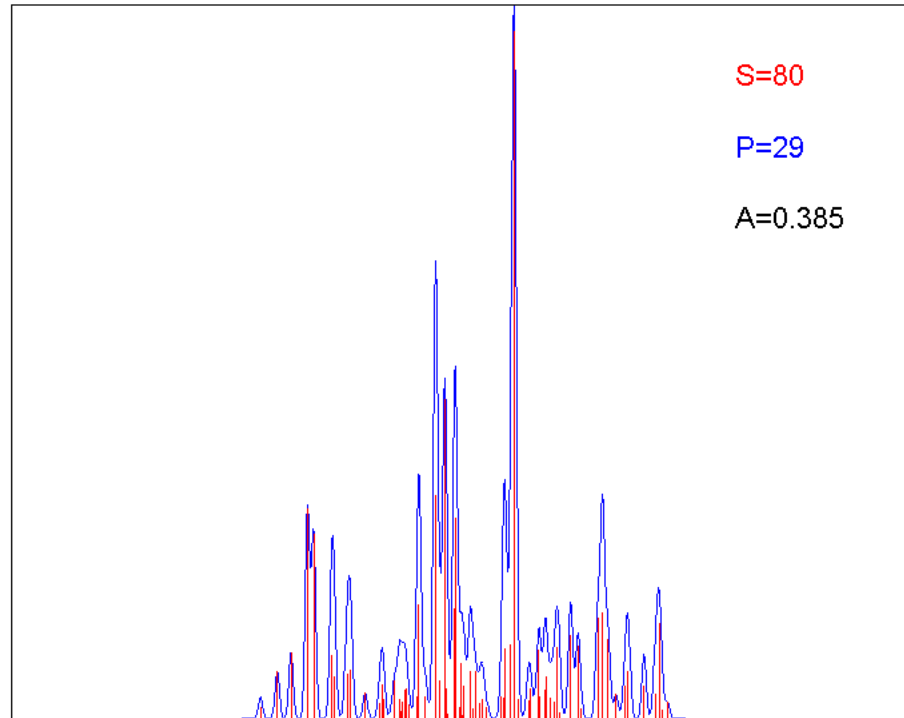


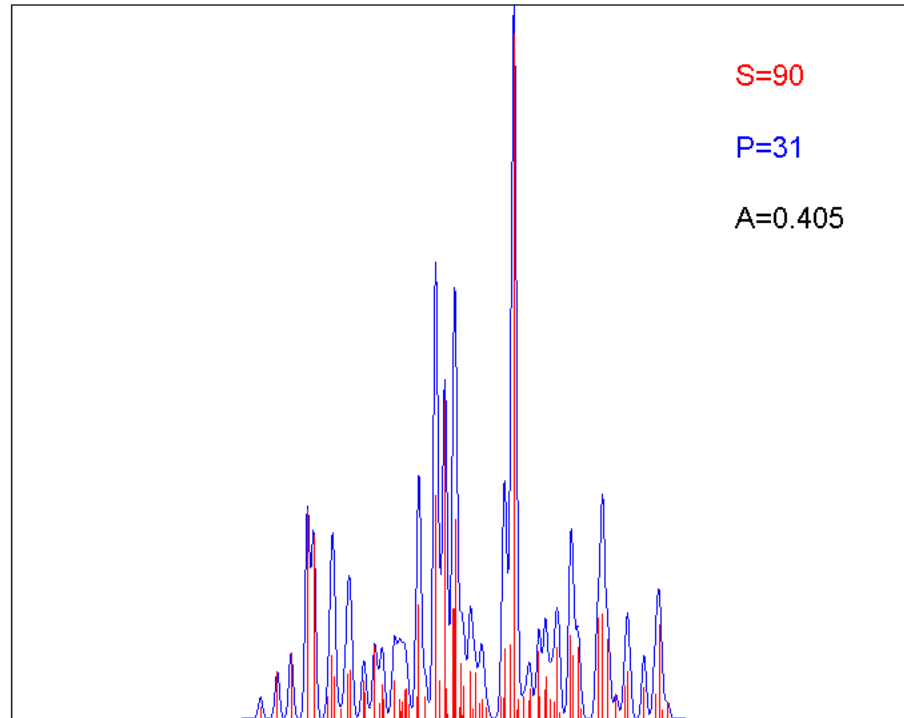
$$\sum_{p=1}^P a_p + \mathbf{A} = 1$$

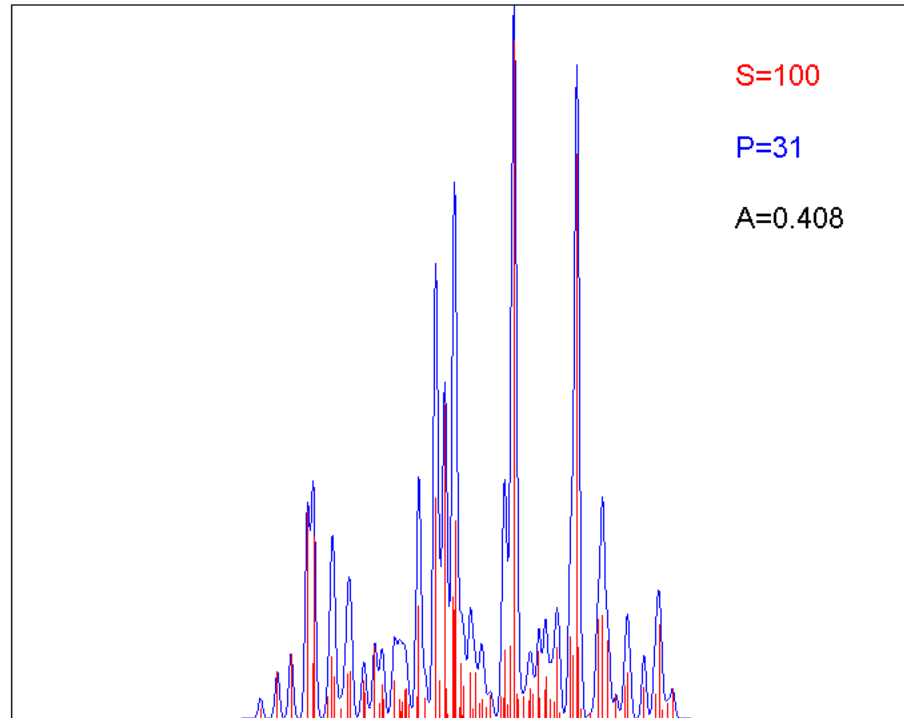
sans
background

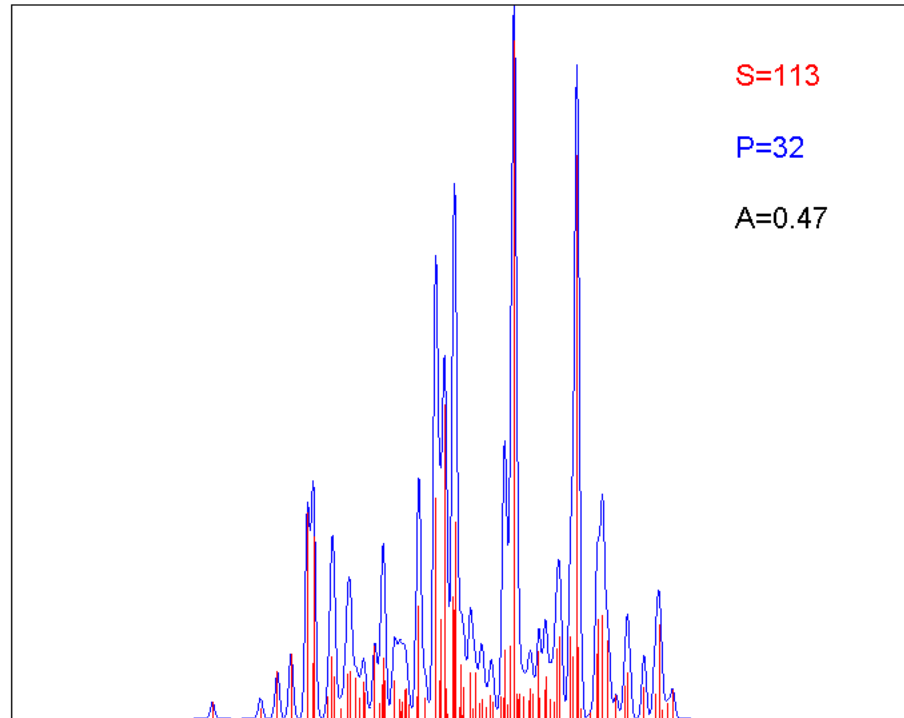


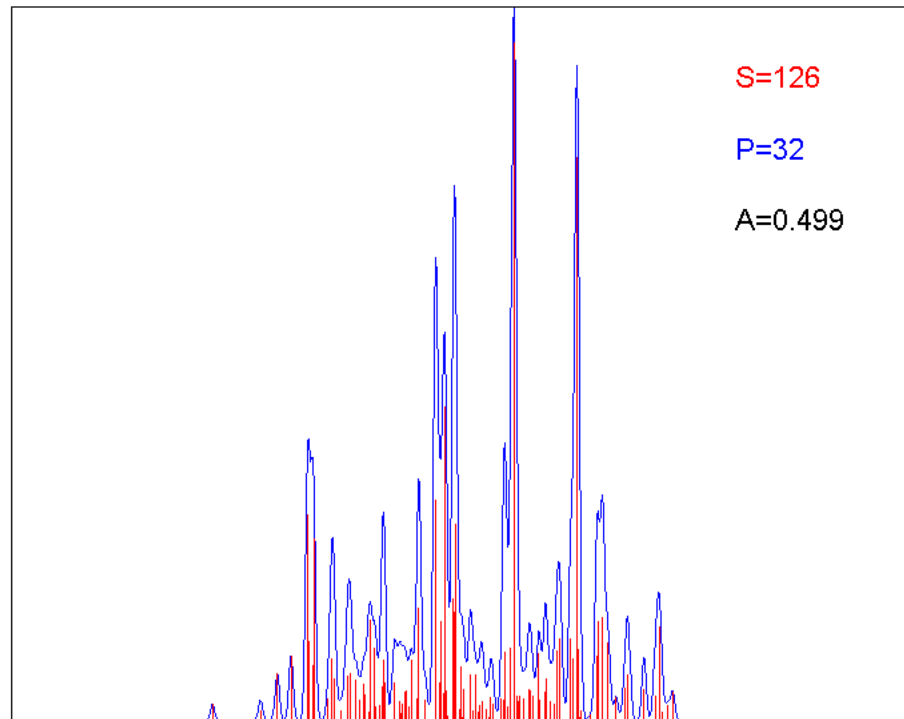
$$\sum_{p=1}^P \bar{a}_p = 1$$

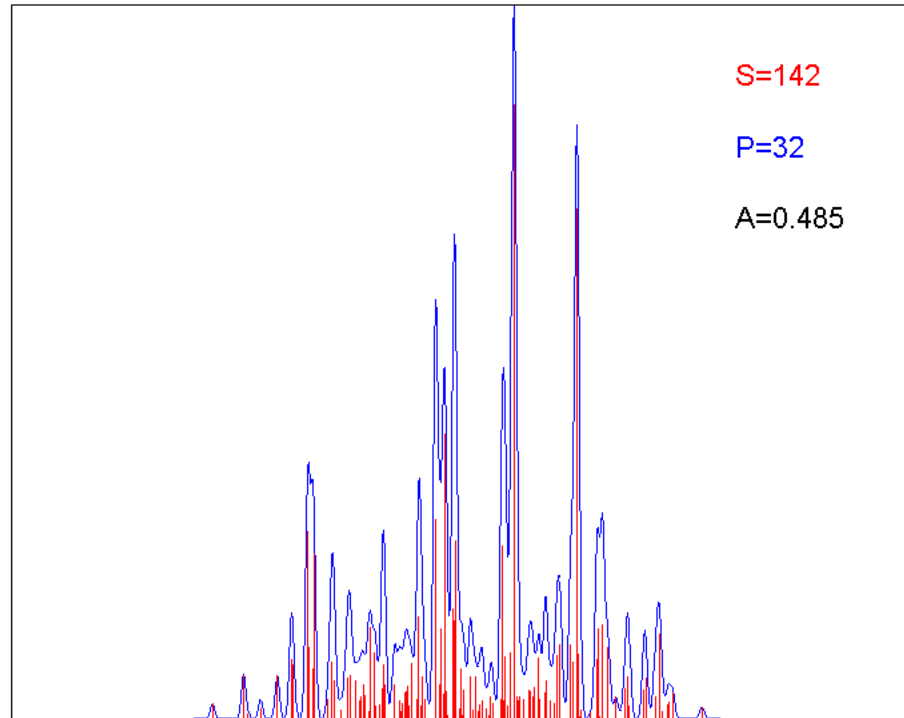


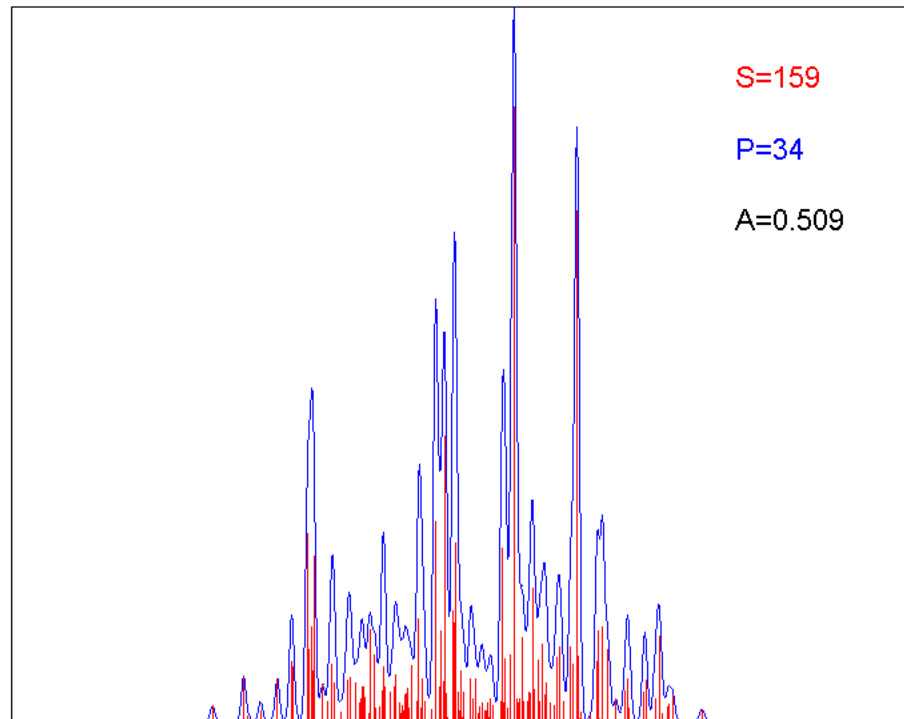


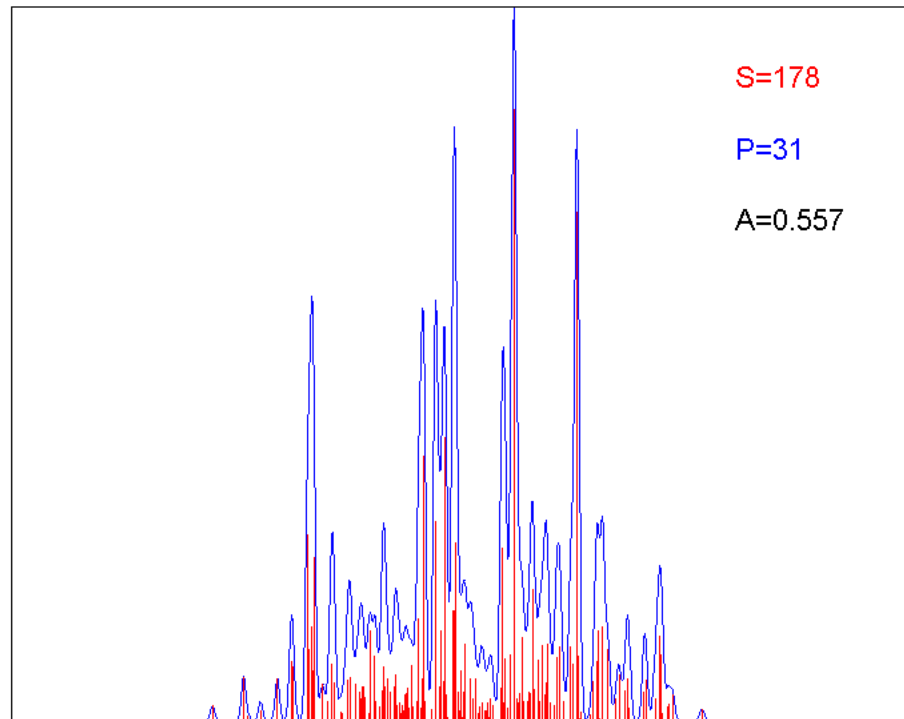


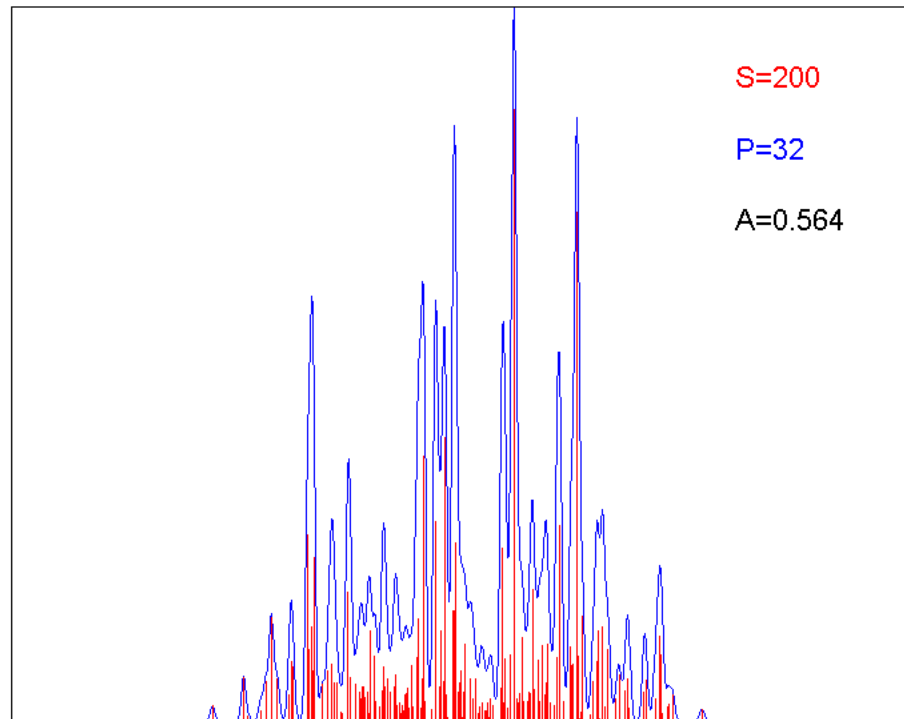


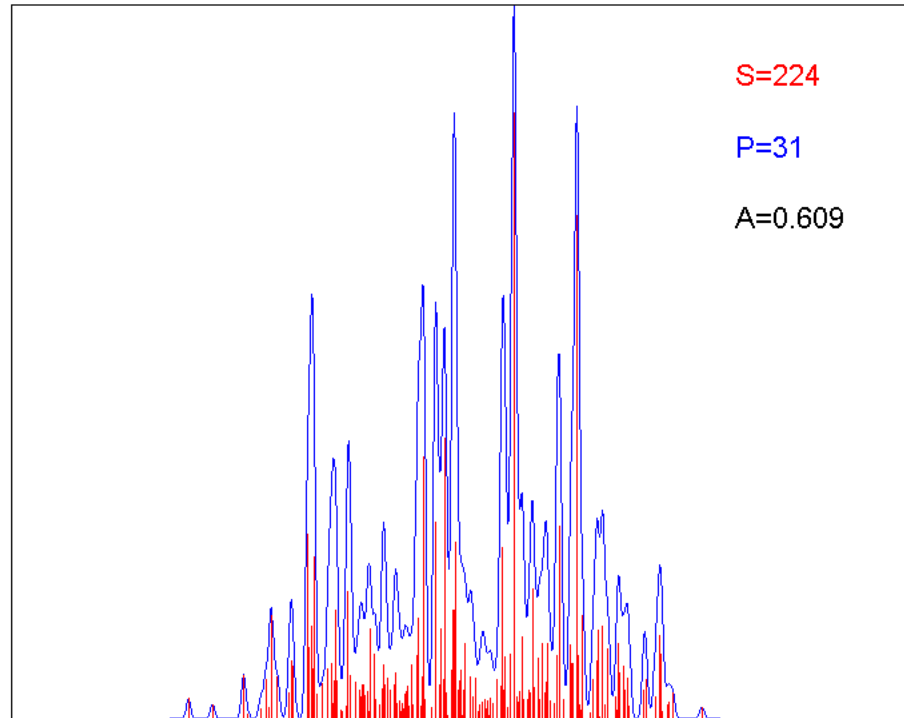


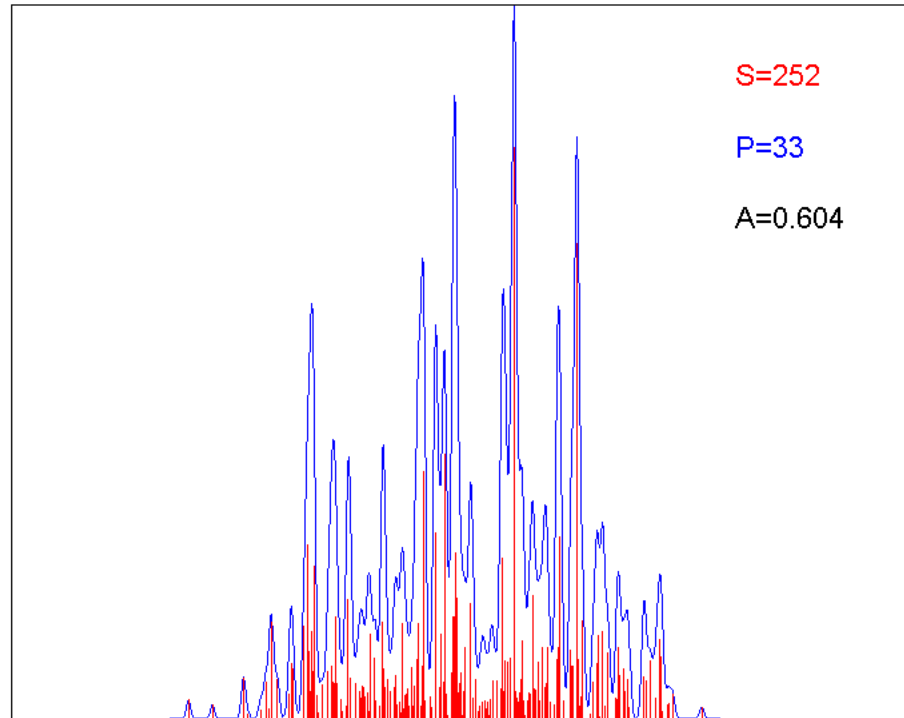


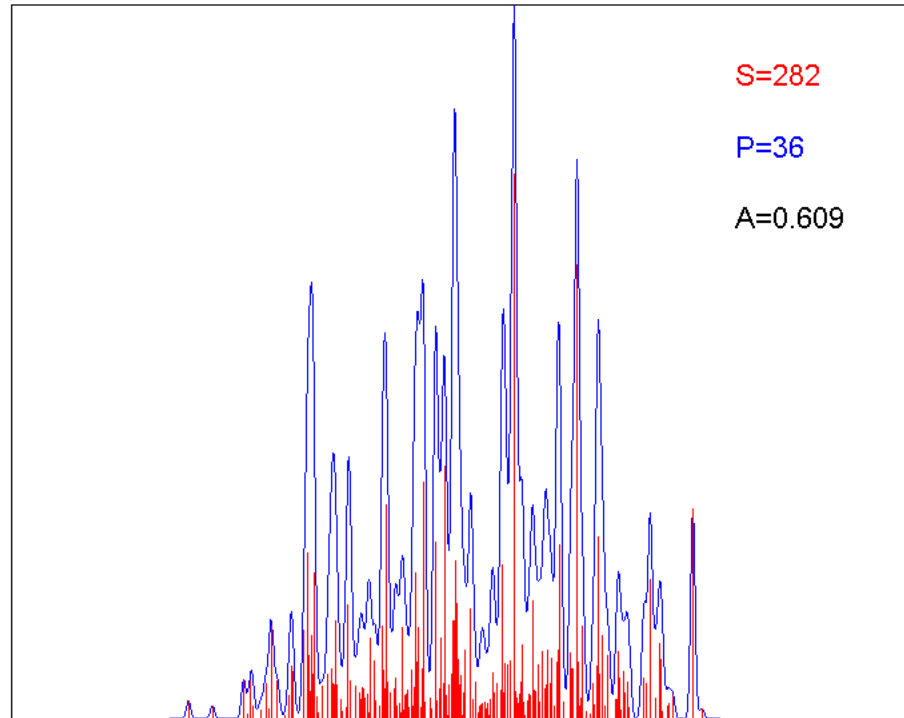


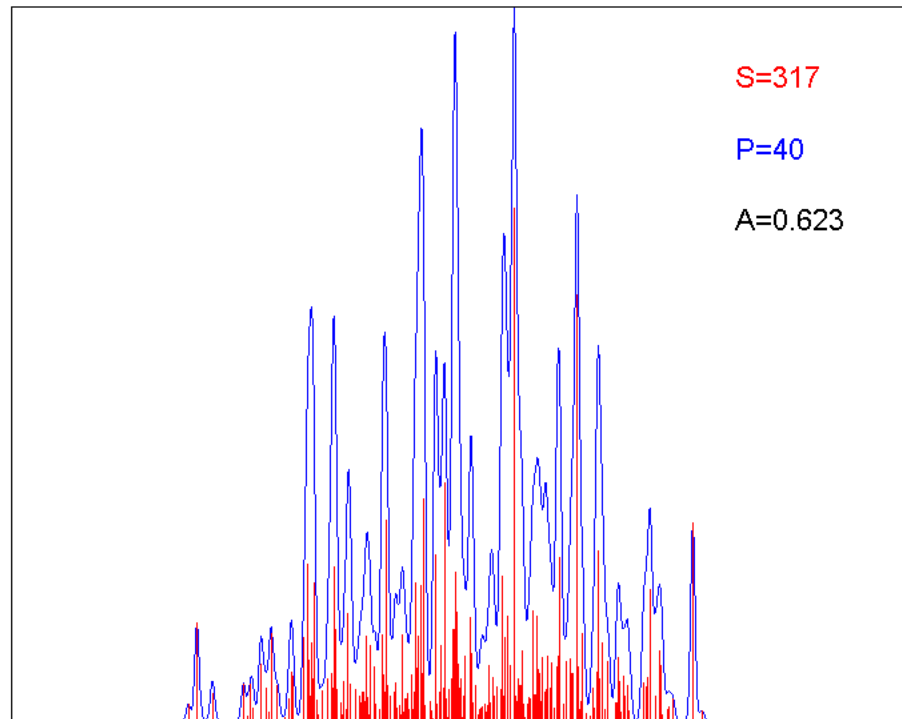




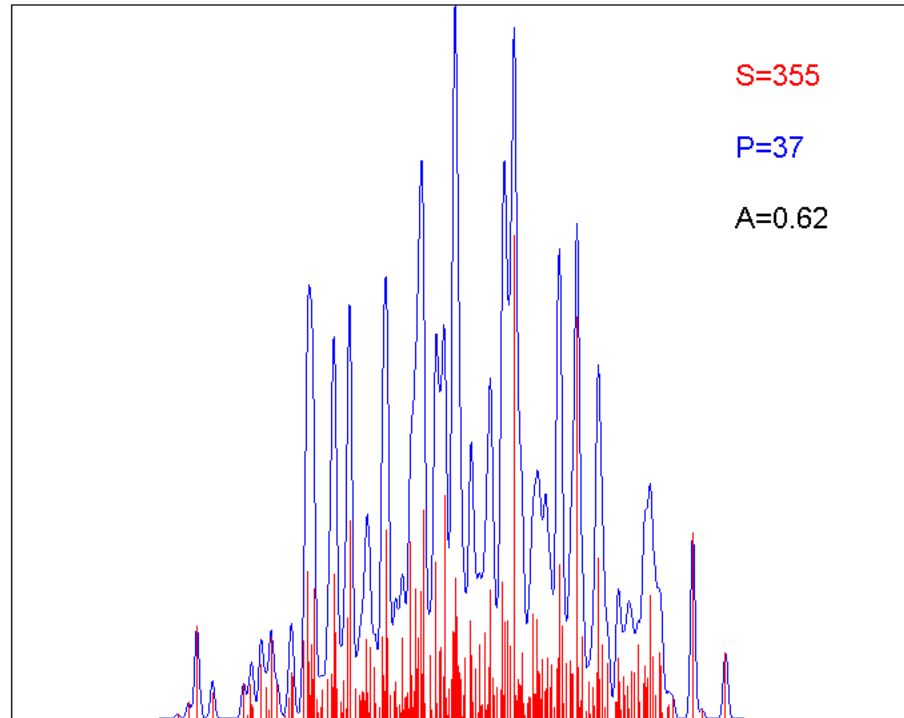


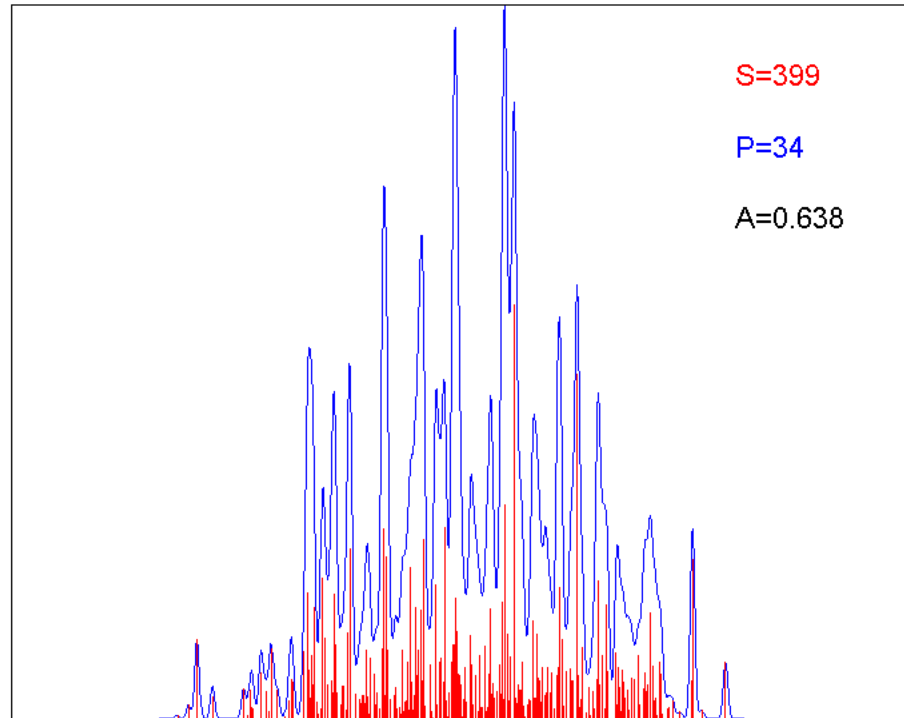


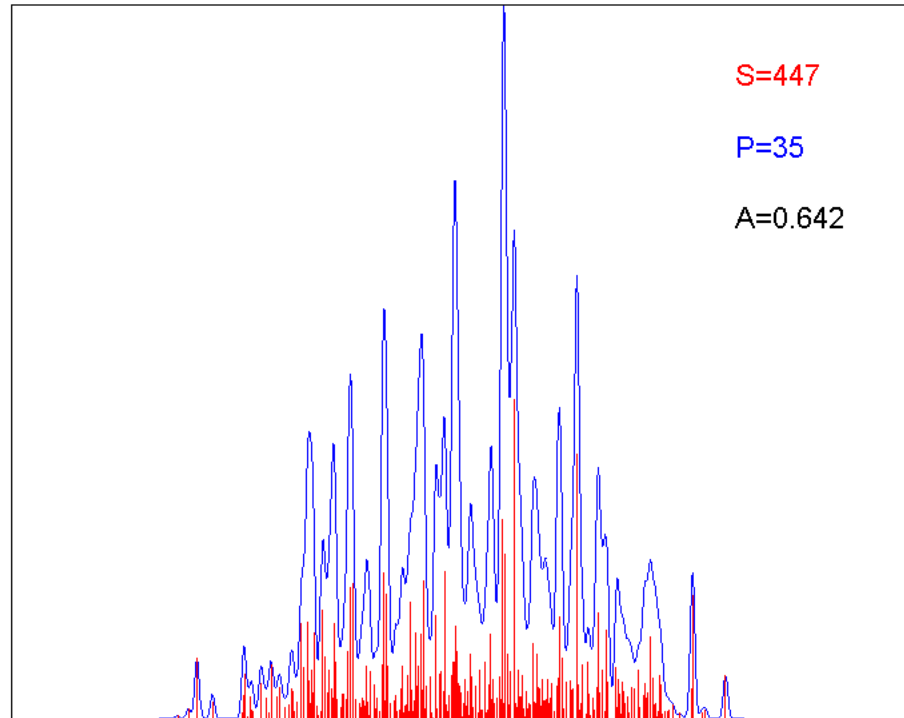


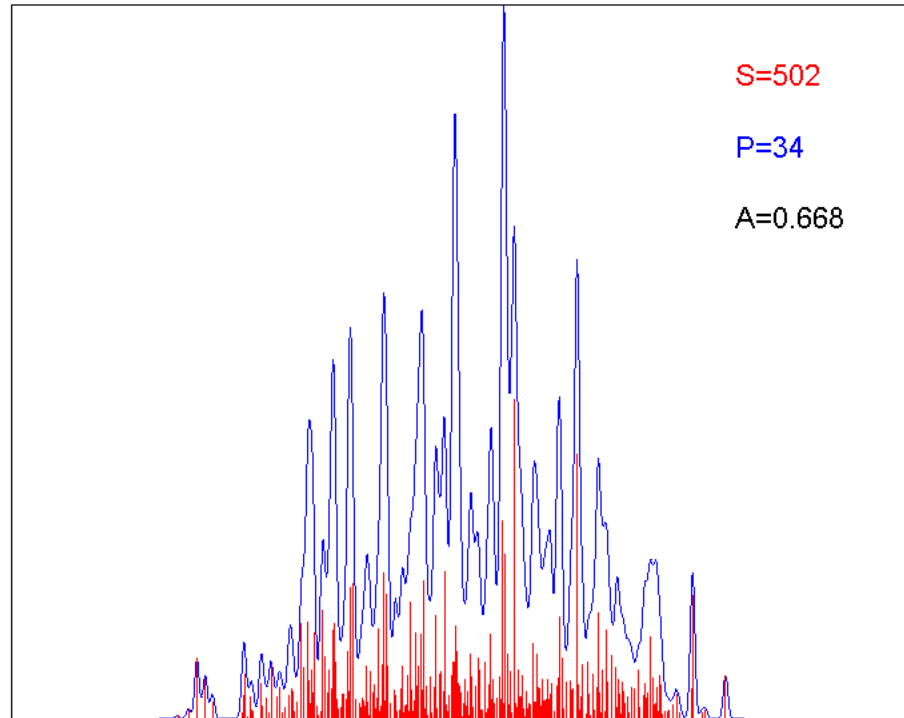


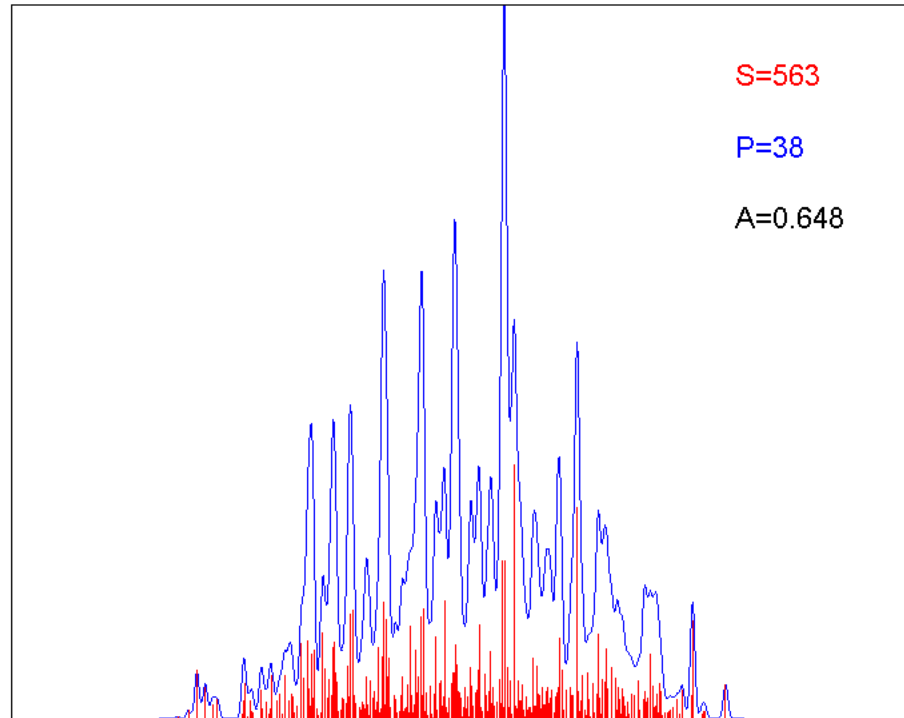
dès ± 300 espèces:
saturation du nombre de pics (**P**)

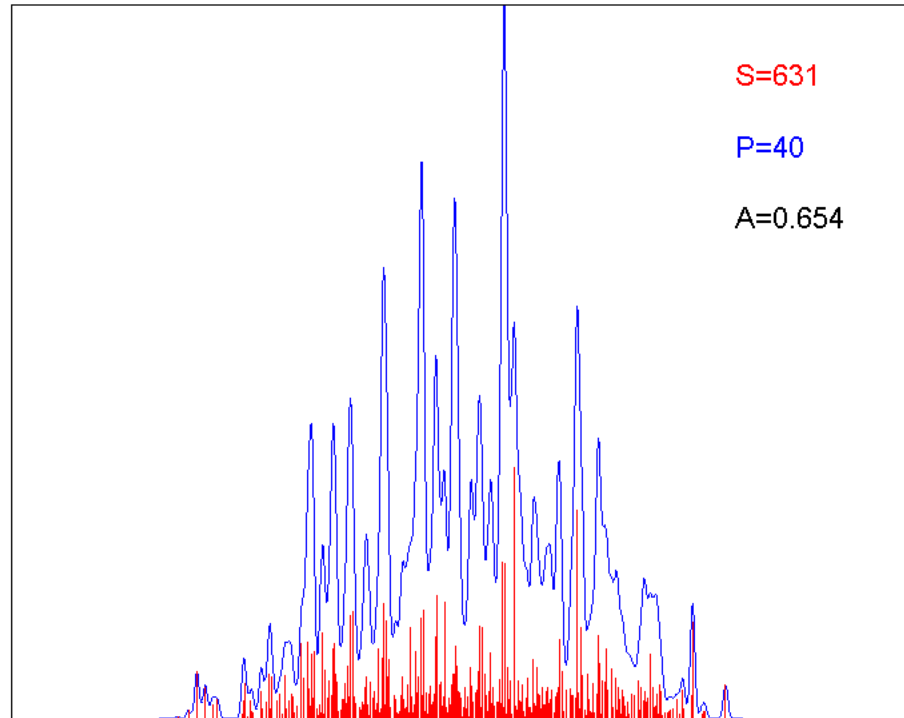


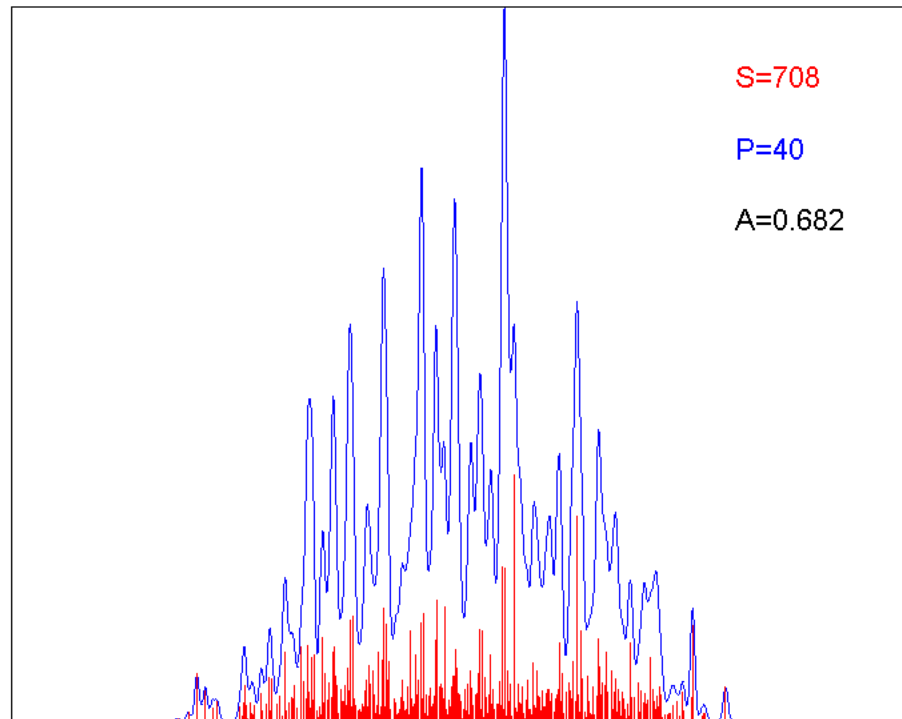




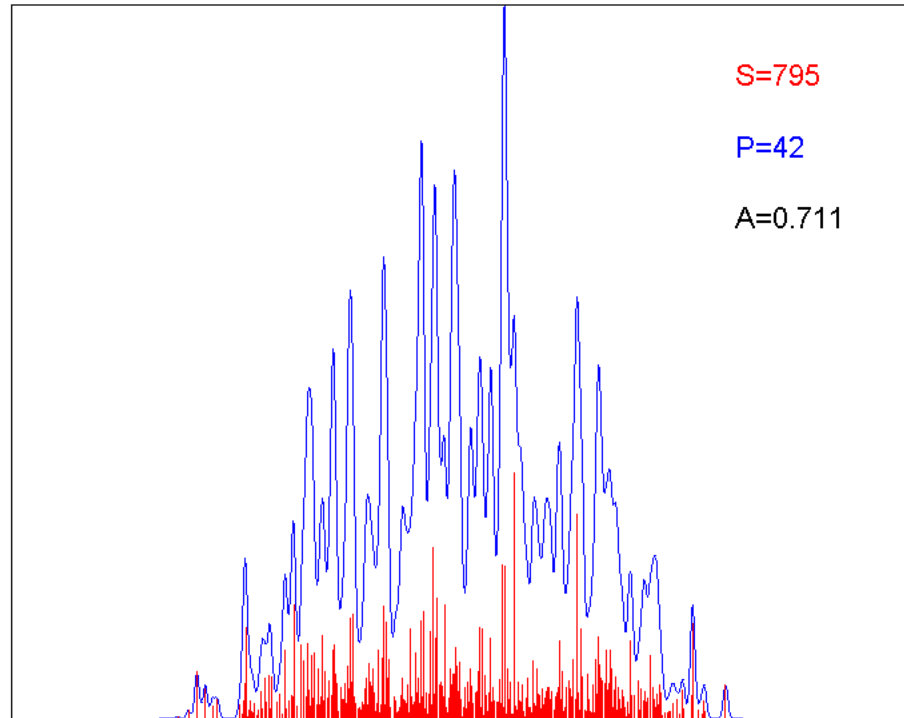


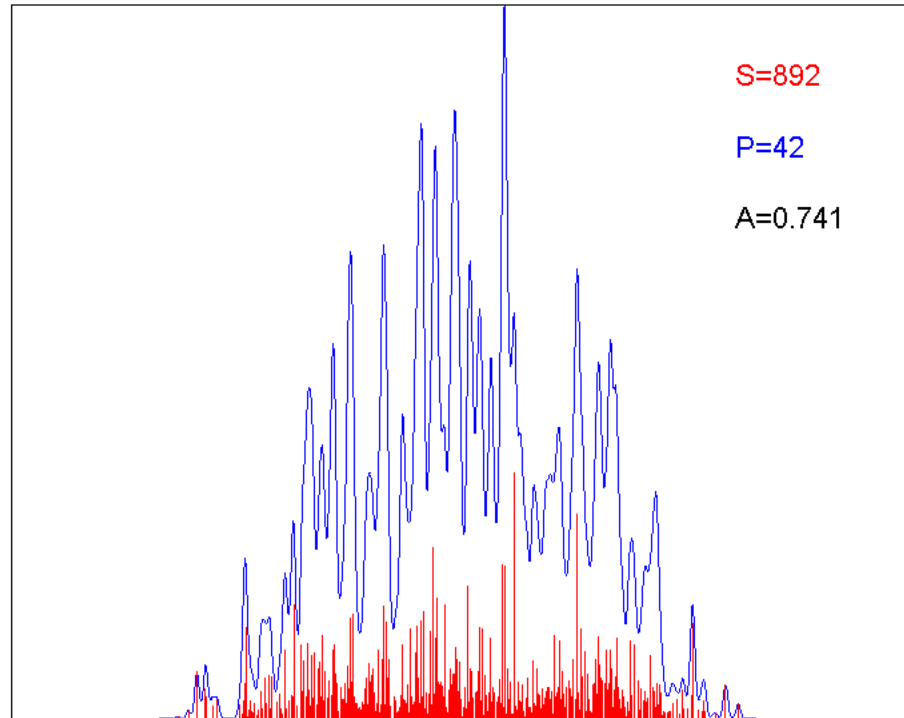


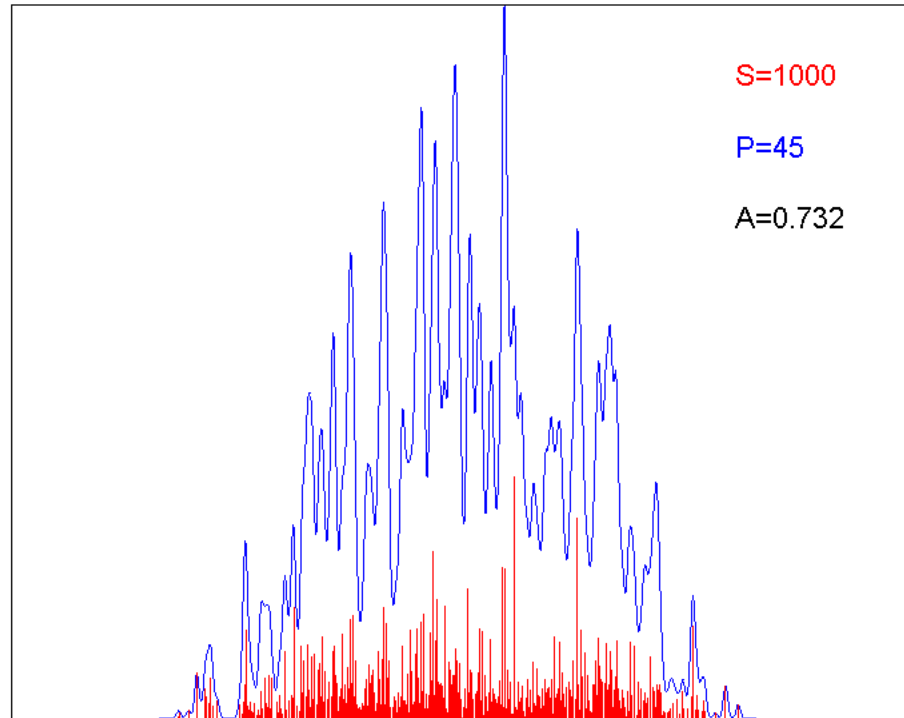


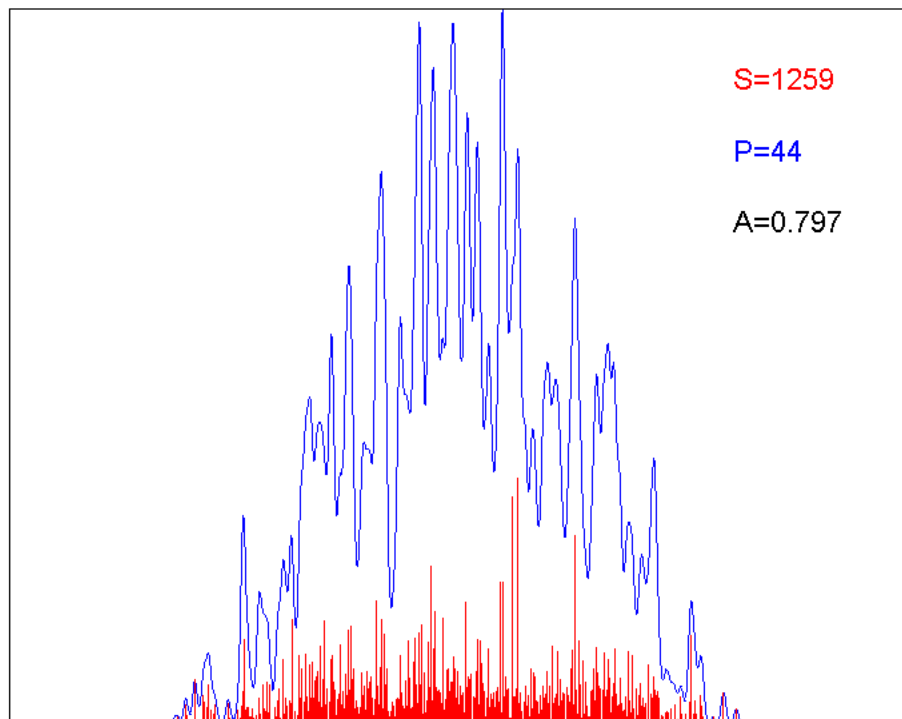


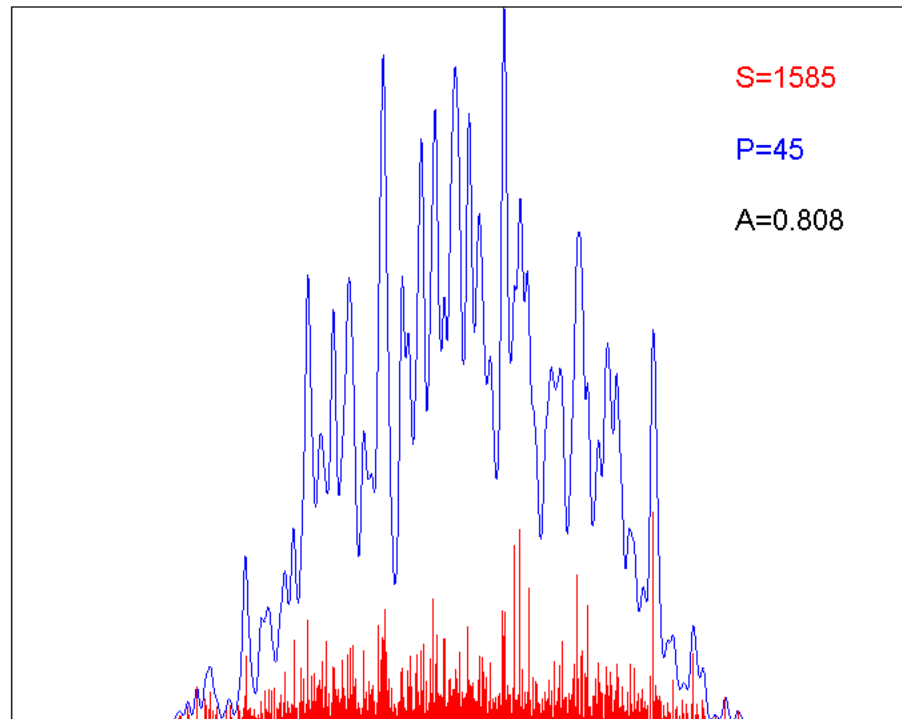
La plupart des pics sont maintenant constitués
par une multitude d'espèces



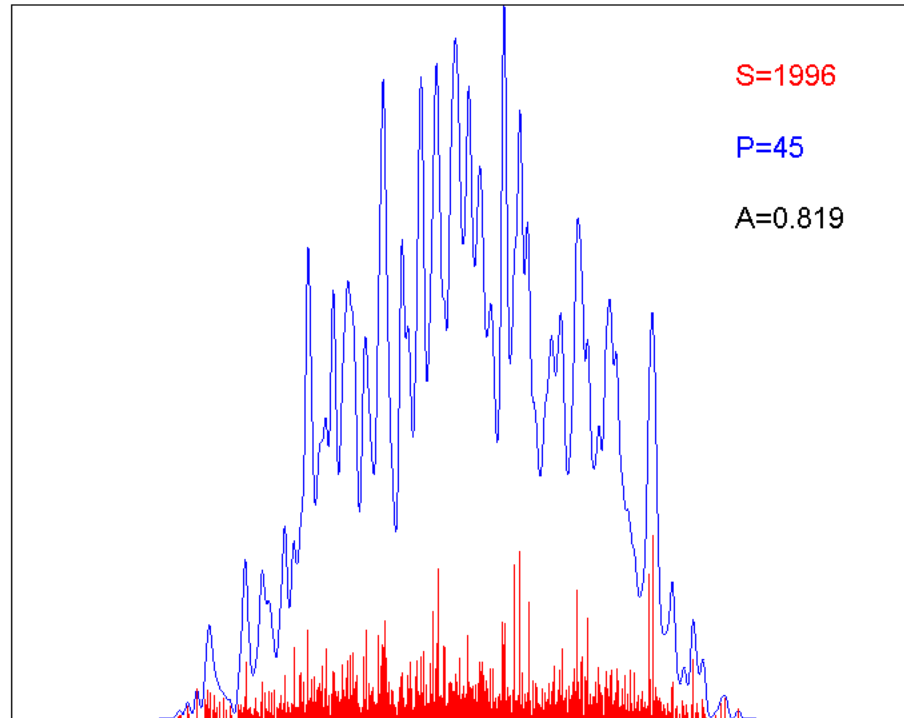


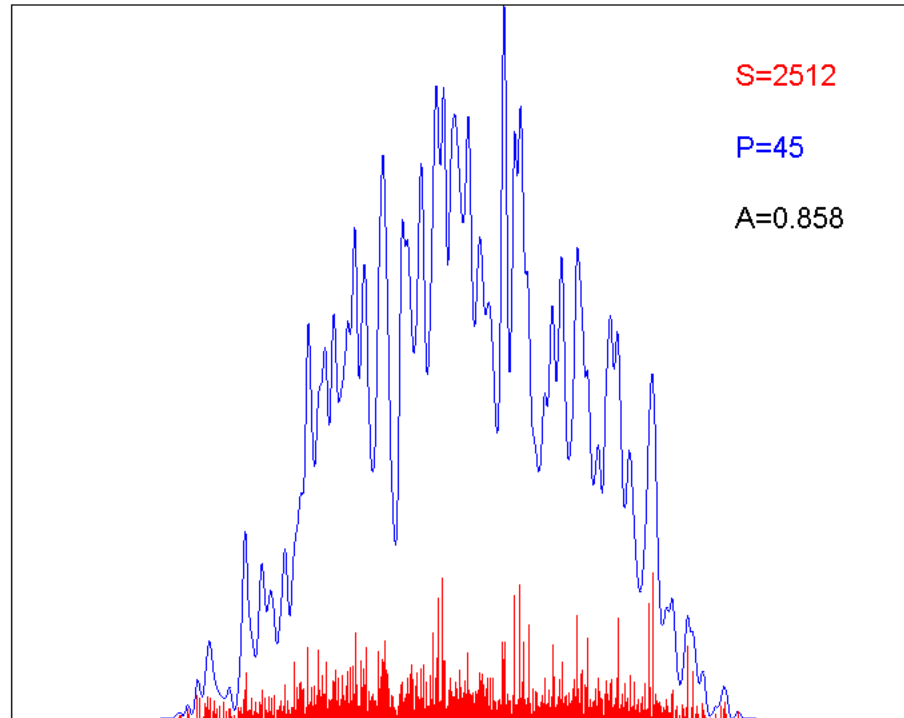


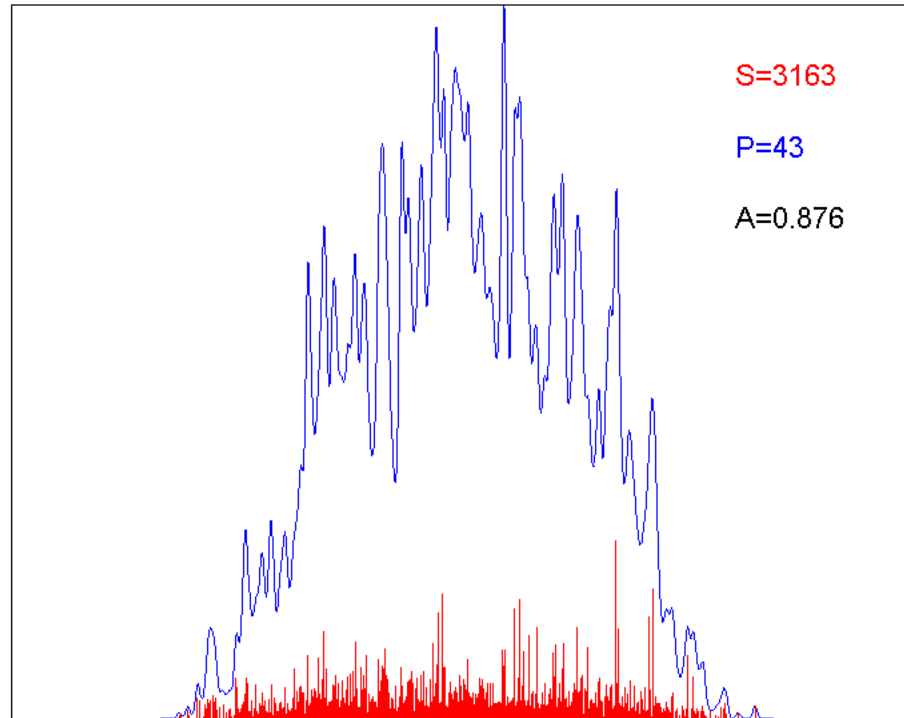


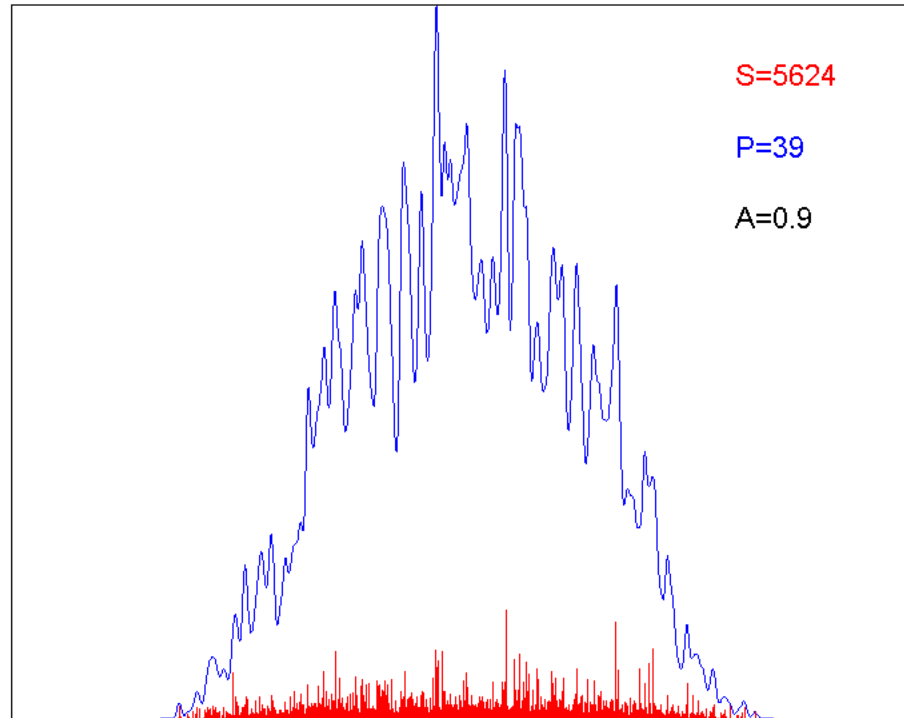


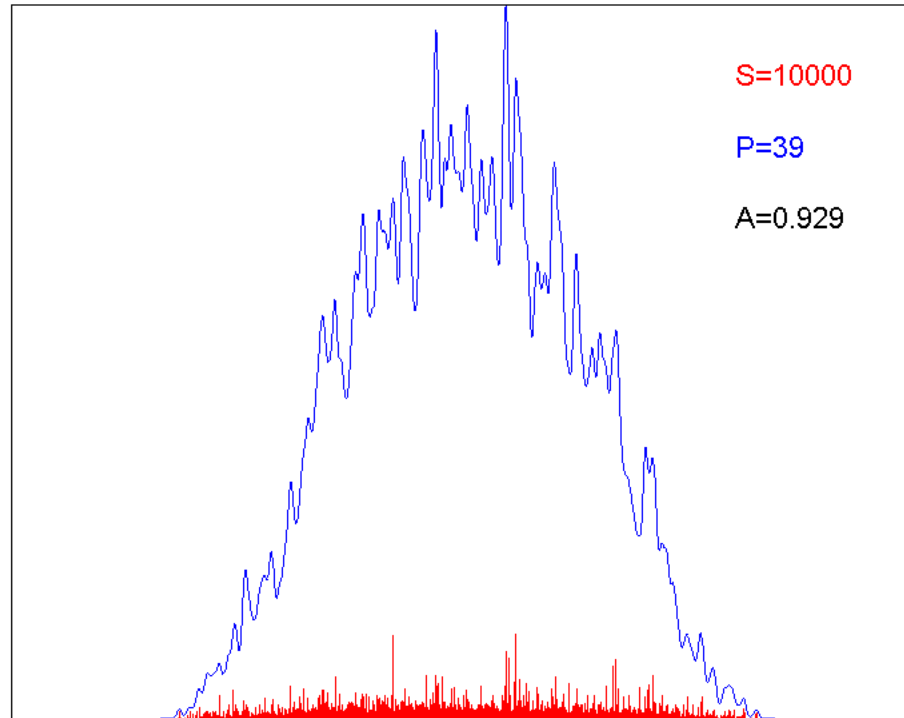
dès ± 1500 espèces: le background représente plus de 80% du signal du fingerprint

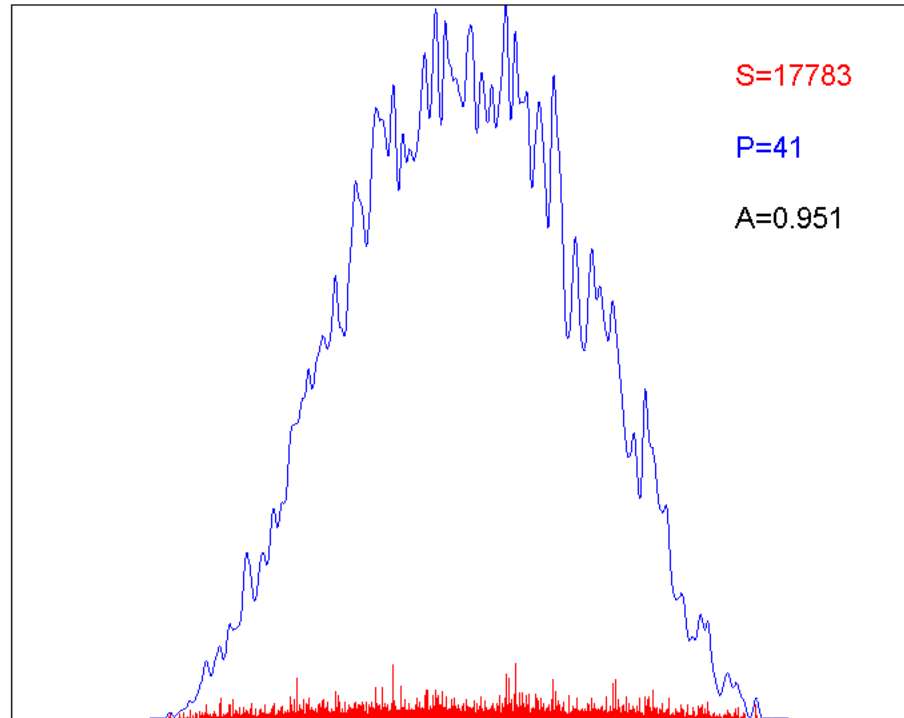


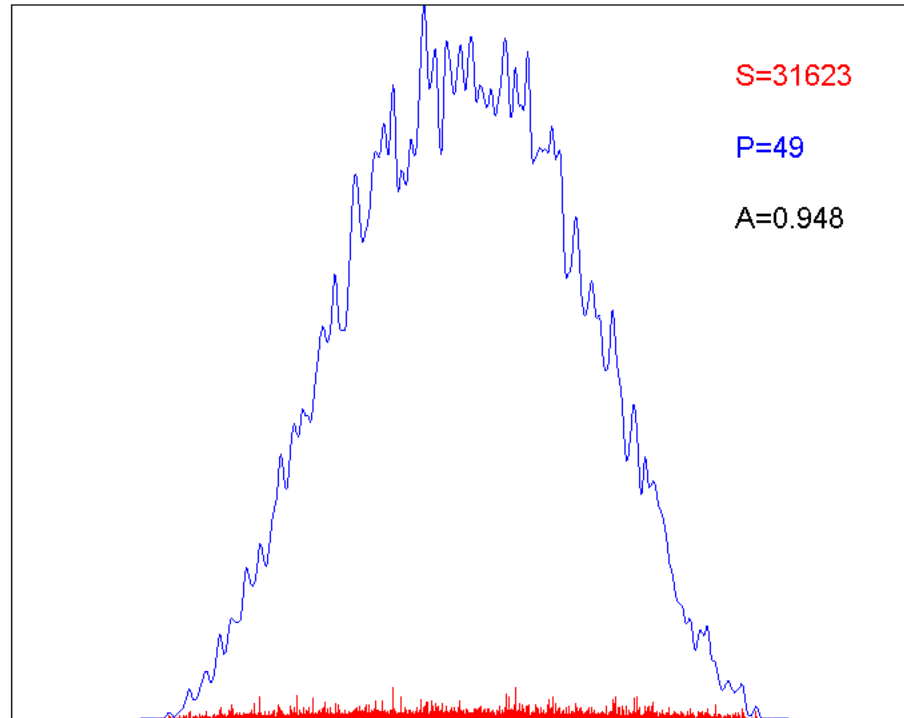


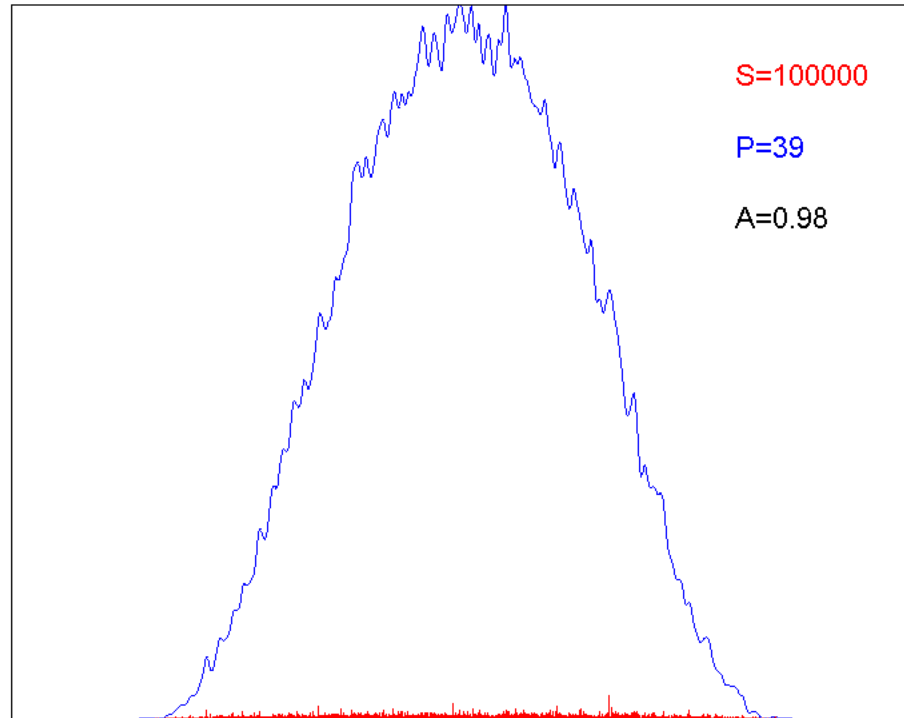






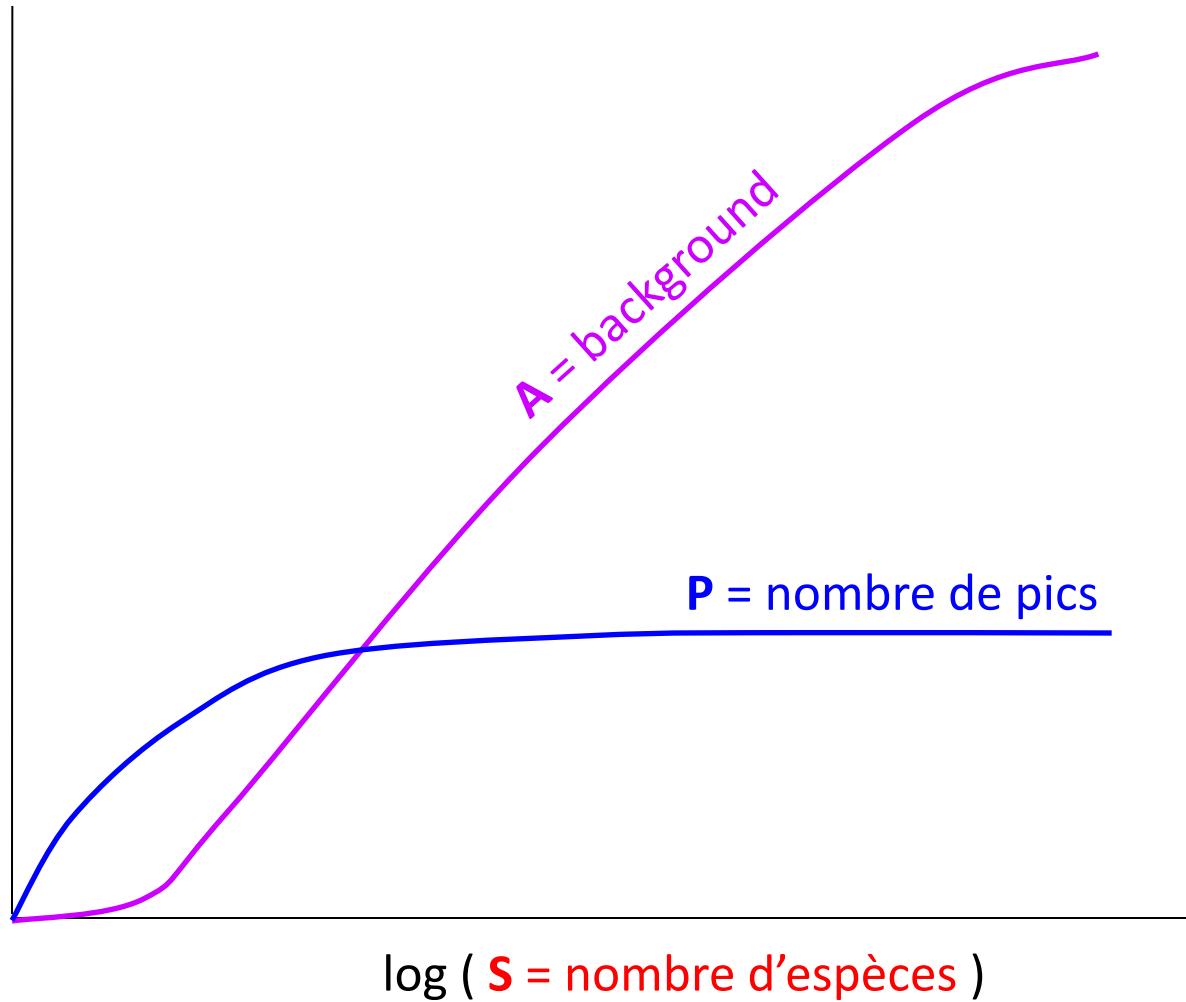






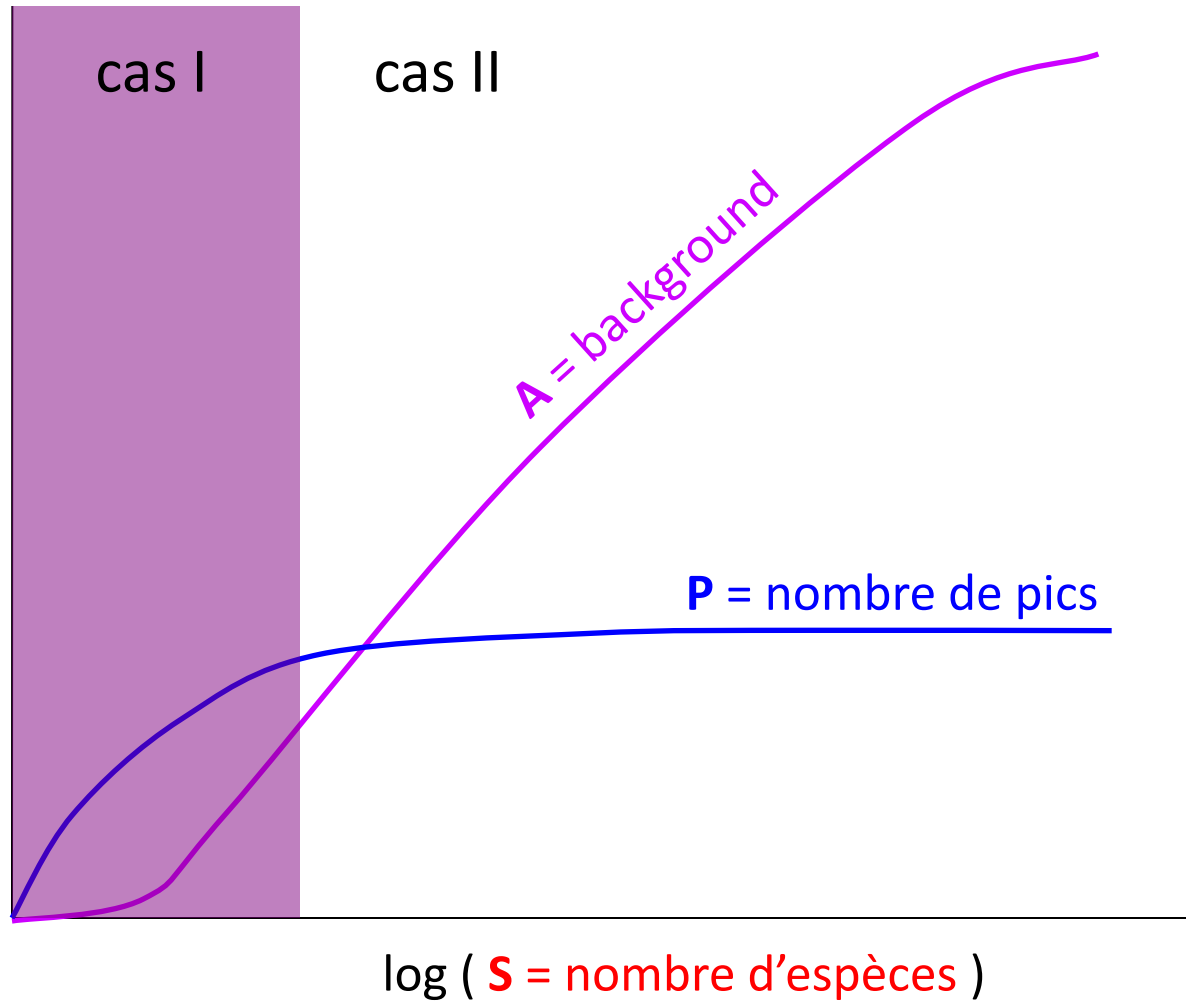
CAS II: ESPECES CHEVAUCHANTES

- Les simulations indiquent que

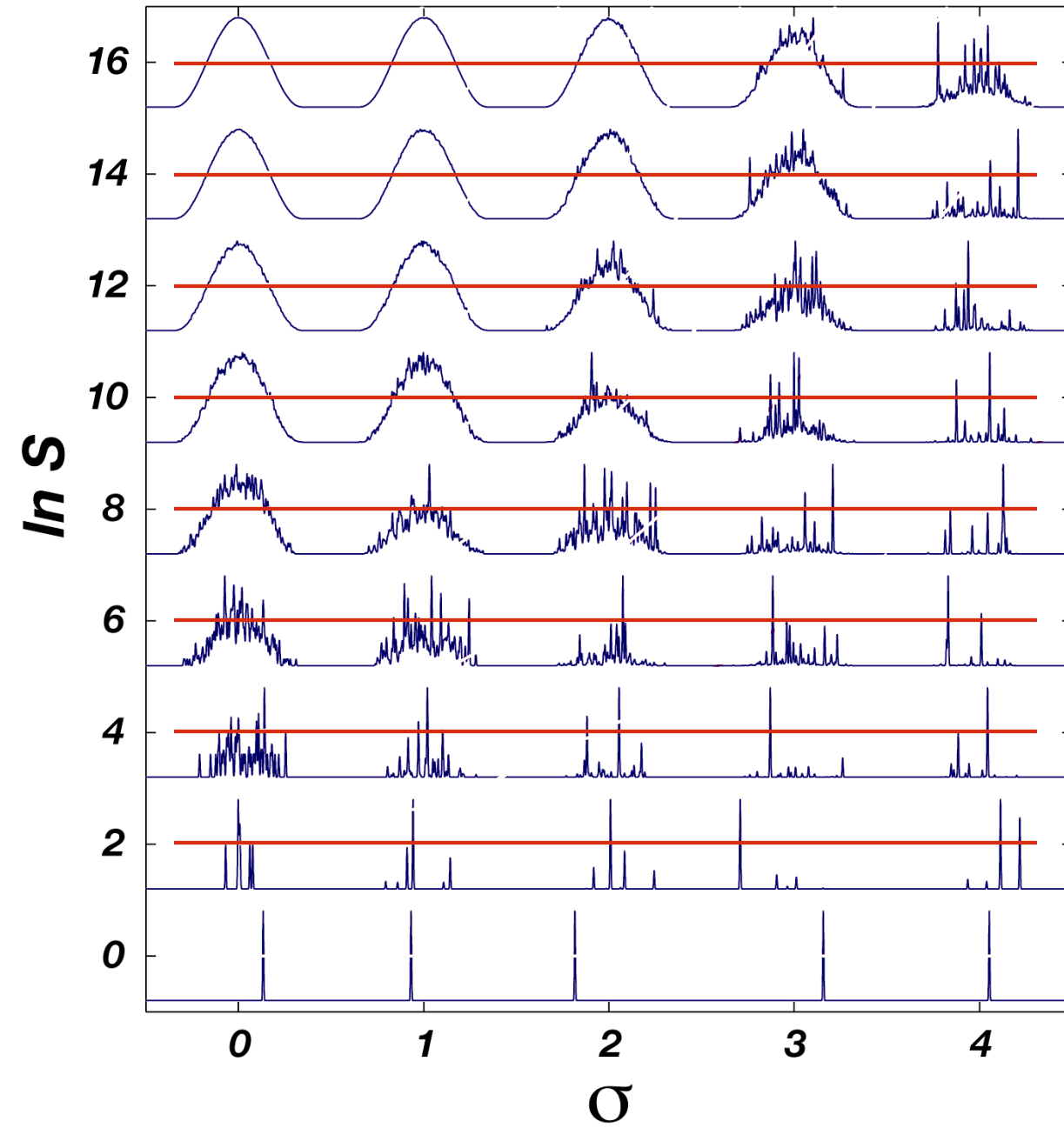


CAS II: ESPECES CHEVAUCHANTES

- Les simulations indiquent que



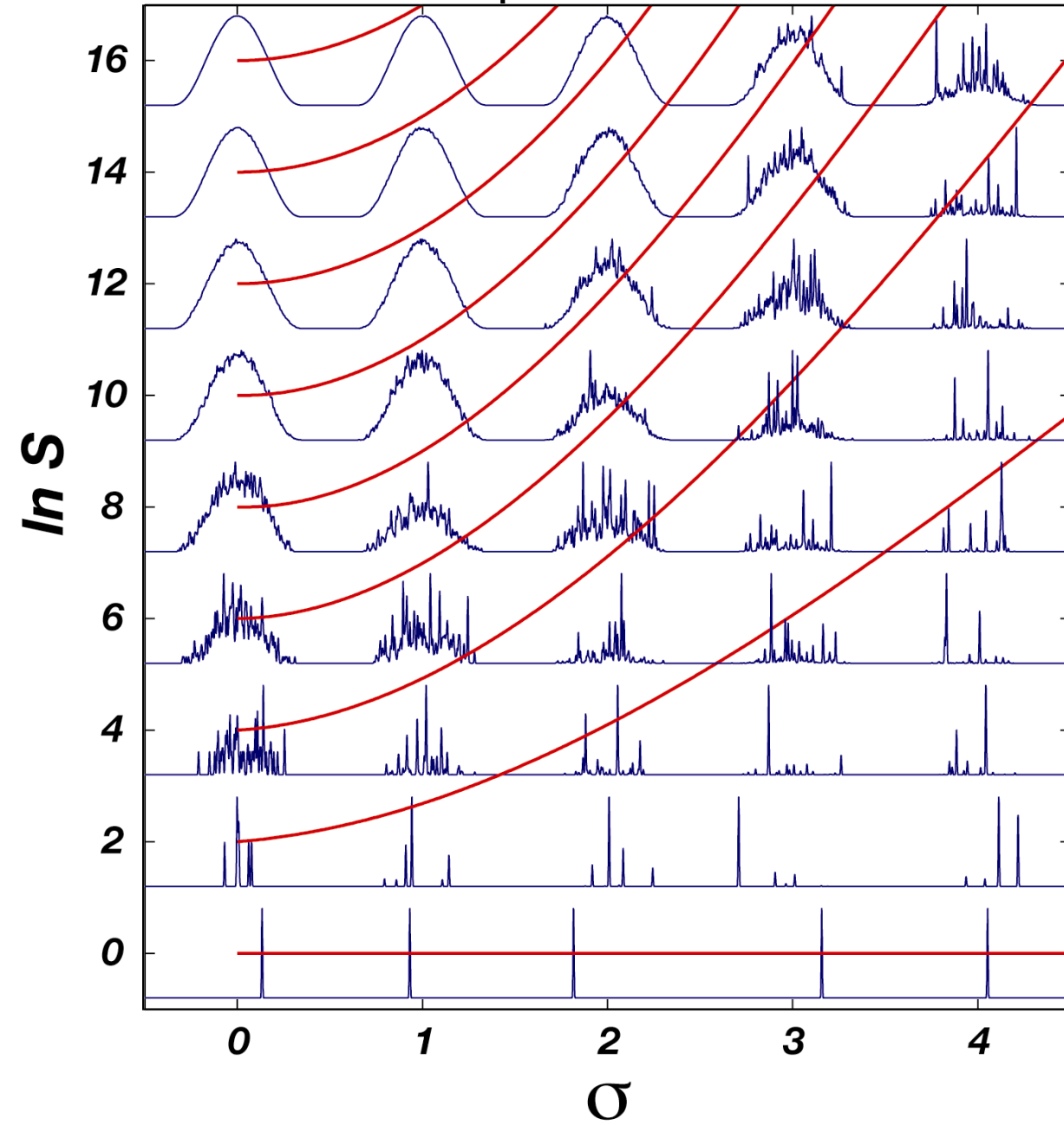
Ce n'est pas le nombre d'espèces qui est encodé dans les fingerprints



Nombre
d'espèces
constant (S)

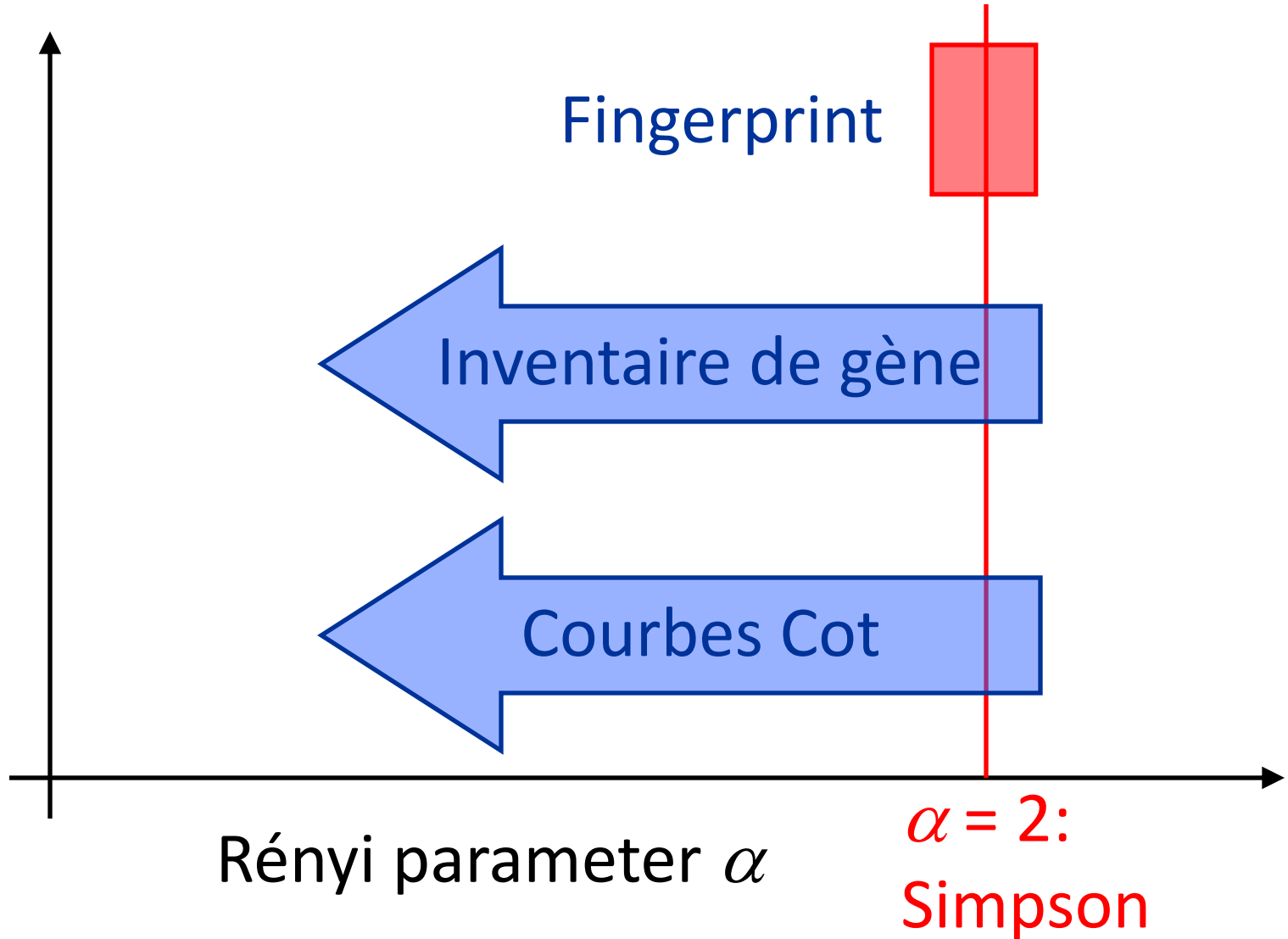
mais profils
différents

Ce n'est pas le nombre d'espèces qui est encodé dans les fingerprints
mais l'indice de Simpson



Indice de
Simpson (D)

La « famille » d'indices de diversité de Rényi

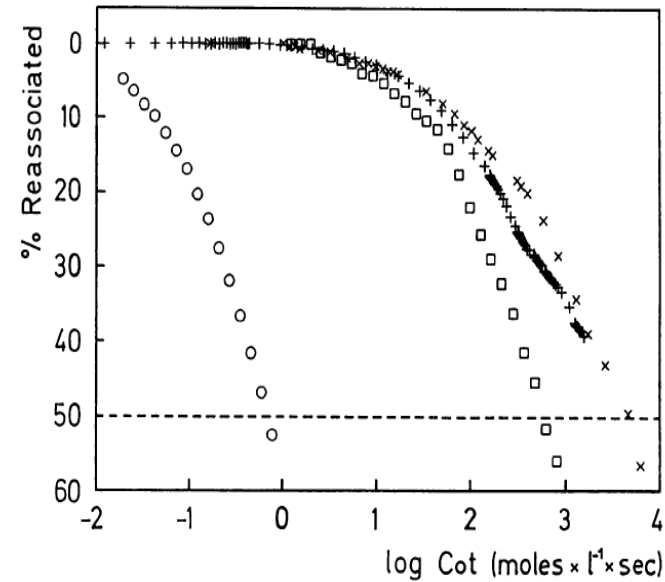
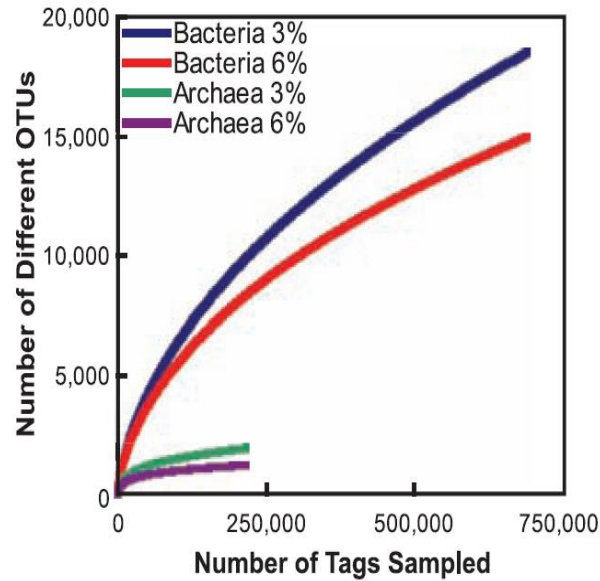
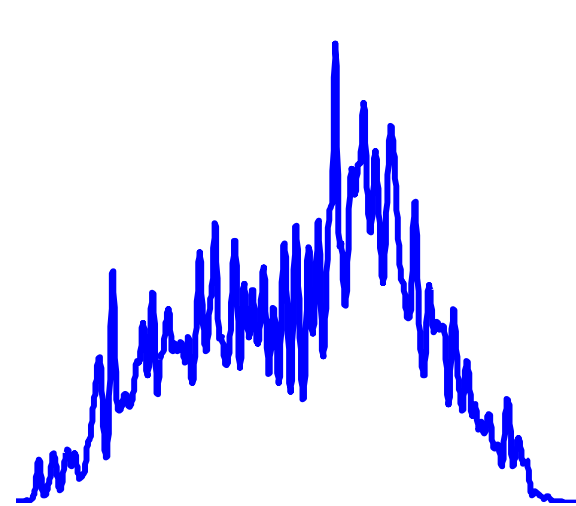


Différentes techniques de caractérisation des microorganismes permettent de décrire différentes notions de diversité

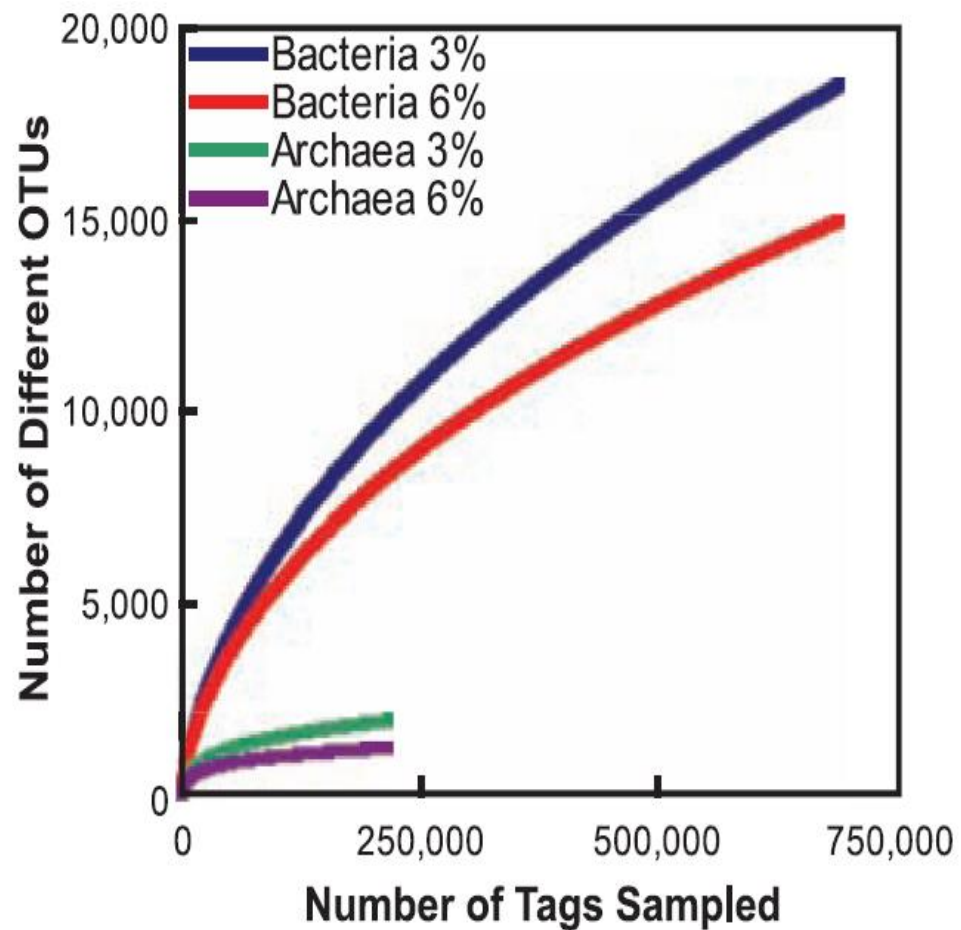
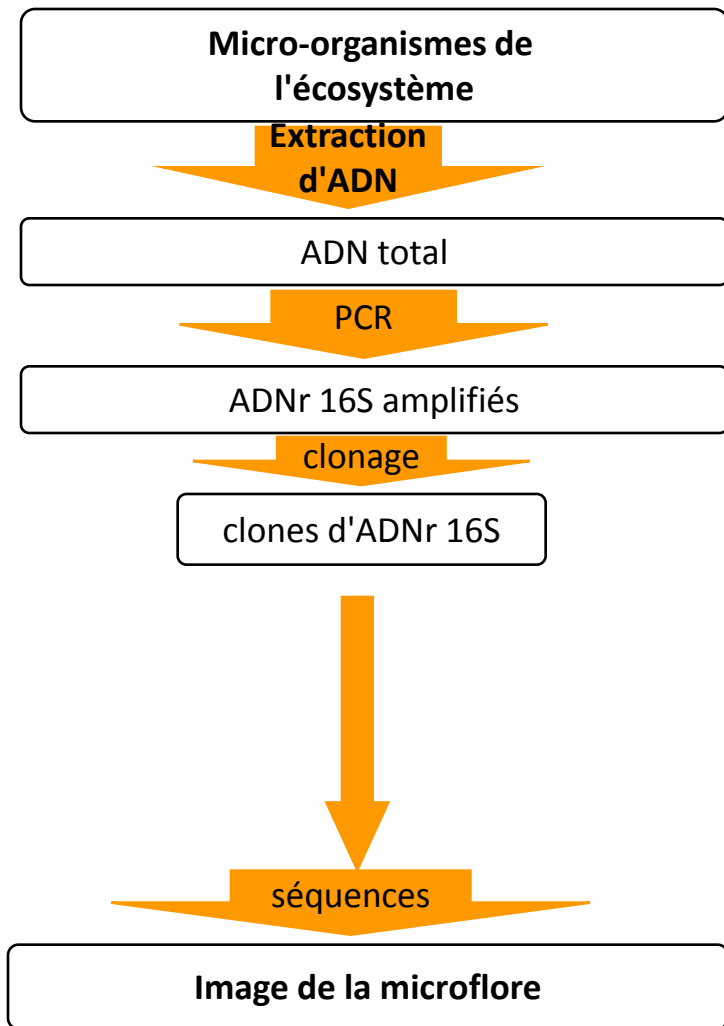
fingerprint

clonage-
séquençage

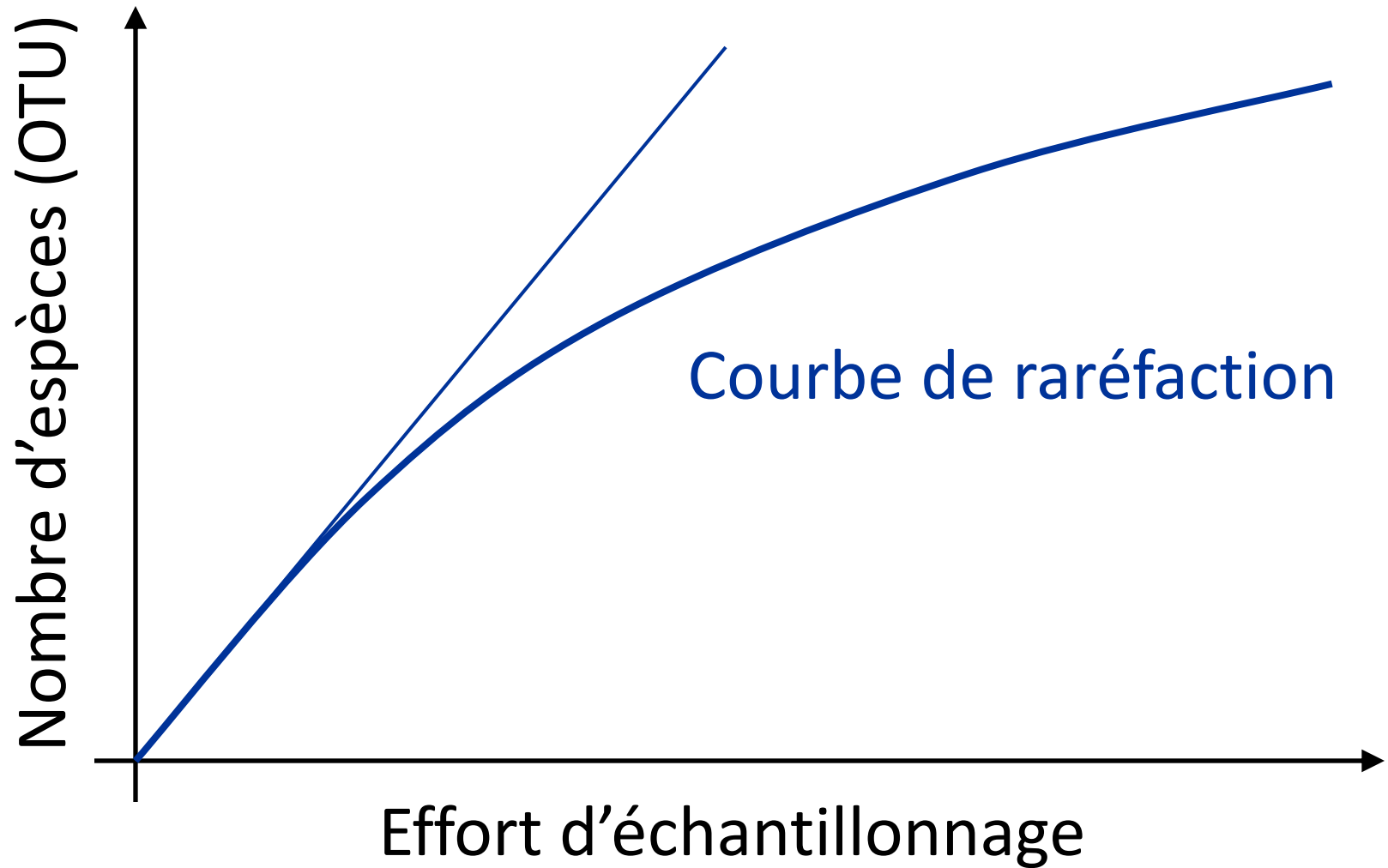
courbe Cot



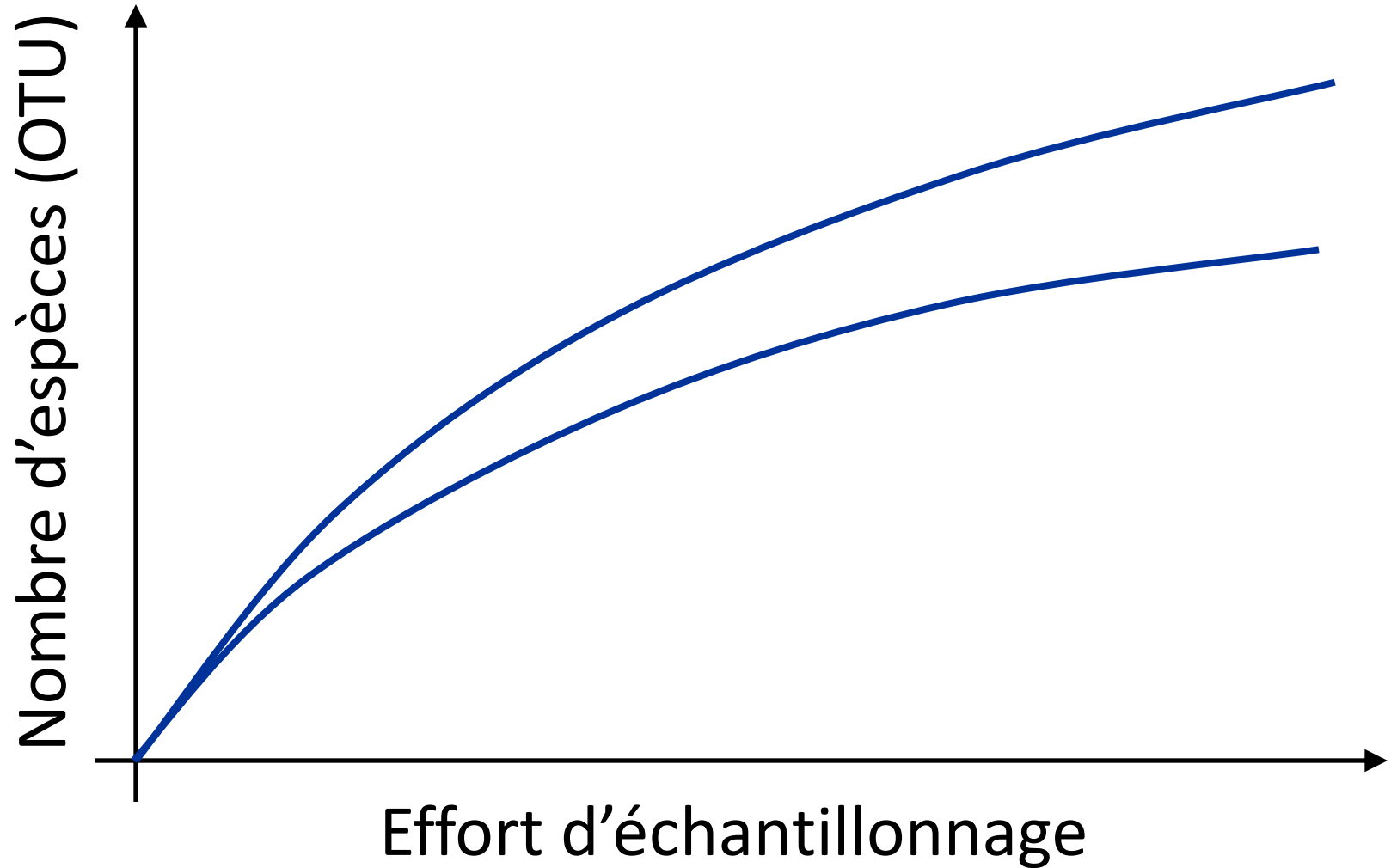
Les inventaires moléculaires



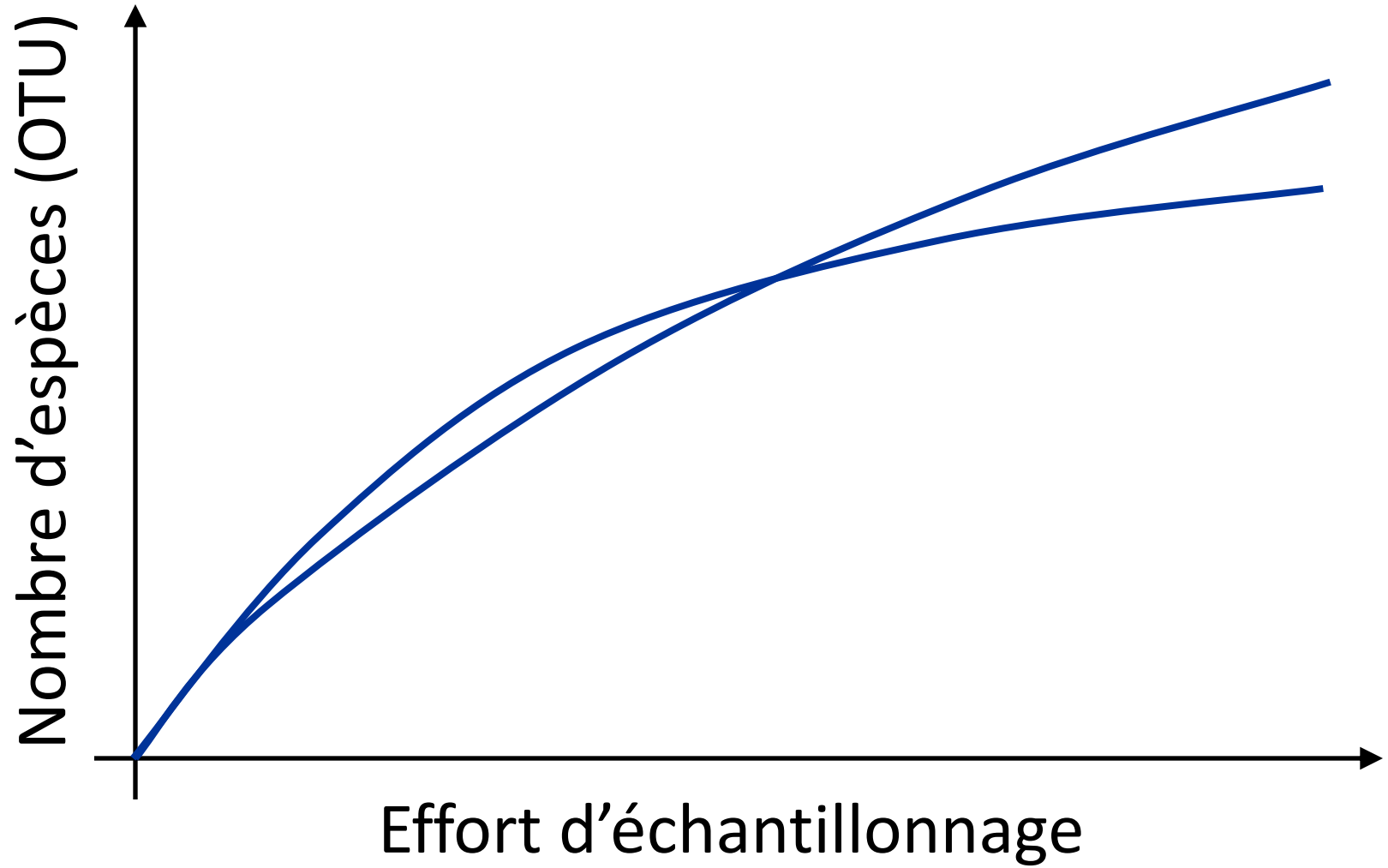
La diversité microbienne à partir des inventaires de gène



La diversité microbienne à partir des inventaires de gène



La diversité microbienne à partir des inventaires de gène



La diversité microbienne à partir des inventaires de gène

Il existe de nombreux indices qui extrapolent les courbes de raréfaction en se basant sur la probabilité de retrouver un nouvel OTU lors du prochain tirage

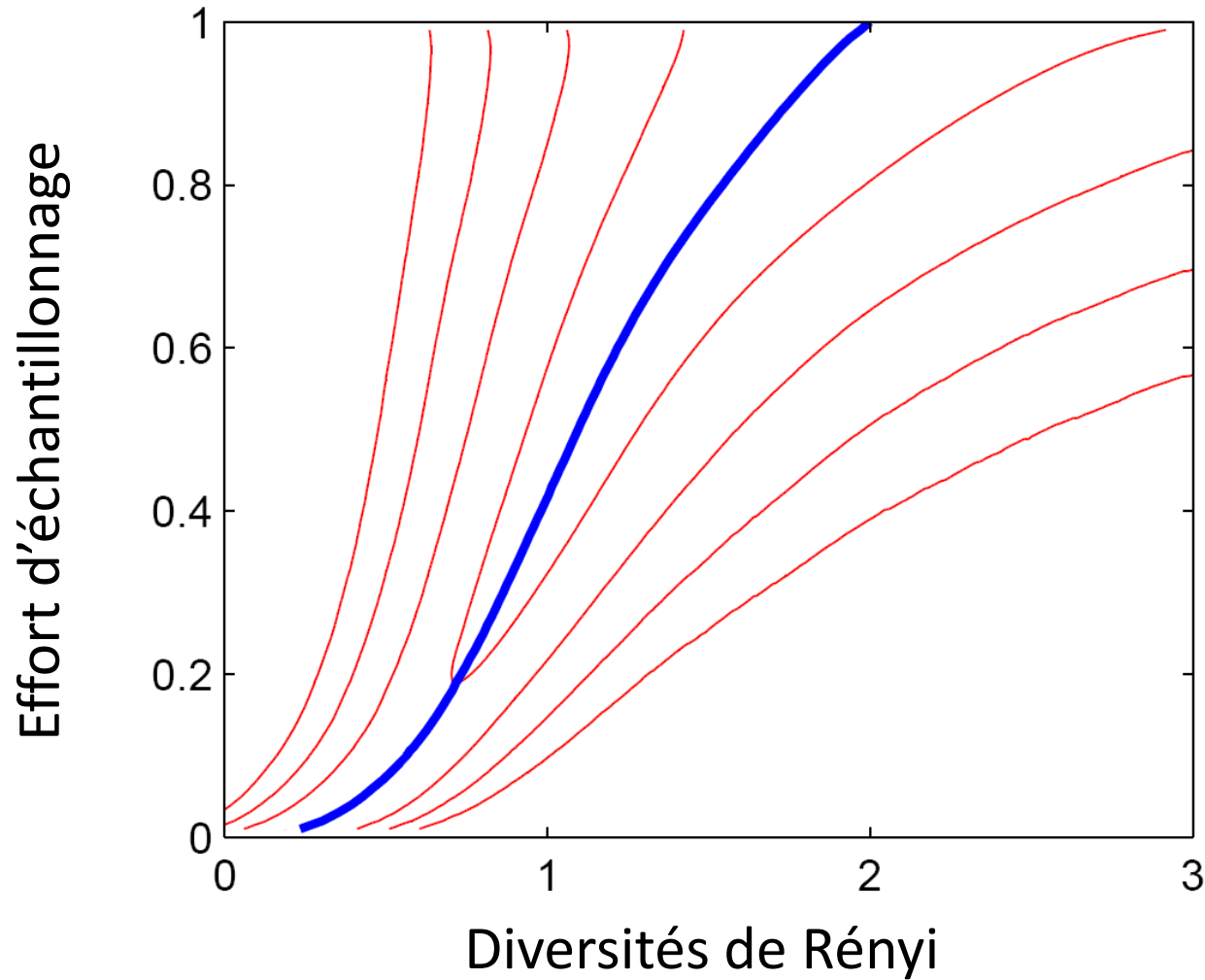
$$S_{\text{Chao1}} = S_{\text{obs}} + \frac{F_1^2}{2(F_2 + 1)} - \frac{F_1 F_2}{2(F_2 + 1)^2}$$

Chao (1984) Scand J Statist; Kemp & Aller (2004) FEMS Ecol

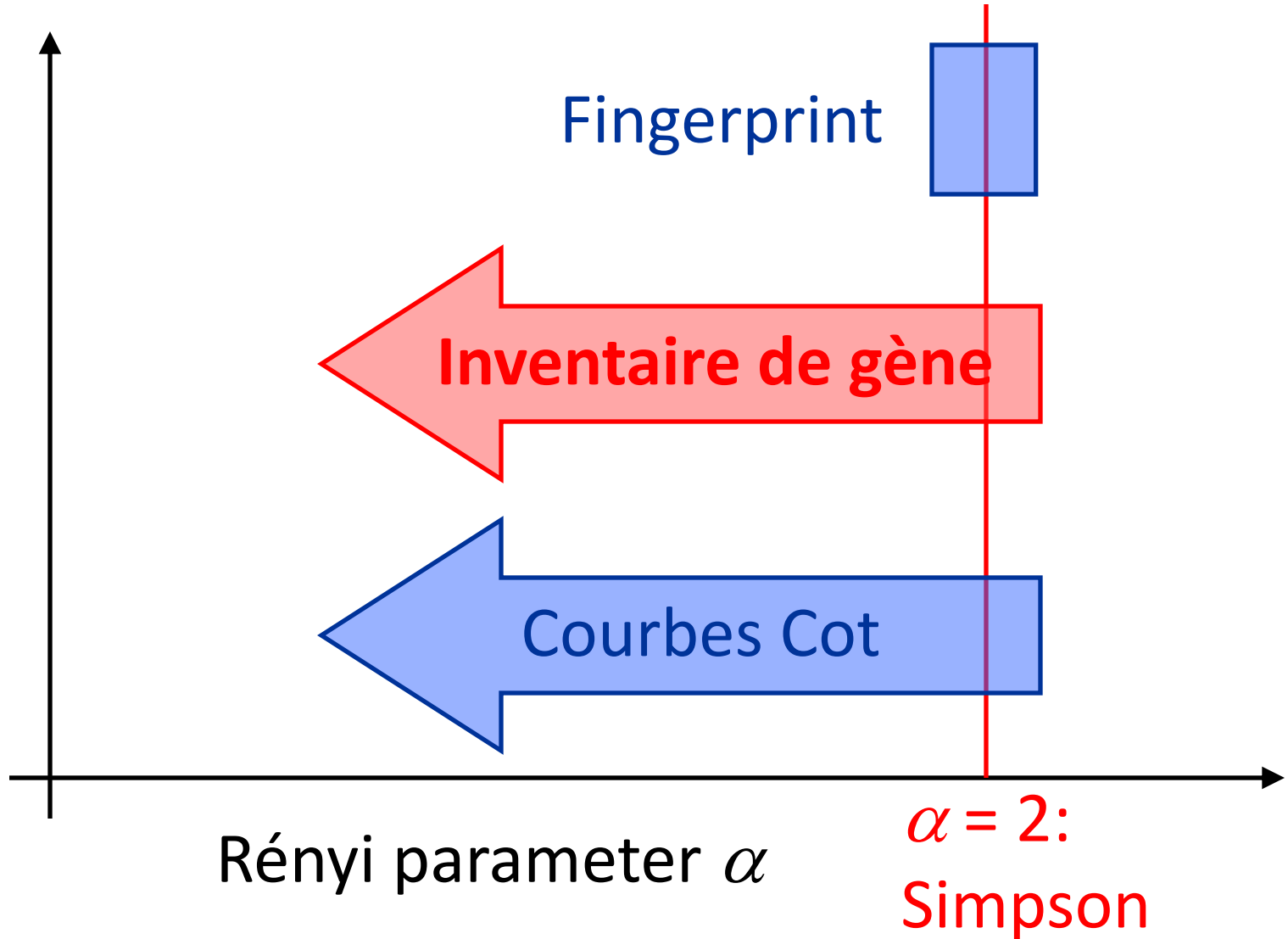
Il existe des logiciels gratuits sur le web qui permettent de calculer automatiquement divers indices de diversité (richesse, Shannon, Simpson)

EstimateS (<http://viceroy.eeb.uconn.edu/EstimateS>)

La diversité microbienne à partir des inventaires de gène

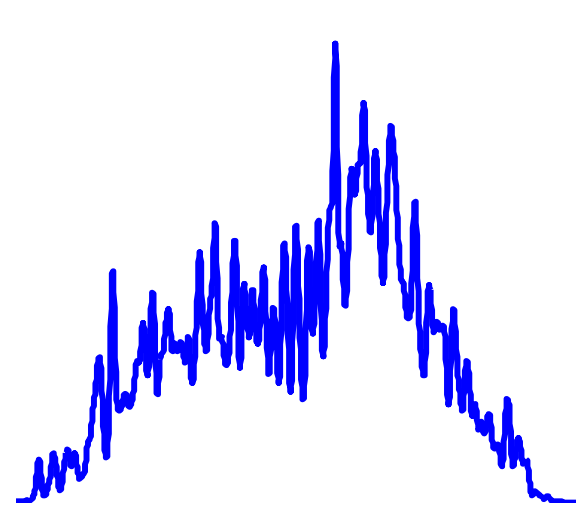


La « famille » d'indices de diversité de Rényi

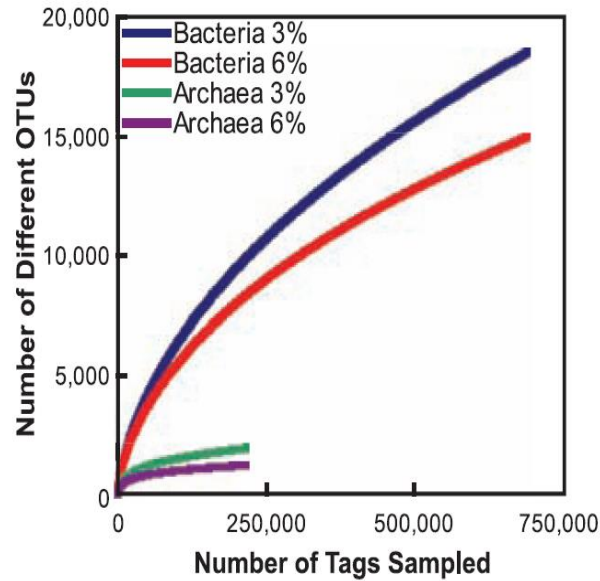


Différentes techniques de caractérisation des microorganismes permettent de décrire différentes notions de diversité

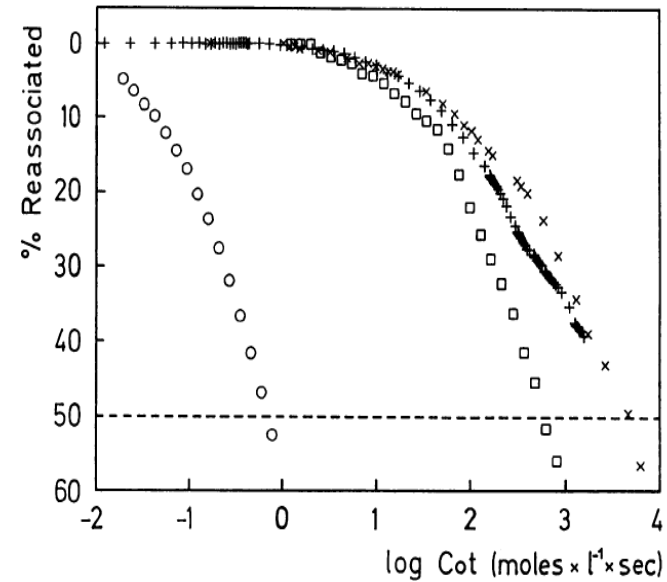
fingerprint



clonage-
séquençage



courbe Cot



Courbes de réassociation d'ADN dénaturé (courbe Cot)

- ➡ Utilisé pour différencier taxonomiquement 2 isolats bactériens (seuil de 70% de similarité pour l'espèce)
- ➡ Utilisé pour estimer la diversité génomique Torsvik et al (1990) AEM
- ➡ Regain d'intérêt pour cette technique pour estimer la diversité microbienne Gans et al (2005) Science

Courbes de réassociation d'ADN dénaturé

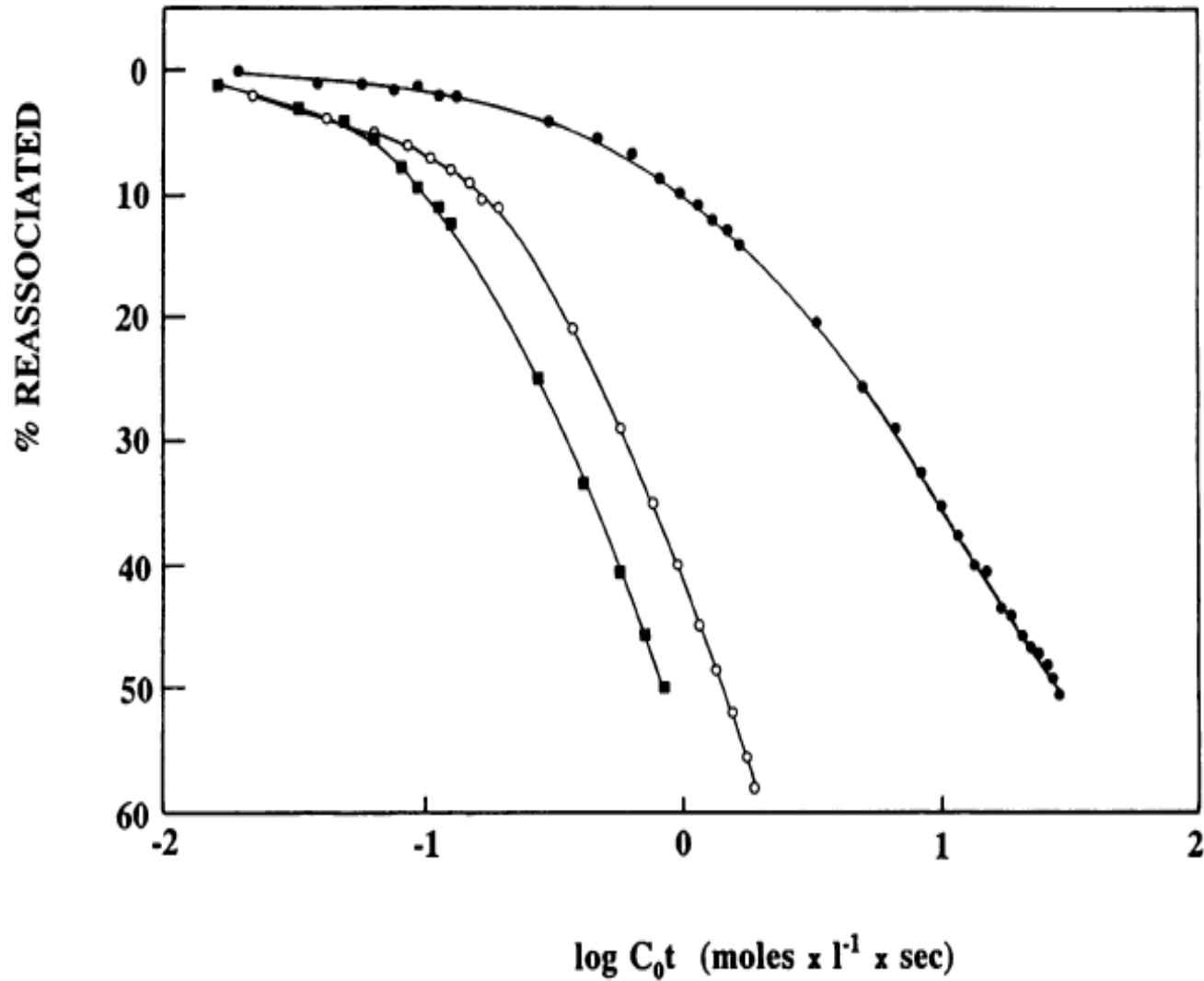
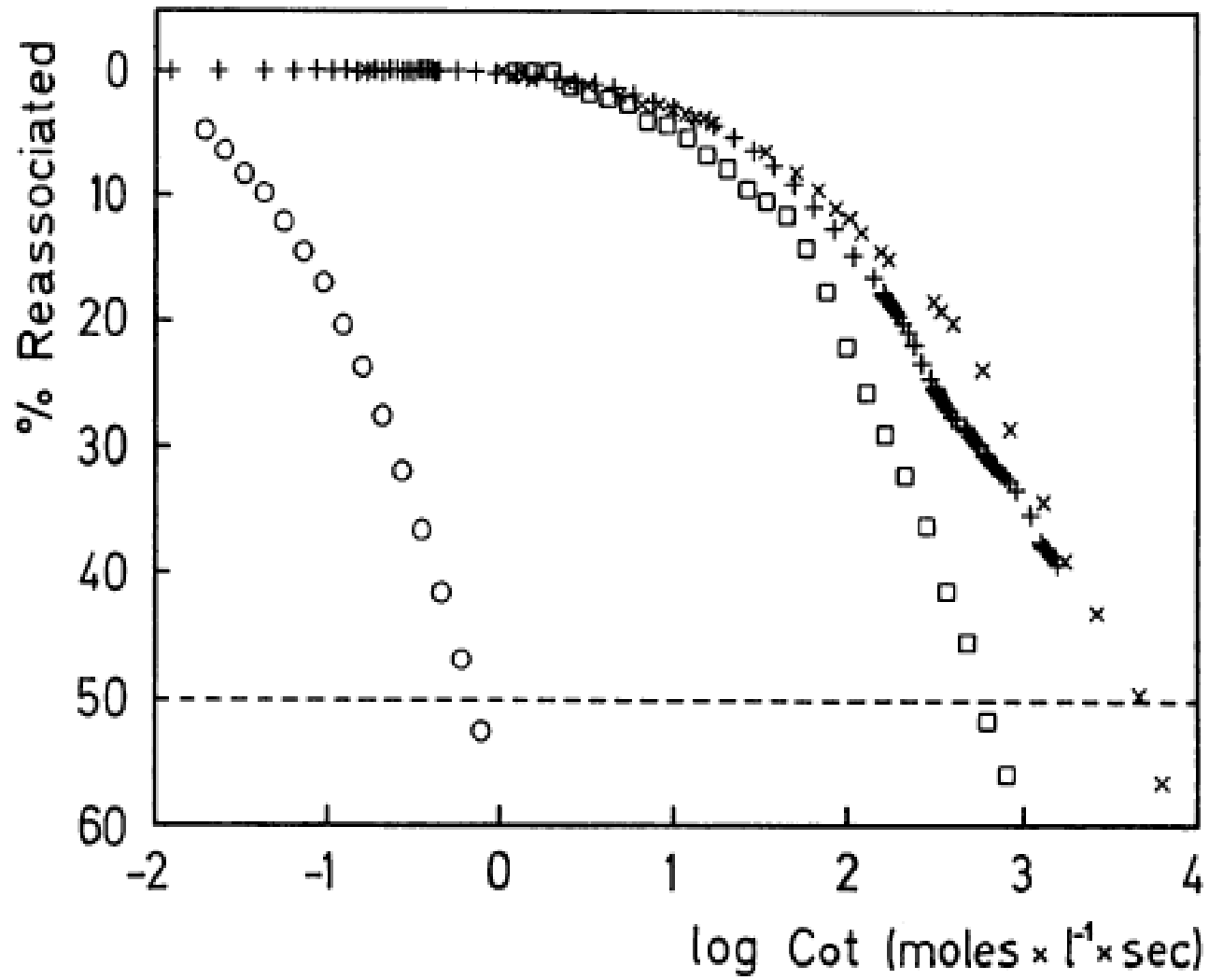


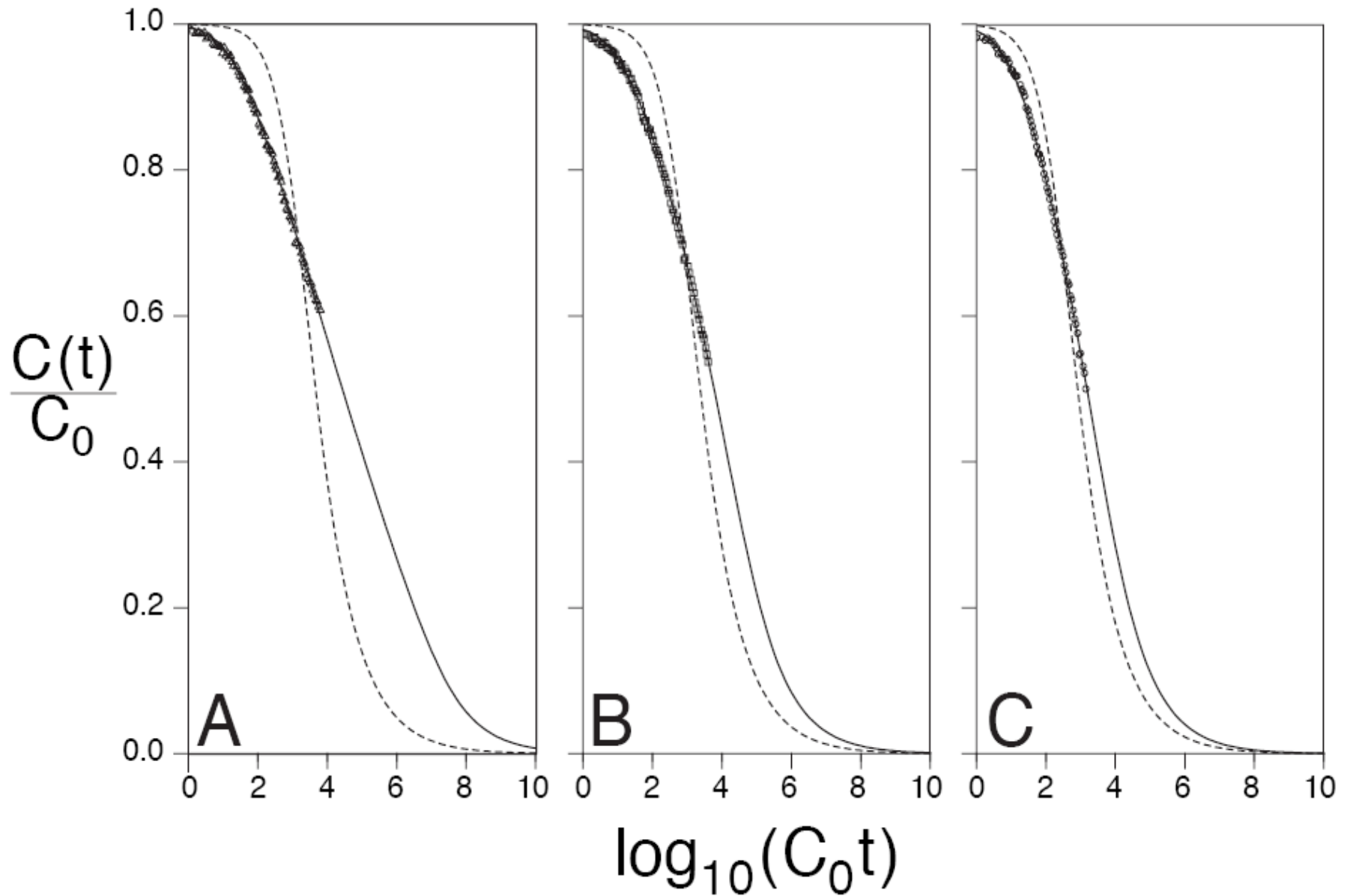
FIG. 5. C_0t plots for *E. coli* B (■), soil isolate 23A (○), and the 206 soil bacterial isolates in the mixture (●).

Courbes de réassociation d'ADN dénaturé

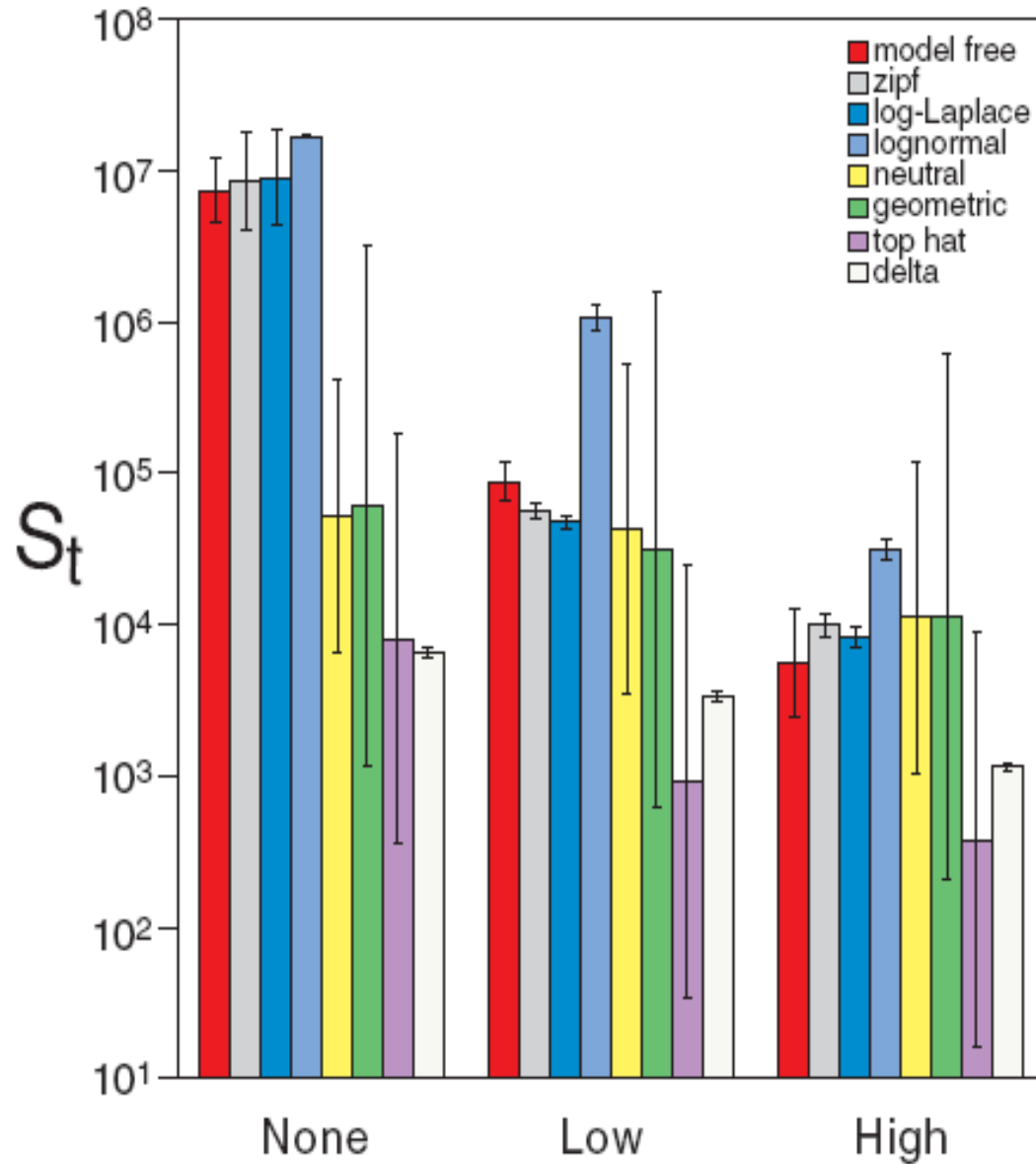


➡ 4000 génomes bactériens par gramme de sol

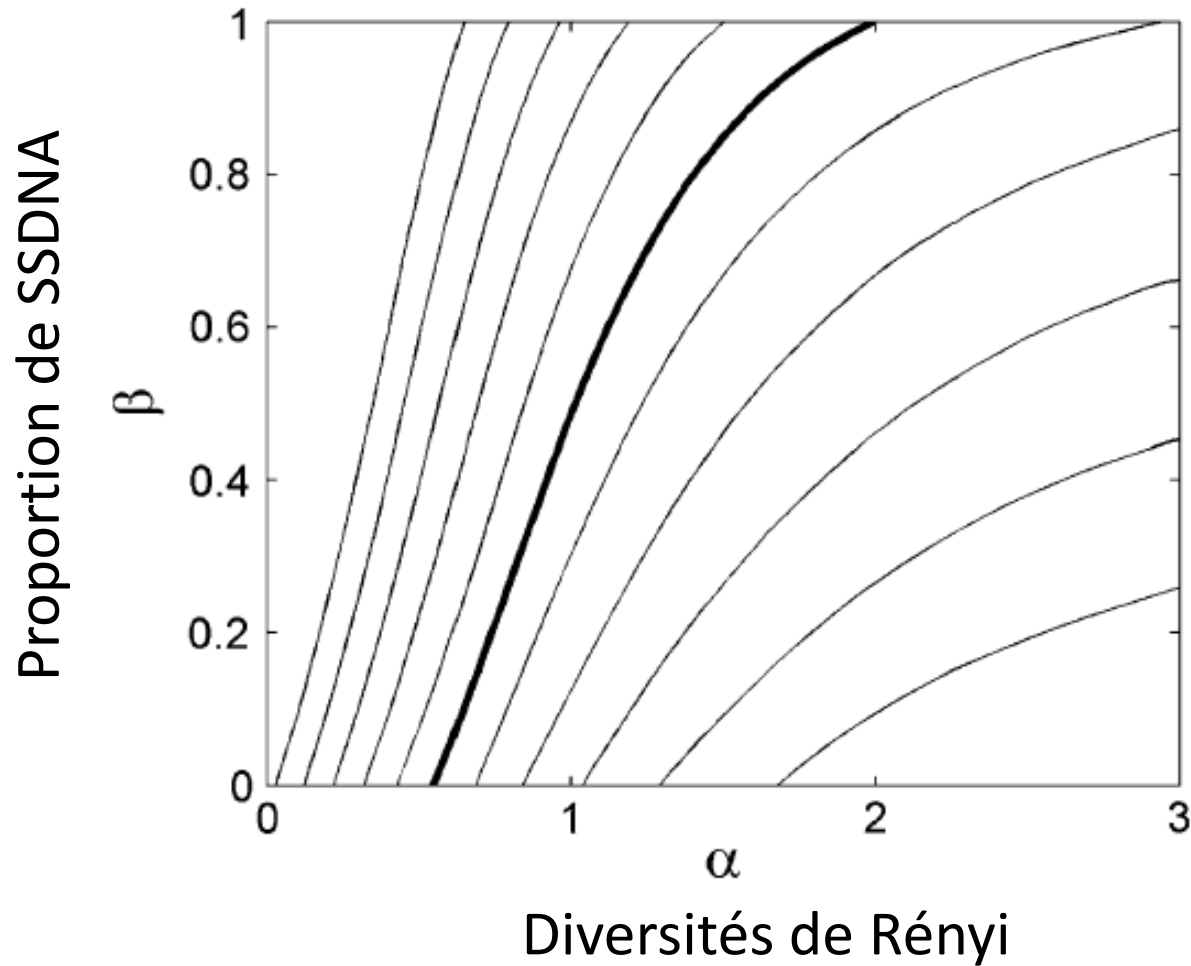
Modélisation des courbes de Cot



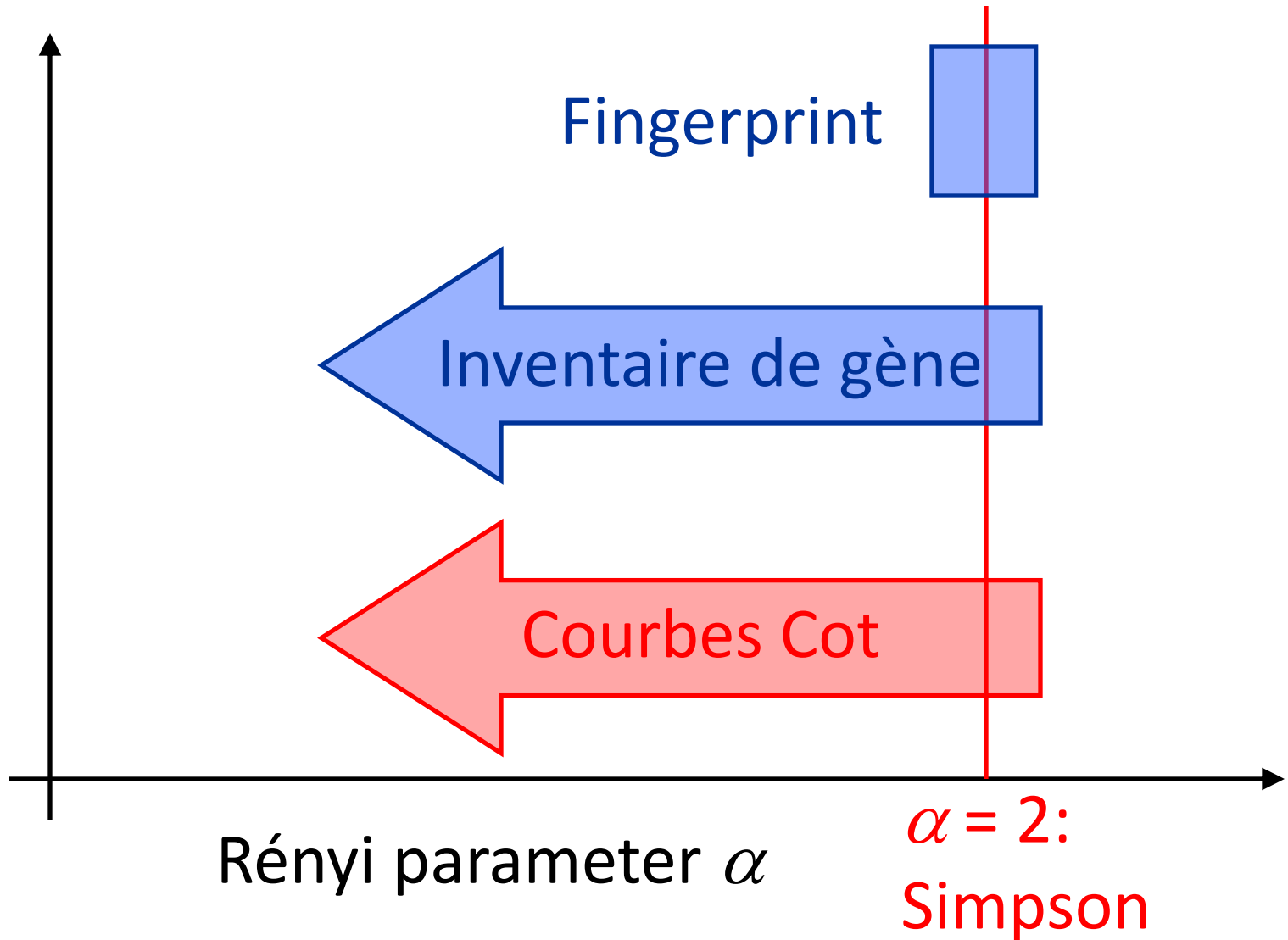
Modéliser... pour estimer la richesse!

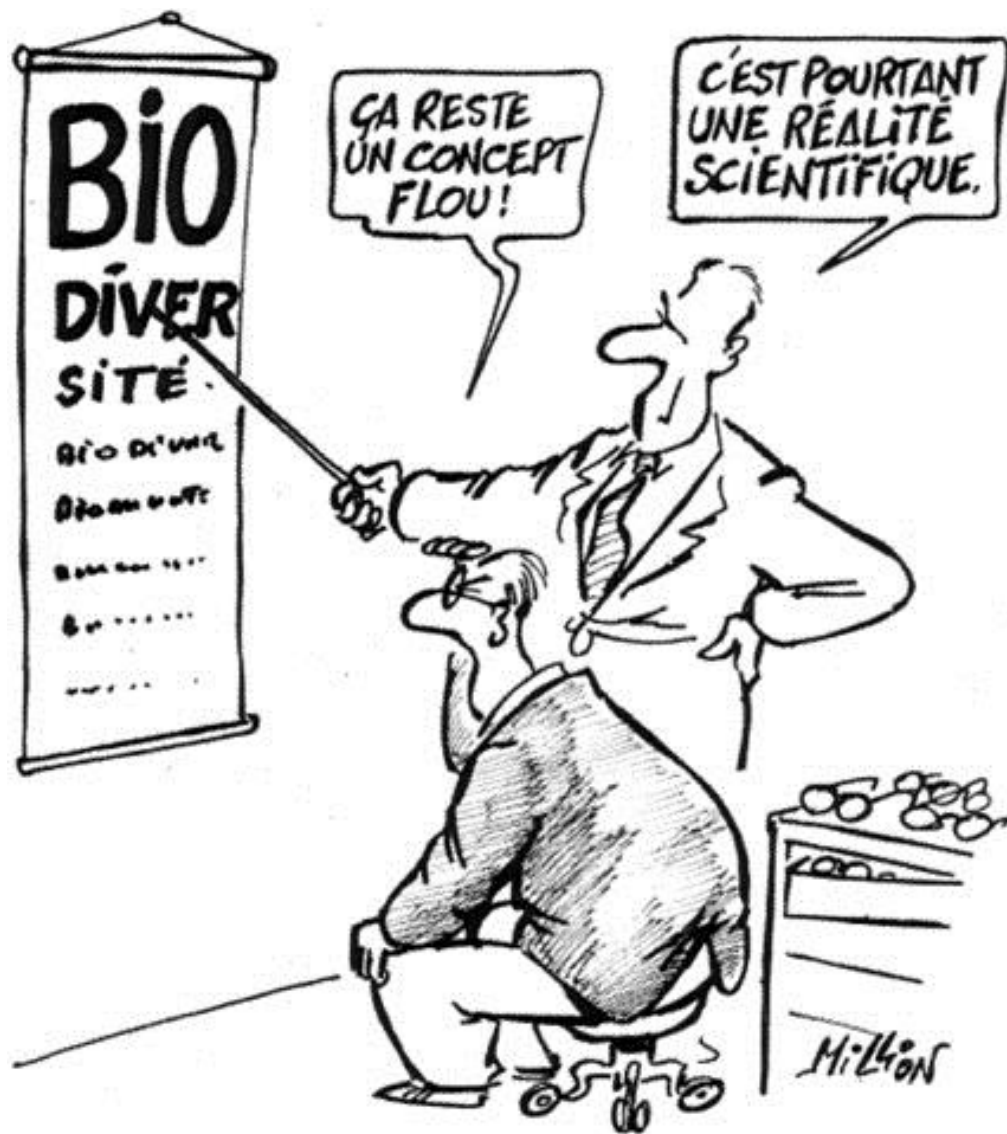


Modéliser... pour estimer l'ensemble des indices de diversité!

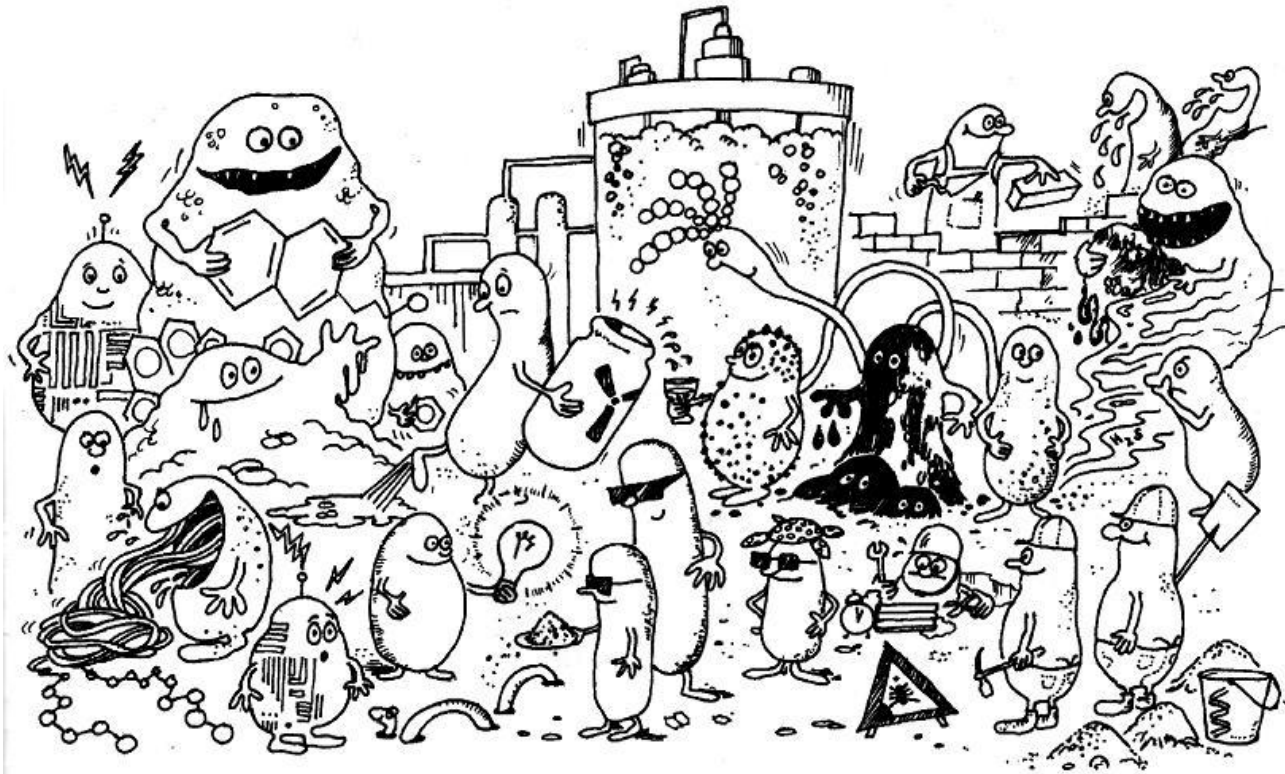


La « famille » d'indices de diversité de Rényi





Diversité – Fonction chez les microbes



La redondance fonctionnelle

Plusieurs éléments d'une communauté peuvent jouer le même rôle dans l'écosystème. Ils se compensent si l'un fait défaut (*functional compensation*).



Giuseppe Arcimboldo (1527-1593)

La redondance fonctionnelle

Plusieurs éléments d'une communauté peuvent jouer le même rôle dans l'écosystème. Ils se compensent si l'un fait défaut (*functional compensation*).

- ➡ En réaction à un stress, les différentes espèces qui composent une communauté peuvent fluctuer en abondance mais la fonctionnalité globale sera préservée car plusieurs espèces assurent la même fonction.

“la redondance fonctionnelle augmente la résilience de l'écosystème”

- ➡ Les communautés microbiennes des procédés de dépollution sont soumises à des fluctuations (débit, charge organique, etc) qui entraînent des fluctuations d'abondances de populations

Quelques exemples plus loin

The rivet hypothesis

Chaque élément constitutif de la communauté est essentiel au fonctionnement de l'écosystème (à l'image des rivets qui solidifient les ailes d'un avion), et les espèces sont plutôt spécialisées sur des fonctions particulières.

La disparition d'une espèce peut ne pas impacter sensiblement le fonctionnement global car certaines espèces peuvent être redondante .

Si la perte de diversité est plus importante, l'écosystème est extrêmement fragilisé et peut complètement perdre sa fonction, comme l'aile d'un avion qui perd ses rivets...



The rivet hypothesis

Chaque élément constitutif de la communauté est essentiel au fonctionnement de l'écosystème (à l'image des rivets qui solidifient les ailes d'un avion), et les espèces sont plutôt spécialisées sur des fonctions particulières.

➔ Cette hypothèse est applicable à certains procédés biologiques de dépollution qui mettent en jeu des micro-organismes spécialisés.

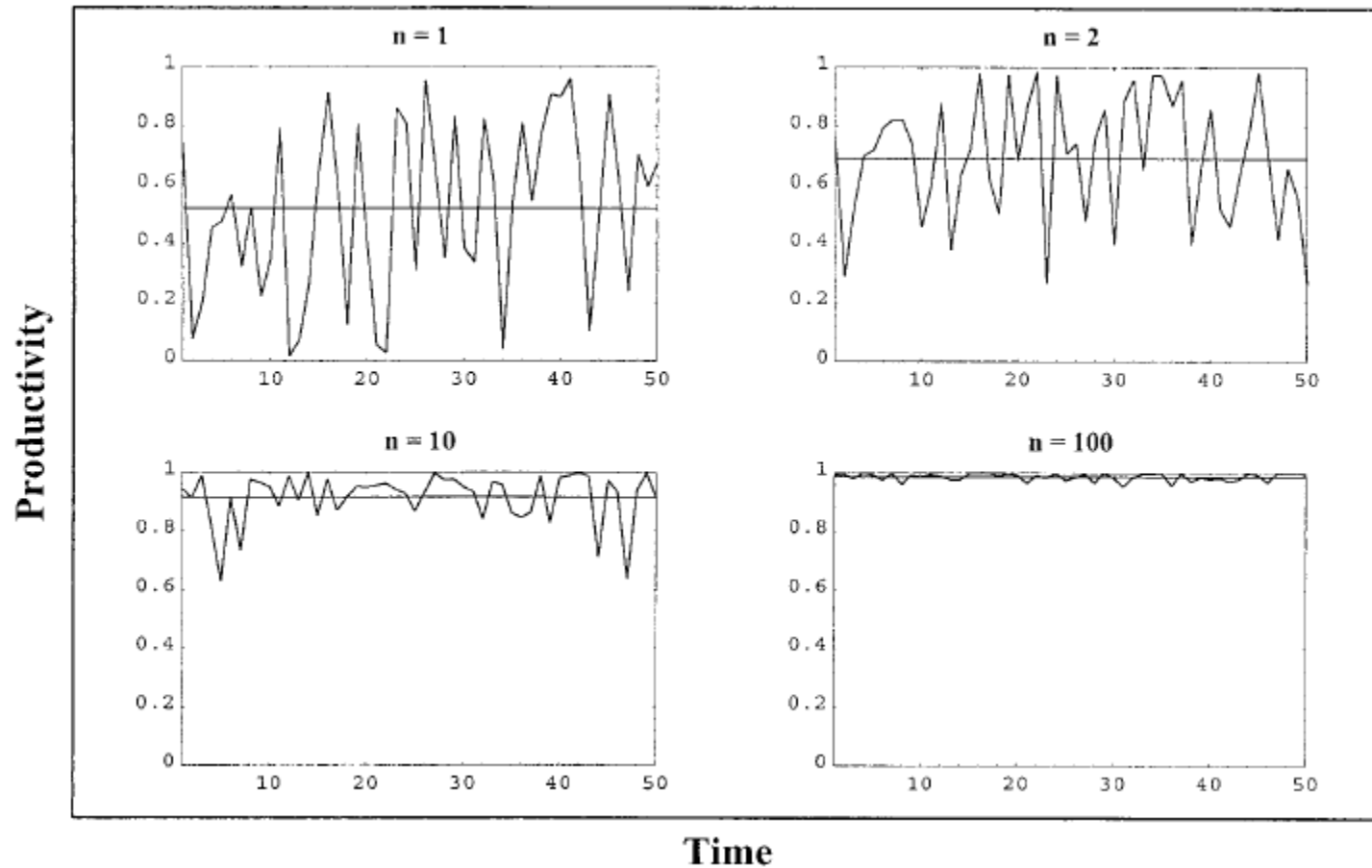
Les bactéries nitrifiantes (aérobie)

Les *Archaea* méthanogènes (anaérobie)

“la conséquence de la perte d'une espèce sur le fonctionnement n'est pas linéaire”

L'assurance écologique

Chaque espèce réagit à sa manière à une perturbation (résistance, résilience). La diversité des réponses individuelles se compensent mutuellement, et globalement, préservent le service écologique (*the insurance hypothesis*).



Peut-on tirer des généralités sur
le comportement des dynamiques microbiennes?

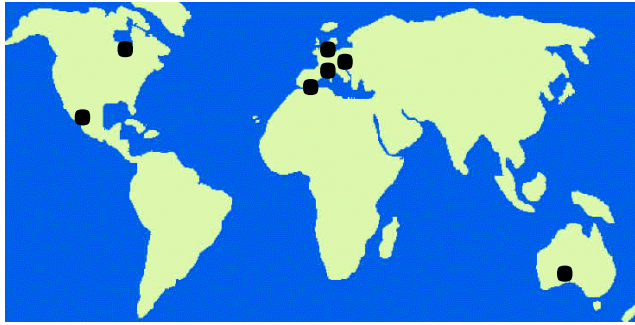
Peut-on piloter efficacement et durablement
les écosystèmes microbiens des procédés de dépollution?

Est-ce que la diversité microbienne garantit
une bonne performance ou une bonne résistance?

La composition microbienne peut varier entre plusieurs écosystèmes de dépollution mais ces écosystèmes peuvent rester fonctionnellement équivalents

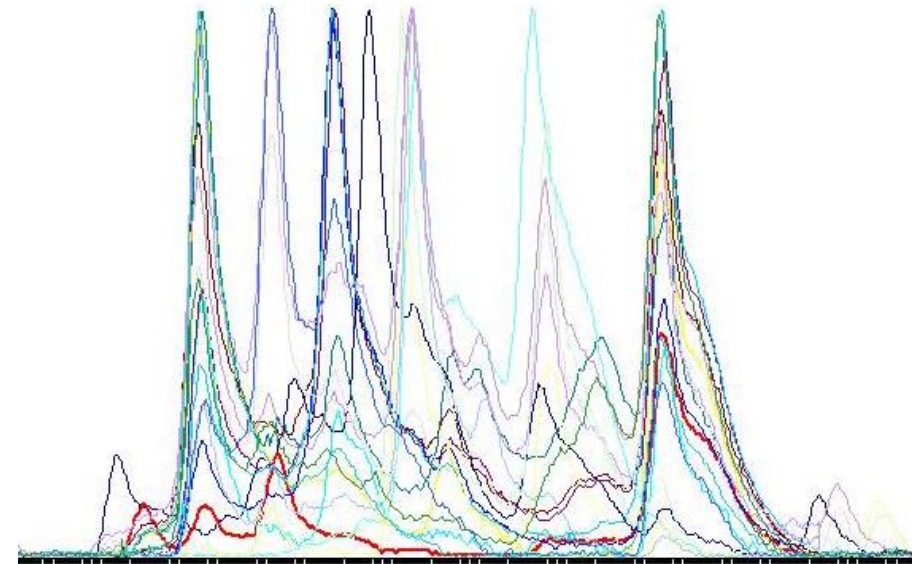
➔ Comparaison des communautés *Archaea* de 44 digesteurs anaerobies

Répartis autour
de la **planète**



Alimentés avec **divers effluents**:
papetier, poissonerie, brasserie, eaux usées,
industrie chimique, distillerie, etc

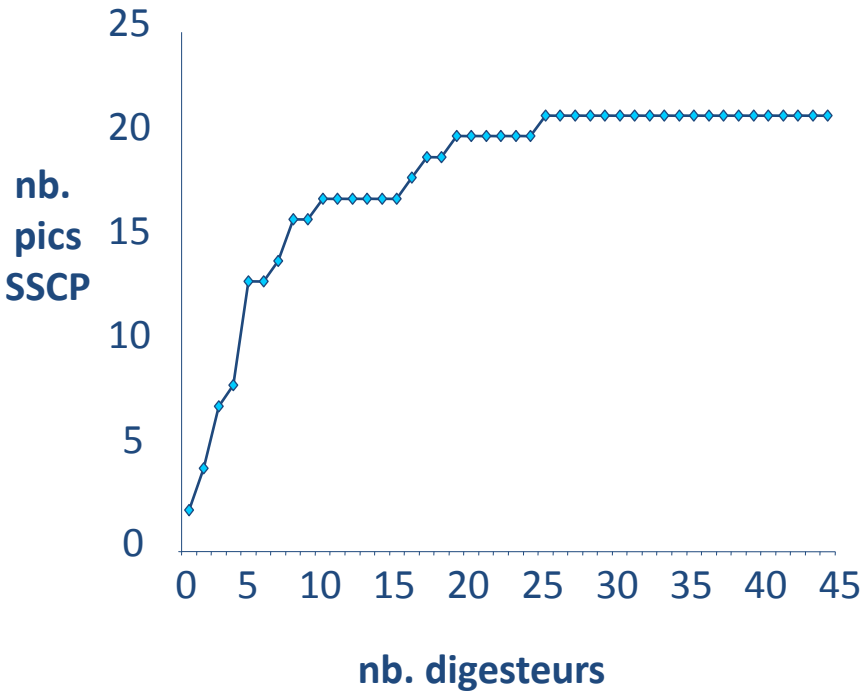
Mis en oeuvre selon **divers procédés**:
Infiniment mélangé, UASB, EGSB,
Lit fluidisé, lit fixe, SBR, lagunage, etc



Profils SSCP avec co-occurrence d'espèces

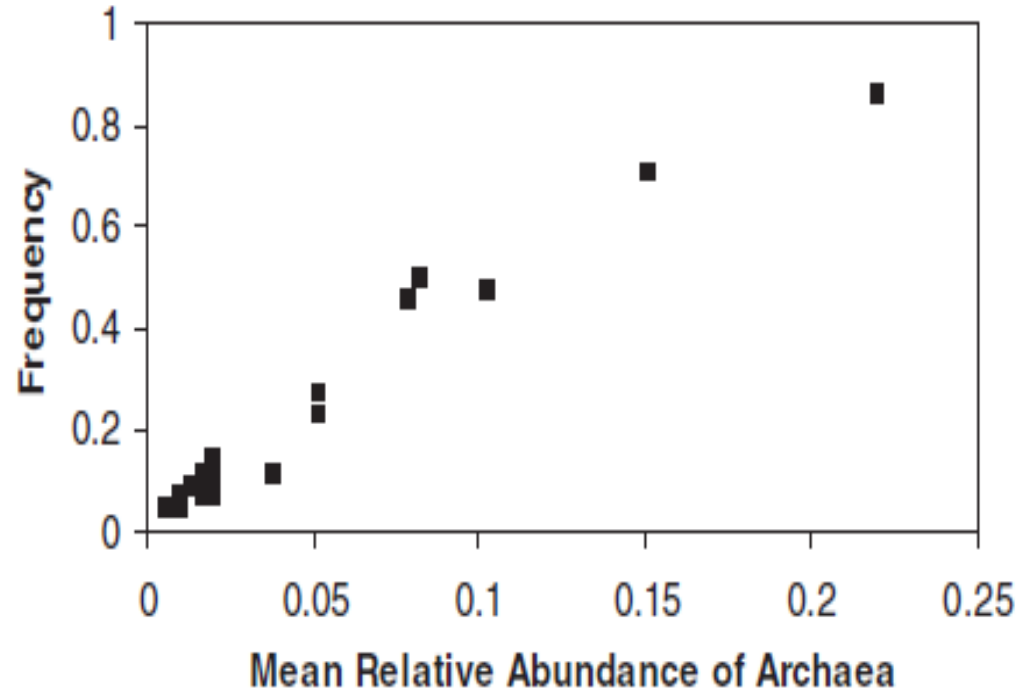
La composition microbienne peut varier entre plusieurs écosystèmes de dépollution mais ces écosystèmes peuvent rester fonctionnellement équivalents

➡ Comparaison des communautés *Archaea* de 44 digesteurs anaérobies



Un petit nombre d'espèces-clé se retrouvent dans plusieurs écosystèmes

Leclerc et al (2004) Env Microbiol

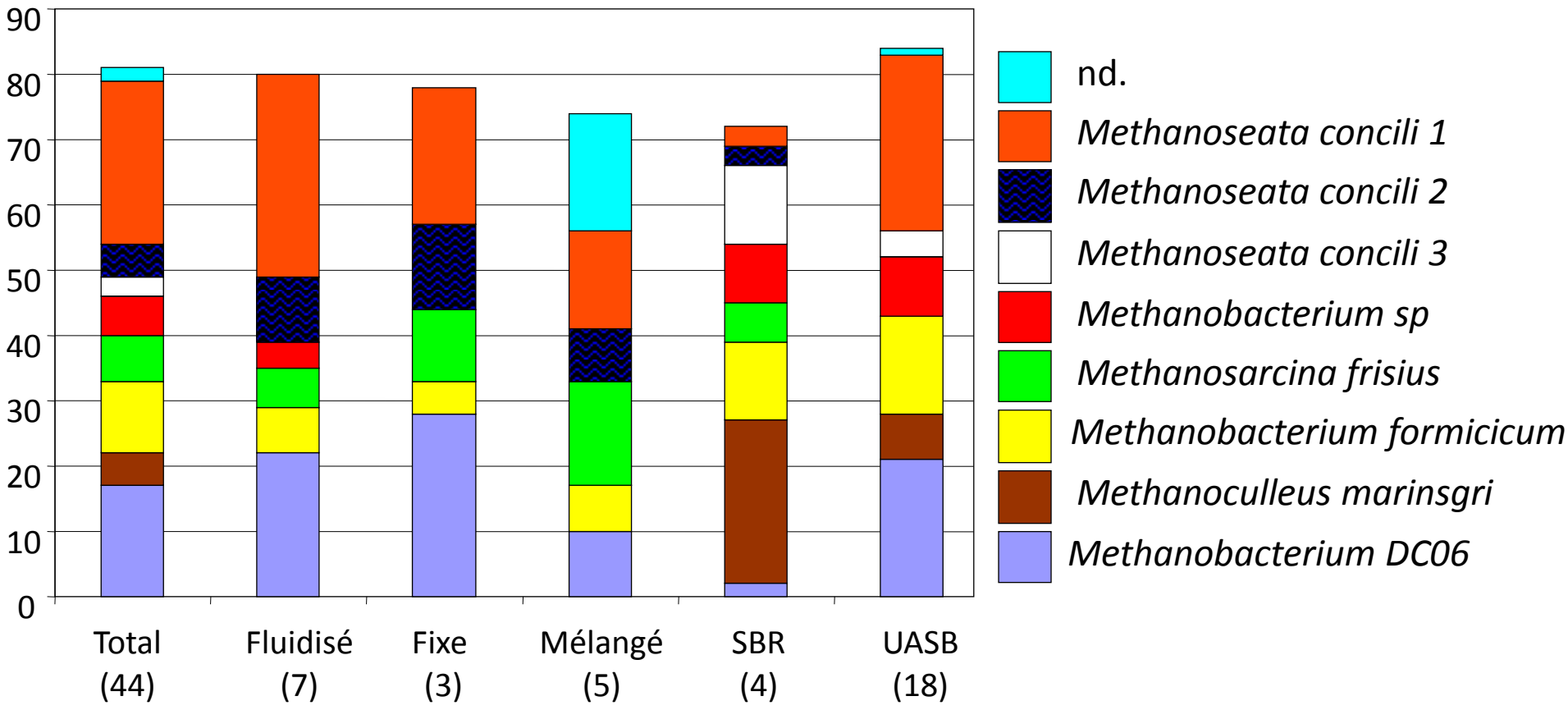


Les espèces les plus fréquentes sont aussi les plus abondantes

Sloan et al (2005) Env Microbiol

La composition microbienne peut varier entre plusieurs écosystèmes de dépollution mais ces écosystèmes peuvent rester fonctionnellement équivalents

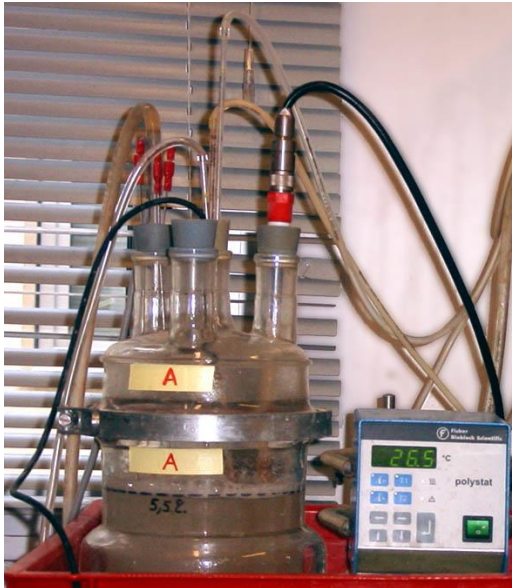
➡ Comparaison des communautés *Archaea* de 44 digesteurs anaérobies



La composition microbienne peut varier **entre plusieurs écosystèmes** de dépollution et ces écosystèmes peuvent rester fonctionnellement équivalents

La composition microbienne peut **aussi varier au sein du même écosystème** de dépollution au cours du temps

Chémostat nitrifiant (aérobie)

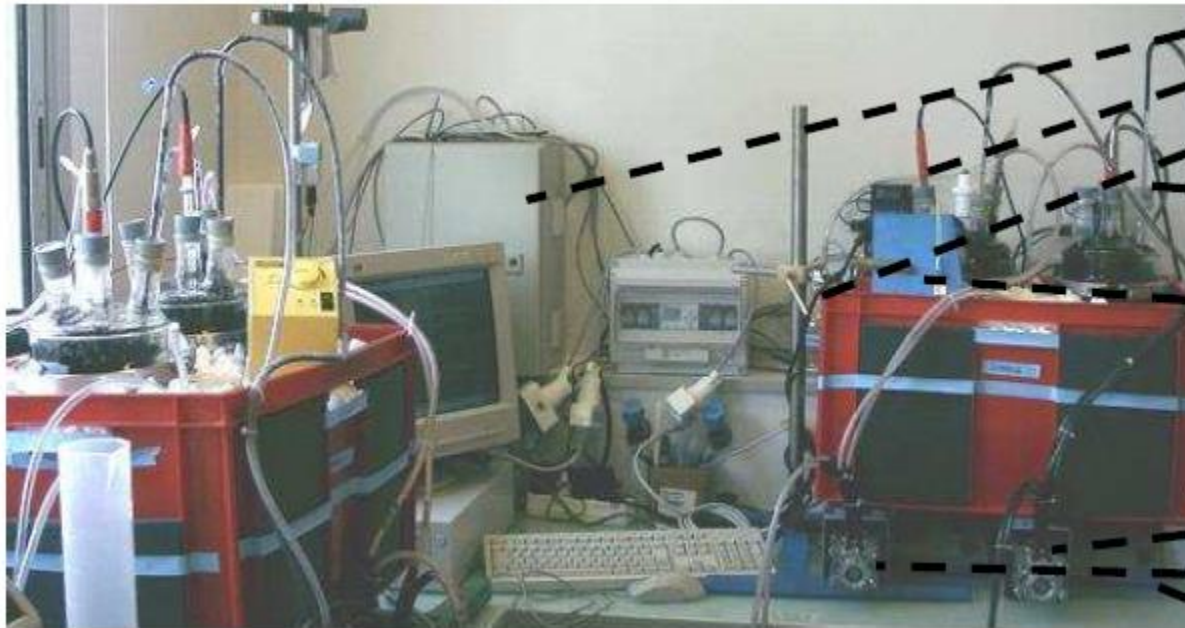


Méthaniseur (anaérobie)



La composition microbienne peut varier au sein du même écosystème de dépollution au cours du temps sans que le fonctionnement soit modifié

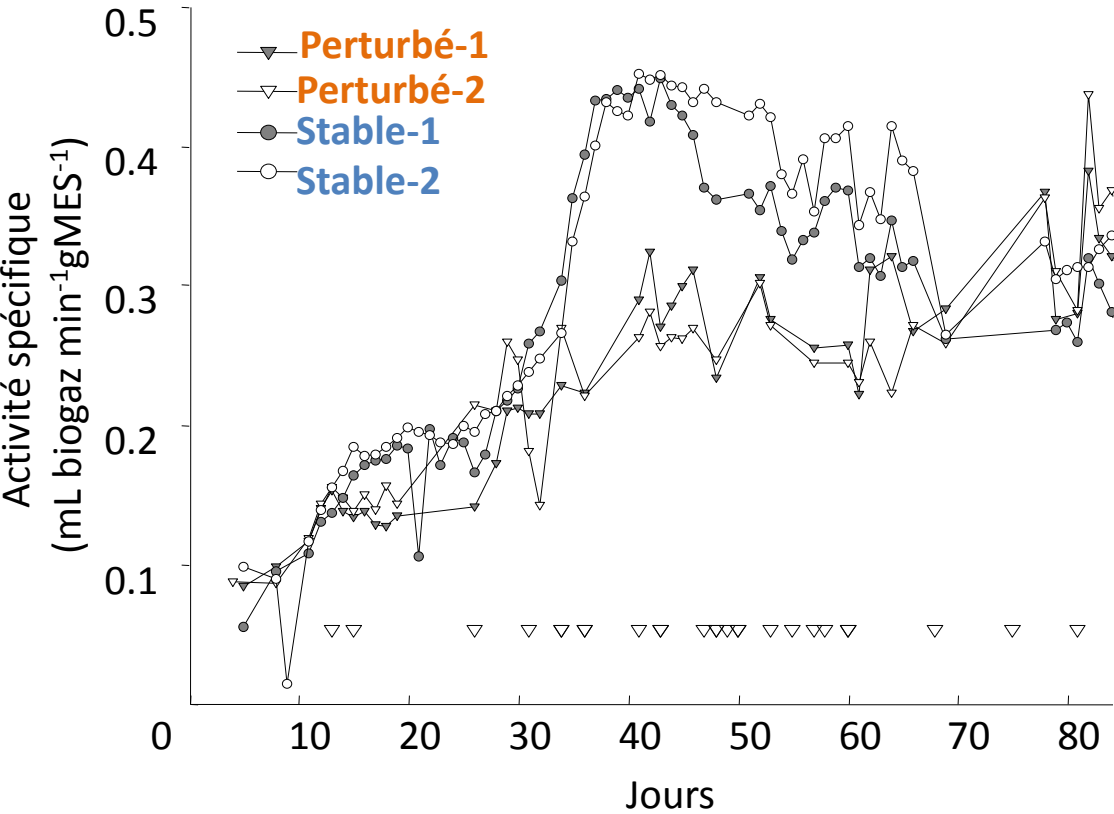
- Exemple provenant de digesteurs anaérobies (méthanisation) soumis à un **environnement perturbé** ou maintenus dans un **environnement stable**



- Armoire électrique
- Débitmètre massique
- Bouteille de garde
- Sonde pH
- Thermorégulateur
- Bac de régulation thermique
- Pompe de soutirage
- Pompe d'alimentation
- Agitateur magnétique

La composition microbienne peut varier au sein du même écosystème de dépollution au cours du temps sans que le fonctionnement soit modifié

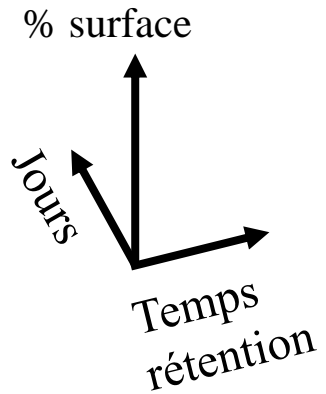
➡ Exemple provenant de digesteurs anaérobies (méthanisation) soumis à un **environnement perturbé** ou maintenus dans un **environnement stable**



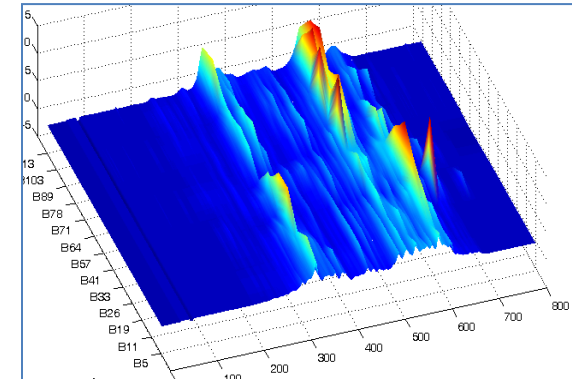
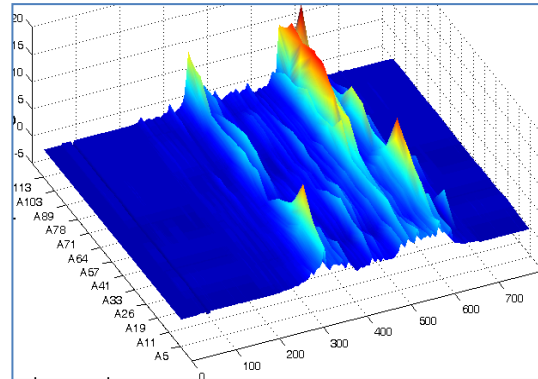
Le fonctionnement global n'est pas affecté de façon majeure à cette échelle de perturbations

La composition microbienne peut varier au sein du même écosystème de dépollution au cours du temps sans que le fonctionnement soit modifié

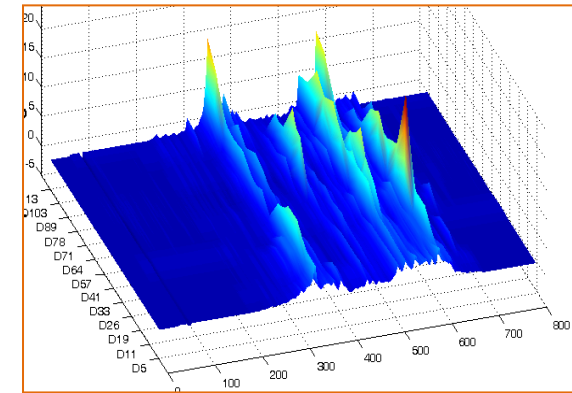
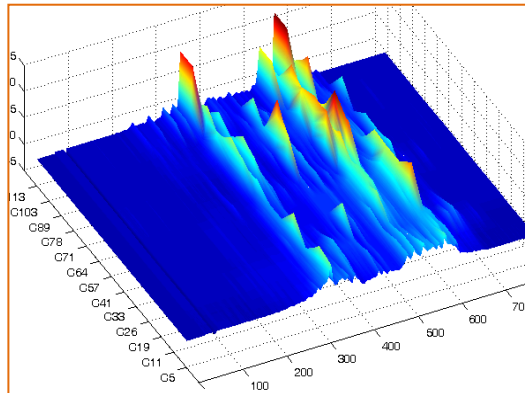
➔ Les communautés bactériennes analysées par SSCP sont fortement dynamiques, même lorsqu'elles sont maintenues en environnement « stable »



Environnement stable

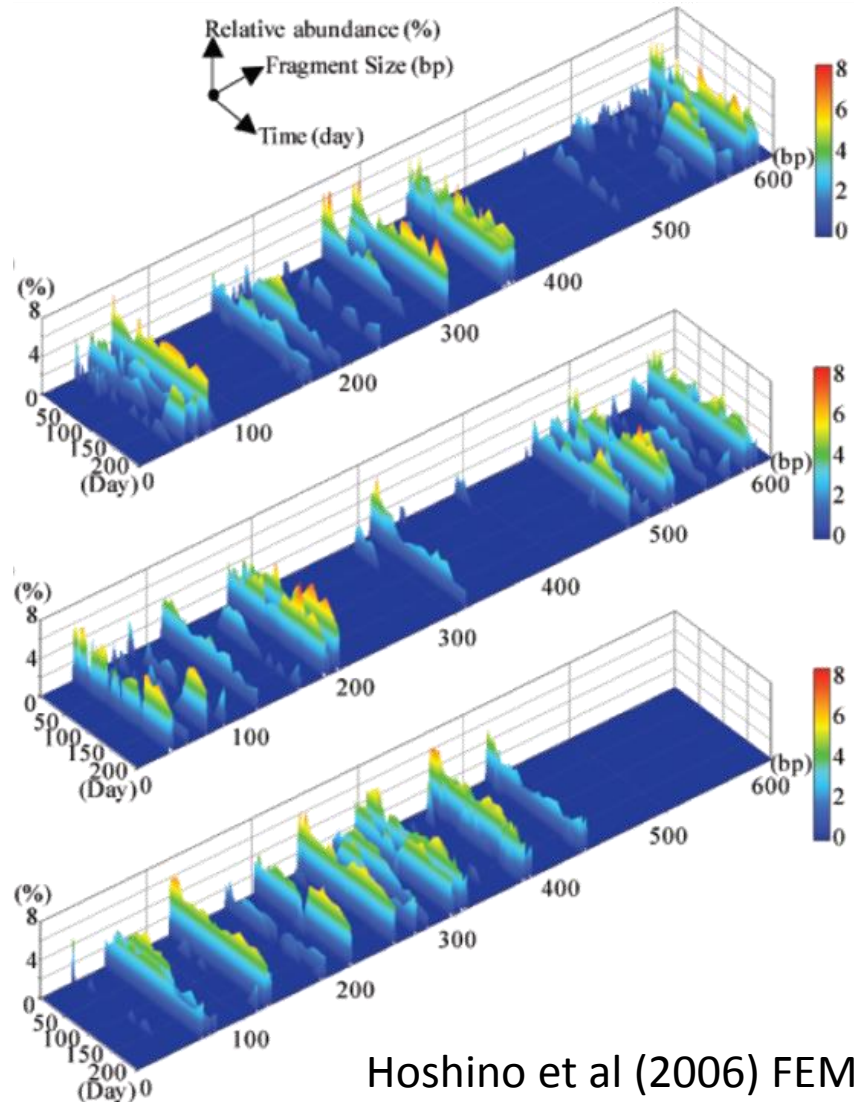
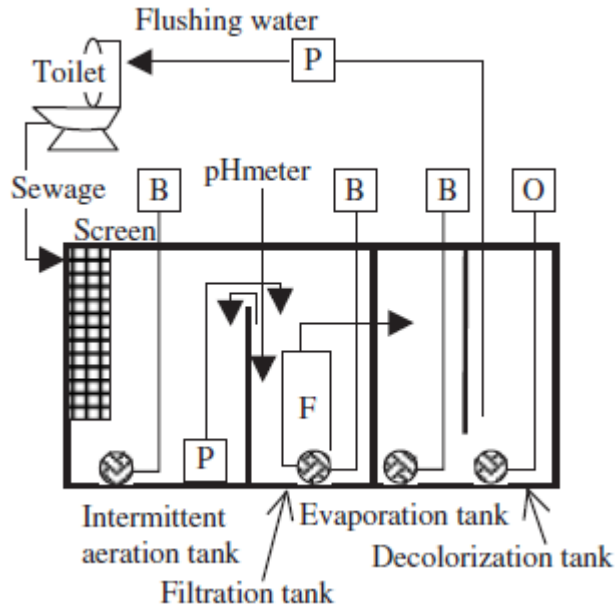


Environnement perturbé



La composition microbienne peut varier au sein du même écosystème de dépollution au cours du temps sans que le fonctionnement soit modifié

➔ Autre suivi de 200 jours par T-RFLP d'une boue activée traitant des effluents domestiques a aussi révélé des communautés bactériennes dynamiques



La composition microbienne peut évoluer mais ces écosystèmes peuvent rester fonctionnellement équivalents

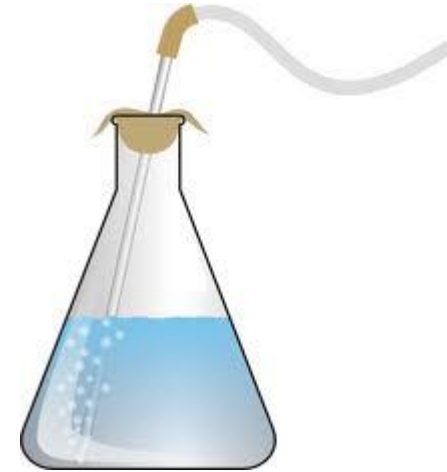
➡ Comparaison de communautés microbiennes issues de réacteurs jumeaux



16 réacteurs jumeaux



Alimentés tous les jours
ou
alimentés toutes les semaines

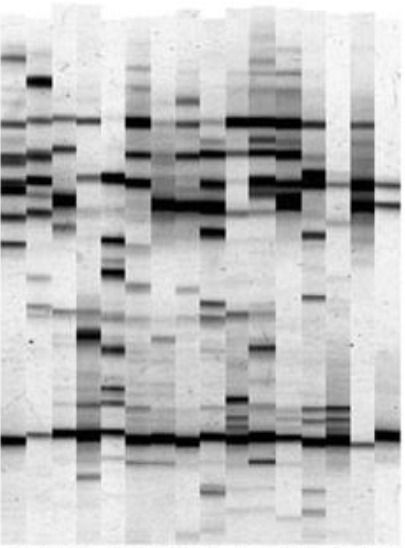
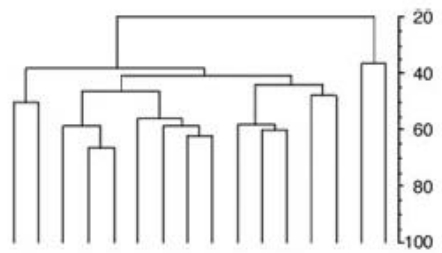


DGGE

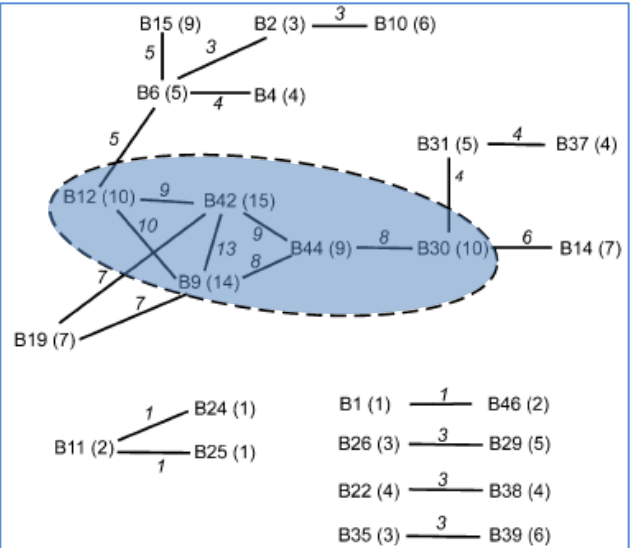
La composition microbienne peut évoluer mais ces écosystèmes peuvent rester fonctionnellement équivalents

➔ Comparaison de communautés microbiennes issues de réacteurs jumeaux

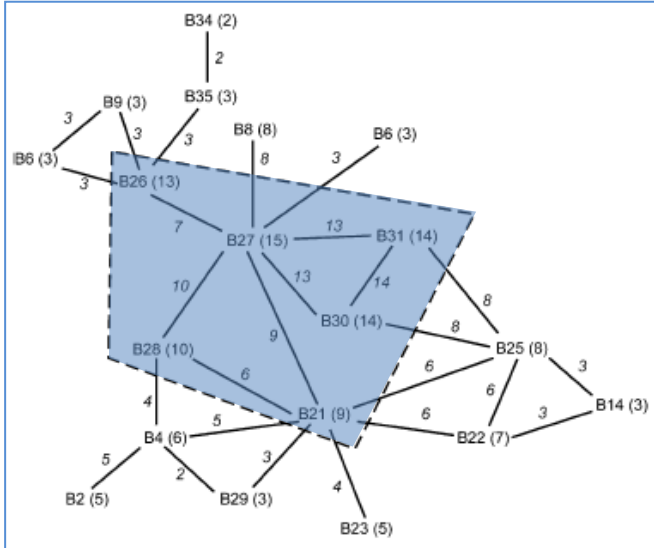
16 DGGE ≠



1 alimentation / semaine



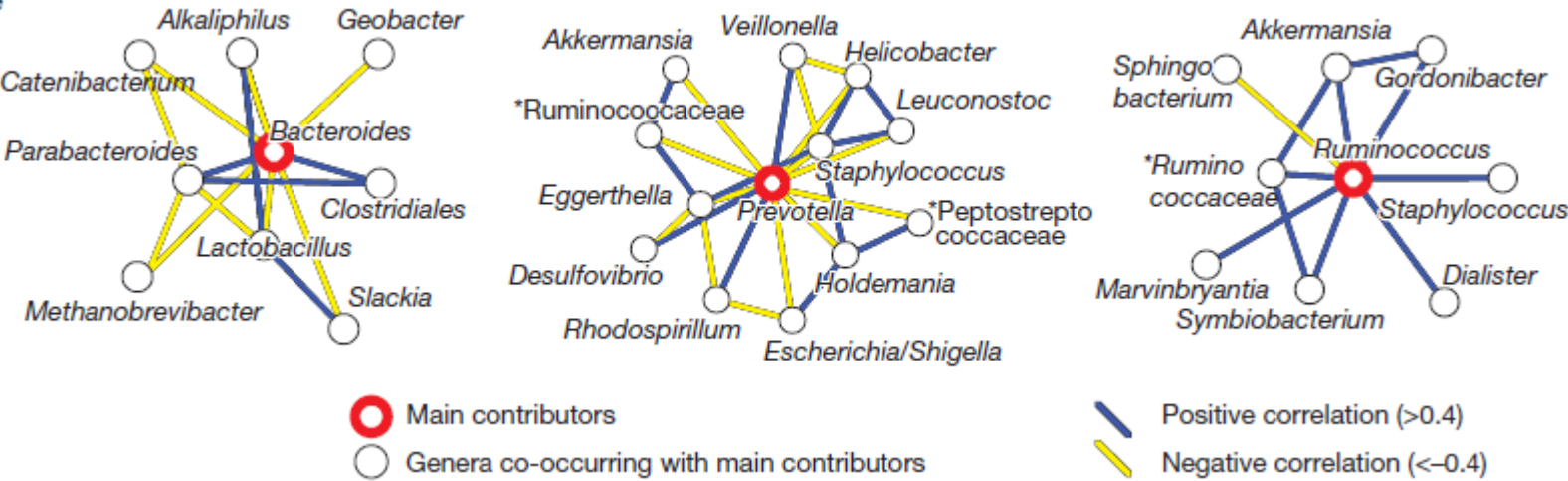
1 alimentation / jour



*Certaines espèces se retrouvent dans la majorité des réplicats (**coeur fonctionnel**) et d'autres apparaissent sporadiquement (espèces satellites)*

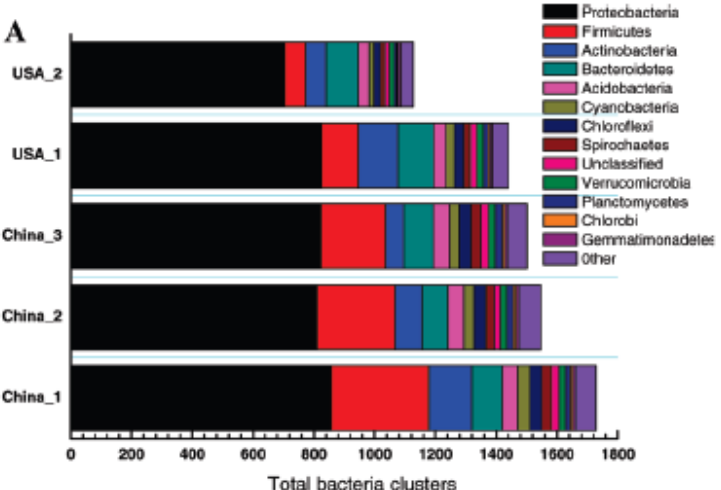
Le concept de cœur fonctionnel et d'espèces satellites se retrouve dans beaucoup d'écosystèmes microbiens

➔ Microbiote humain (comparaison de 22 métagénomomes)



Arumugam et al (2011) Nature

➔ Boues activées de stations d'épurations



- ✓ Prélèvements : 2 USA, 3 Chine
- ✓ Puce à ADN : > 500000 sondes ADNr 16S
- ✓ 2119 OTU détectés

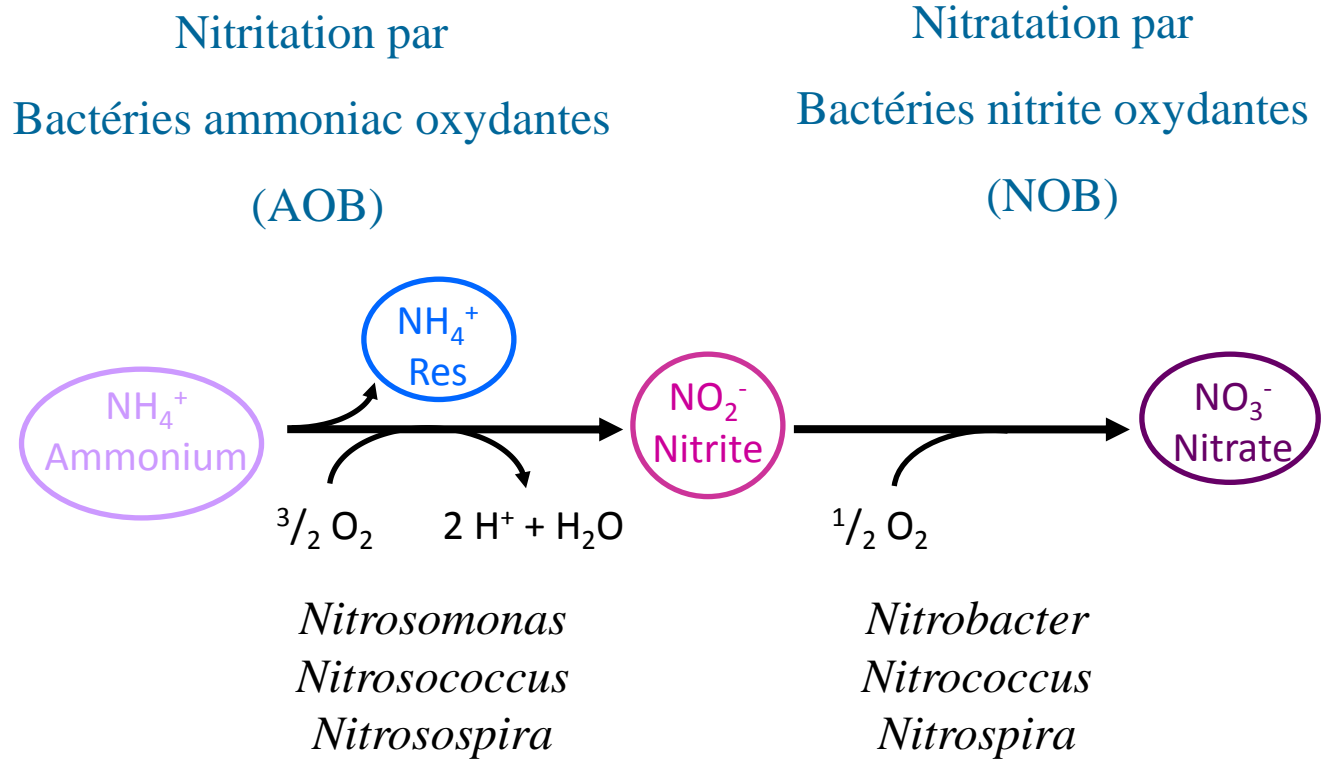
Xia et al (2010) EST

La composition microbienne peut varier au sein du même écosystème de dépollution au cours du temps

➔ Exemple de bioréacteurs aérobies (chémostats nitrifiants)

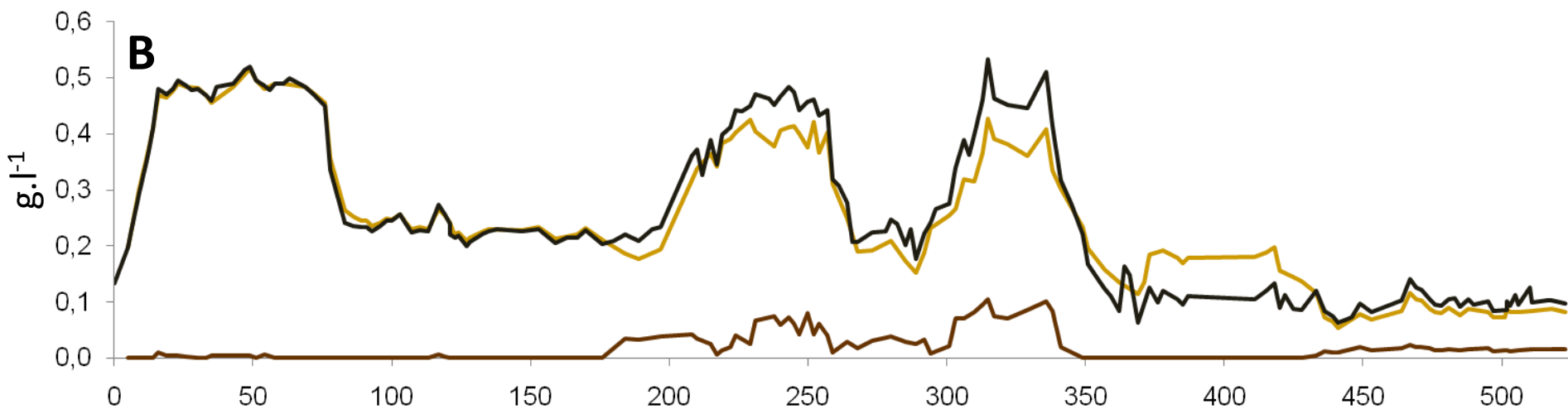
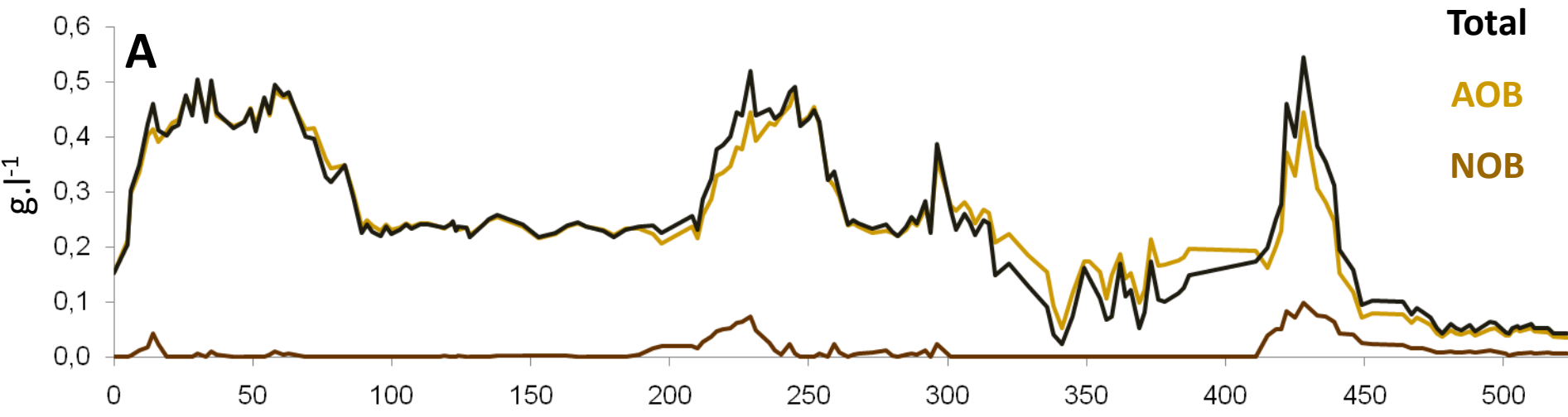


Volume = 5,5 l
 TSH = 8 jours
 Oxygénation à saturation
 pH = 7,5
 Température = 30°C
 Alimentation = $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$



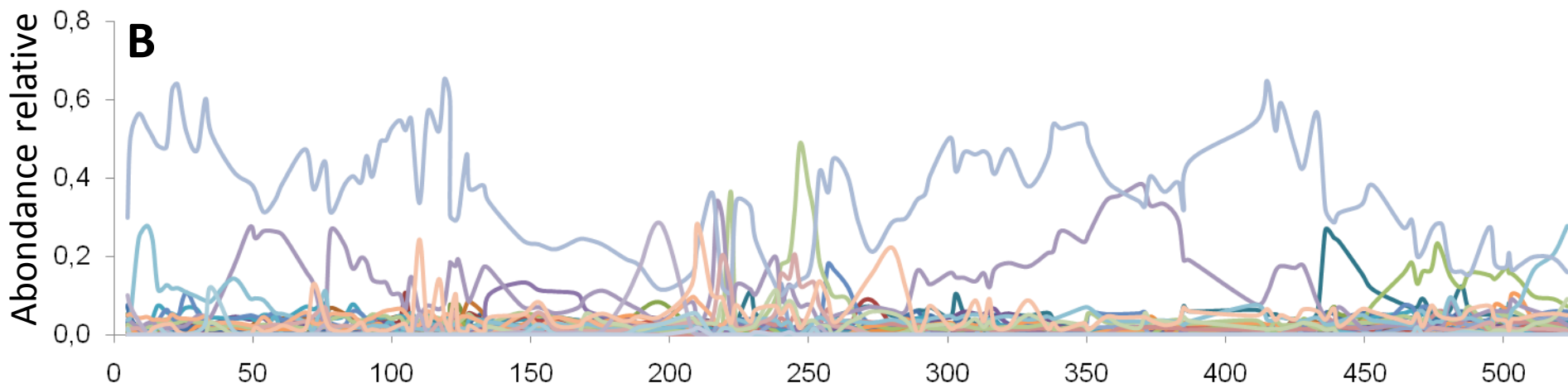
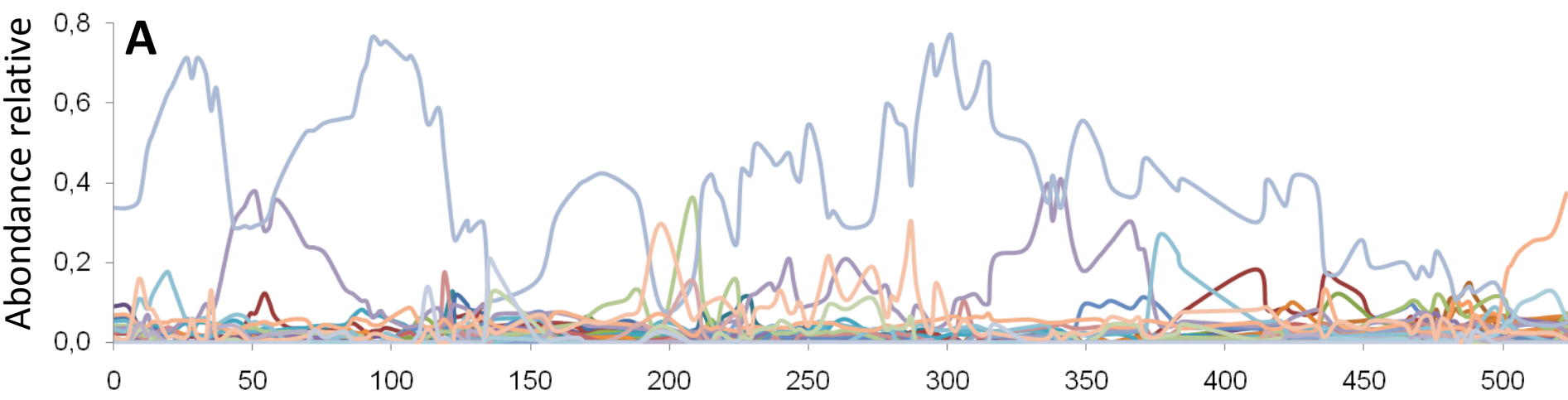
La composition microbienne peut varier au sein du même écosystème de dépollution au cours du temps

➡ Evolution de la biomasse dans les réacteurs au cours du temps



La composition microbienne peut varier au sein du même écosystème de dépollution au cours du temps

⇒ Dynamique des espèces moléculaires détectées par SSCP



La composition microbienne peut varier au sein du même écosystème de dépollution au cours du temps

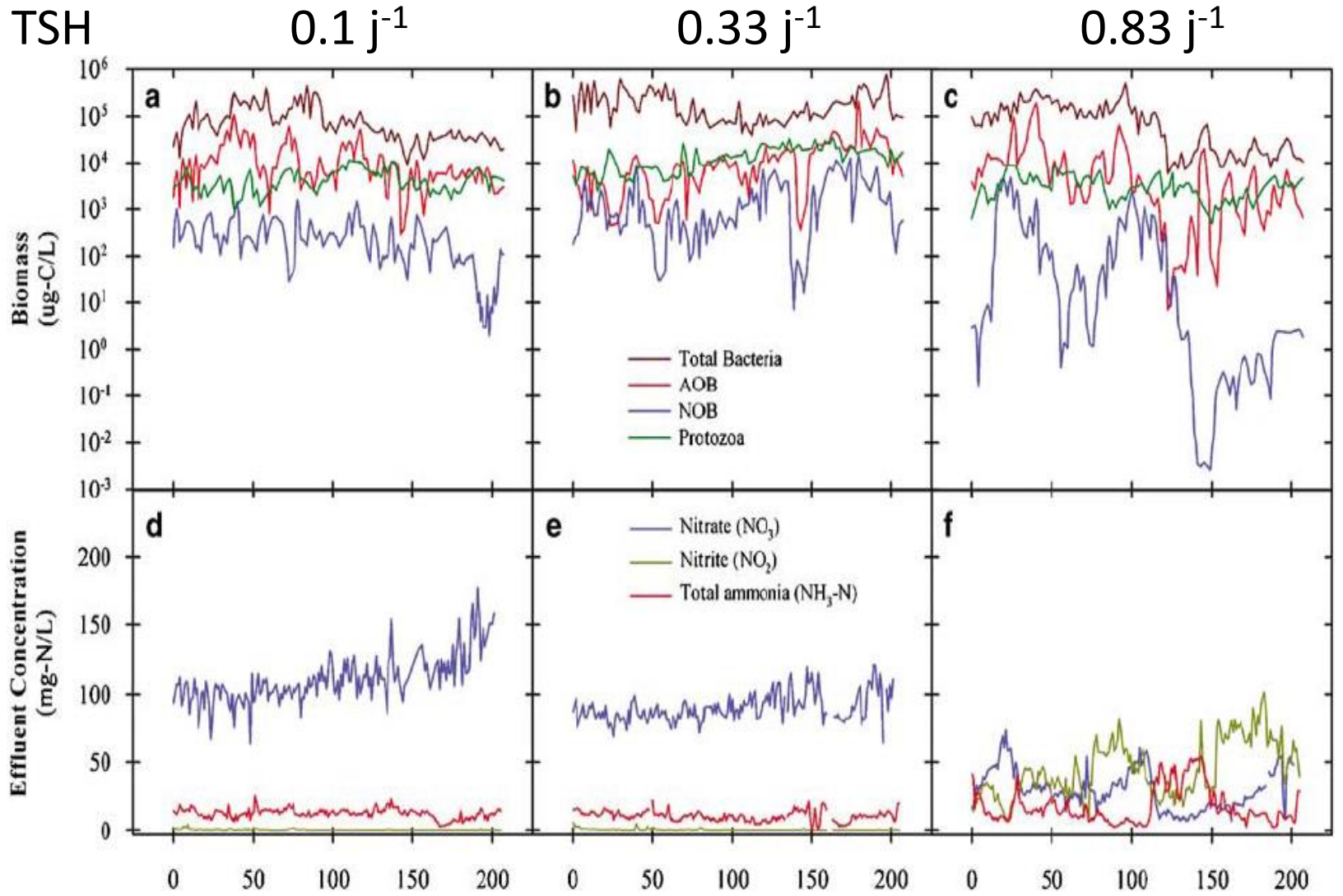
➡ La dynamique des populations microbiennes n'est pas forcément un signe de d'instabilité fonctionnelle (redondance fonctionnelle)...

...mais à l'inverse, la suppression ou la perturbation de quelques espèces-clé peuvent conduire à un dysfonctionnement (rivet hypothesis).

Démonstration expérimentale de l'instabilité chaotique sur des chémostats avec 3 TSH \neq à la limite du lessivage

Démonstration expérimentale de l'instabilité chaotique sur des chémostats avec trois TSH différents, dont un à la limite du lessivage

➡ La dynamique des populations nitrifiantes a été estimée par qPCR



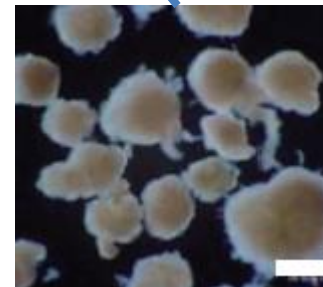
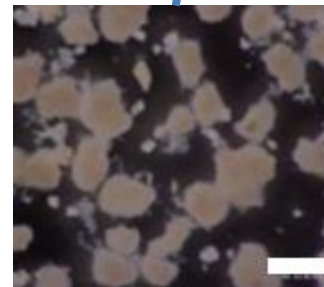
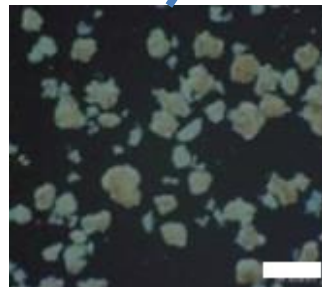
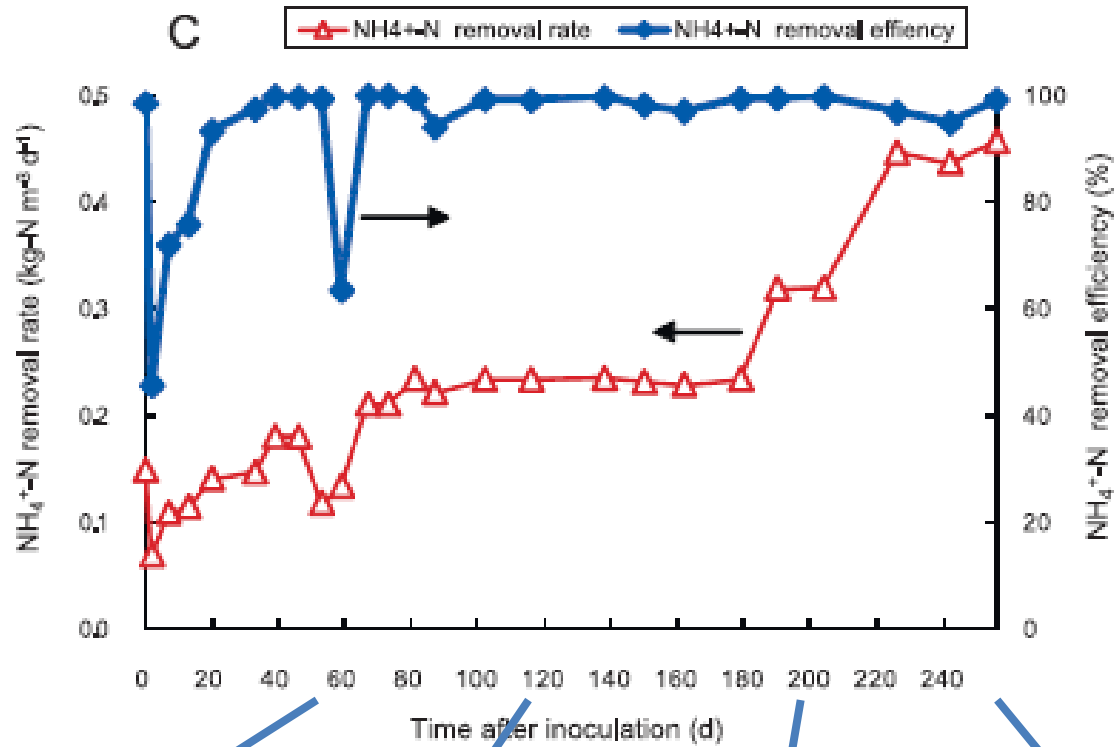
Peut-on tirer des généralités sur
le comportement des dynamiques microbiennes?

Fluctuations populationnelles sans modification de performance

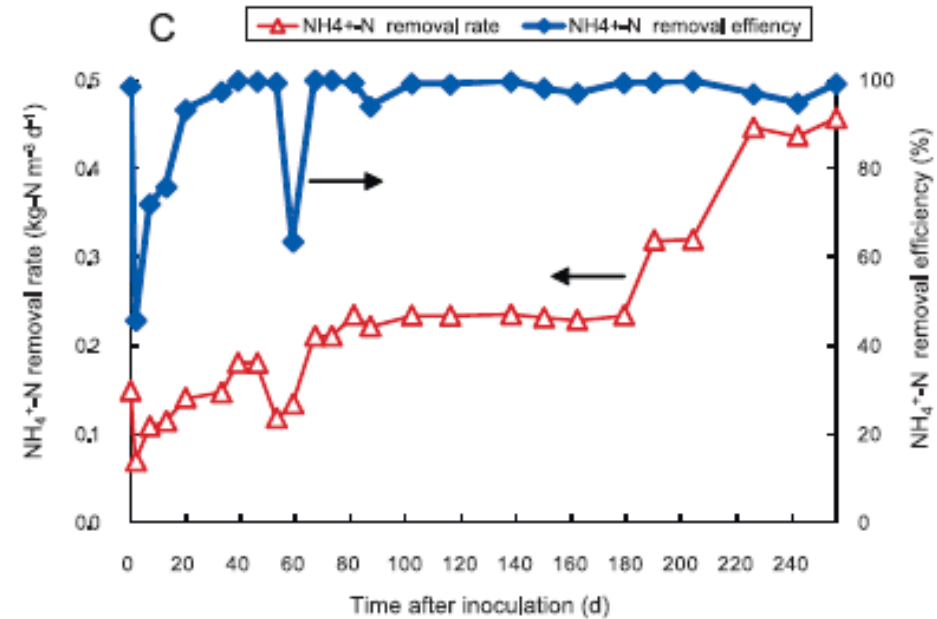
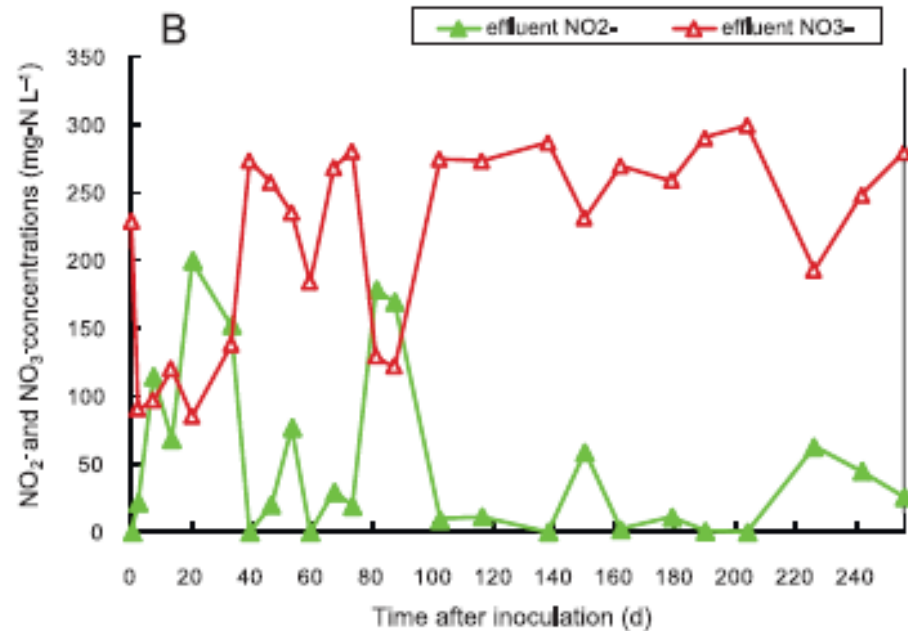
Peut-on piloter efficacement et durablement
les écosystèmes microbiens des procédés de dépollution?

Est-ce que la diversité microbienne garantit
une bonne performance ou une bonne résistance?

La granulation induit une meilleure performance



La coexistence de plusieurs niches génère de la biodiversité



Début (cellules libres)

AOB

Nitrosomonas mobilis

NOB

Nitrospira spp.

Fin (granules)

N. mobilis + N. oligotropha + N. europaea

Nitrobacter spp.

Processus stochastiques *versus* processus écologiques déterministes?

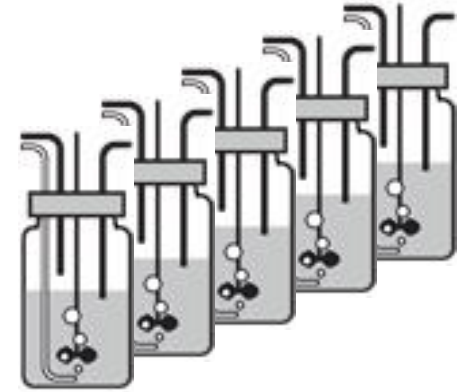
- ➡ Le taux de renouvellement des espèces (bandes DGGE) diminue avec l'augmentation de la pression de sélection (eau usée industrielle)



5 chémotats



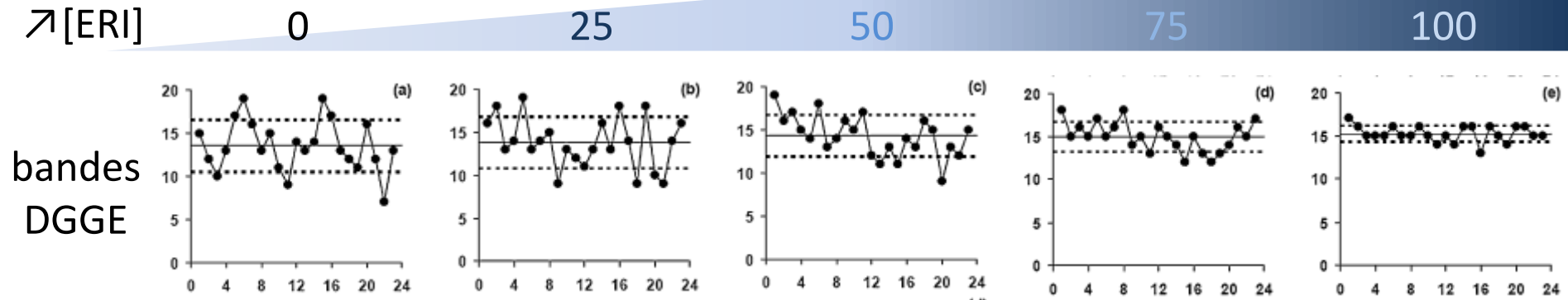
Alimentés pendant
154 jours (HRT 4 j)
avec
[nutriment] ↗



DGGE

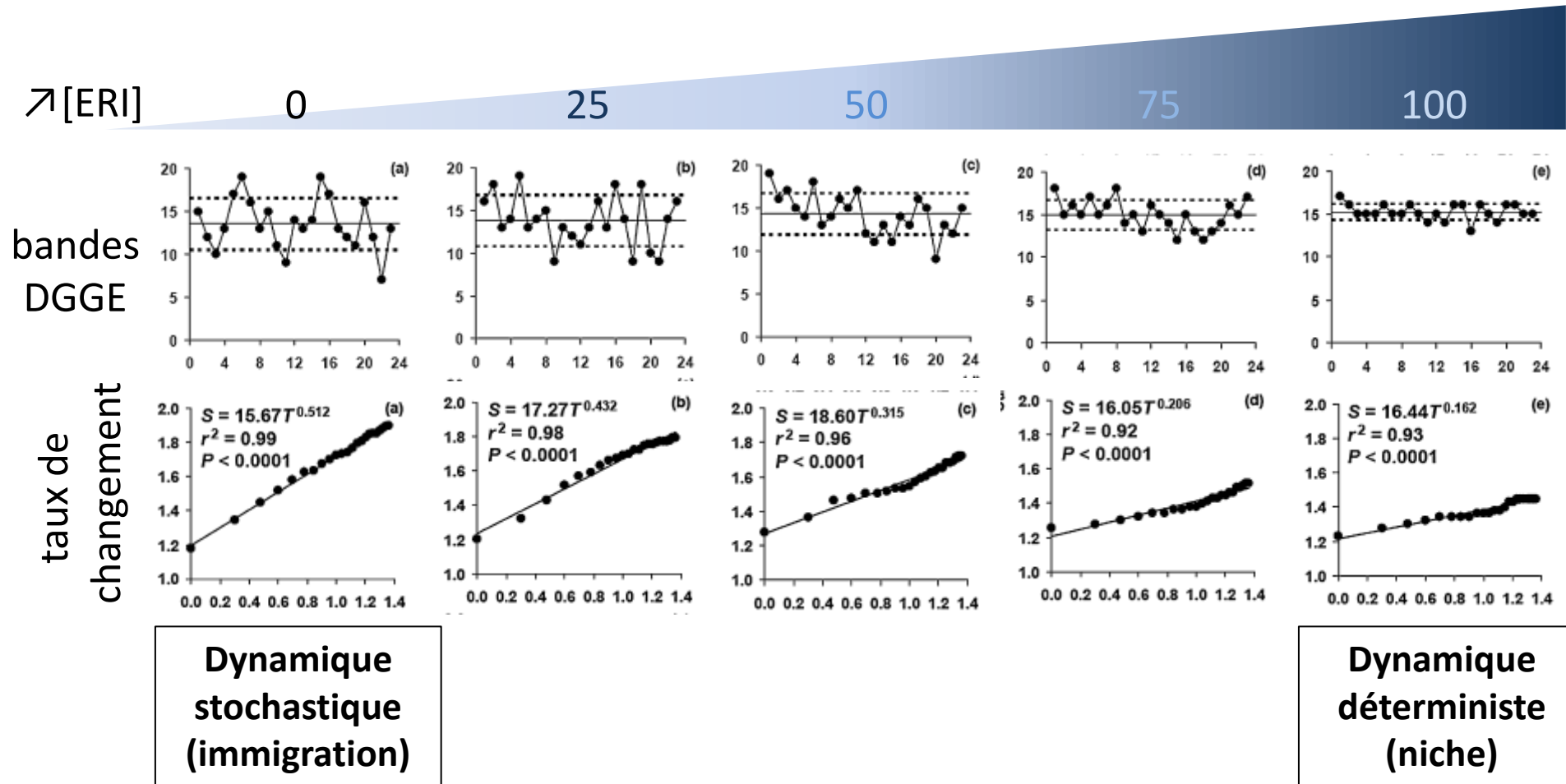
Processus stochastiques *versus* processus écologiques déterministes?

➔ Fluctuation du nombre de bandes DGGE diminue avec l'augmentation de la pression de sélection (eau usée industrielle), mais la richesse reste constante



Processus stochastiques *versus* processus écologiques déterministes?

➔ Le taux de renouvellement des espèces (bandes DGGE) diminue avec l'augmentation de la pression de sélection (eau usée industrielle)



1913



« *Everything is everywhere,
but the environment selects* »

Martinus W. Beijerinck

Vision d'un microbiologiste qui observait toujours les
mêmes morphotypes au microscope

ENVIRONMENTAL MICROBIOLOGY

VIEWPOINT

Global Dispersal of Free-Living Microbial Eukaryote Species

Bland J. Finlay

The abundance of individuals in microbial species is so large that dispersal is rarely (if ever) restricted by geographical barriers. This "ubiquitous" dispersal requires an alternative view of the scale and dynamics of biodiversity at the microbial level, wherein global species number is relatively low and local species richness is always sufficient to drive ecosystem functions.



La biogéographie - genèse et évolution du concept

Le nombre d'espèces à l'équilibre dans une île correspond à un compromis entre le taux de colonisation de nouvelles espèces et le taux d'extinction d'une population.

1967

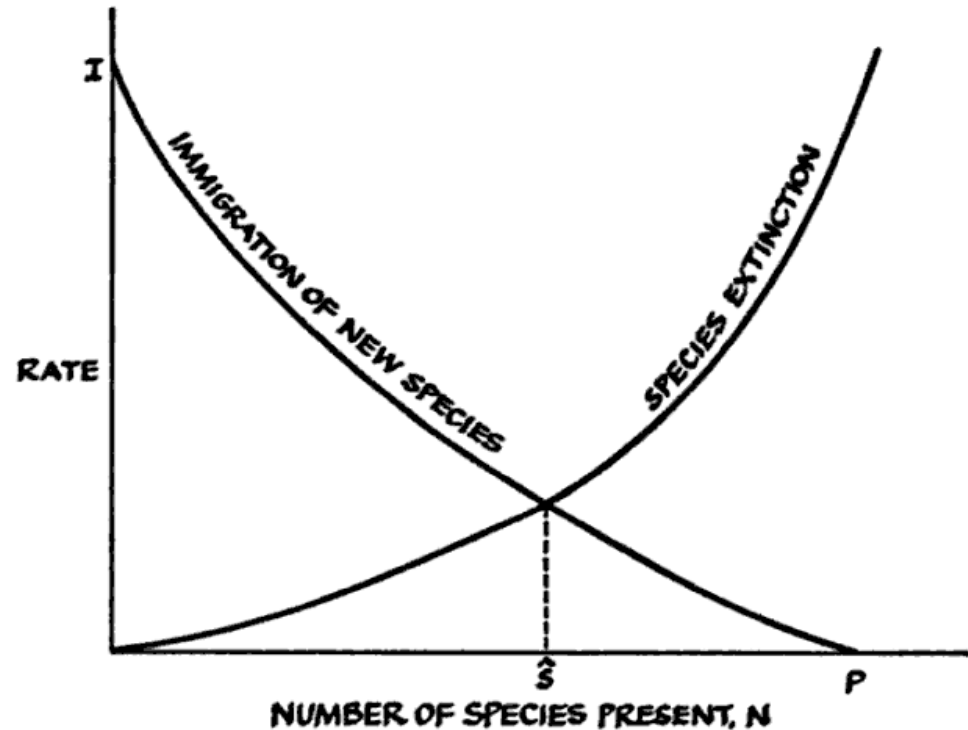
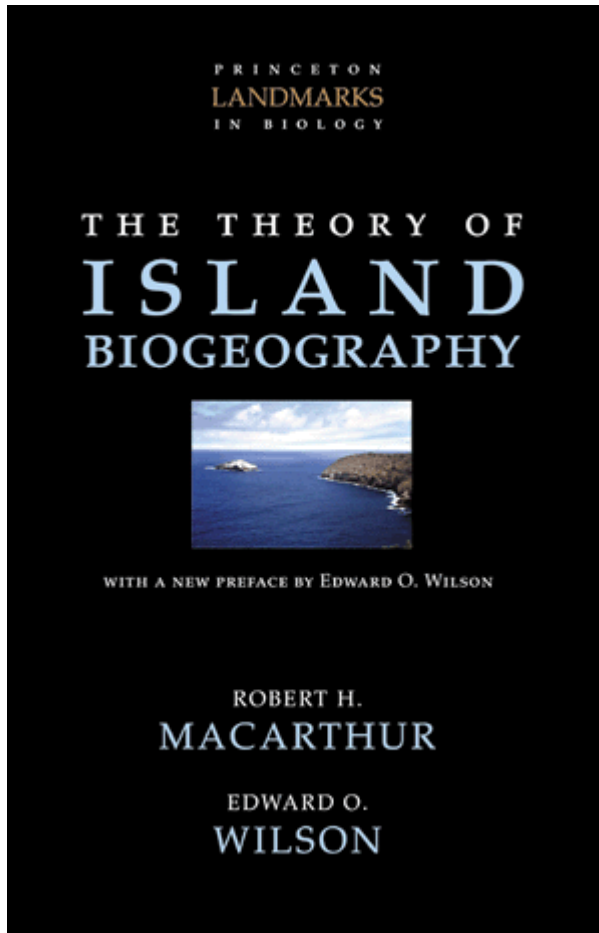


FIGURE 7. Equilibrium model of a biota of a single island. The equilibrium species number is reached at the intersection point between the curve of rate of immigration of new species, not already on the island, and the curve of extinction of species from the island. (After MacArthur and Wilson, 1963.)

La biogéographie - genèse et évolution du concept

Les îles éloignées du continent recevront moins d'immigration que celles qui sont proches.
Les grandes îles permettent la subsistance de beaucoup d'individus, ralentissant d'autant le taux d'extinction moyen des espèces.

1967

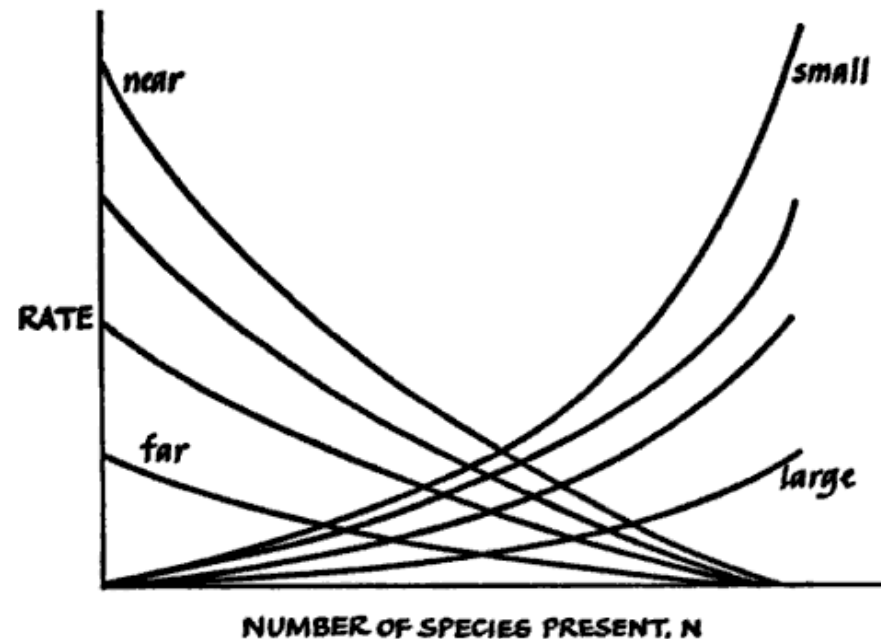
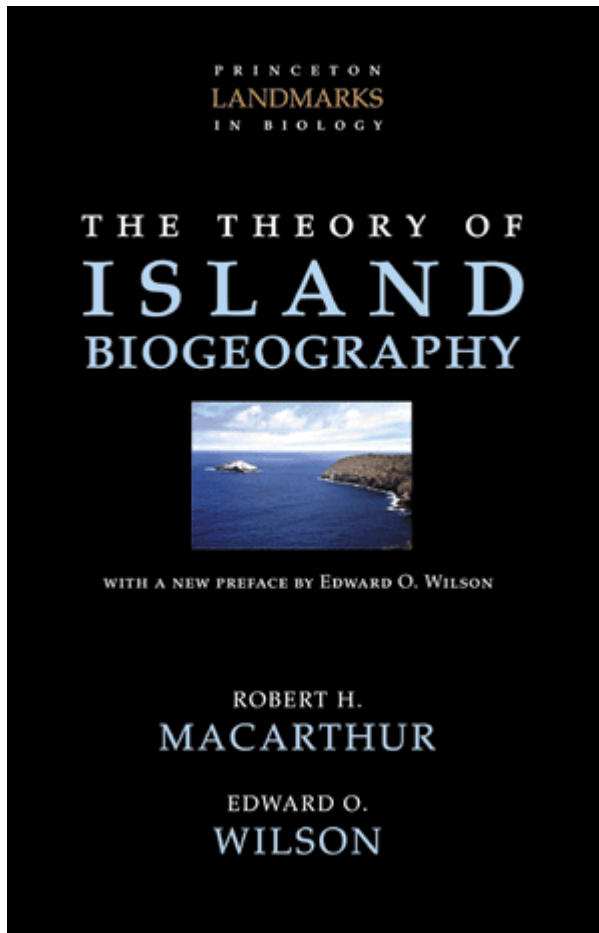
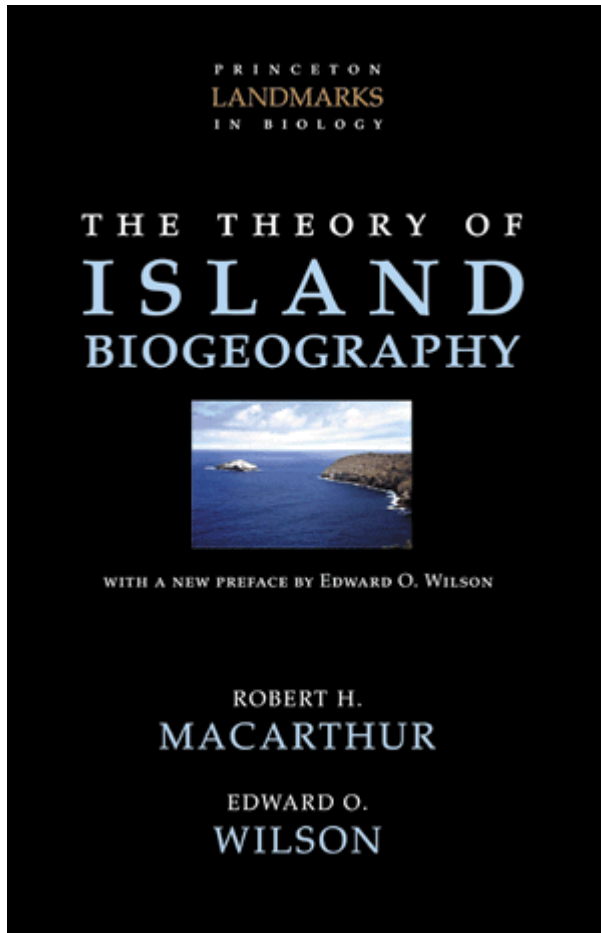


FIGURE 8. Equilibrium models of biotas of several islands of varying distances from the principal source area and of varying size. An increase in distance (near to far) lowers the immigration curve, while an increase in island area (small to large) lowers the extinction curve. (After MacArthur and Wilson, 1963.)

1967



Species Area Relationship (SAR)

$$S = c A^z$$

La **biogéographie** peut être définie comme la relation qu'il existe entre l'aire d'échantillonnage (A) et le nombre d'espèces (S).

Cette relation suit une loi de puissance (power law).

➔ La biogéographie existe-t-elle chez les **micro-organismes** ?

.....

Spatial scaling of microbial eukaryote diversity

Données de profils ARISA champignons

Jessica L. Green^{1*}, Andrew J. Holmes², Mark Westoby¹, Ian Oliver³, David Briscoe¹, Mark Dangerfield¹, Michael Gillings¹ & Andrew J. Beattie¹

➔ Peut-on établir une relation entre le nombre d'espèces et l'aire d'échantillonnage à l'échelle d'un continent (Australie)?

d = distance entre deux échantillons

ϕ = similarité entre deux spectres

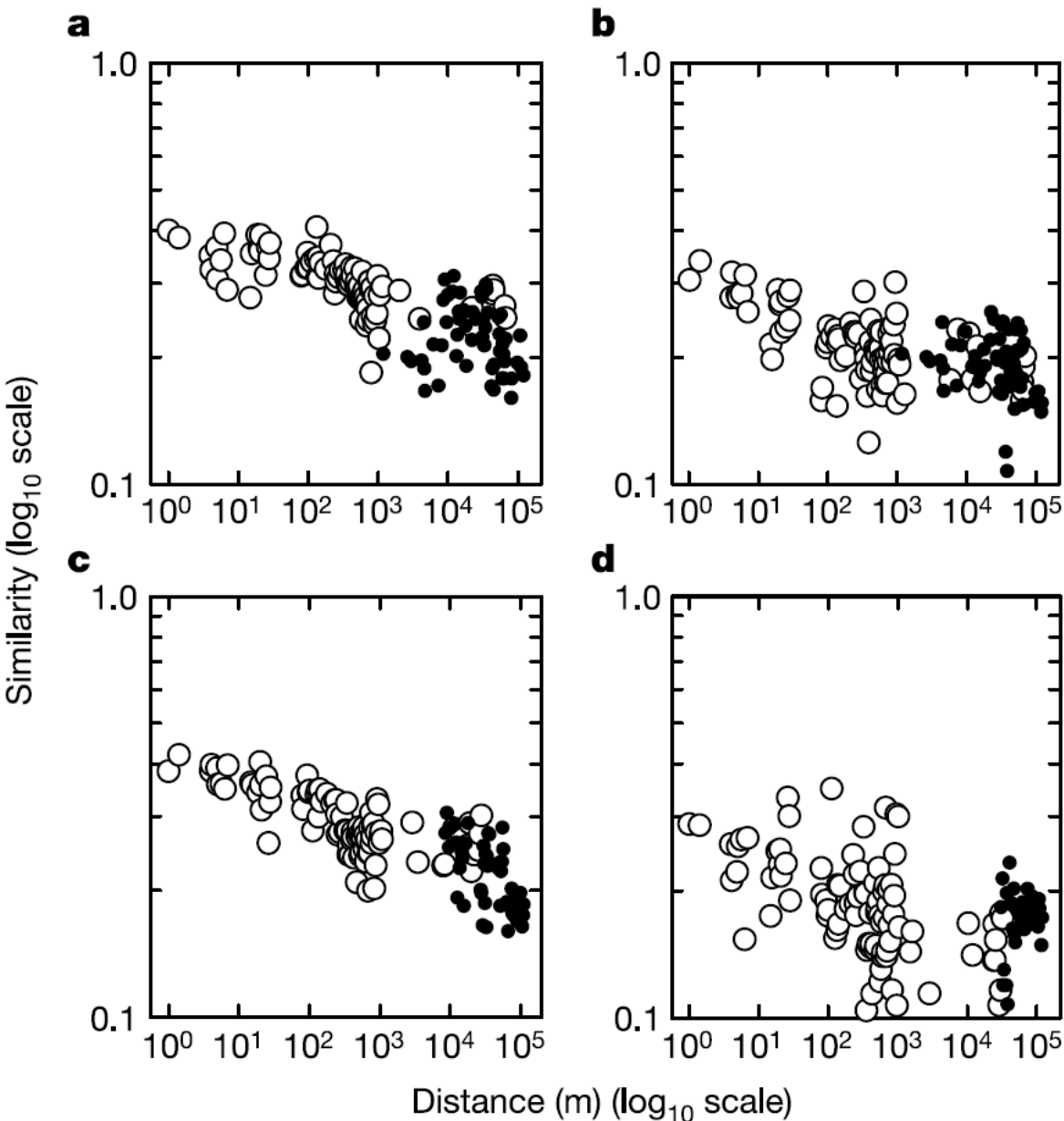
$$\phi \approx c_1 d^{-2z}$$

S = nombre d'espèces

A = aire d'échantillonnage

$$S \approx c_2 A^z$$

La biogéographie - genèse et évolution du concept

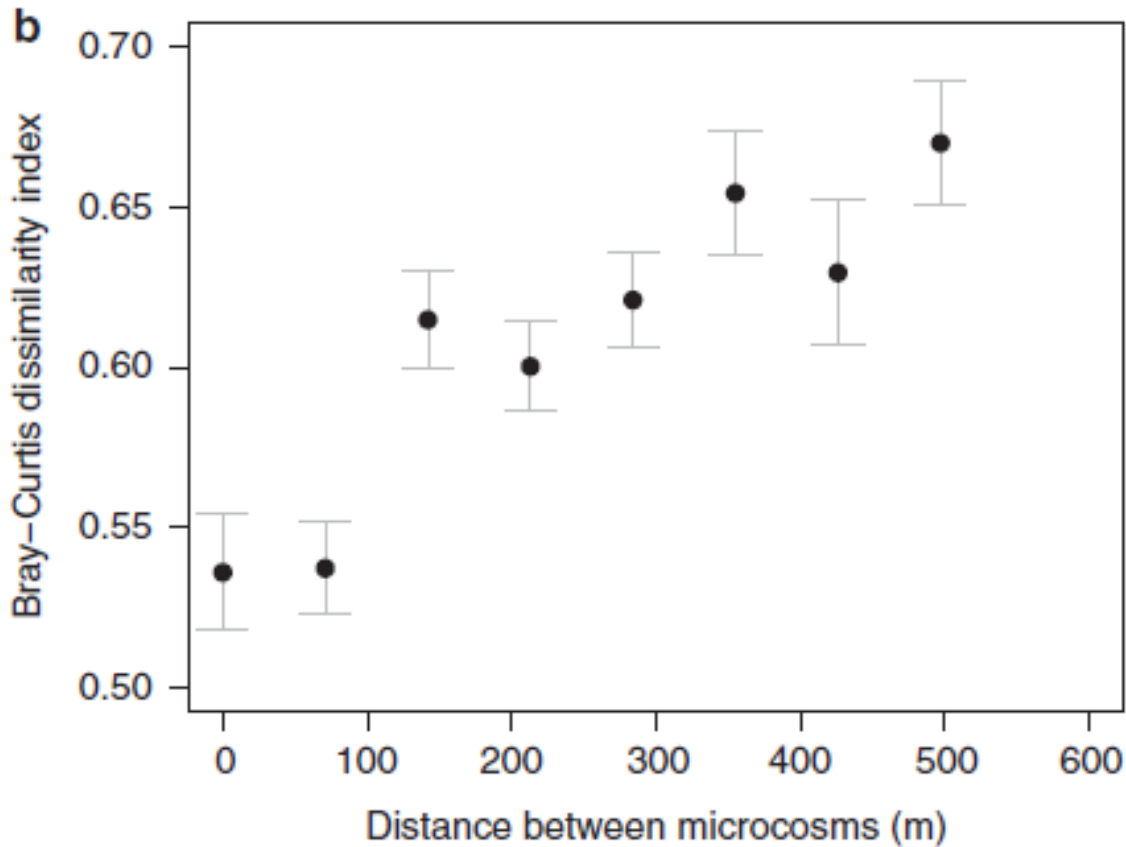


Données de profils ARISA
champignons

Figure 1 The distance–decay of similarity for microbial fungi OTUs. **a–d**, Shown are the average Sørensen similarity values for within land system data (open circles) and between land system data (filled circles). Averages were taken across similarity values within equidistant logarithmic intervals of 0.01. Data correspond to Pulgamurtie (**a**), Rodges (**b**), Olive Downs (**c**) and Corner (**d**). Summary statistics incorporating the replicate data within each distance class are listed in Table 1.

ORIGINAL ARTICLE

Experimental tests of the bacterial distance–decay relationship



Données de T-RFLP



Bacterial diversity is determined by volume in membrane bioreactors

Christopher J. van der Gast,¹ Bruce Jefferson,²
Elizabeth Reid,² Tim Robinson,² Mark J. Bailey,¹
Simon J. Judd² and Ian P. Thompson^{1*}

Données de profils DGGE

➡ Peut-on établir une relation entre le nombre d'espèces et le volume d'échantillonnage?

S = nombre d'espèces

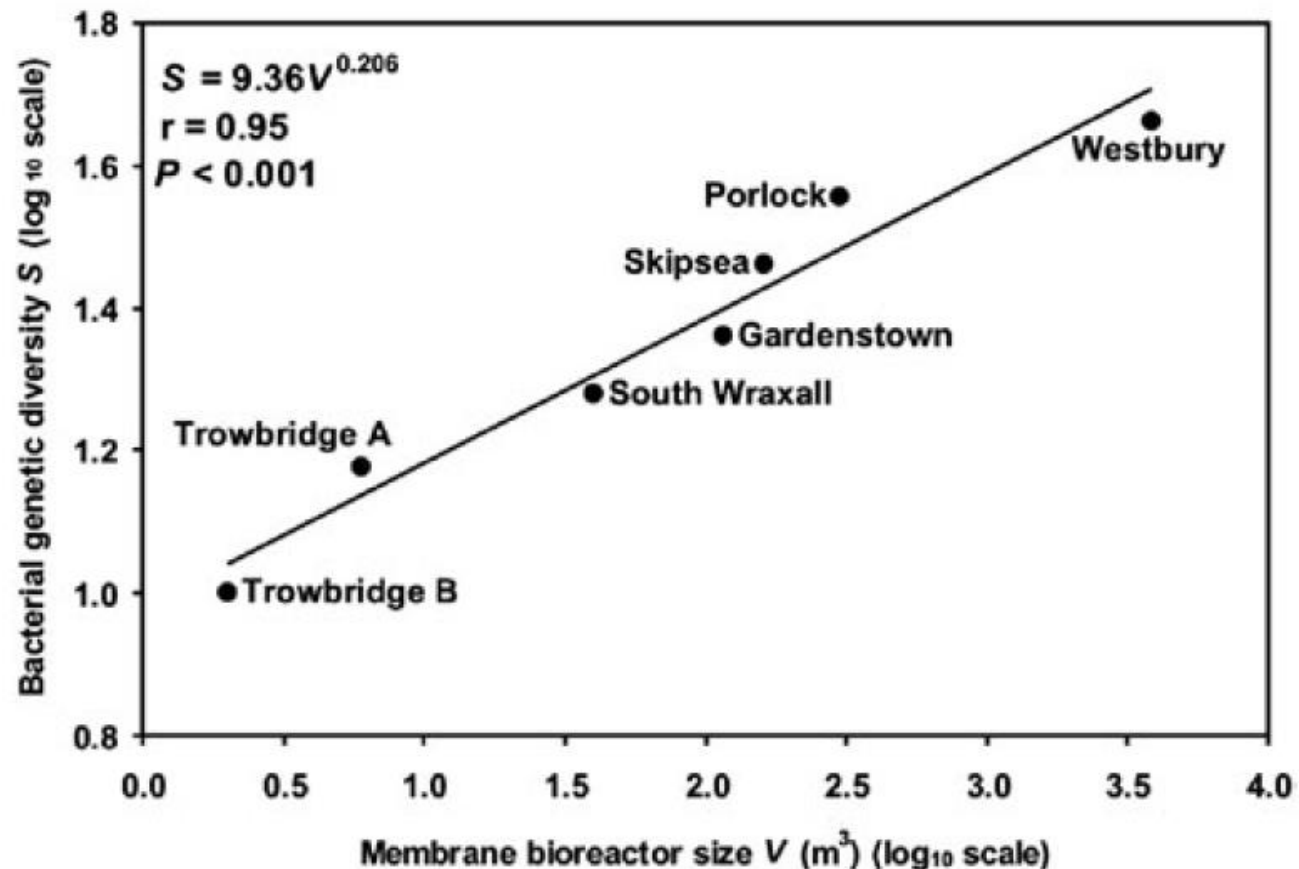
V = volume du réacteur

$$S \approx c V^z$$

Bacterial diversity is determined by volume in membrane bioreactors

Christopher J. van der Gast,¹ Bruce Jefferson,²
Elizabeth Reid,² Tim Robinson,² Mark J. Bailey,¹
Simon J. Judd² and Ian P. Thompson^{1*}

Données de profils DGGE



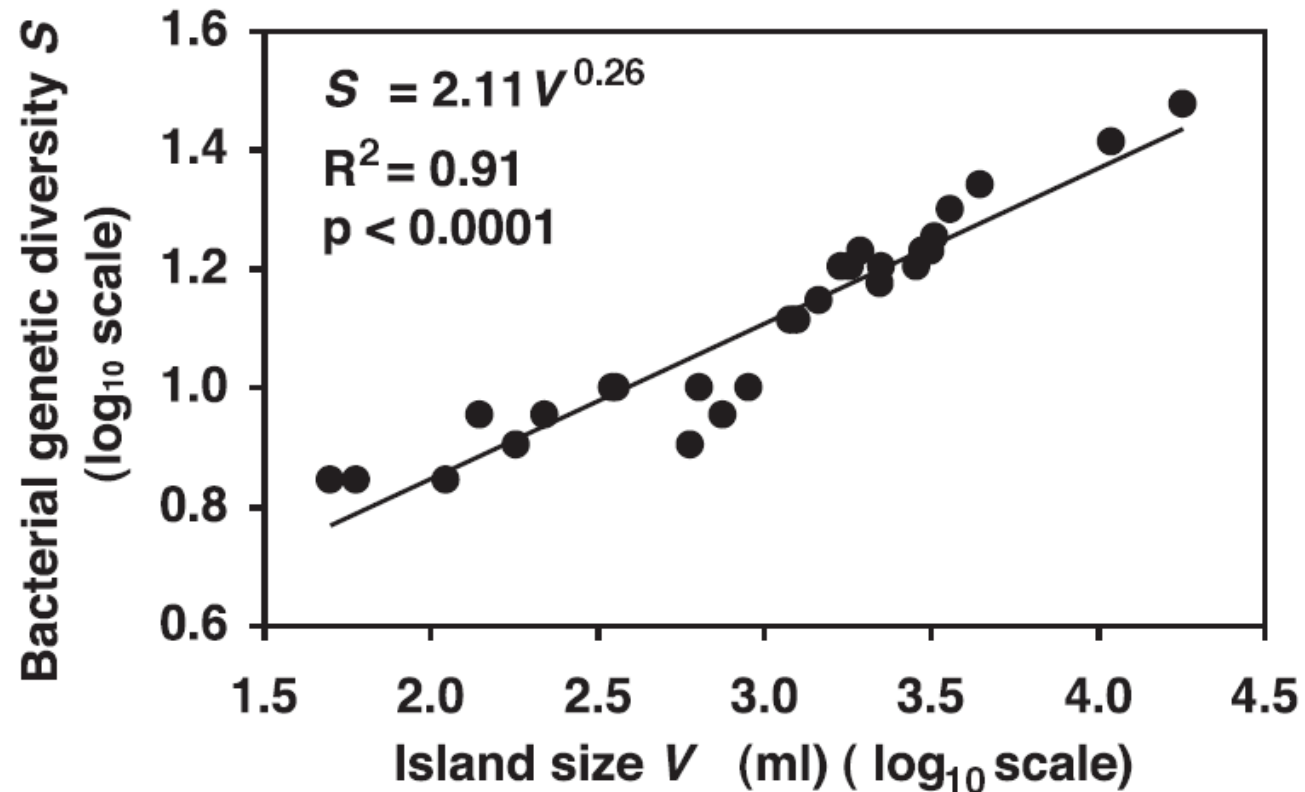
Larger Islands House More Bacterial Taxa

Thomas Bell,^{1,3} Duane Ager,² Ji-Inn Song,^{2,4}

Jonathan A. Newman,^{3*} Ian P. Thompson,² Andrew K. Lilley,¹

Christopher J. van der Gast^{2†}

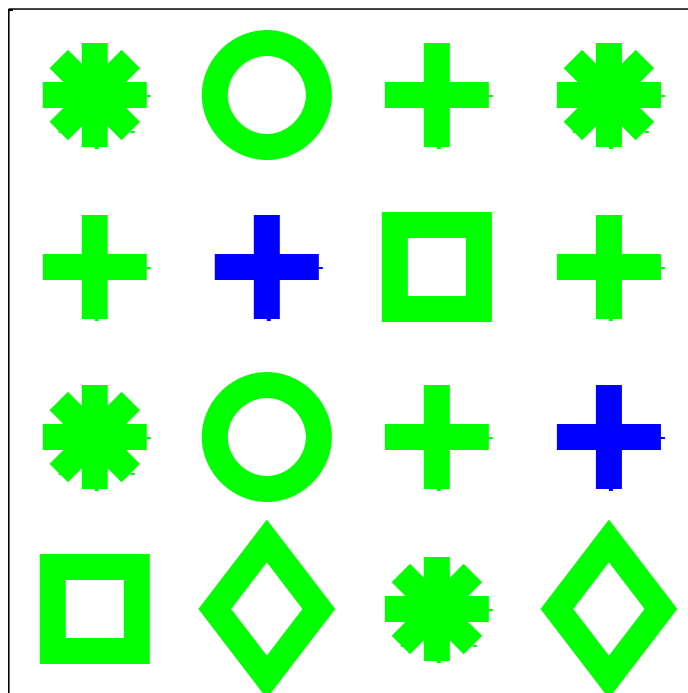
Profils DGGE





Comment prendre en compte les processus stochastiques
via la mesure de la diversité ?

1 événement



Modèle de communauté neutre

dynamique stochastique basée sur des hypothèses simples, voire simplistes...



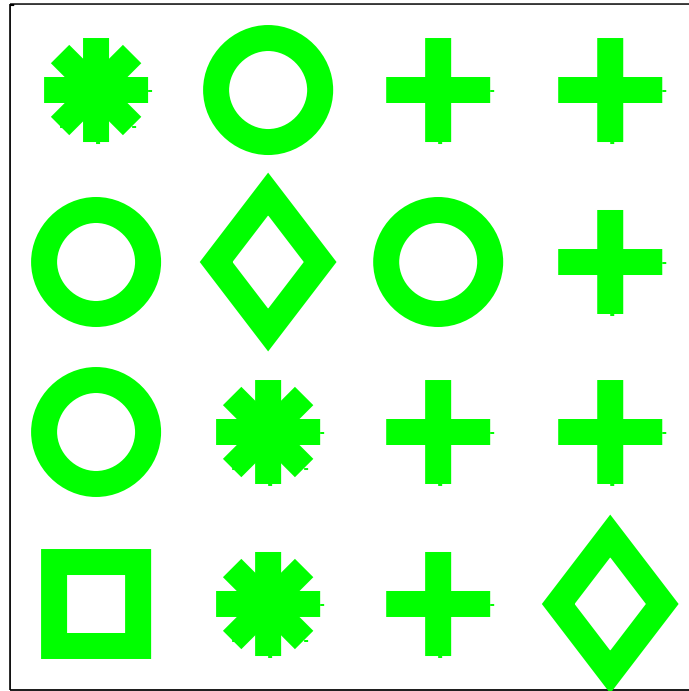
Le nombre total d'individus est constant

une place laissée vacante est remplacée immédiatement par un nouvel individu

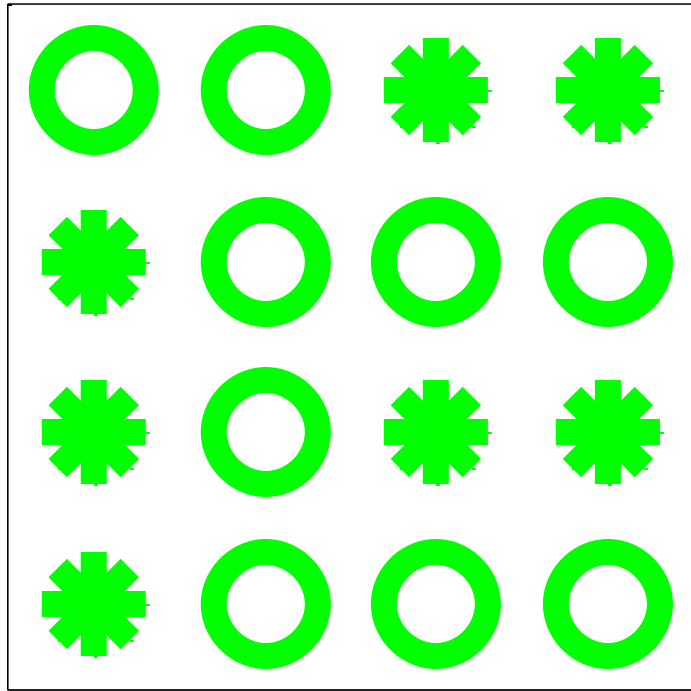


Neutralité: toutes les espèces sont égales

Les individus qui vont mourir ou se multiplier peuvent appartenir à n'importe quelle espèce

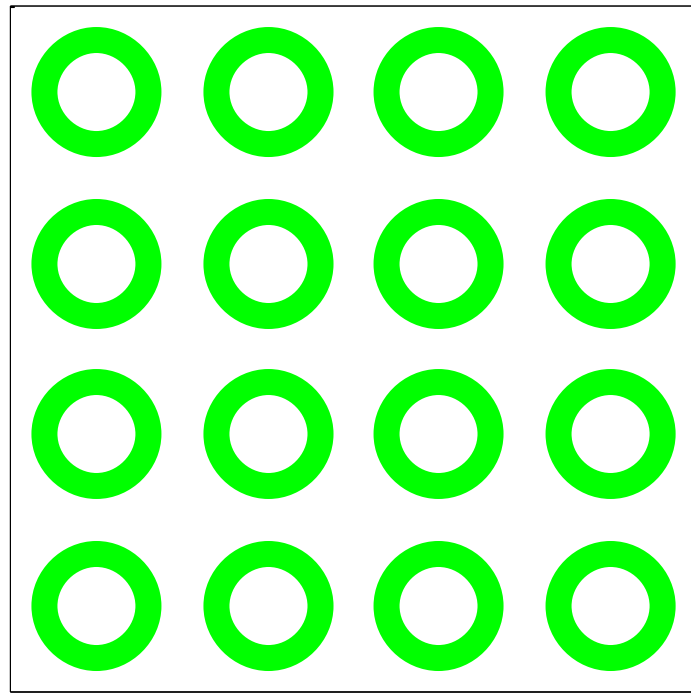


L'espèce  va disparaître
et ne plus réapparaître



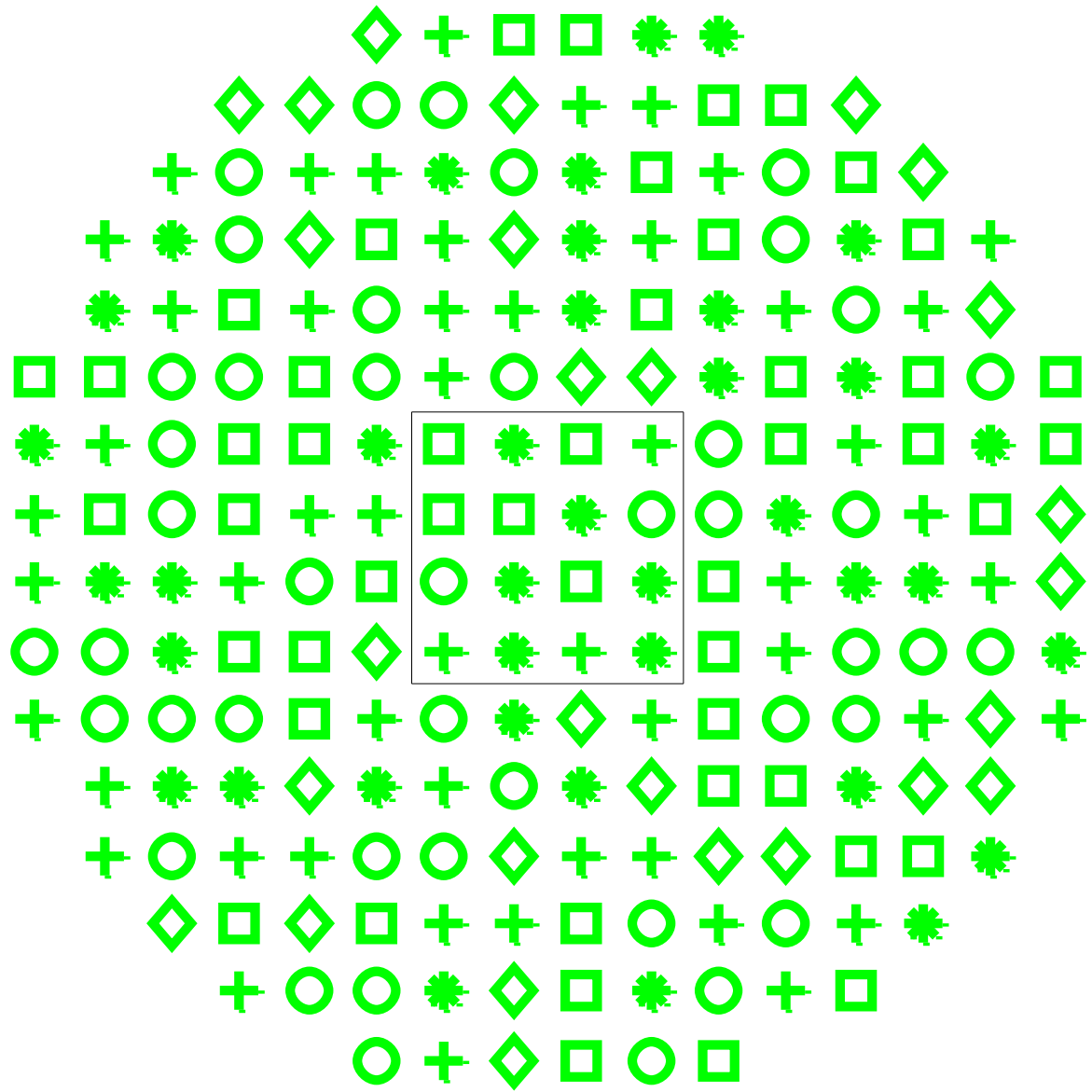
130

Il ne reste plus que 2 espèces

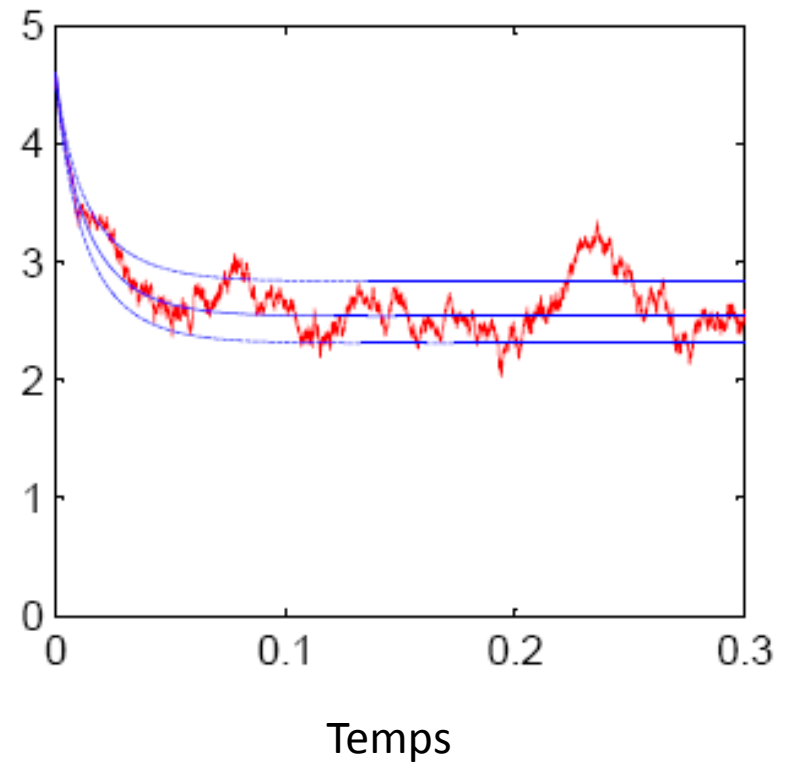
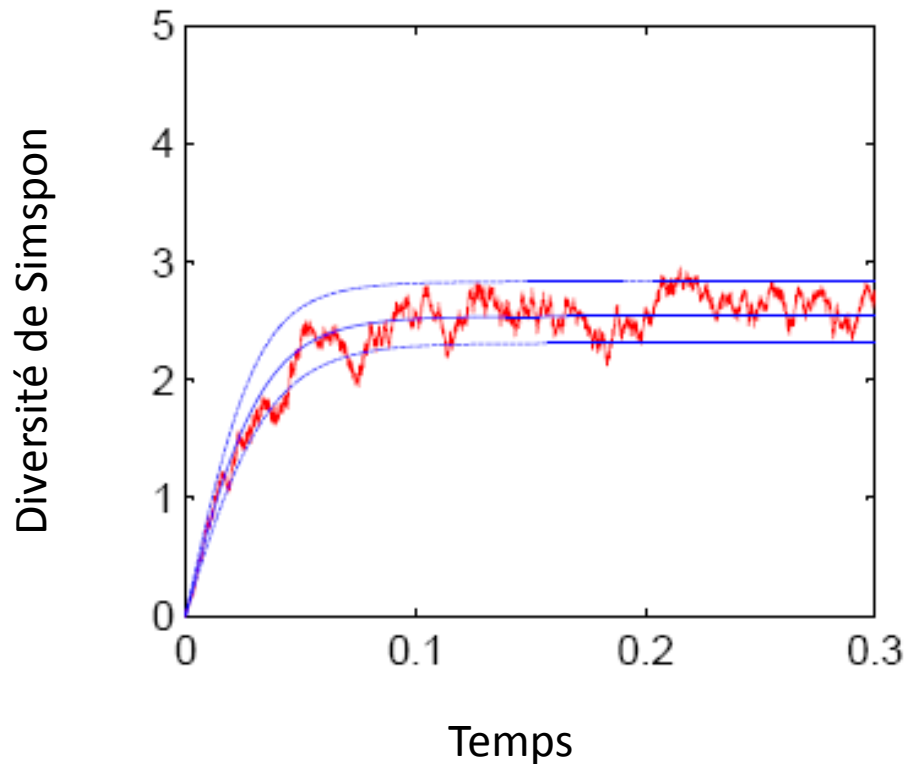


350

Il ne reste plus qu'une seule espèce
(principe d'exclusion compétitive respecté)



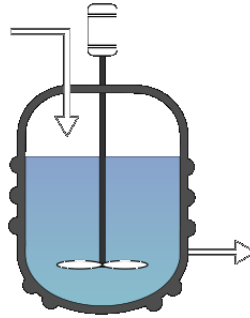
La diversité de la communauté locale à l'équilibre peut être prédite par l'indice de diversité de Simpson



Quels sont les facteurs écologiques pouvant influencer la dynamique des populations microbiennes?



Le bassin d'aération d'une STEP peut être vu comme un chemostat



exclusion compétitive ↩ diversité



Hétérogénéité spatiale et temporelle



Hétérogénéité ↗ diversité microbienne

La mesure de la dynamique de la diversité

⇒ 2 forces opposées peuvent induire des dynamiques contradictoires

⇐ Exclusion compétitive

⇐ Hétérogénéité, immigration

Niche-based model

Neutral-based model

La mesure de la dynamique de la diversité

➡ 2 forces opposées peuvent induire des dynamiques contradictoires

↙ Exclusion compétitive

↗ Hétérogénéité, immigration

Niche-based model

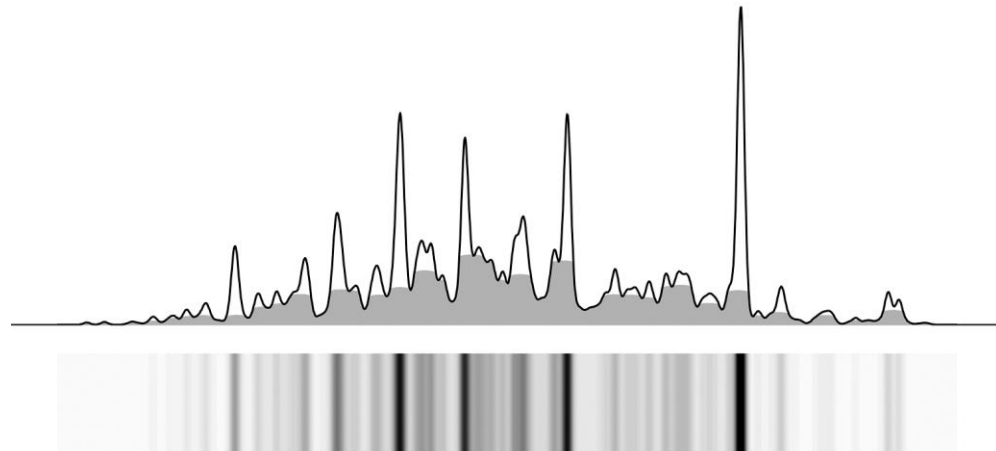
Neutral-based model

➡ Dynamique = pouvoir réaliser des mesures fréquentes

DNA extraction, PCR amplification & fingerprinting

Capillary sequencer for high resolution & processivity

Single Strand Conformation Polymorphism (CE-SSCP)



Passage du « monde réel » à une simplification en microcosmes

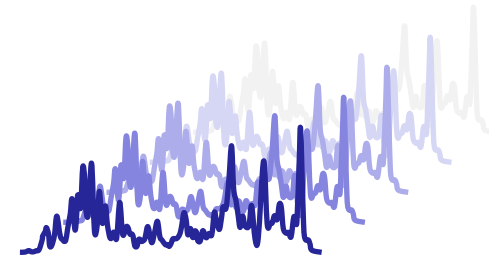
- ➔ Le taux de renouvellement des espèces (bandes DGGE) diminue avec l'augmentation de la pression de sélection (eau usée industrielle)



EcoPlates Biolog
31 sources de C



Performance
mesurée
par absorbance



Séries de
SSCP

BIOLOG

EcoPlate™



Sélection de 8 substrats
sur les 31 disponibles

A1 Water	A2 β -Methyl-D- Glucoside	A3 D-Galactonic Acid γ -Lactone	A4 L-Arginine
	B2 D-Xylose	B3 D- Galacturonic Acid	B4 L-Asparagine
	C2 i-Erythritol	C3 2-Hydroxy Benzoic Acid	
D1 Tween 80		D3 4-Hydroxy Benzoic Acid	D4 L-Serine
E1 α - Cyclodextrin	E2 N-Acetyl-D- Glucosamine		
F1 Glycogen		F3 Itaconic Acid	F4 Glycyl-L- Glutamic Acid
G1 D-Cellobiose	G2 Glucose-1- Phosphate	G3 α -Ketobutyric Acid	G4 Phenylethyl- amine
H1 α -D-Lactose		H3 D-Malic Acid	H4 Putrescine

Mannitol

Glucosamidic acid

Pyruvic acid

Hydroxybutyric acid

Tween 40

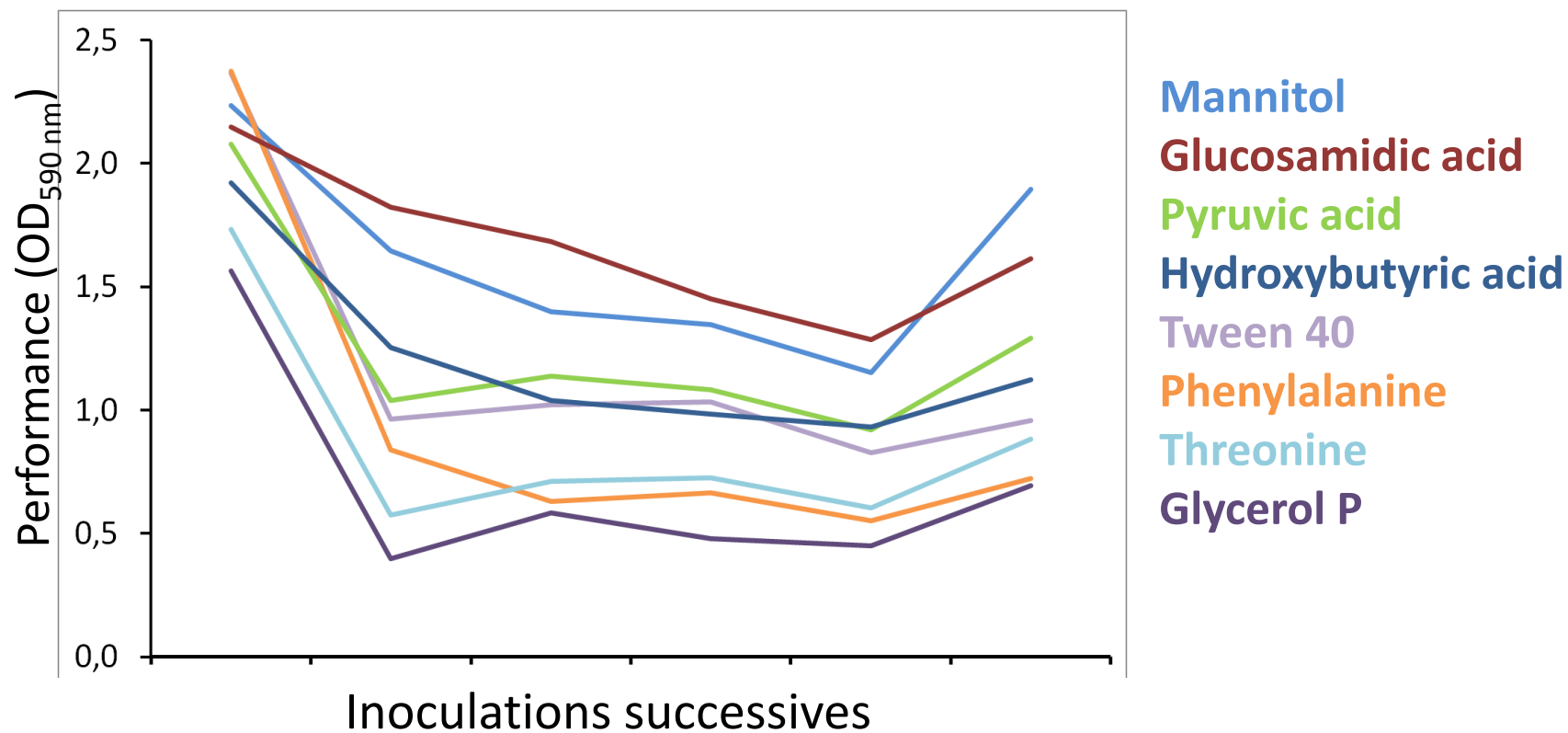
Phenylalanine

Threonine

Glycerol P

Evolution de la performance des microcosmes au cours du temps

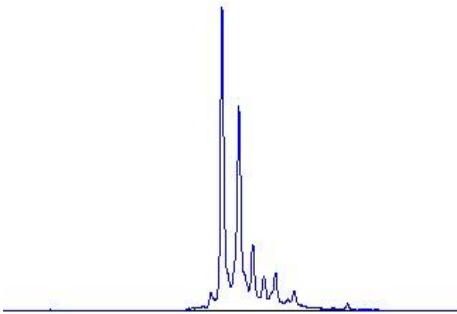
⇒ ≠ conditions de culture → ≠ de rendement d'utilisation des substrats



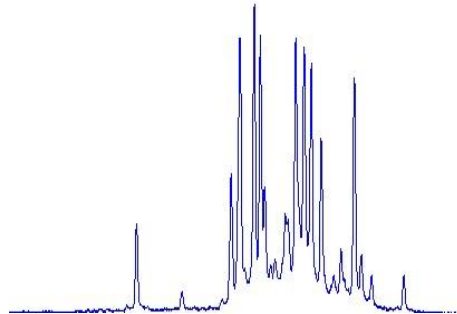
Sélection des populations adaptées

➡ Chaque substrat “sélectionne” les populations les mieux adaptées provenant du même inoculum au départ (*niche-based*)

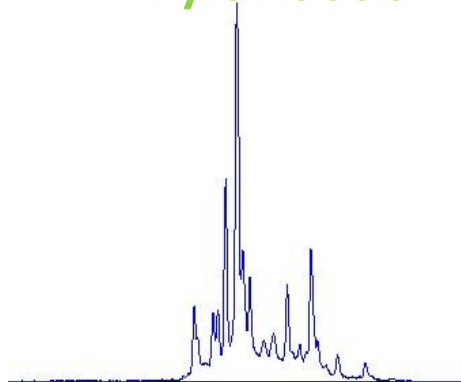
Mannitol



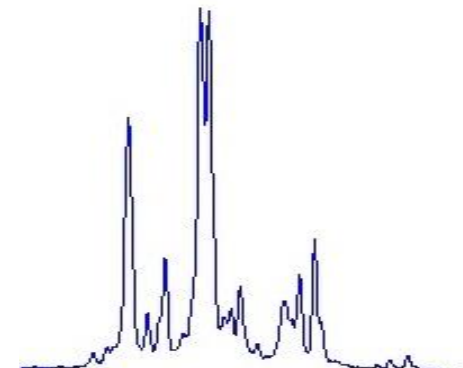
Glucosamidic acid



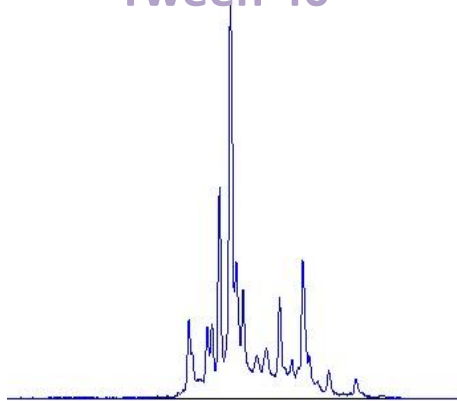
Pyruvic acid



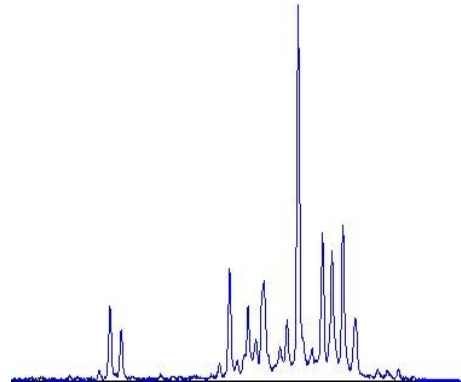
Hydroxybutyric acid



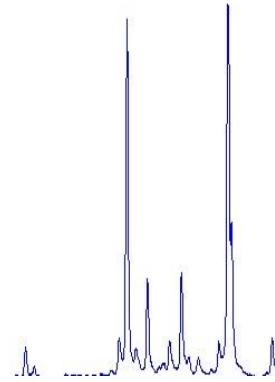
Tween 40



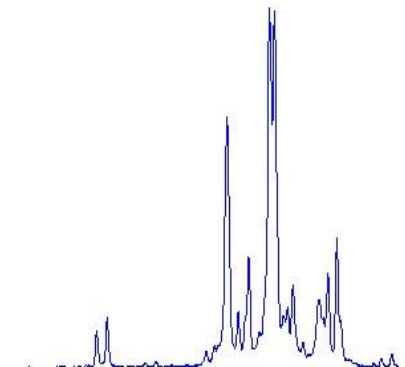
Phenylalanine



Threonine

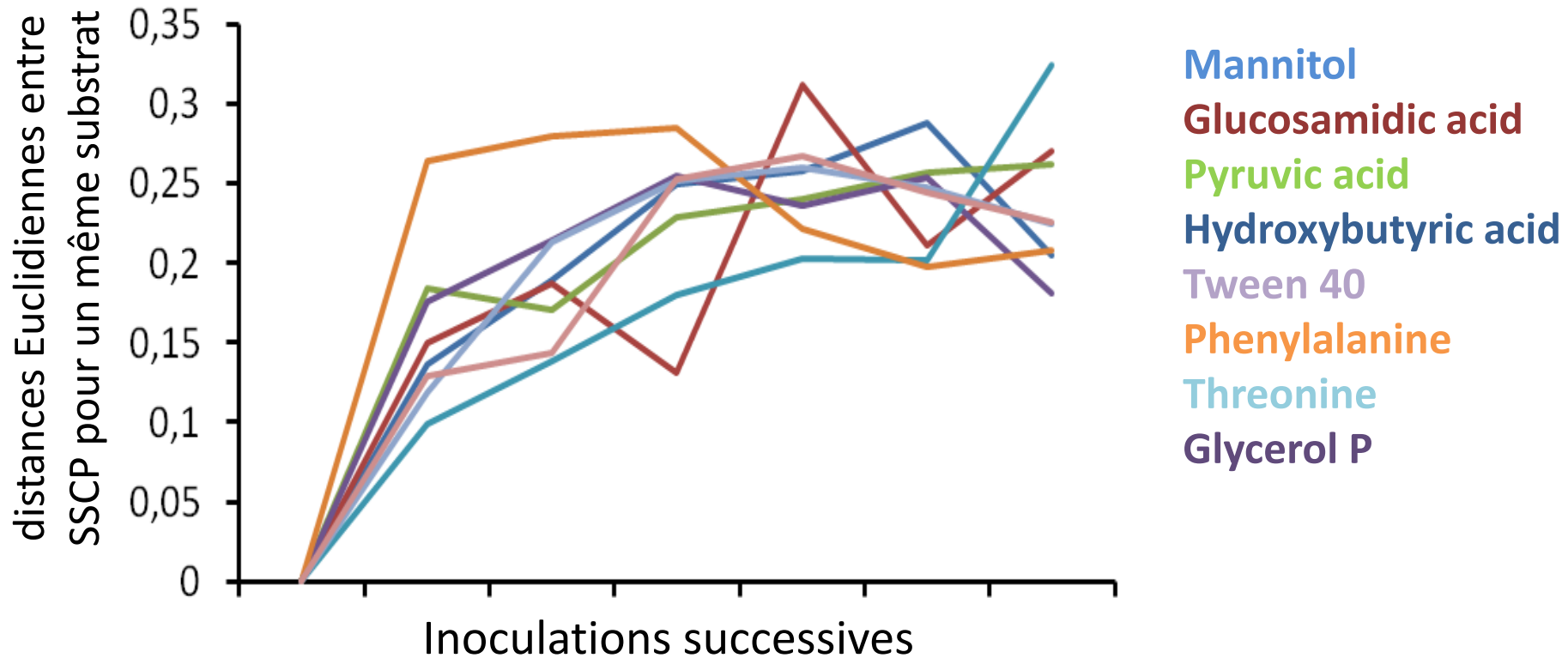


Glycerol P



Sélection des populations adaptées

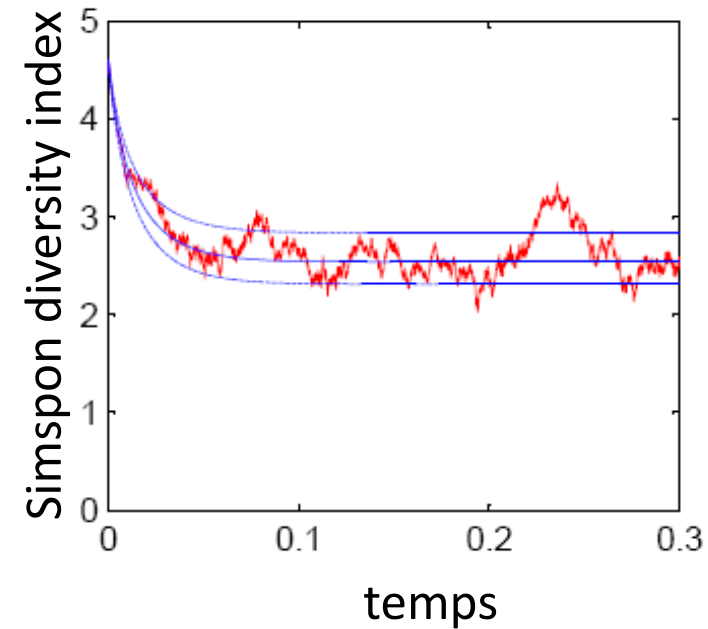
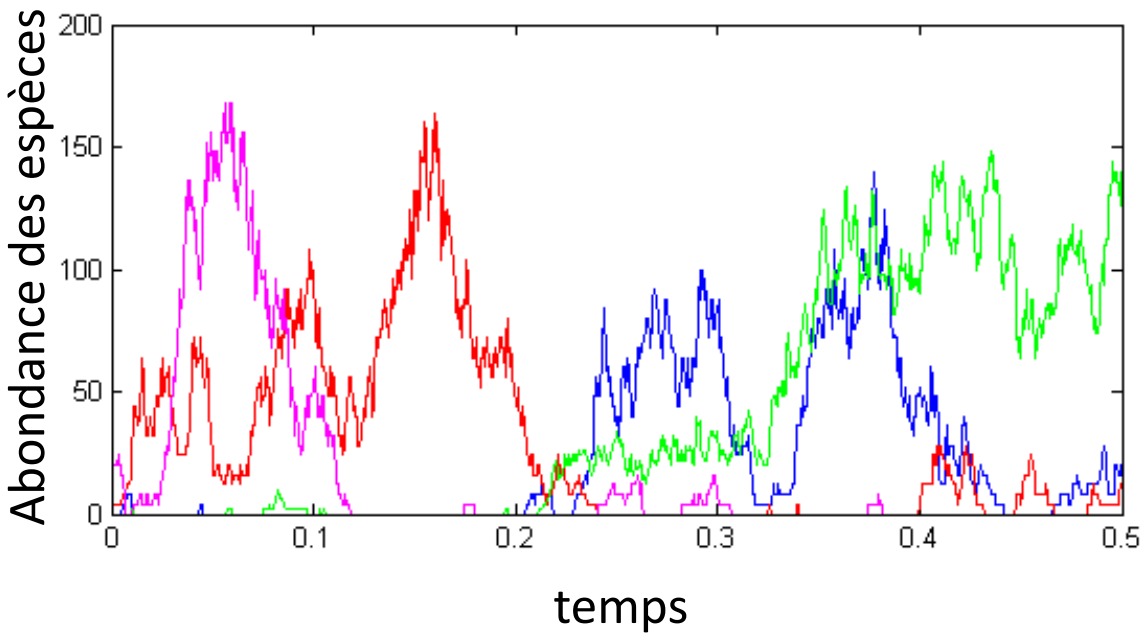
➔ La distance génétique entre les communautés (SSCP) augmente avec le temps (en contradiction avec le principe d'exclusion compétitive)



Dynamique de la diversité



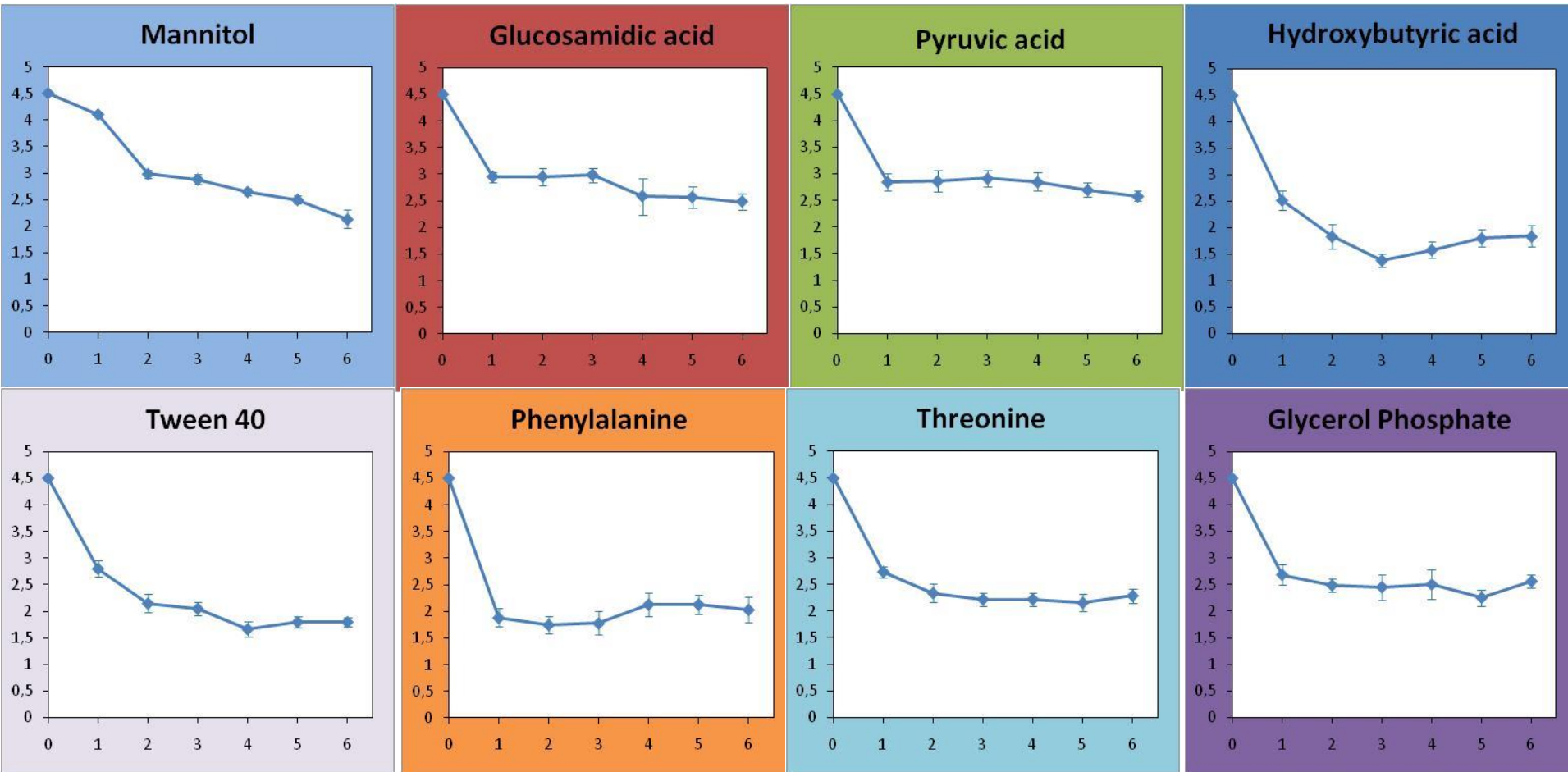
Fluctuation d'abondance des populations stochastique, mais indice de Simpson stable (predictions théorique et par simulation du modèle neutre)



Dynamique de la diversité



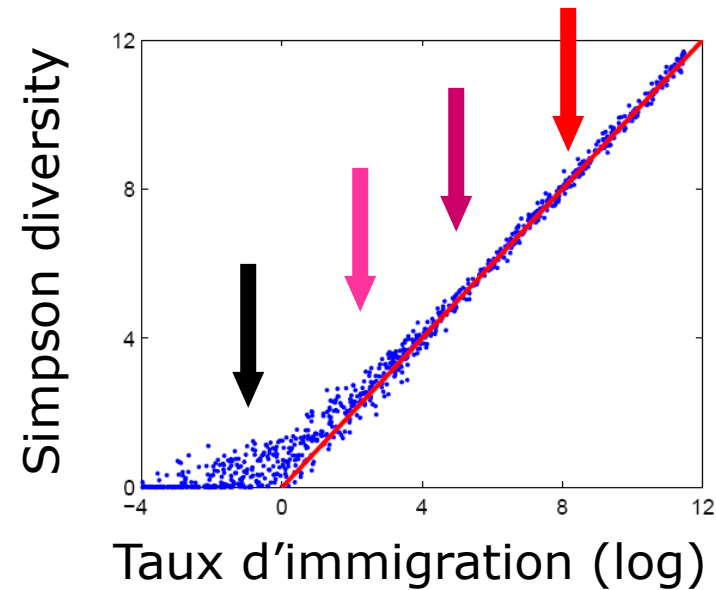
L'expérience est conforme aux modèles. La diversité diminue dans un premier temps, puis se stabilise à un niveau qui dépend du substrat.



Dynamics of the mean (\pm se) of the Simpson diversity index of 6 replicated experiments

Manipulation de l'hétérogénéité par contamination volontaire

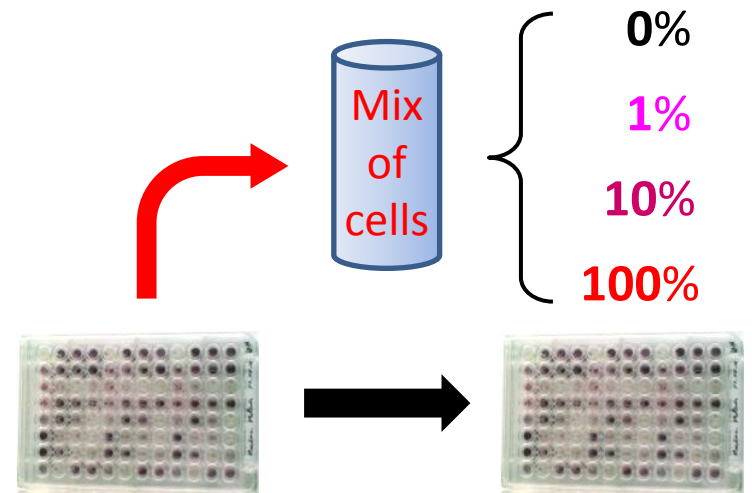
➡ Ce qui peut être prédit pas le modèle neutre
La diversité devrait augmenter à l'équilibre



➡ Expérience mise en place

A chaque réinoculation des communautés dans un nouveau milieu de culture, ajout de proportions croissantes d'individus non adaptés (ayant poussé sur d'autres substrats)

(*mass effect*)



Manipulation de l'hétérogénéité par contamination volontaire

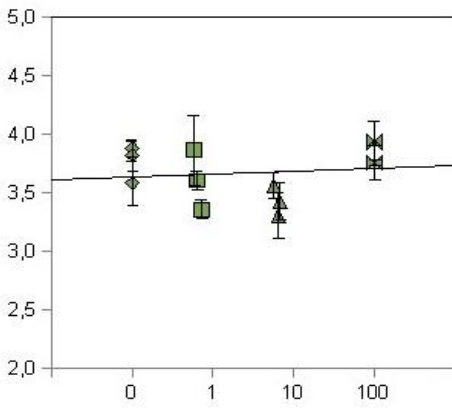


mélange (*mass effect*)

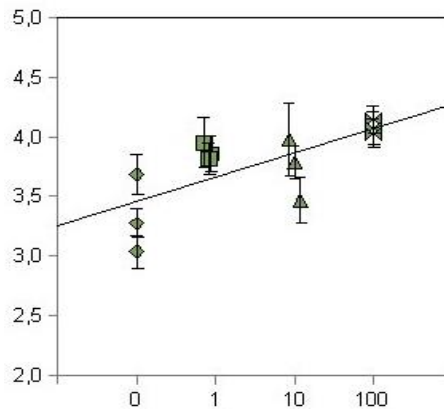


diversité (indice Simpson)

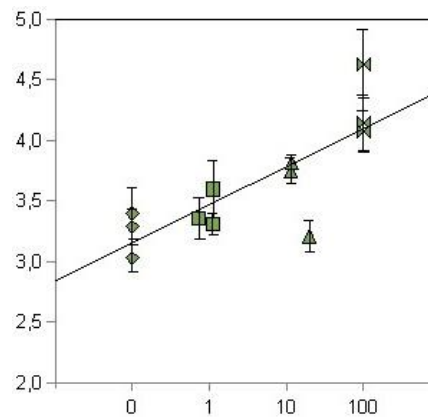
Mannitol



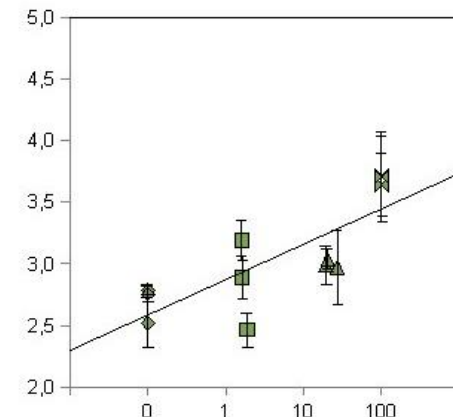
Glucosamidic acid



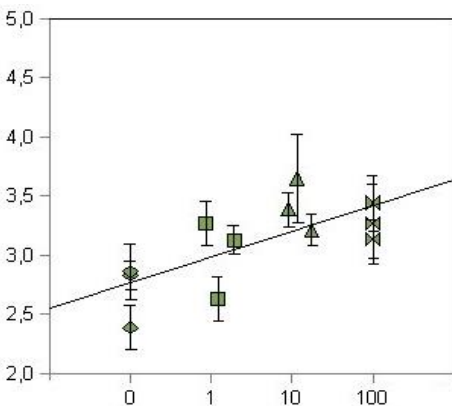
Pyruvic acid



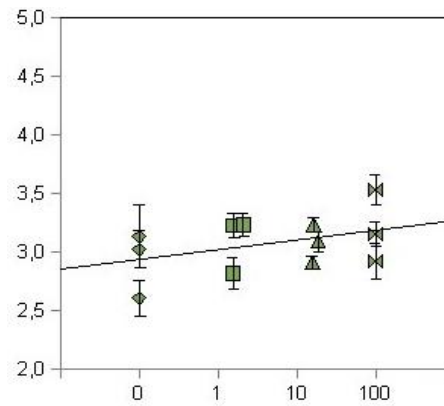
Hydroxybutyric acid



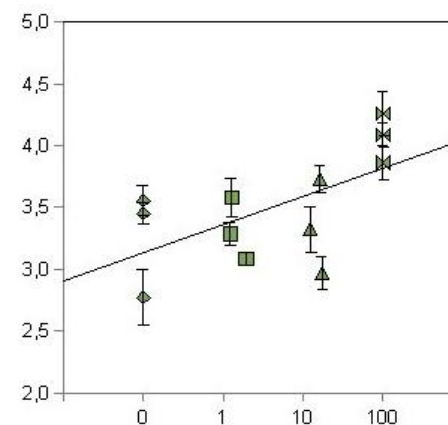
Tween 40



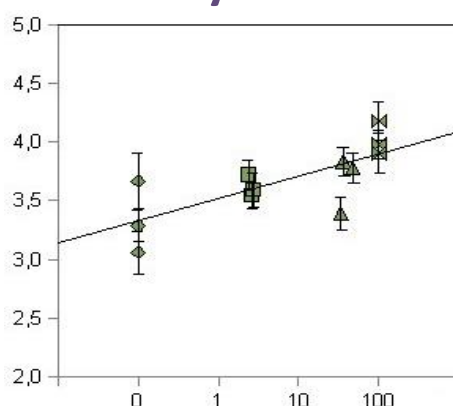
Phenylalanine



Threonine



Glycerol P



Moyennes de l'indice de Simpson après 40-60 générations (équilibre) avec ≠ taux d'immigration

Processus stochastiques *versus* processus écologiques déterministes?

- ➔ La dynamique de la diversité d'une boue activée est à la fois gouvernée par des processus de compétition pour un substrat (qui tendent à diminuer la diversité) et par un ensemble de contraintes amenant de l'hétérogénéité (spatiale, temporelle, immigration) qui tendent à augmenter la diversité
- ➔ Le modèle neutre de la biodiversité et de la biogéographie permet de prendre en compte la dynamique de la diversité lorsqu'on observe des fluctuations individuelles de populations.

Peut-on tirer des généralités sur
le comportement des dynamiques microbiennes?

Fluctuations populationnelles sans modification de performance

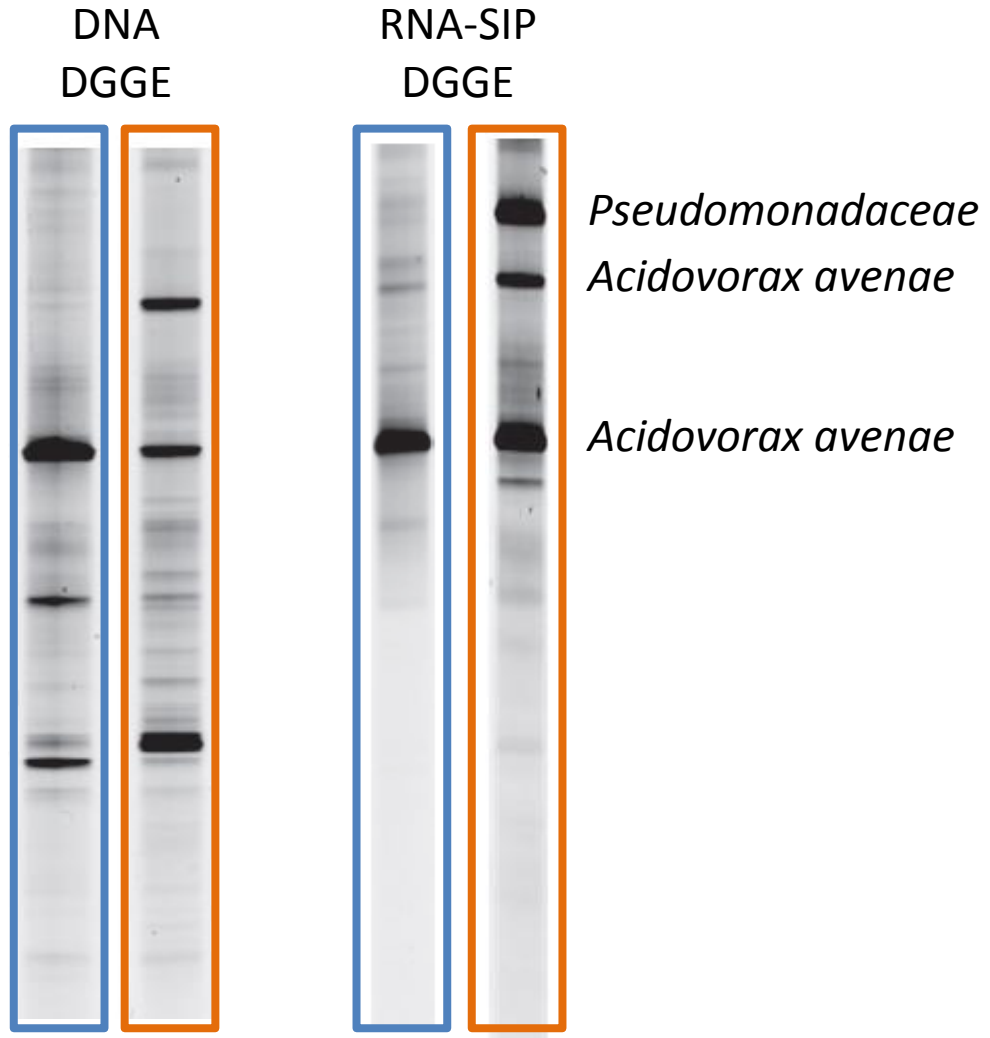
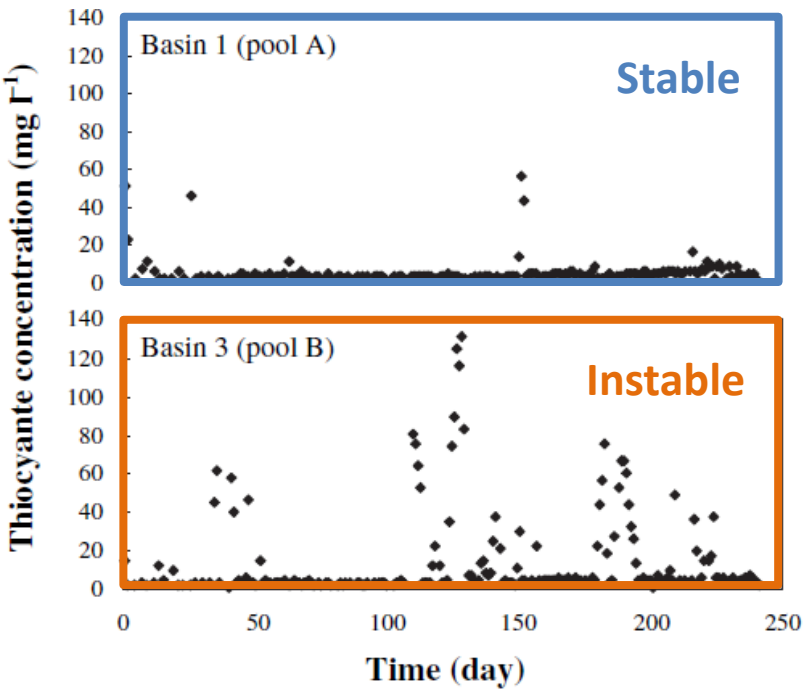
Peut-on piloter efficacement et durablement
les écosystèmes microbiens des procédés de dépollution?

Des processus à la fois stochastiques et déterministes sont à l'oeuvre

Est-ce que la diversité microbienne garantit
une bonne performance ou une bonne résistance?

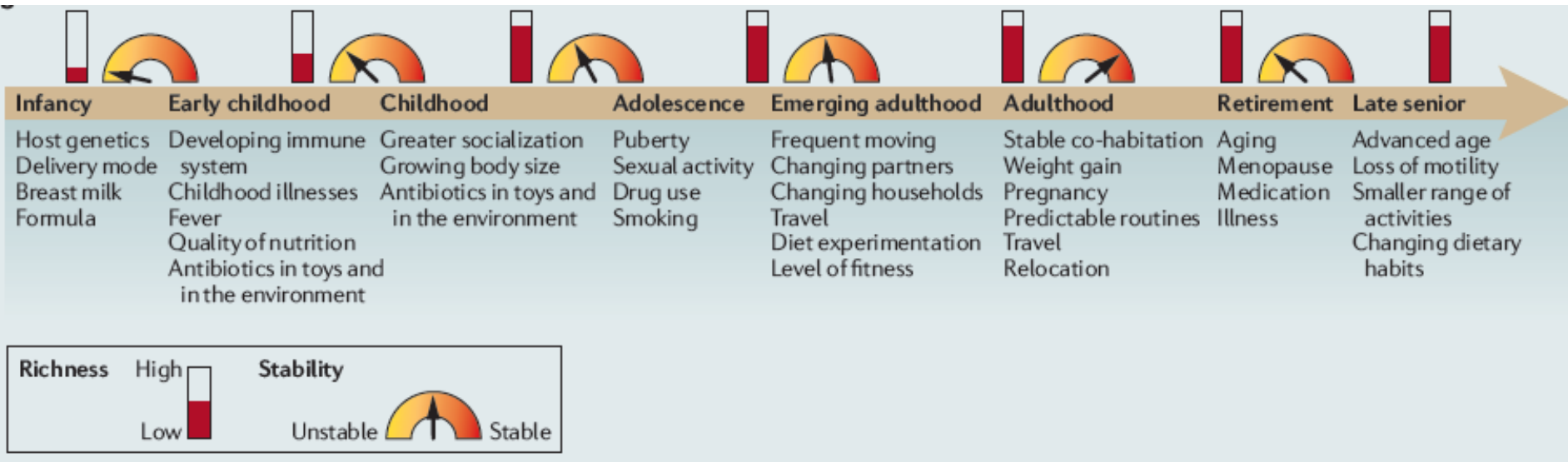
La diversité n'est pas une garantie de bon fonctionnement

➡ Boues activées dégradant les composés phénoliques



Evolution de la diversité microbienne du tube digestif humain au cours de la vie

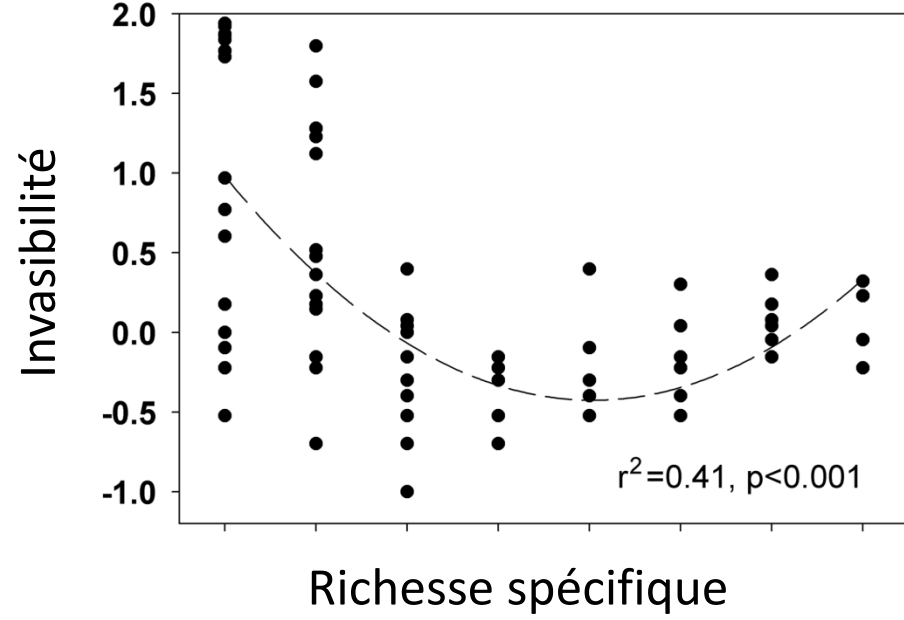
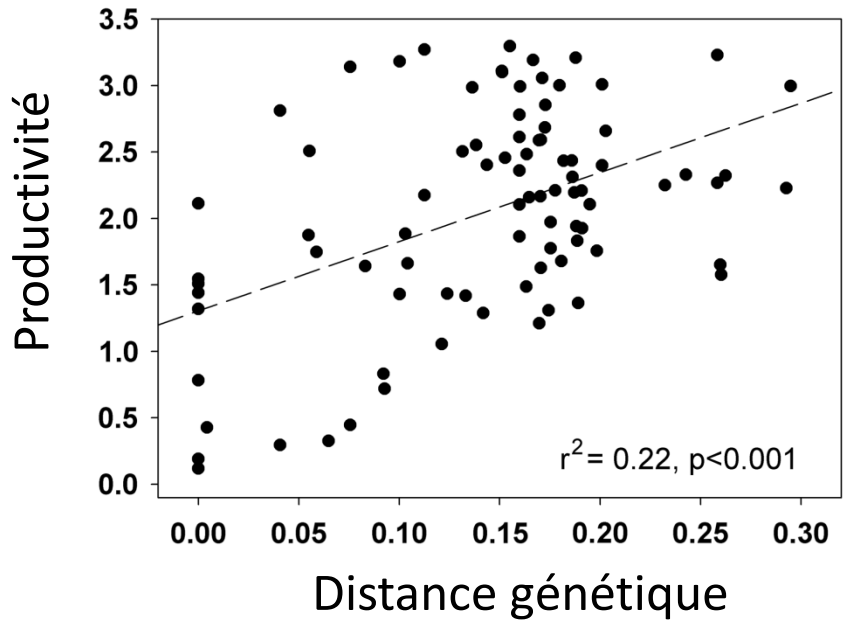
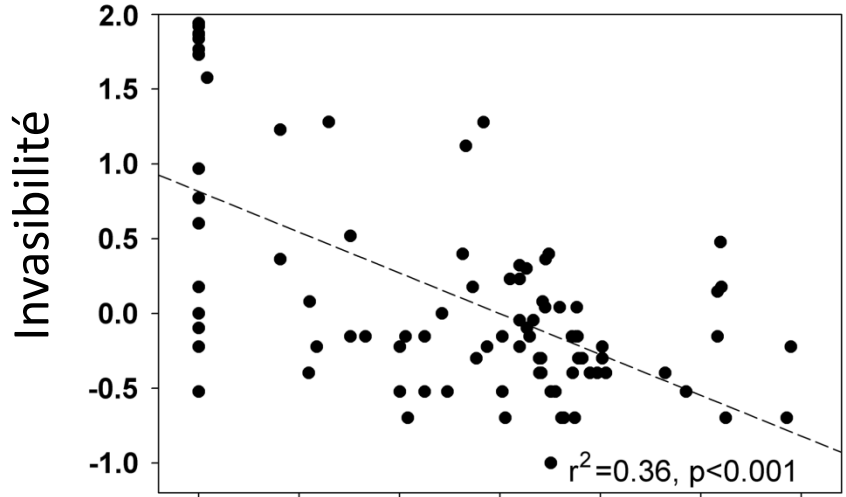
⇒ Synthèse de plusieurs études sur le sujet



⇒ Le nombre d'espèces n'est pas forcément synonyme de bonne performance

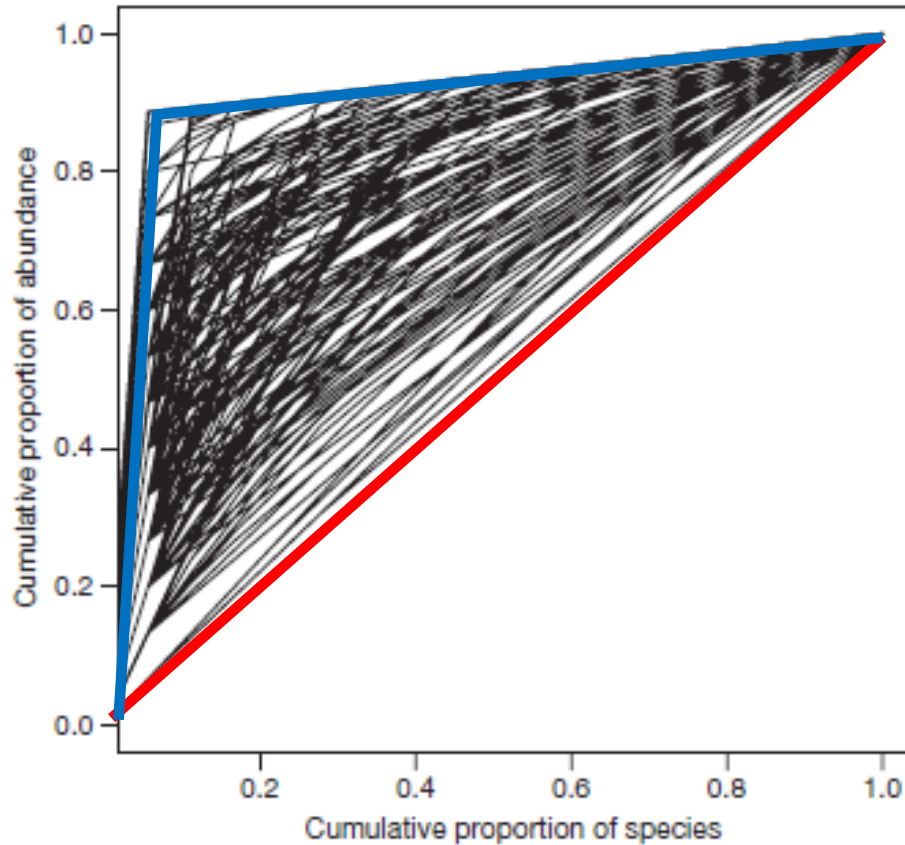
La diversité microbienne permet la résistance à l'invasion (effet barrière)

➡ Plusieurs souches de *Pseudomonas fluorescens* en mélange (diversité intraspécifique) confrontées à l'invasion par *Serratia liquefaciens*.



Effet de la diversité microbienne initiale de 1260 microcosmes soumis à des stress abiotiques

- ➔ Les microcosmes sont tous constitués de 18 souches dénitrifiantes, mais à des proportions différentes (équitabilité / *evenness*)

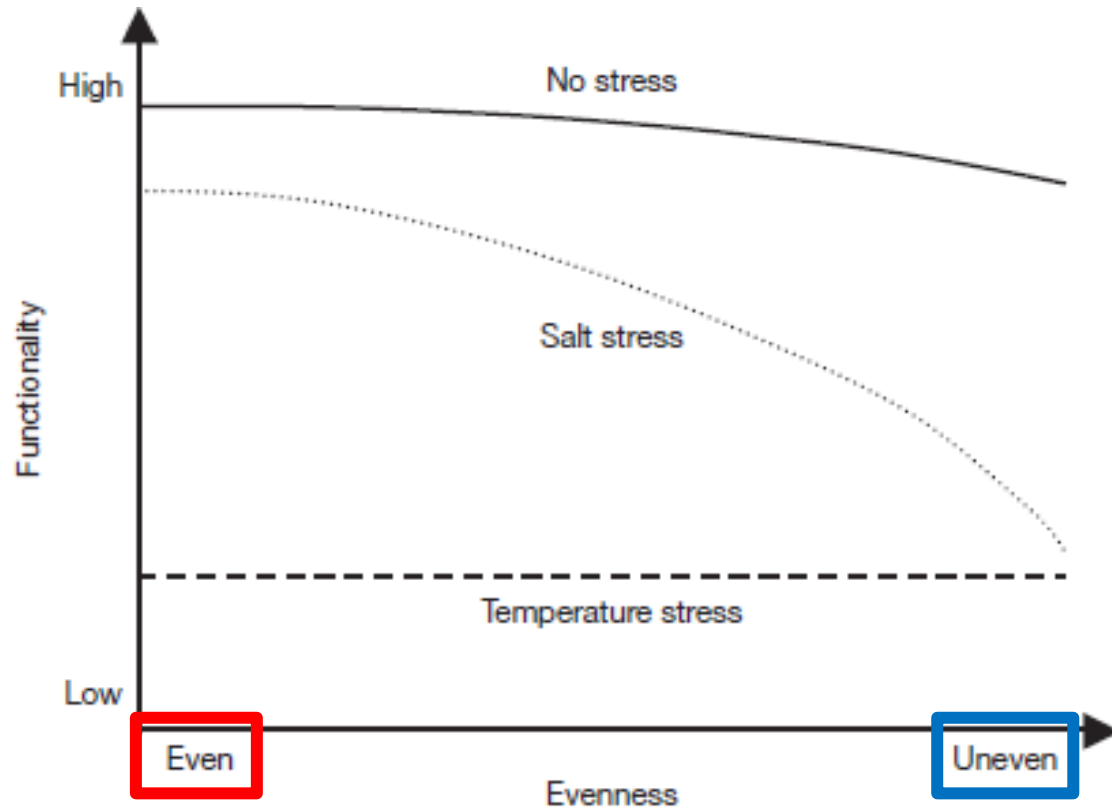


Équitabilité maximale

Forte dominance d'une espèce

Effet de la diversité microbienne initiale de 1260 microcosmes soumis à des stress abiotiques

- ➔ Plus grande est la diversité initiale (équitabilité / *evenness*), meilleure sera la performance et la résistance aux perturbations



Peut-on tirer des généralités sur
le comportement des dynamiques microbiennes?

Fluctuations populationnelles sans modification de performance

Peut-on piloter efficacement et durablement
les écosystèmes microbiens des procédés de dépollution?

Des processus à la fois stochastiques et déterministes sont à l'oeuvre

Est-ce que la diversité microbienne garantit
une bonne performance ou une bonne résistance?

Etudes contradictoires... du travail pour les années à venir!

Merci pour votre attention !



Les sources documentaires citées pour ce cours sont disponibles sur demande

