

La biodiversité microbienne a une nouvelle dimension

2 juin 2021 | Cornelia Eisenach

Catégories: Biodiversité

Les microbes s'autoorganisent pour former des configurations fascinantes et complexes. La diversité de ces configurations dépend d'un facteur auparavant inconnu, comme l'ont découvert les scientifiques de l'Eawag. Cette découverte pourrait redéfinir notre vision du concept de biodiversité microbienne.

Les microbes dans nos intestins nous aident à digérer la nourriture et à nous défendre contre les pathogènes. Pour que des pathogènes nous infectent, il leur faut rivaliser avec diverses espèces de microbes sains présents dans les intestins. Plus cet ensemble d'espèces est divers, plus il est difficile pour le pathogène de s'établir. Une haute biodiversité microbienne intestinale nous maintient donc en bonne santé. La biodiversité microbienne est également importante dans d'autres contextes. Par exemple, elle peut indiquer dans quelle mesure il est probable que les communautés microbiennes dans les stations d'épuration soient capables de dégrader certains polluants.

Cependant, la biodiversité pourrait être plus qu'un simple nombre et qu'une abondance d'espèces. D'après les dernières recherches du groupe de David Johnson à l'institut de recherche de l'eau Eawag, la biodiversité des communautés microbiennes ne dépend pas que de la diversité des espèces, mais aussi de la diversité des configurations spatiales que les différentes souches de bactéries forment en grandissant. Ces configurations apparaissent lorsque différentes espèces s'autoorganisent à travers l'espace pendant leur croissance.

Il doit y avoir un autre facteur

Jusqu'à maintenant, les chercheuses et les chercheurs supposaient que deux facteurs étaient décisifs

pour la forme de ces configurations spatiales: les traits génétiquement encodés de chaque espèce, ainsi que les conditions environnementales dans lesquelles elles grandissent. Cependant, lorsque David Johnson et son équipe ont testé cette supposition, ils ont été surpris de leurs résultats. En contrôlant à la fois le génotype et l'environnement, ils ont constaté qu'il devait y avoir un autre facteur déterminant la forme de ces configurations.

Pour leur expérience, l'équipe a conçu deux souches des bactéries du sol *Pseudomonas stutzeri*, qui possédaient exactement les mêmes informations génomiques à l'exception d'un gène. Ce gène déterminait si une souche était productrice ou consommatrice de la molécule de nitrite. La souche productrice de nitrite était marquée de manière à apparaître en bleu sous le microscope, alors que la consommatrice de nitrite apparaissait en vert.

Lorsque les scientifiques ont mélangé ces deux souches selon un ratio d'un pour un et les ont distribuées aléatoirement sur une surface, ils s'attendaient à voir se former une configuration spatiale uniforme. Par exemple, un cercle extérieur de de la souche bleue suivie d'un cercle intérieur de la souche verte, déterminé par le fait que la souche productrice bleue se développerait en premier et la souche consommatrice verte plus tard.

Des structures ramifiées, parsemées de zones lisses

Cependant, ce n'est pas ce que l'équipe a observé. La souche verte a commencé à grandir en structure ramifiée, irrégulièrement parsemée de zones lisses de souche bleue. «Nous ne nous attendions pas à ce que ces deux configurations spatiales différentes se forment en même temps», explique David Johnson. Lui et son équipe auront besoin de huit ans pour comprendre ce qu'il se passait.

Ils ont d'abord pensé que les souches s'étaient diversifiées génétiquement. Cependant, après une analyse méticuleuse de nombreuses séquences bactériennes, ils ont conclu que ce n'était pas le cas. La diversification génétique ne pouvait pas expliquer la diversification des configurations spatiales observée.

Que pouvait donc être l'explication? La réponse: le hasard. Lorsqu'un mélange de cellules microbiennes (dans ce cas, deux souches différentes mélangées selon un ratio d'un pour un) est aléatoirement distribué dans un substrat de culture, les différentes cellules ne sont pas espacées régulièrement à équidistance les unes des autres. Au lieu de cela, purement par hasard, elles peuvent s'amasser. Cela s'appelle «la distribution de Poisson» et donne lieu aux configurations distinctes que David Johnson et ses collègues ont observées.

C'est de la physique pure

Dans leur système expérimental, le mécanisme fonctionne ainsi: si une cellule productrice bleue vient initialement reposer derrière un amas de cellules vertes, la cellule bleue rencontre une barrière de cellules vertes en grandissant. Les cellules bleues poussent le bloc de cellules vertes en avant, les forçant finalement à grandir en adoptant les configurations en forme d'arbres observées par les scientifiques. «La diversification des configurations n'avait rien à voir avec les nouveaux changements génétiques ou avec l'hétérogénéité dans leur environnement de croissance.» explique David Johnson. «C'est de la physique pure, ce sont des forces mécaniques agissant sur une distribution initialement aléatoire de cellules qui ont causé la diversification des configurations.»

Les chercheuses et les chercheurs ont même pu prévoir la diversification de configuration causée par la distribution aléatoire initiale des cellules grâce à des simulations mathématiques. Lorsqu'ils ont alimenté leur modèle mathématique avec différents ratios de cellules bleues et vertes, l'ordinateur a prévu une diversification de configurations avec des configurations spatiales qui correspondaient à la

manière dont les bactéries ont grandi dans la réalité.

Pas aussi simple que des Lego

«J'avais toujours considéré les communautés microbiennes comme des ensembles de Lego», raconte David Johnson. Si vous avez les différentes pièces (c'est-à-dire, les différents types de microbes) et les instructions pour les utiliser (les informations sur leur manière d'interagir entre eux sous un ensemble de conditions environnementales), alors vous connaissez la forme du jouet Lego une fois assemblé, c'est-à-dire la disposition spatiale des différentes espèces. «Il s'avère que les communautés microbiennes ne sont pas aussi simples que des Lego, vous pouvez obtenir des jouets très différents avec le même manuel d'instructions.» La fascination de David Johnson pour la beauté de ces configurations complexes est évidente au vu des photos en couleurs qui décorent son bureau, montrant les images des ramifications et réseaux microbiens aux couleurs vives.

Le fait que ces configurations ne soient pas seulement belles, mais puissent aussi constituer une nouvelle forme de biodiversité a des conséquences très pratiques, car différentes configurations confèrent différentes propriétés à la communauté. L'une de ces propriétés est la capacité de transférer des gènes de résistance aux antibiotiques entre différentes espèces ou souches. Ces gènes sont souvent introduits dans les sols via des déchets agricoles. Là, ils peuvent ensuite être récupérés et transmis par des communautés de bactéries du sol spatialement organisées. Le bon fonctionnement de ce procédé pourrait dépendre de la diversité des configurations spatiales et est actuellement à l'étude dans le laboratoire de David Johnson.

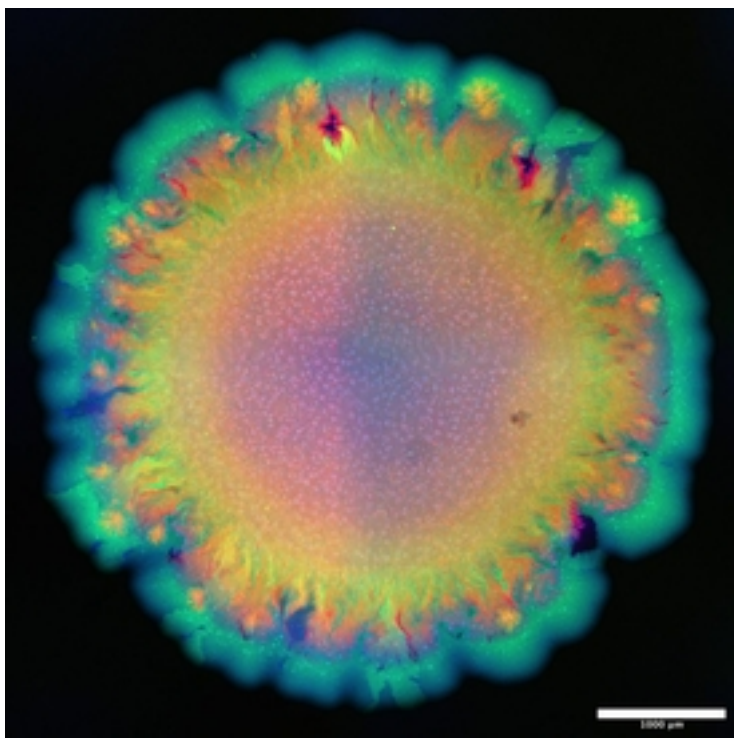


Image microscopique montrant comment les gènes de résistance aux antibiotiques sont acquis ou perdus en fonction du positionnement spatial. Les bactéries jaunes (avec une résistance aux antibiotiques) et les bactéries bleues (sans résistance aux antibiotiques) se développent dans des configurations spatiales et perdent leur résistance (rouge) ou l'acquièrent (vert). Photo: Yinyin Ma, ETH Zurich / Eawag

Photo de couverture: Yinyin Ma, ETH Zürich, Eawag


```

filtered{background-color:#4F4F4F}.extbase-debugger-center .extbase-debug-seeabove{text-decoration:none;font-style:italic}.extbase-debugger-center .extbase-debug-property{color:#f1f1f1}.extbase-debugger-center .extbase-debug-closure{color:#9BA223;}Extbase Variable Dumparray(2 items) publications => '22482' (5 chars) libraryUrl => '' (0 chars) Extbase Variable Dumparray(1 item) 0 => Snowflake\Publications\Domain\Model\Publicationprototypepersistent entity (uid=22482, pid=124) originalId => protected22482 (integer) authors => protected'Goldschmidt,&nbsp;F.; Caduff,&nbsp;L.; Johnson,&nbsp;D.&nbsp;R.' (63 chars) title => protected'Causes and consequences of pattern diversification in a spatially self-organizing microbial community' (101 chars) journal => protected'ISME Journal' (12 chars) year => protected2021 (integer) volume => protected15 (integer) issue => protected'8' (1 chars) startpage => protected'2415' (4 chars) otherpage => protected'2426' (4 chars) categories => protected'' (0 chars) description => protected'Surface-attached microbial communities constitute a vast amount of life on our planet. They contribute to all major biogeochemical cycles, provide essential services to our society and environment, and have important effects on human health and disease. They typically consist of different interacting genotypes that arrange themselves non-randomly across space (referred to hereafter as spatial self-organization). While spatial self-organization is important for the functioning, ecology, and evolution of these communities, the underlying determinants of spatial self-organization remain unclear. Here, we performed a combination of experiments, statistical modeling, and mathematical simulations with a synthetic cross-feeding microbial community consisting of two isogenic strains. We found that two different patterns of spatial self-organization emerged at the same length and time scales, thus demonstrating pattern diversification. This pattern diversification was not caused by initial environmental heterogeneity or by genetic heterogeneity within populations. Instead, it was caused by nongenetic heterogeneity within populations, and we provide evidence that the source of this nongenetic heterogeneity is local differences in the initial spatial positionings of individuals. We further demonstrate that the different patterns exhibit different community-level properties; namely, they have different expansion speeds. Together, our results demonstrate that pattern diversification can emerge in the absence of initial environmental heterogeneity or genetic heterogeneity within populations and can affect community-level properties, thus providing novel insights into the causes and consequences of microbial spatial self-organization.' (1749 chars) serialnumber => protected'1751-7362' (9 chars) doi => protected'10.1038/s41396-021-00942-w' (26 chars) uid => protected22482 (integer) _localizedUid => protected22482 (integer)modified _languageUid => protectedNULL _versionedUid => protected22482 (integer)modified pid => protected124 (integer) Goldschmidt, F.; Caduff, L.; Johnson, D. R. (2021) Causes and consequences of pattern diversification in a spatially self-organizing microbial community, ISME Journal, 15(8), 2415-2426, doi:10.1038/s41396-021-00942-w, Institutional Repository

```

Links

Focus sur la recherche "Communautés microbiennes"

Focus sur le sujet "Biodiversité"

Contact



David Johnson

Chef de département

Tel. +41 58 765 5520

david.johnson@eawag.ch



Annette Ryser

Rédactrice scientifique

Tel. +41 58 765 6711

annette.ryser@eawag.ch

<https://www.eawag.ch/fr/portail/dinfo/actualites/news-archives/detail-de-larchive/la-biodiversite-microbienne-a-une-nouvelle-dimension>