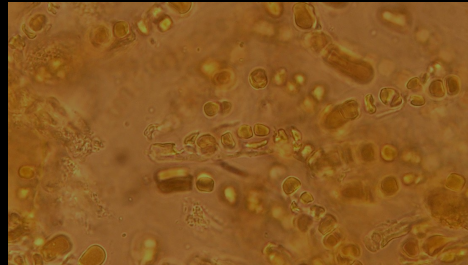
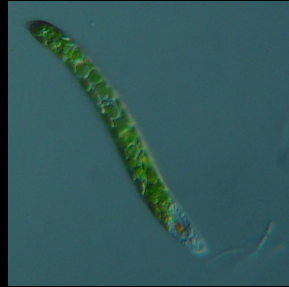


L'érosion de la biodiversité microbienne



UNIVERSITÉ
TOULOUSE III
PAUL SABATIER

Benoît Perez-Lamarque

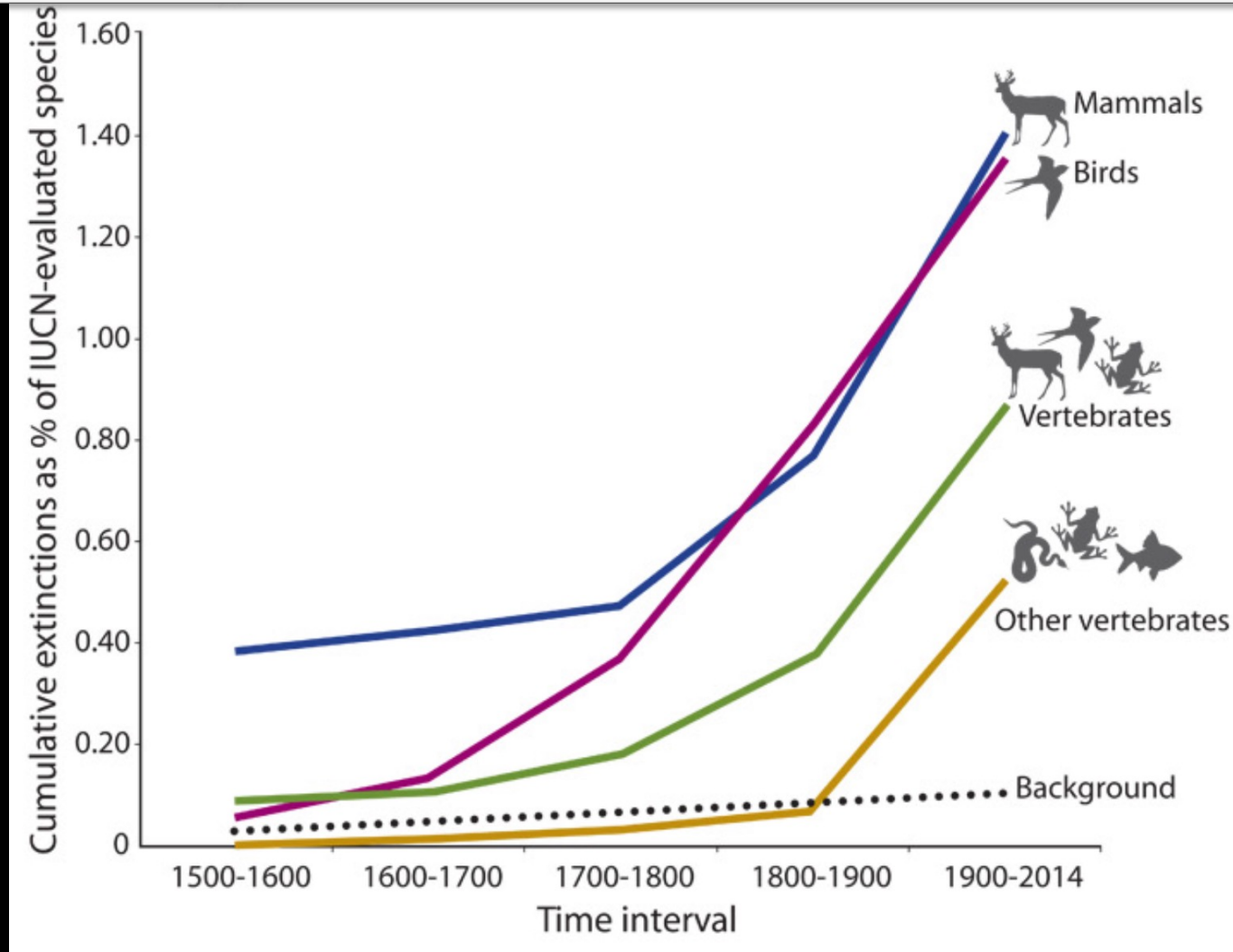
Mercredi 9 Octobre 2024, Chaire MMB



benoit.perez-lamarque@univ-tlse3.fr

Maître de conférences, CRBE, Université de Toulouse III

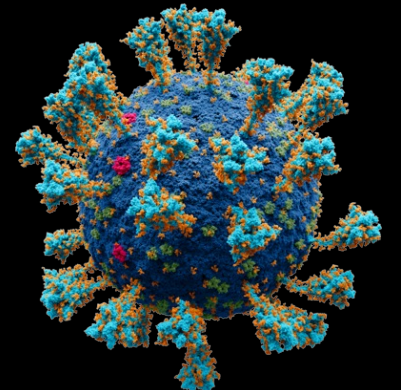
Vers une sixième crise d'extinction de masse



→ Principalement quantifiée à partir des vertébrés (et des plantes)

Vers une sixième crise d'extinction de masse

Bactéries, archées, micro-eucaryotes, champignons...



Vers une sixième crise d'extinction de masse

Bactéries, archées, micro-eucaryotes, champignons...

Qu'en est-il de la biodiversité microbienne ?

Documenter la dynamique de la biodiversité microbienne

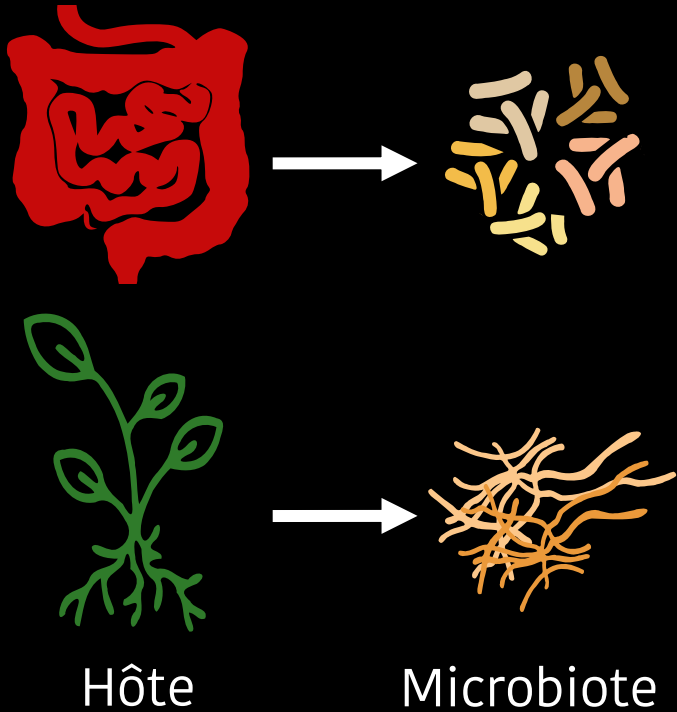
Trois limitations principales :

Documenter la dynamique de la biodiversité microbienne

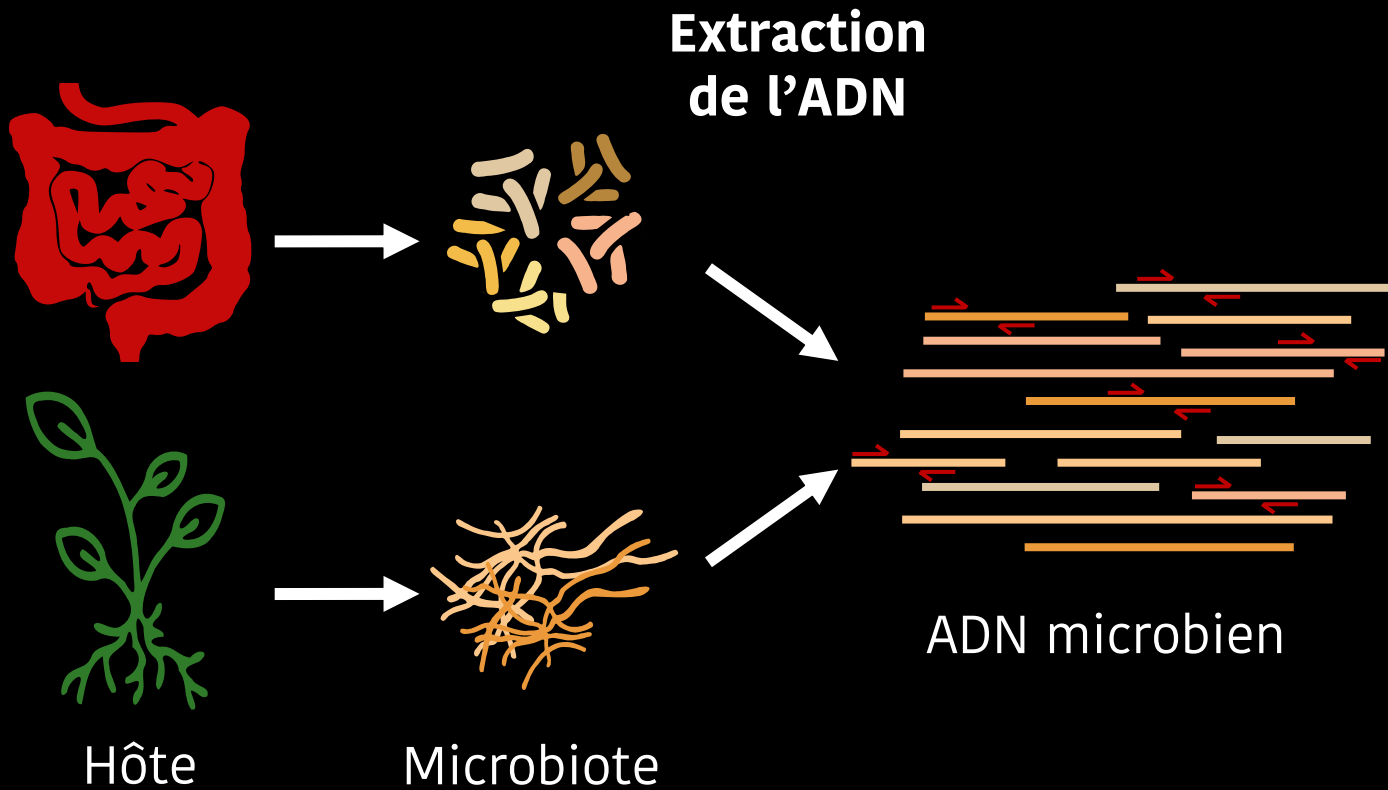
Trois limitations principales :

1) Incertitude dans la délimitation
d'espèce

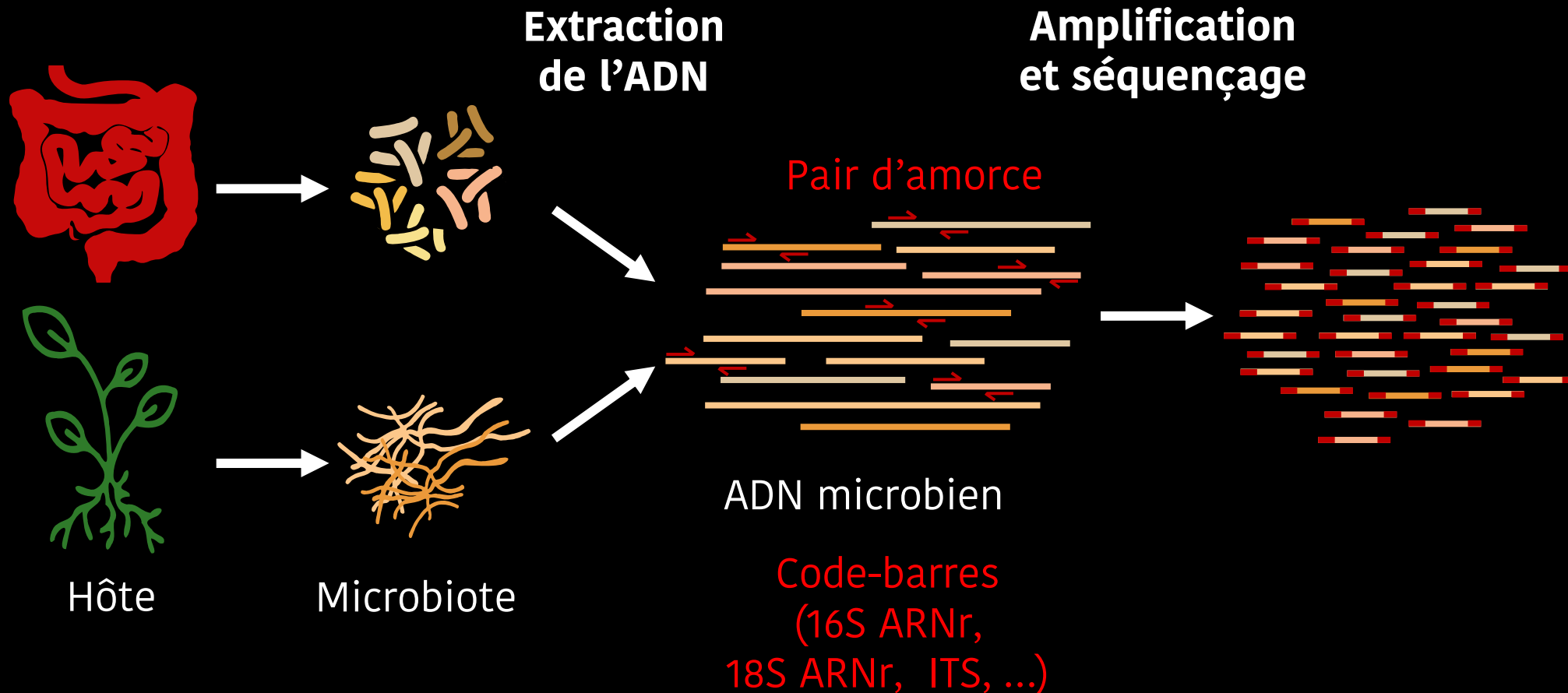
« Délimitation d'espèces » par métabarcoding



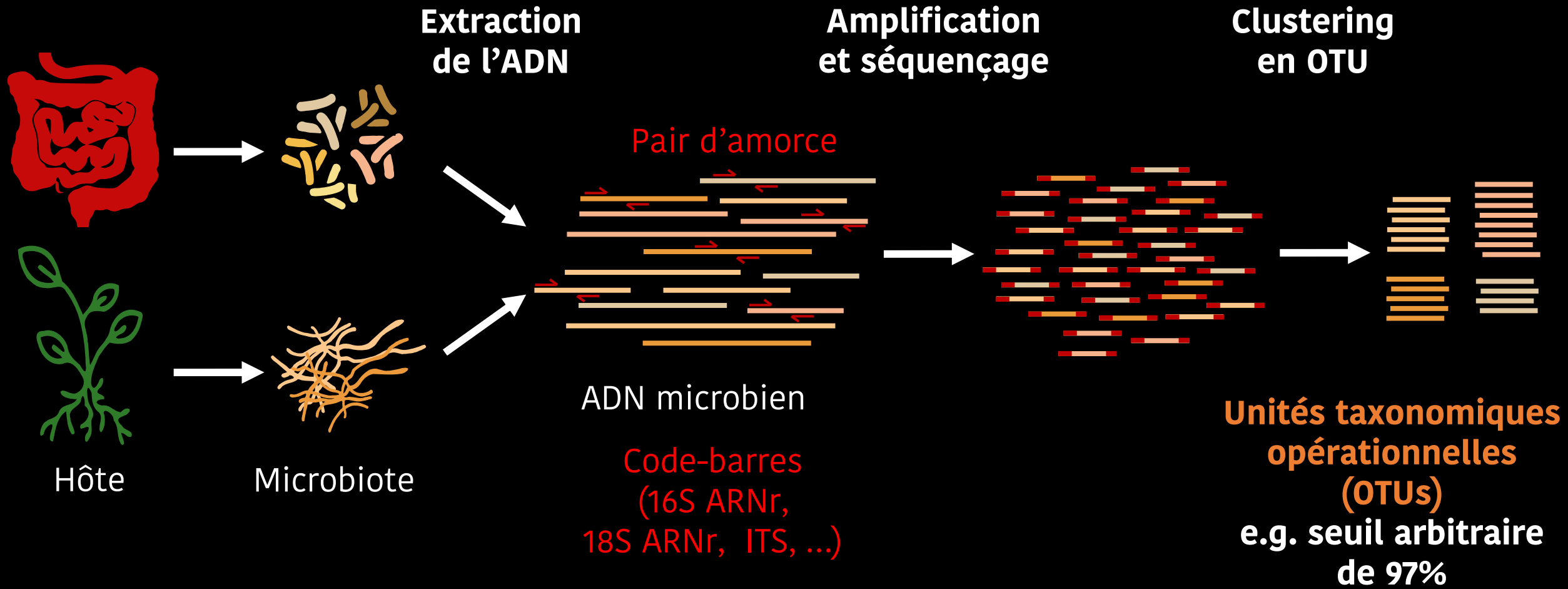
« Délimitation d'espèces » par métabarcoding



« Délimitation d'espèces » par métabarcoding



« Délimitation d'espèces » par metabarcoding



Documenter la dynamique de la biodiversité microbienne

Trois limitations principales :

- 1) Incertitude dans la délimitation
d'espèce
- 2) Absence d'estimation fiable de la
diversité totale

Absence d'estimation fiable de la diversité totale

→ “...We estimate that there exist globally
between 0.8 and 1.6 million prokaryotic OTUs”
(Louca et al., 2019, PLOS Biology)

Absence d'estimation fiable de la diversité totale

→ “...We estimate that there exist globally
between 0.8 and 1.6 million prokaryotic OTUs”
(Louca et al., 2019, PLOS Biology)

→ “Reanalyses suggest that bacterial richness
[...] is more likely in the hundreds of millions
or billions”
(Wiens, 2021, PLOS Biology)

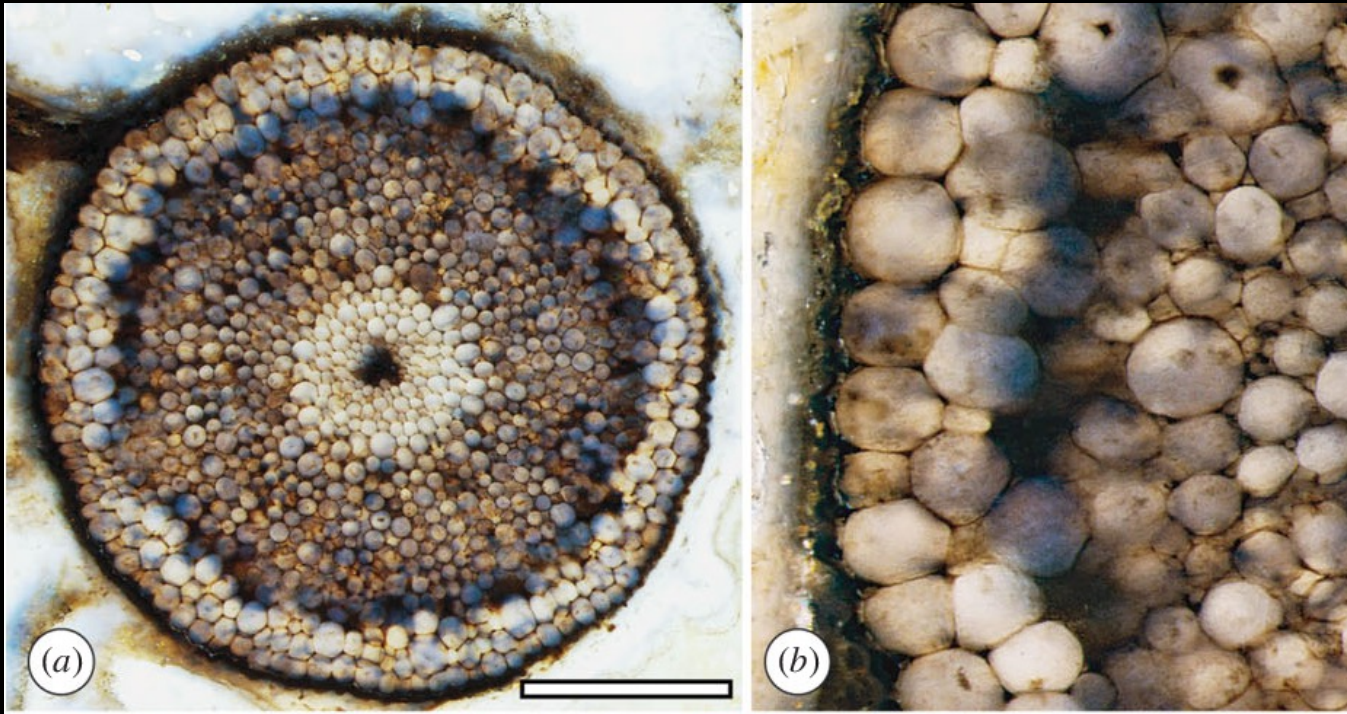
Documenter la dynamique de la biodiversité microbienne

Trois limitations principales :

- 1) Incertitude dans la délimitation d'espèce
- 2) Absence d'estimation fiable de la diversité totale
- 3) Manque de mesures de la diversité passée

Manque de mesures de la diversité passée

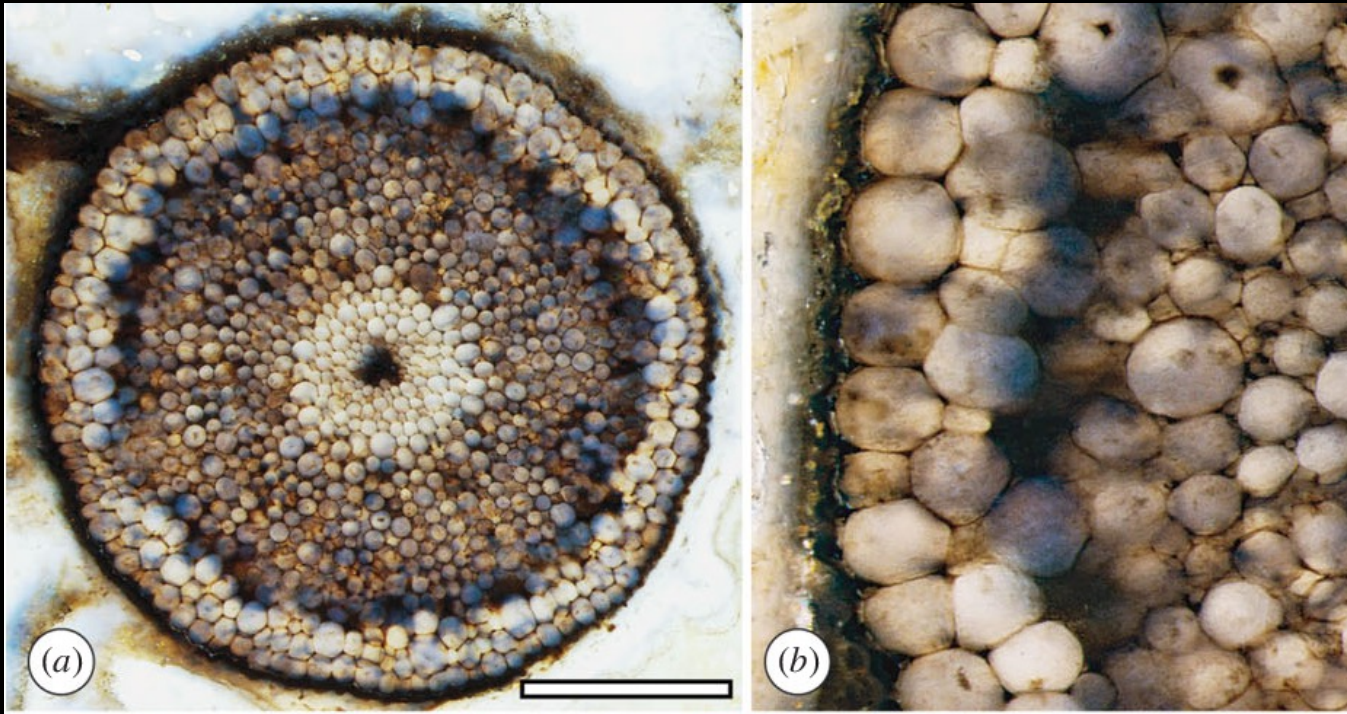
Les fossiles microbiens ne permettent pas d'assigner des espèces



(Kerp et al. 2017)

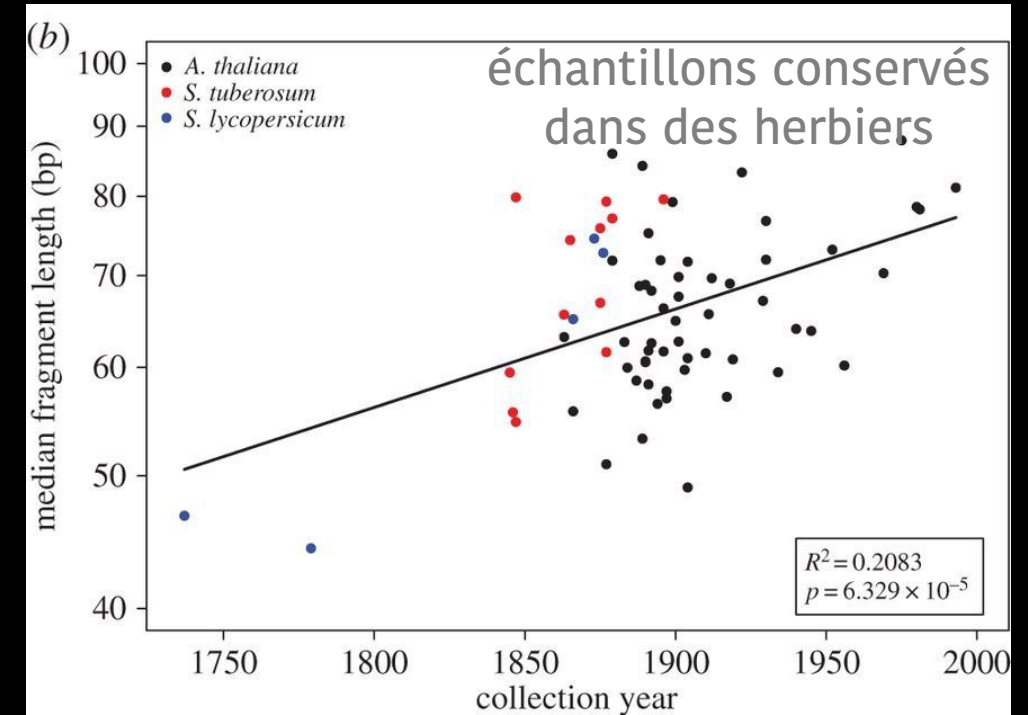
Manque de mesures de la diversité passée

Les fossiles microbiens ne permettent pas d'assigner des espèces



(Kerp et al. 2017)

Rapide dégradation de l'ADN



(Weiß et al. 2016)

Documenter la dynamique de la biodiversité microbienne

Deux approches pour avoir une idée des dynamiques de diversité de communautés microbiennes :

- Dans les microbiotes associés à des hôtes (animaux ou végétaux)
- Dans les communautés microbiennes « libres » de l'environnement

Microbiotes associés à des hôtes

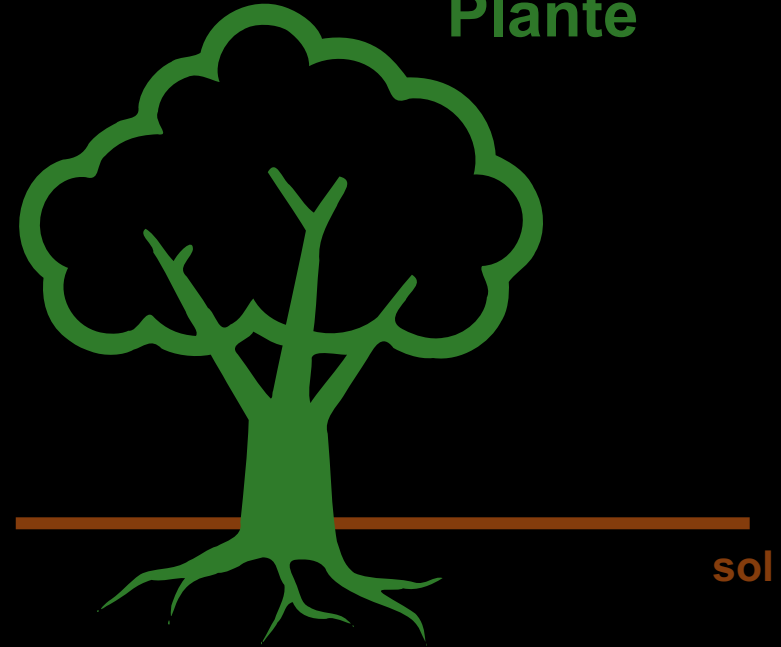
Animal

aliments



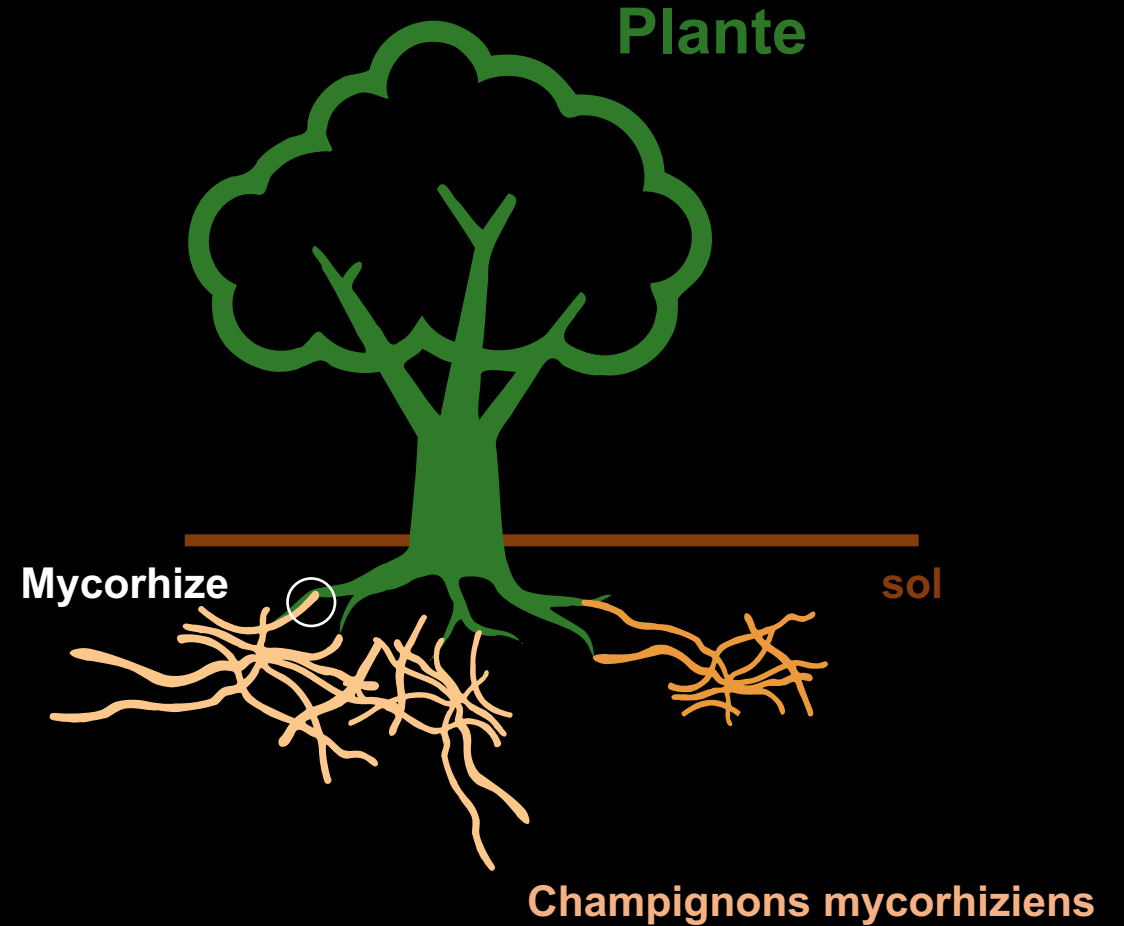
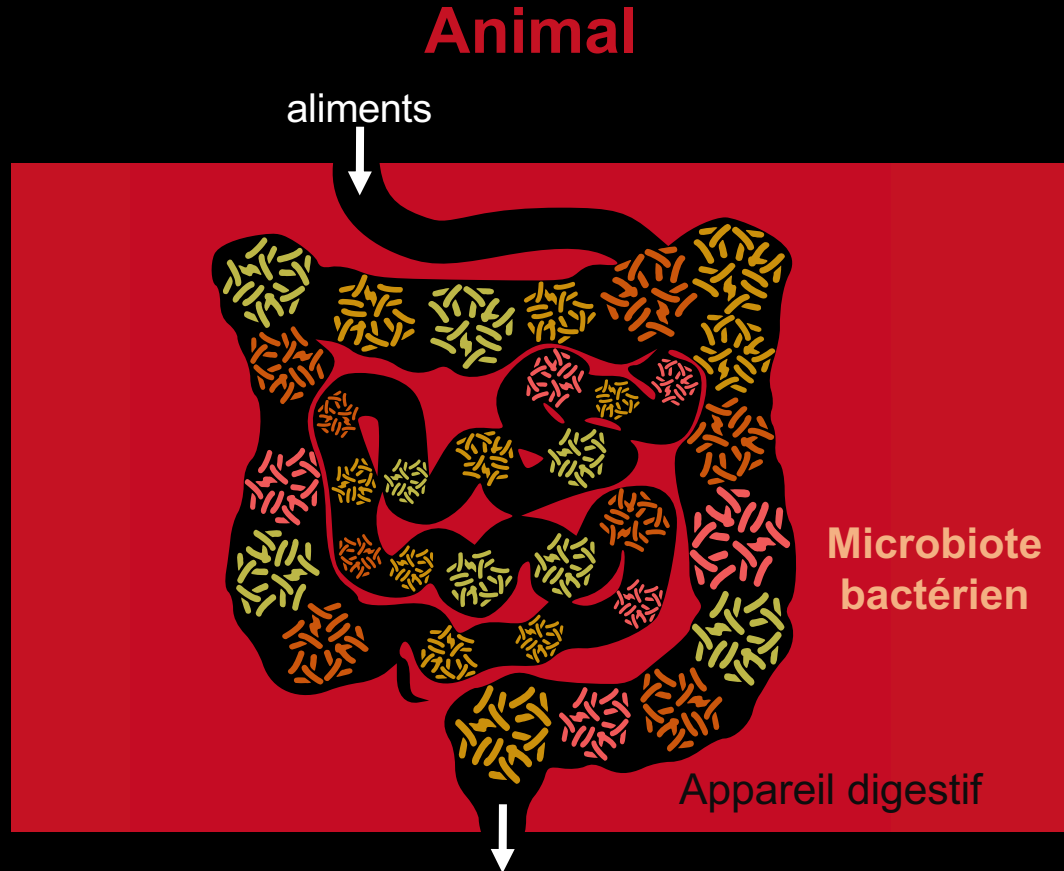
Appareil digestif

Plante

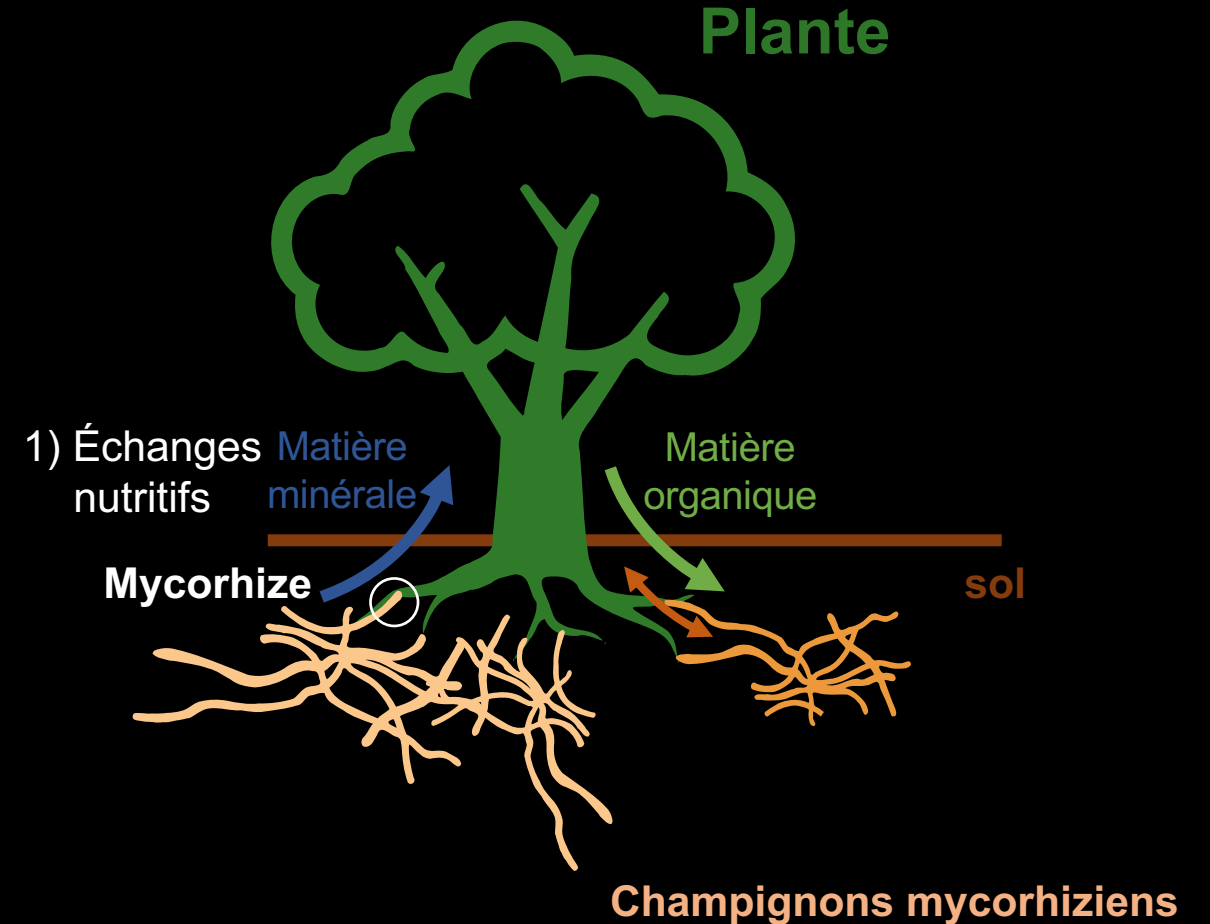
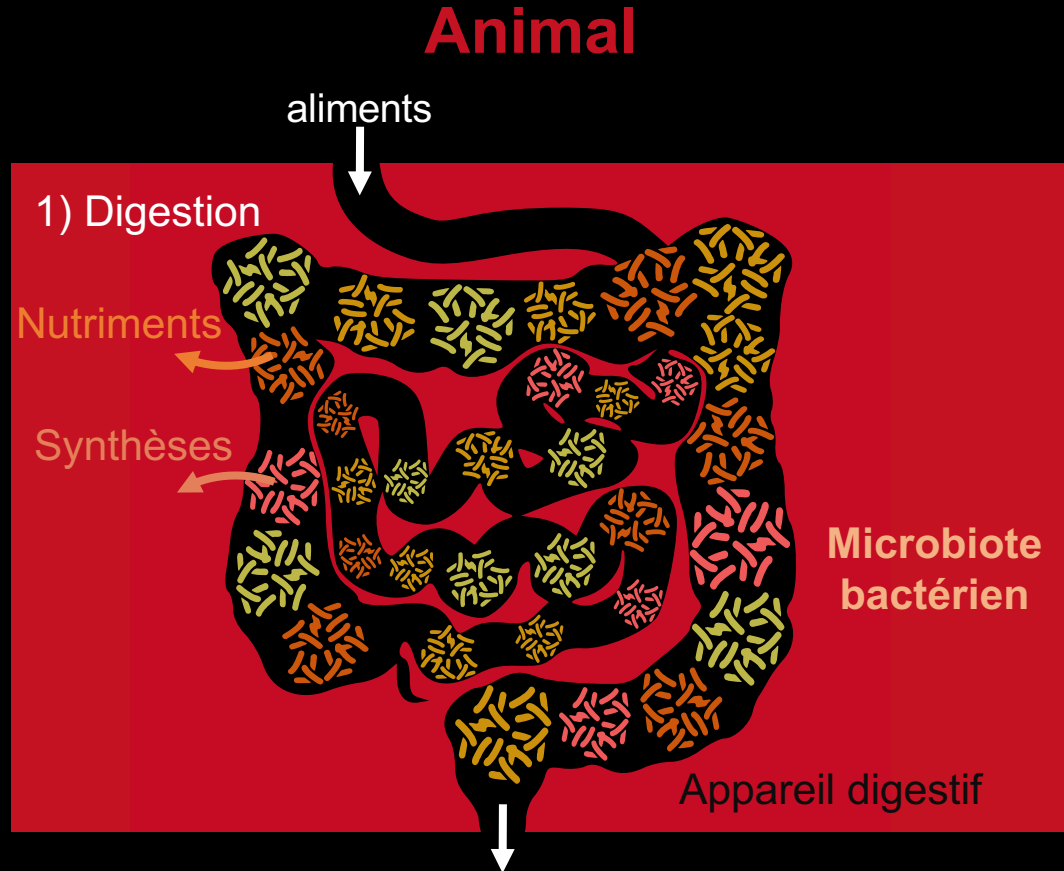


sol

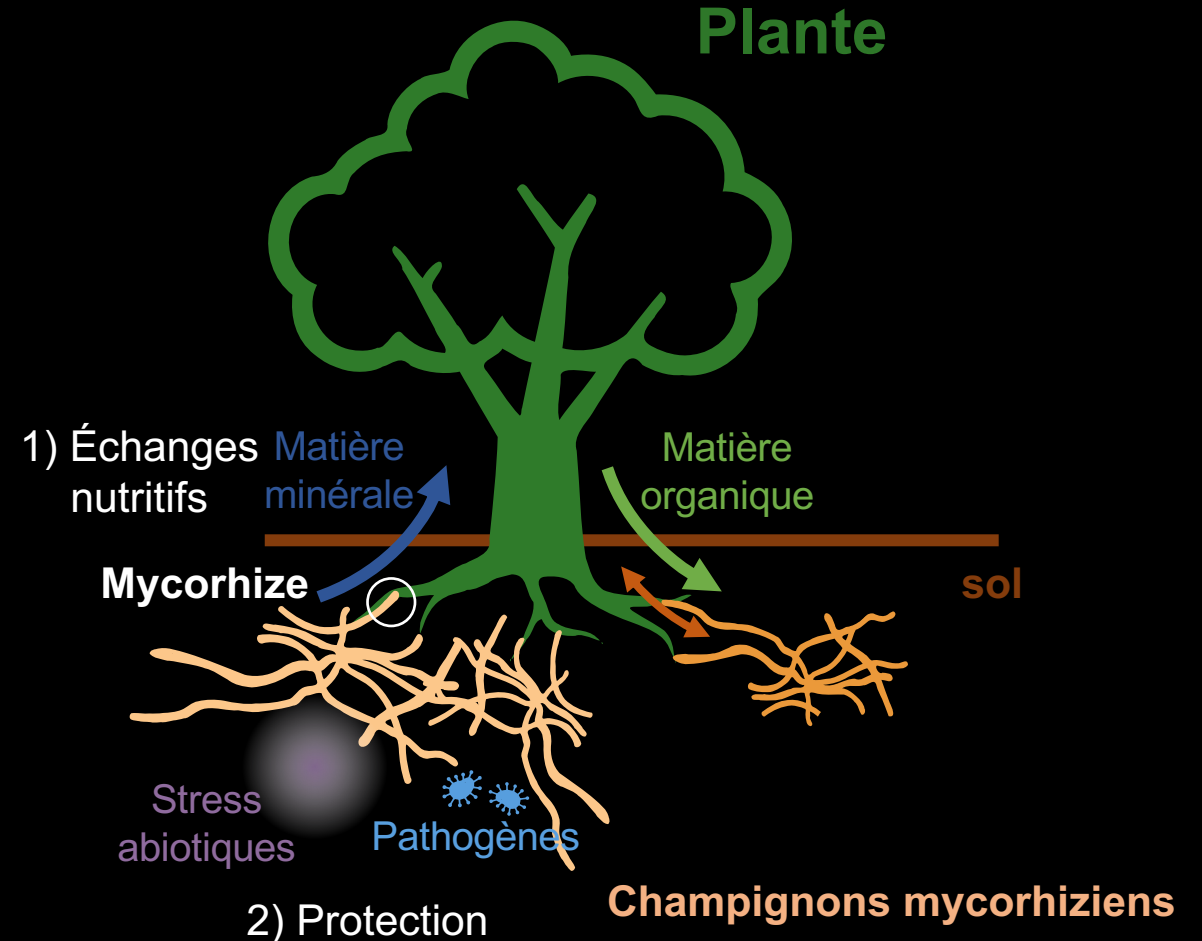
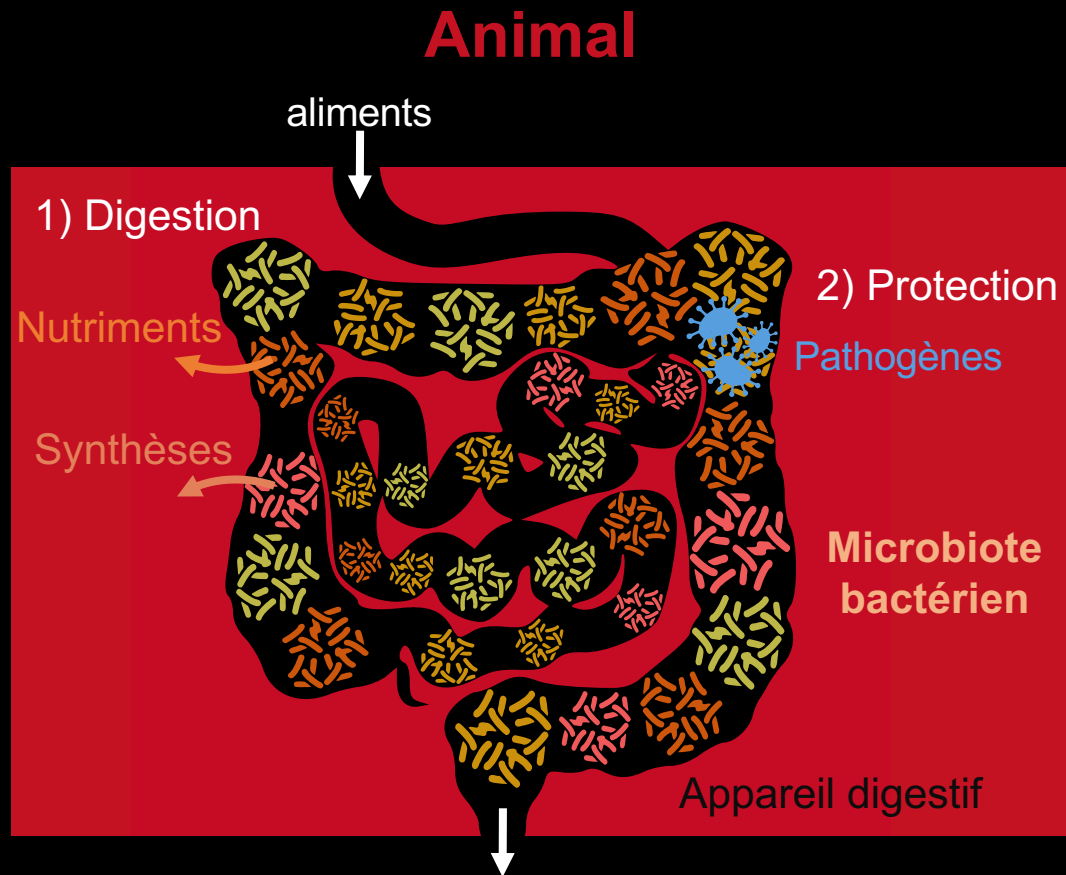
Microbiotes associés à des hôtes



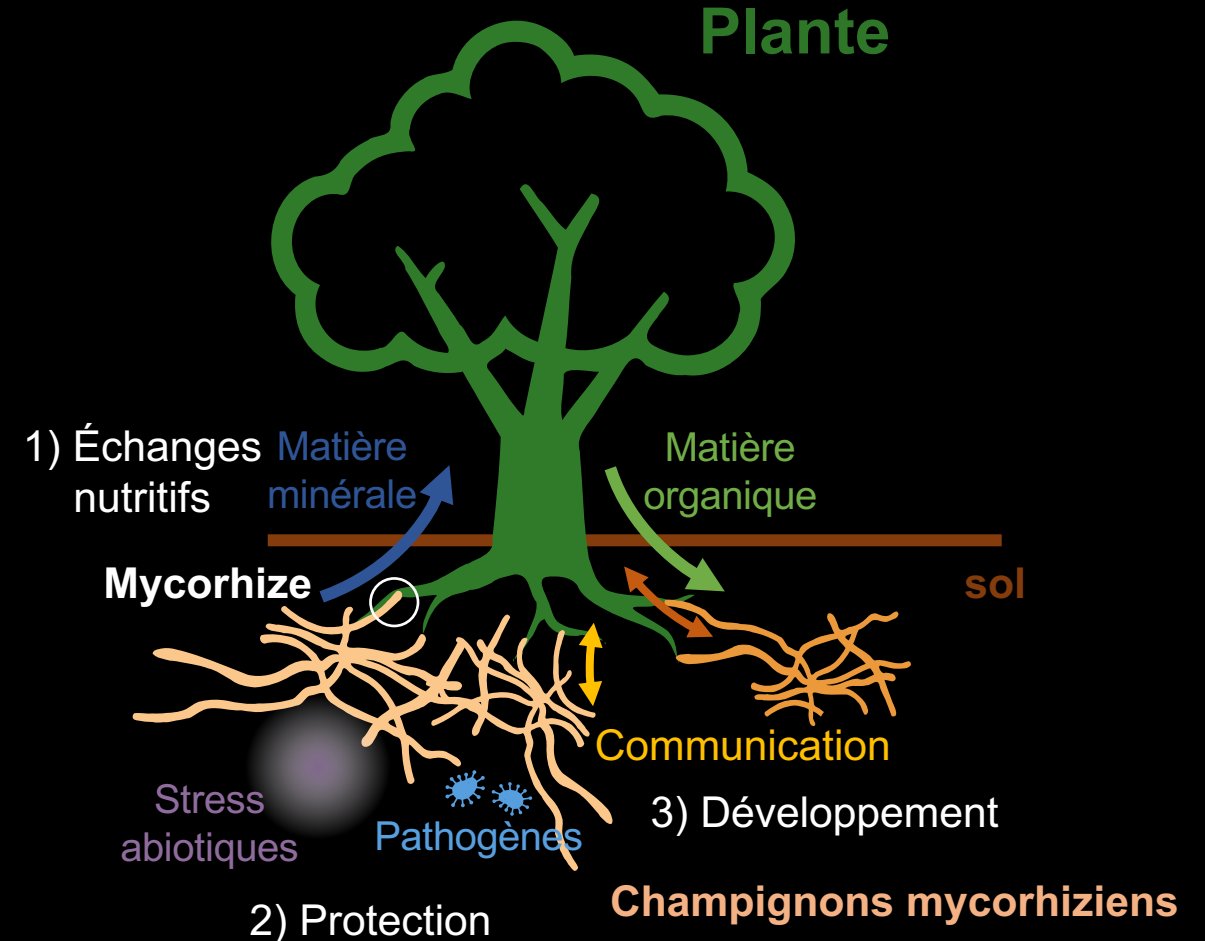
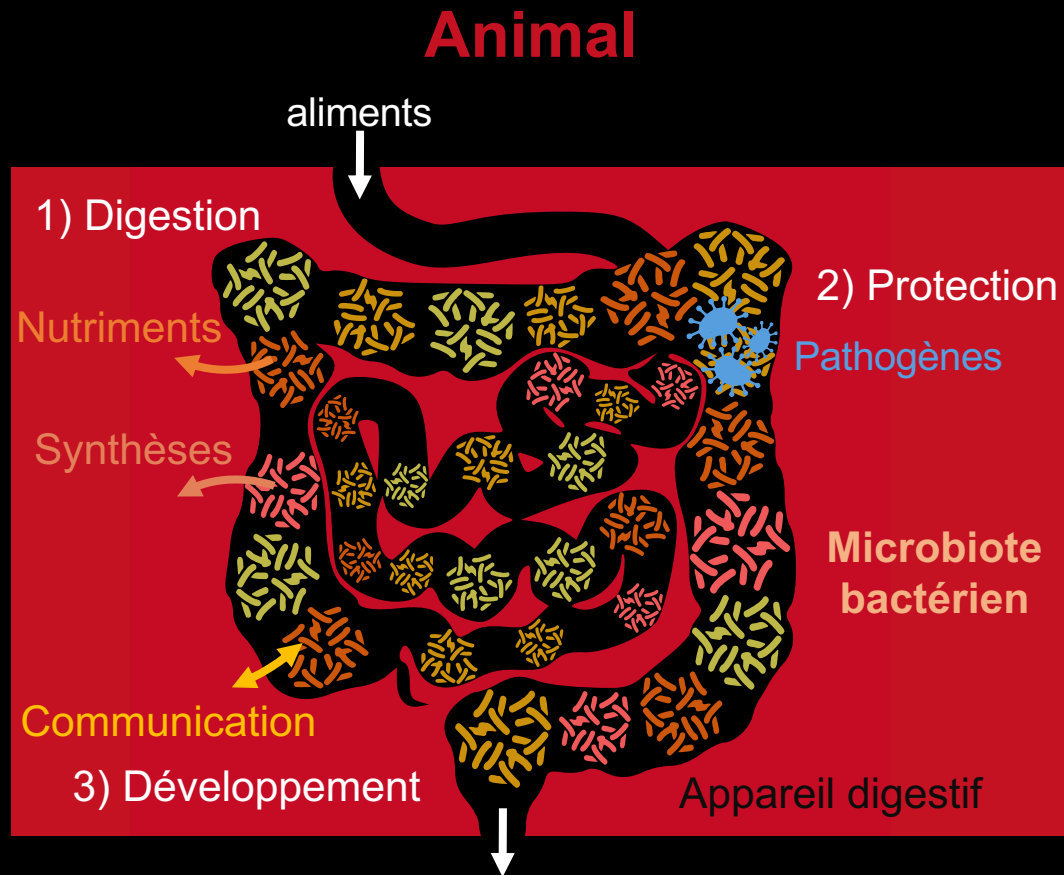
Microbiotes associés à des hôtes



Microbiotes associés à des hôtes



Microbiotes associés à des hôtes



Microbiotes associés à des hôtes

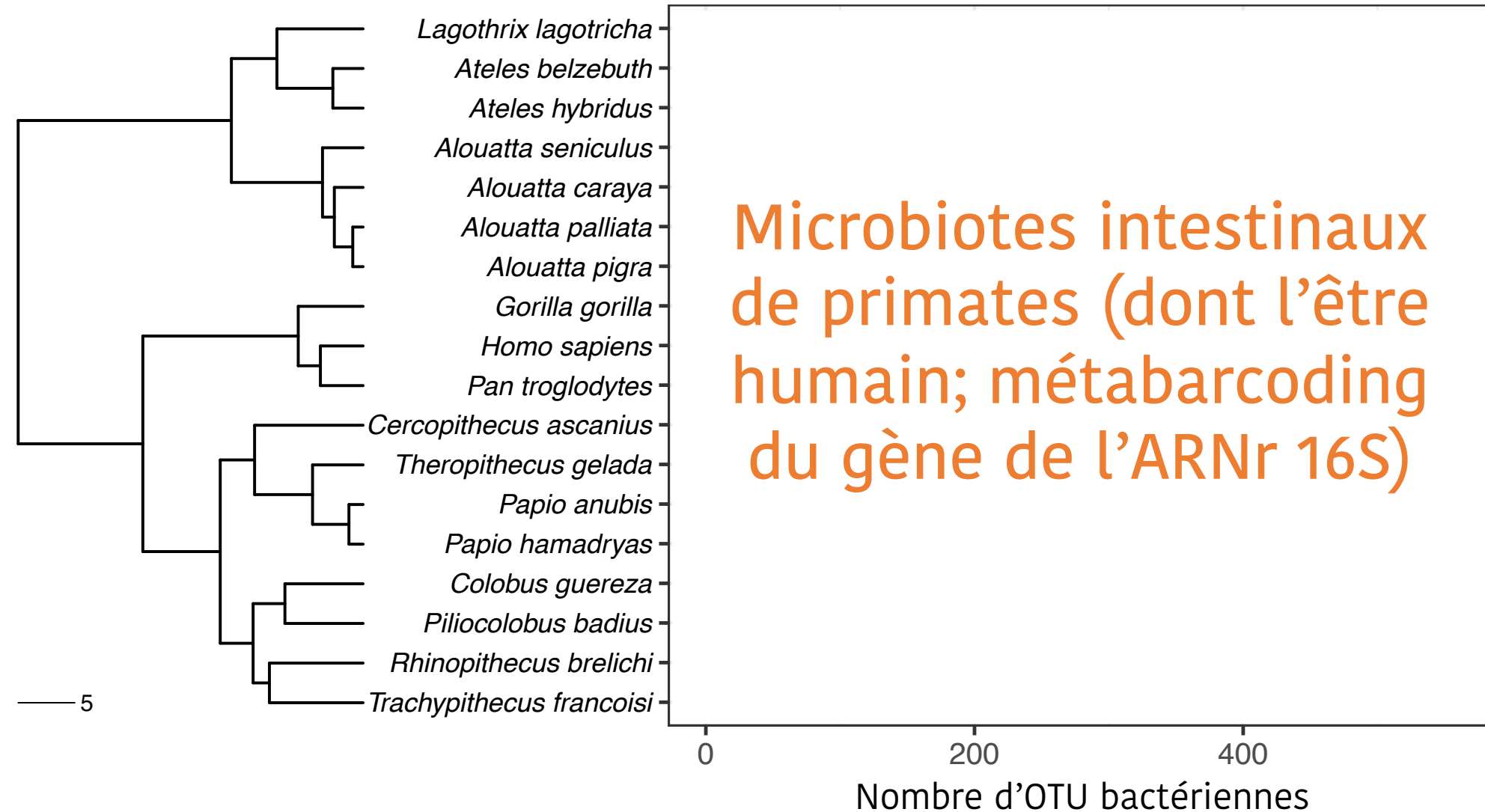
Animal

Plante

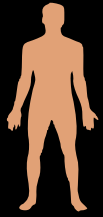
→ Compare la composition des microbiotes de différentes espèces d'hôtes différemment affectés par les pressions anthropiques



Microbiotes associés à des hôtes



Être humain

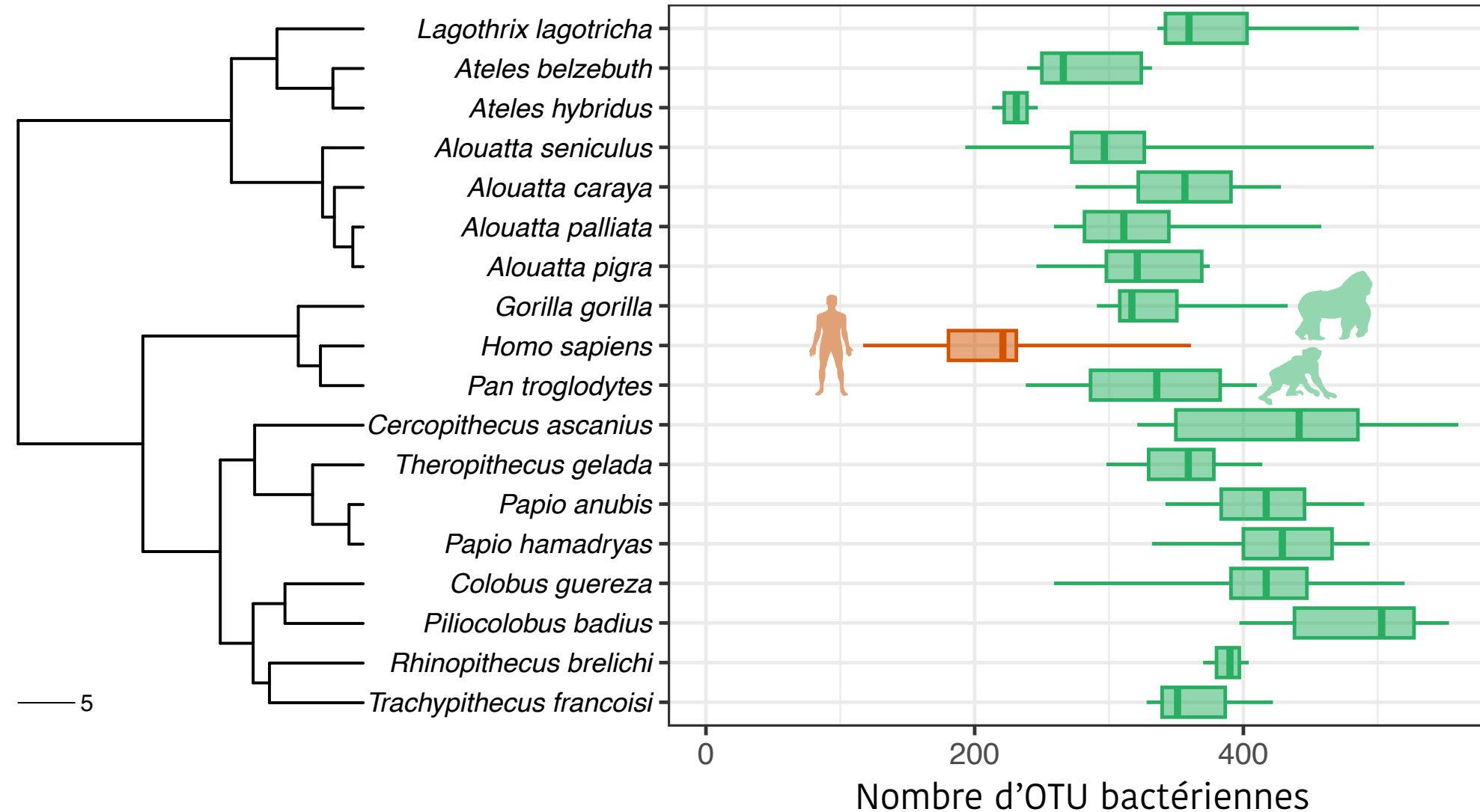


Autres espèces
de primates



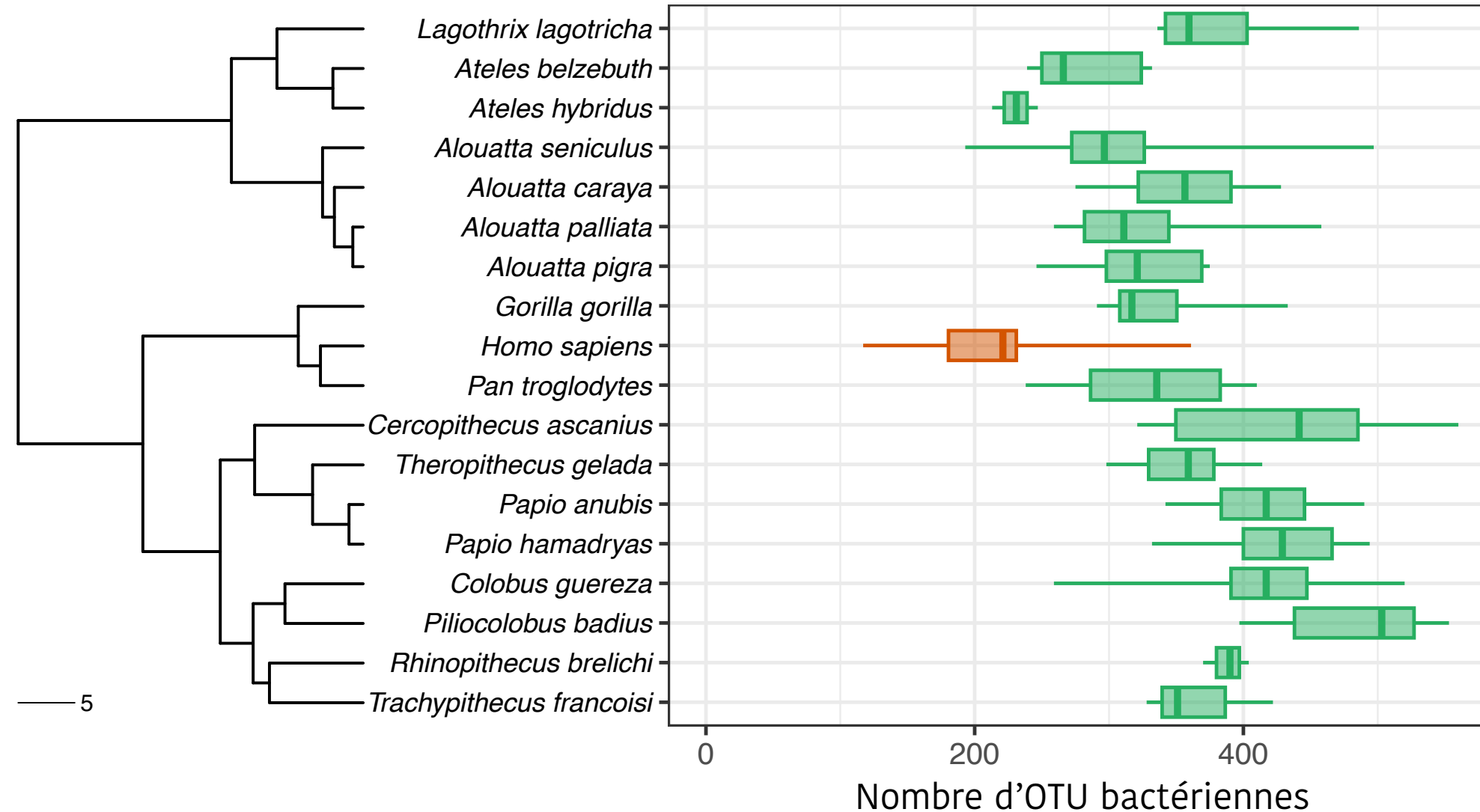
Données provenant de
Song et al. (2020),
Goodrich et al. (2014),
MacDonald et al. (2018)

Microbiotes associés à des hôtes



→ L'être humain présente un microbiote intestinal appauvri

Microbiotes associés à des hôtes



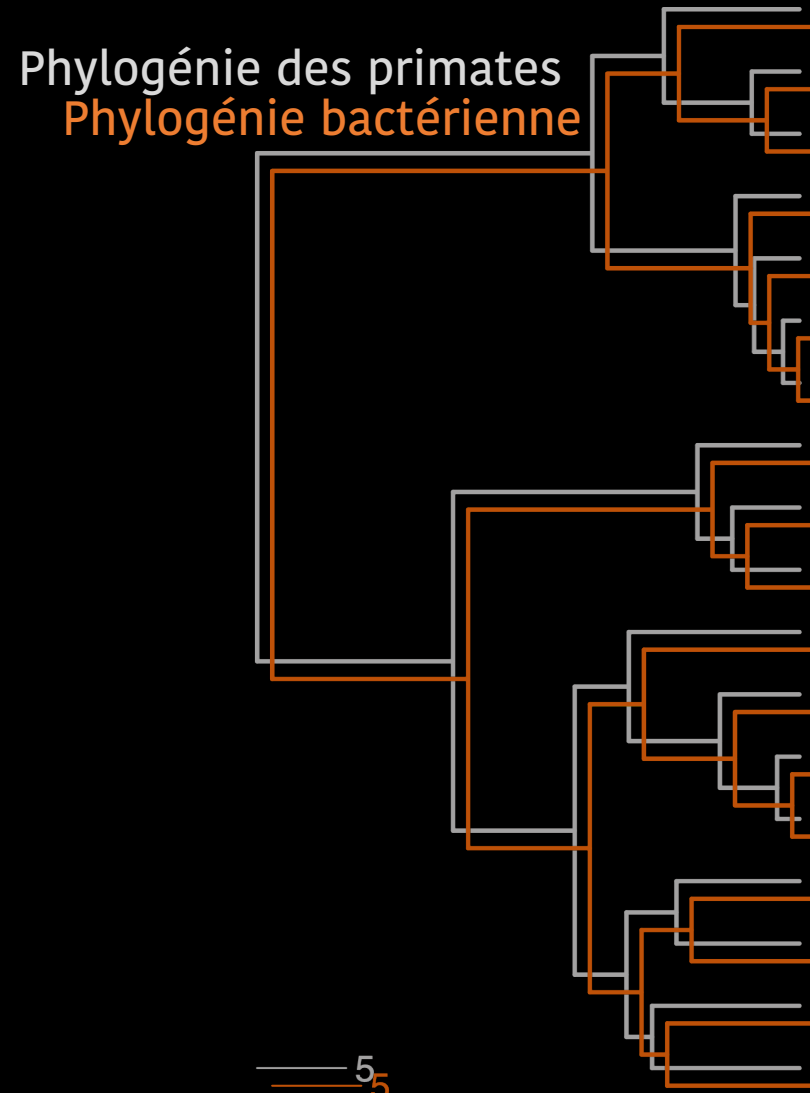
→ L'être humain présente un microbiote intestinal appauvri

→ bactéries en transit ?

Microbiotes associés à des hôtes

Des interactions
évolutivement conservées et
spécifiques ?

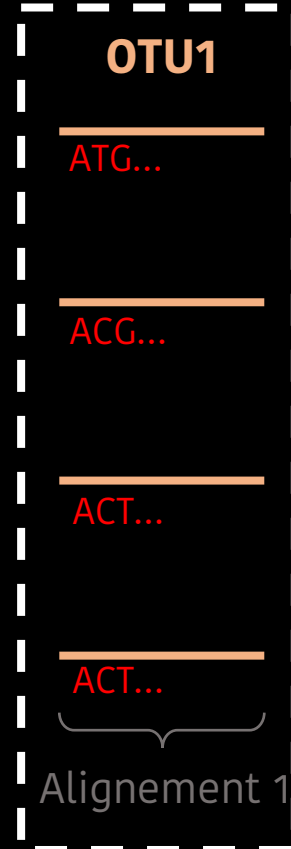
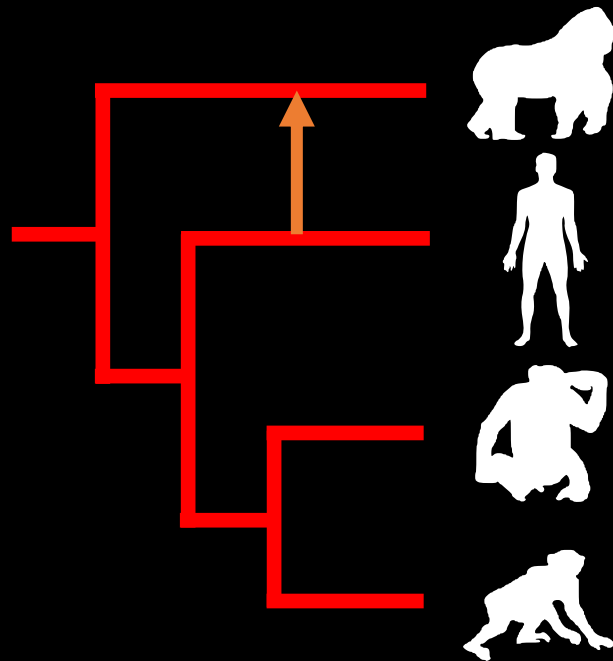
→ transmission verticale sur
le long terme ?



Microbiotes associés à des hôtes

Modèle de transmission verticale avec **transferts horizontaux**

Phylogénie des hôtes



Modèle d'évolution de l'ADN
et calcul de vraisemblance
→ Plus supporté qu'un modèle
d'évolutions indépendantes ?

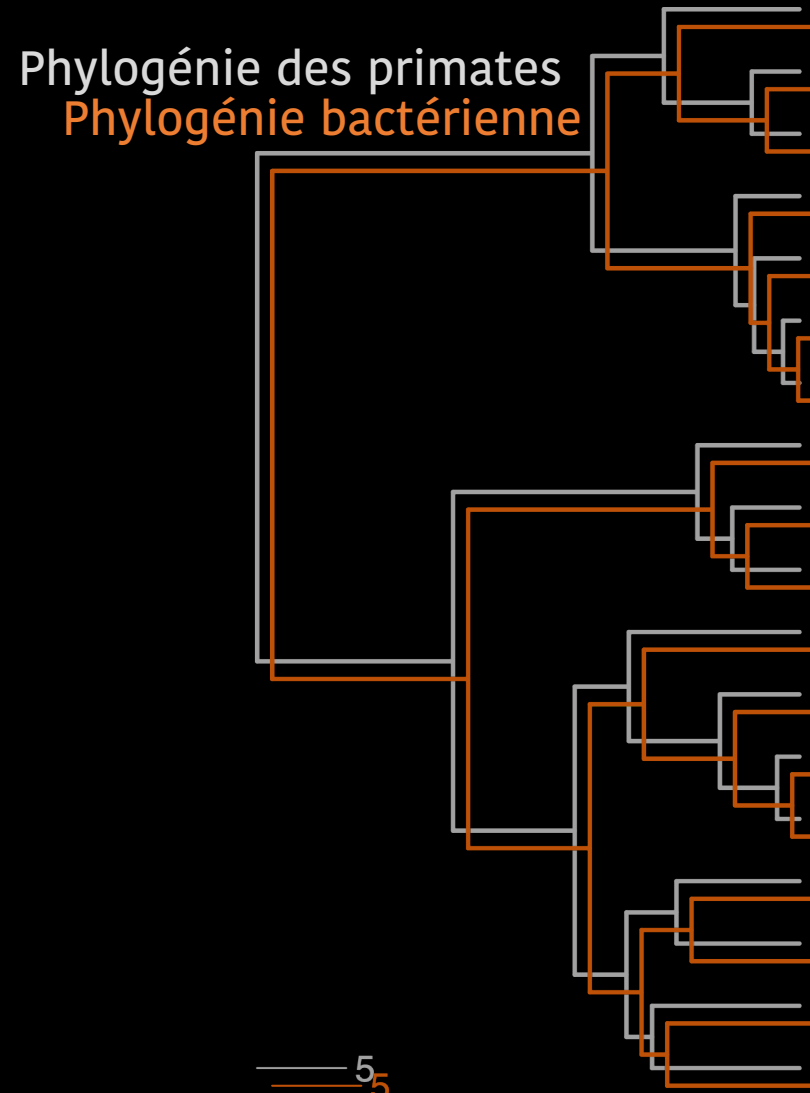
Variation
intra-OTU

Microbiotes associés à des hôtes

Entre 5% et 10% des bactéries intestinales des primates sont transmises verticalement (arbres phylogénétiques concordants)

(Perez-Lamarque & Morlon, 2019, 2022)

→ symbiose sur le long terme



Microbiotes associés à des hôtes

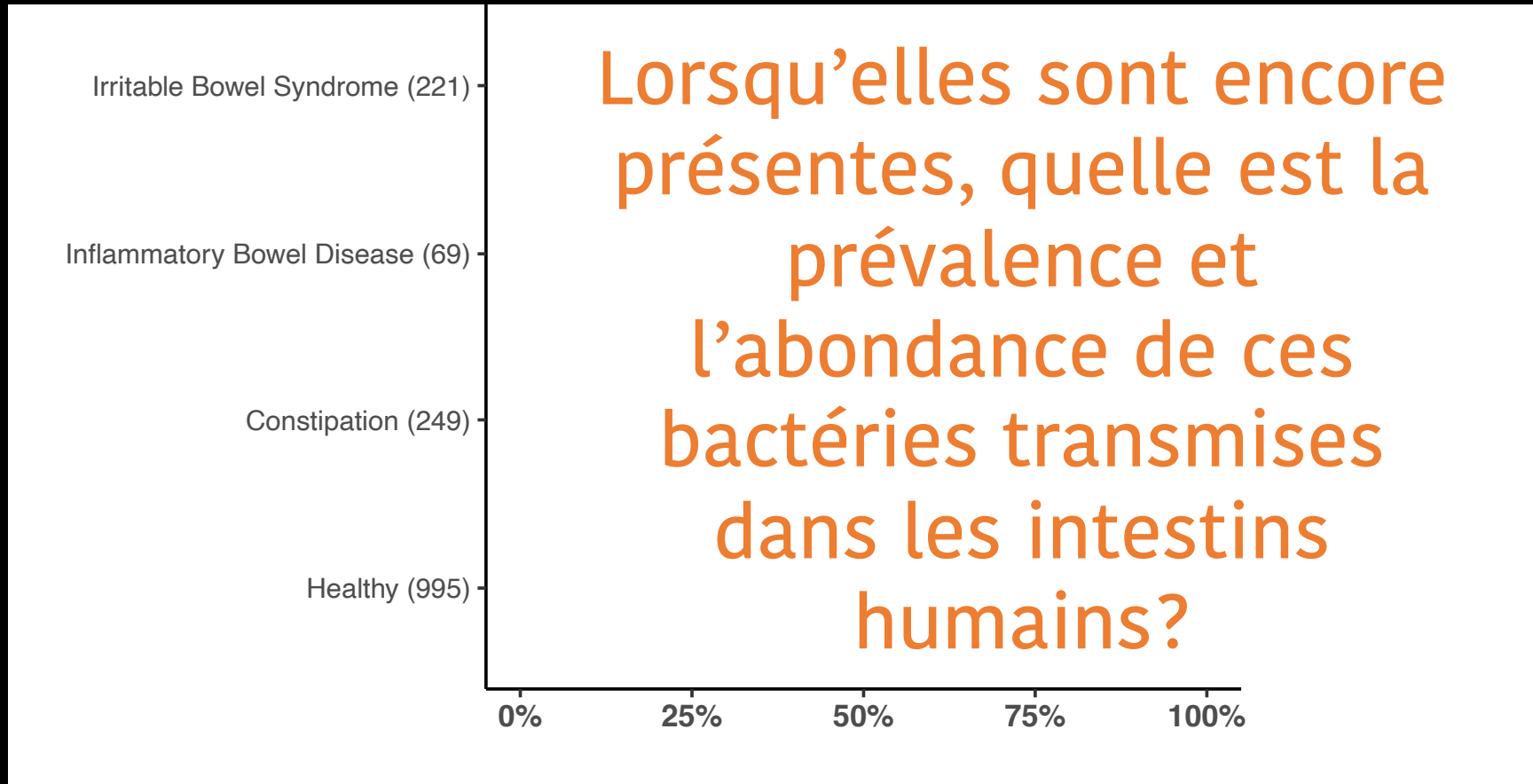
Entre 5% et 10% des bactéries intestinales des primates sont transmises verticalement (arbres phylogénétiques concordants)

(Perez-Lamarque & Morlon, 2019, 2022)

>25% des bactéries transmises chez les primates ont été définitivement perdues chez l'être humain (extinctions bactériennes)

→ symbiose sur le long terme

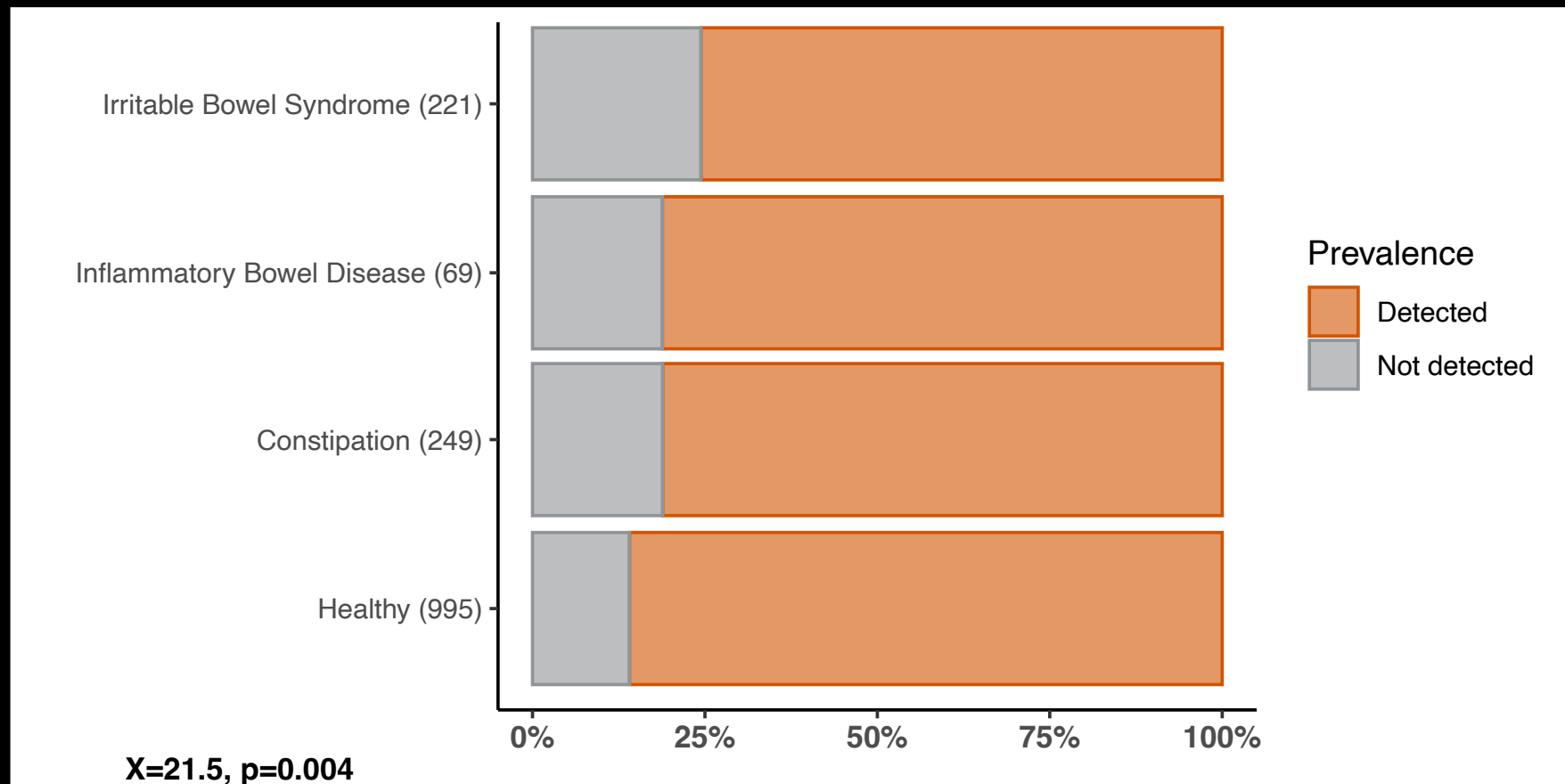
Microbiotes associés à des hôtes



Données issues
de l'American
Gut Project
(MacDonald et
al. 2018)

Microbiotes associés à des hôtes

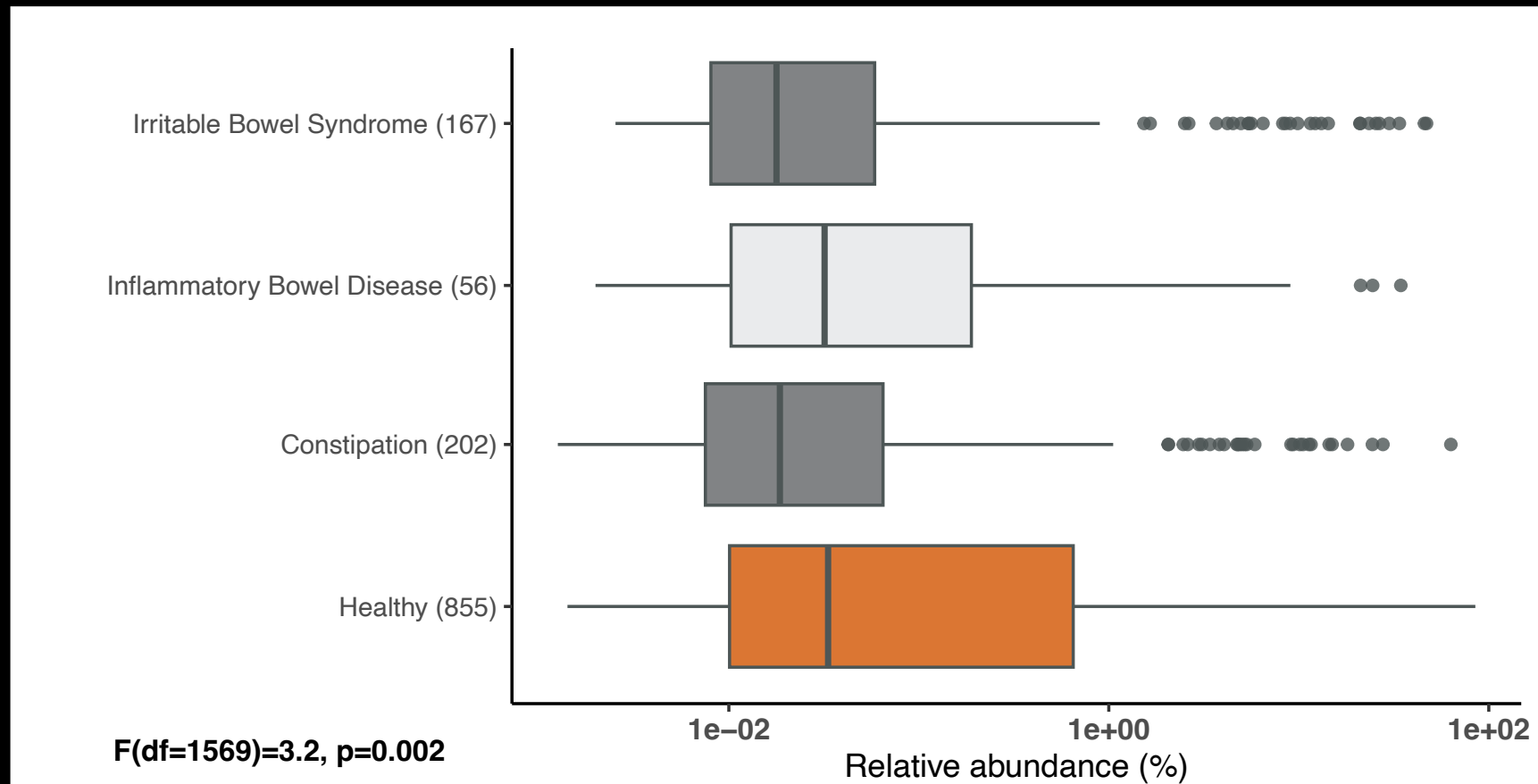
Corrélation avec des maladies non-infectieuses (e.g. *Prevotella copri*)



Données issues
de l'American
Gut Project
(MacDonald et
al. 2018)

Microbiotes associés à des hôtes

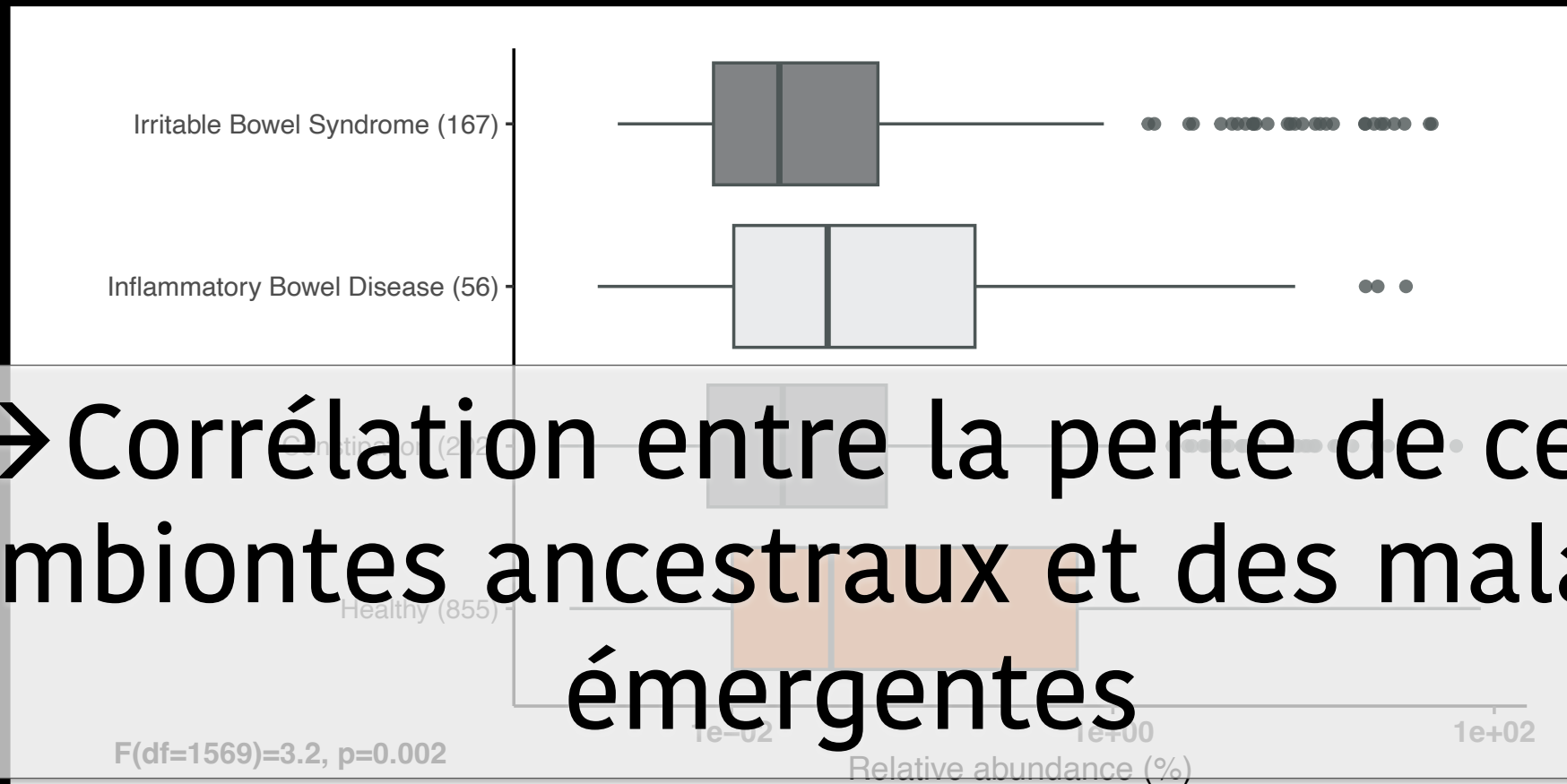
Corrélation avec des maladies non-infectieuses (e.g. *Prevotella copri*)



Données issues
de l'American
Gut Project
(MacDonald et
al. 2018)

Microbiotes associés à des hôtes

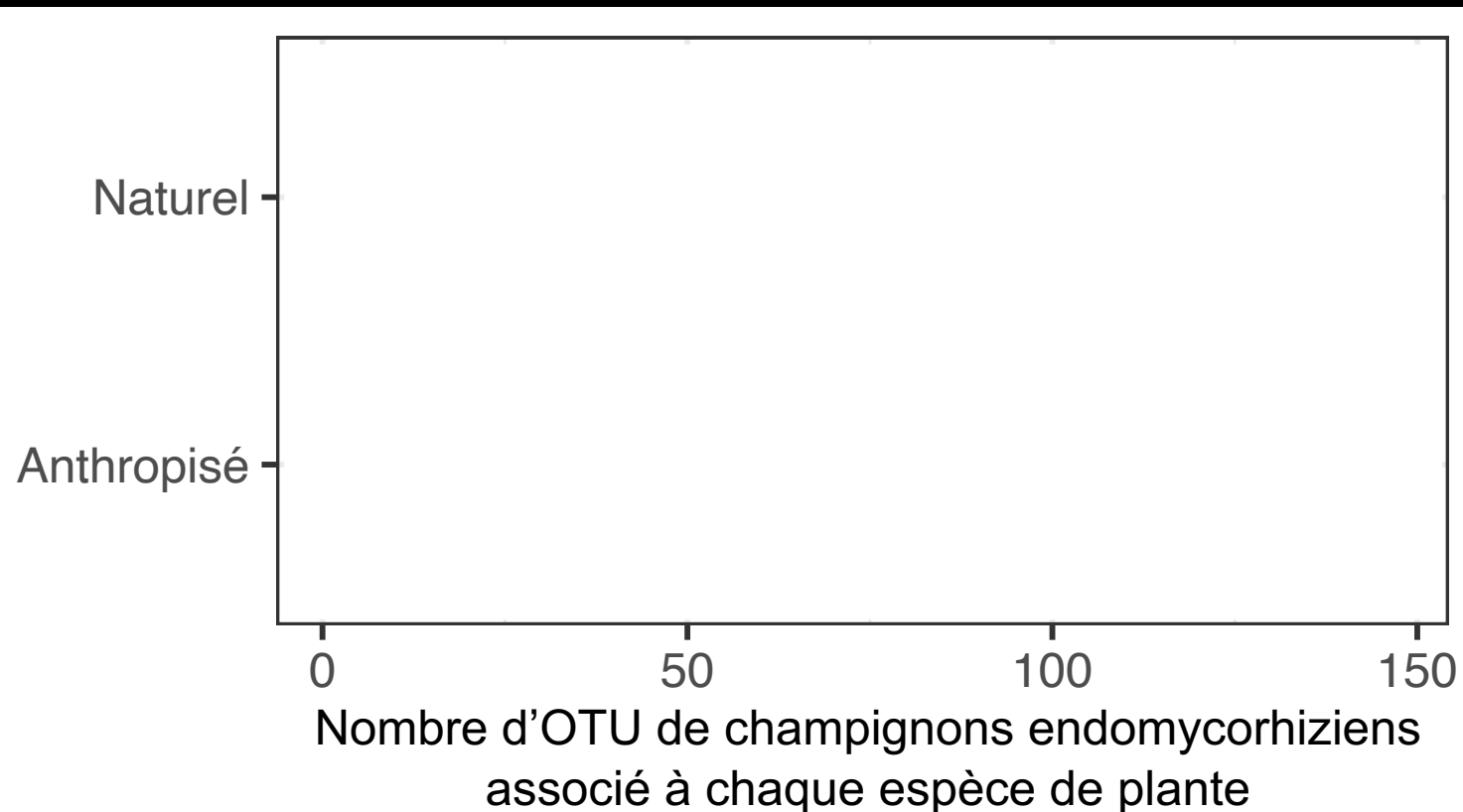
Corrélation avec des maladies non-infectieuses (e.g. *Prevotella copri*)



Journal of the American
Gut Project
(MacDonald et
al. 2018)

Microbiotes associés à des hôtes

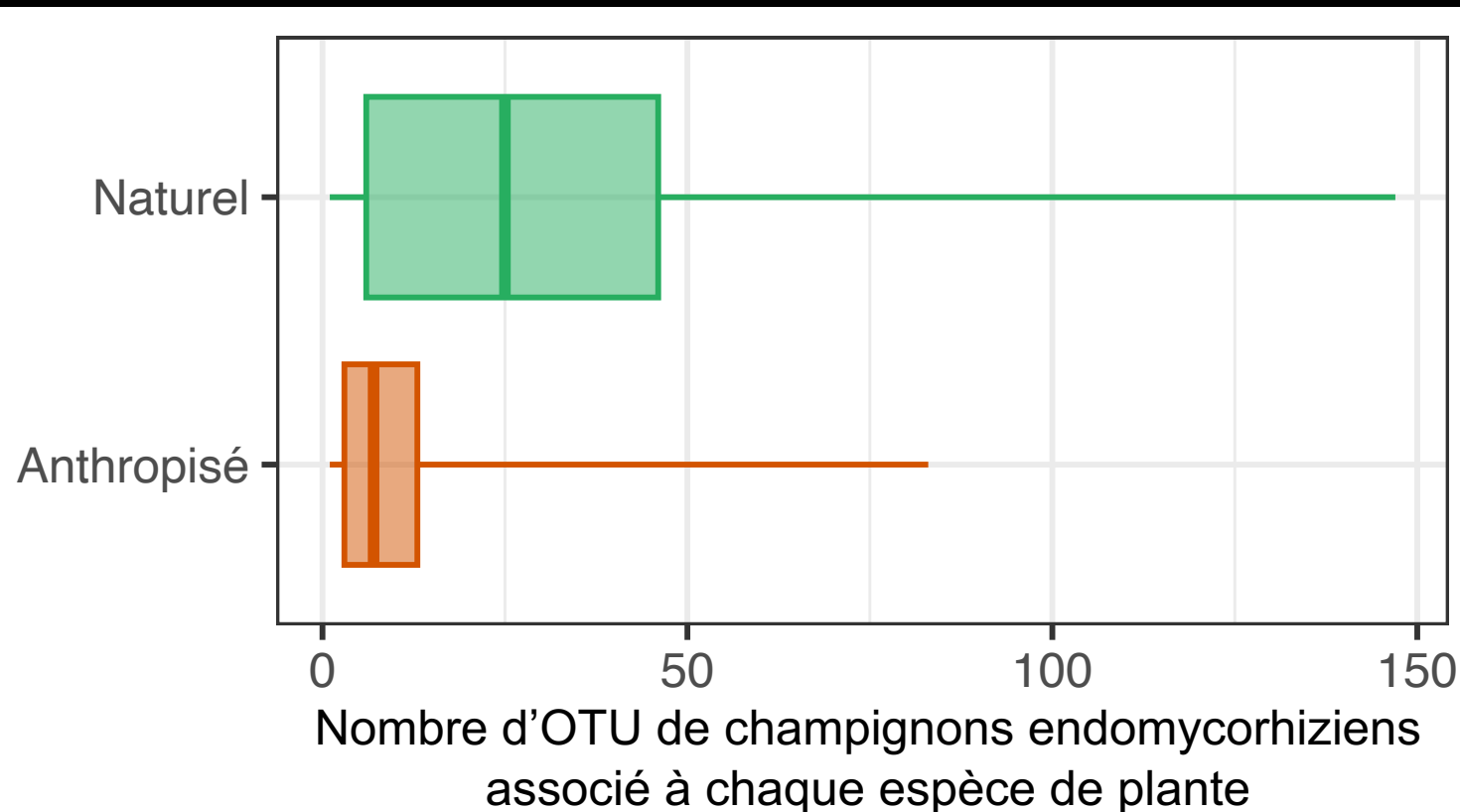
Microbiote mycorhizien des racines des plantes :



Données issues de la
base de données
MaarjAM
d'interactions
plantes-
Glomeromycotina
(Öpik et al. 2010)

Microbiotes associés à des hôtes

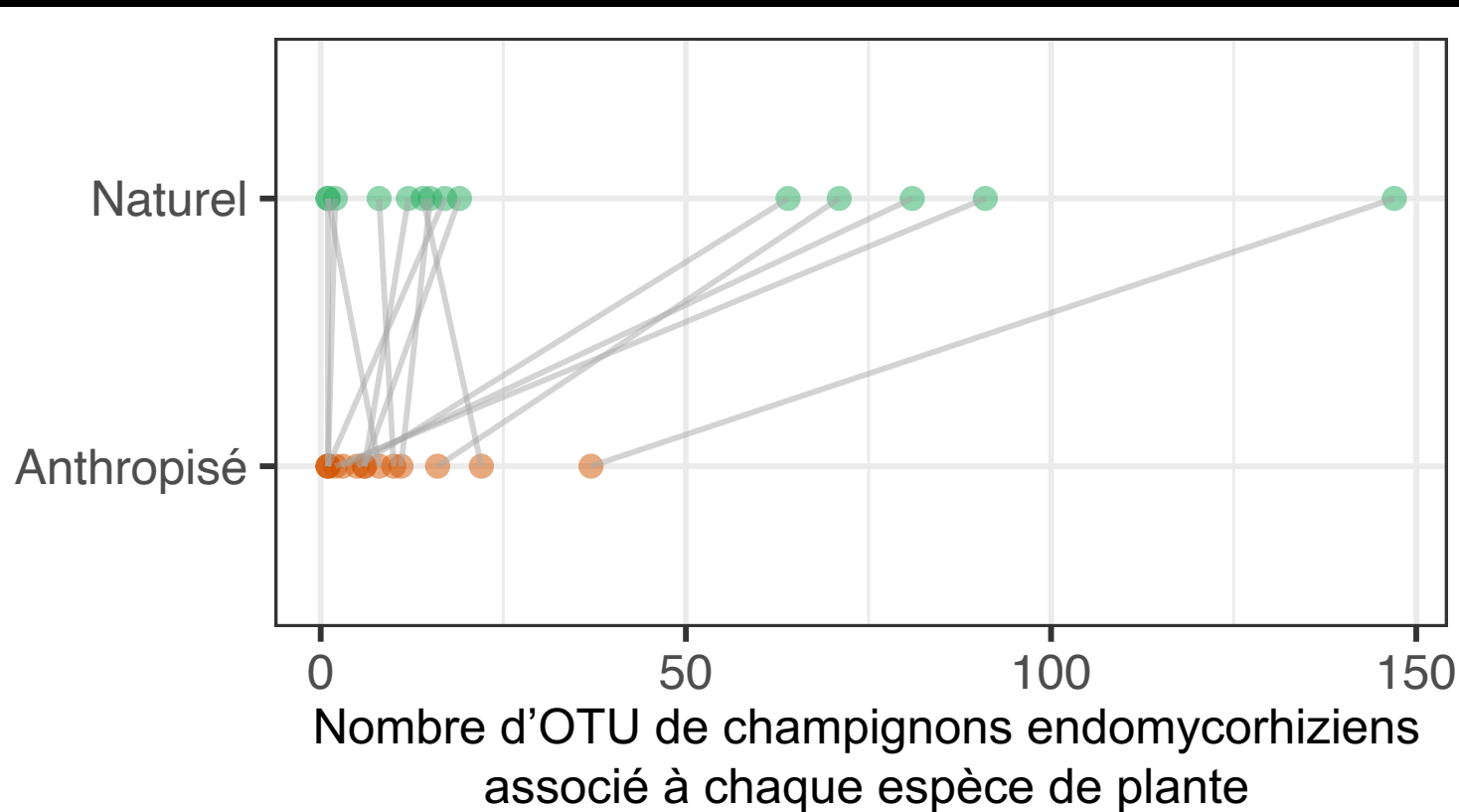
Patrons similaires dans les racines des plantes :



Données issues de la
base de données
MaarjAM
d'interactions
plantes-
Glomeromycotina
(Öpik et al. 2010)

Microbiotes associés à des hôtes

Patrons similaires dans les racines des plantes :



Données issues de la
base de données
MaarjAM
d'interactions
plantes-
Glomeromycotina
(Öpik et al. 2010)

Documenter la dynamique de la biodiversité microbienne

Deux approches pour avoir une idée des dynamiques de diversité de communautés microbiennes :

→ Dans les microbiotes associés à des hôtes
(animaux ou végétaux)

Documenter la dynamique de la biodiversité microbienne

Deux approches pour avoir une idée des dynamiques de diversité de communautés microbiennes :

- Dans les microbiotes associés à des hôtes (animaux ou végétaux)
- Dans les communautés microbiennes « libres » de l'environnement

Documenter la dynamique de biodiversité microbienne dans des communautés libres



Documenter la dynamique de biodiversité microbienne dans des communautés libres



→ Utilisation de séries temporelles issues des banques d'échantillons environnementaux (ESB)



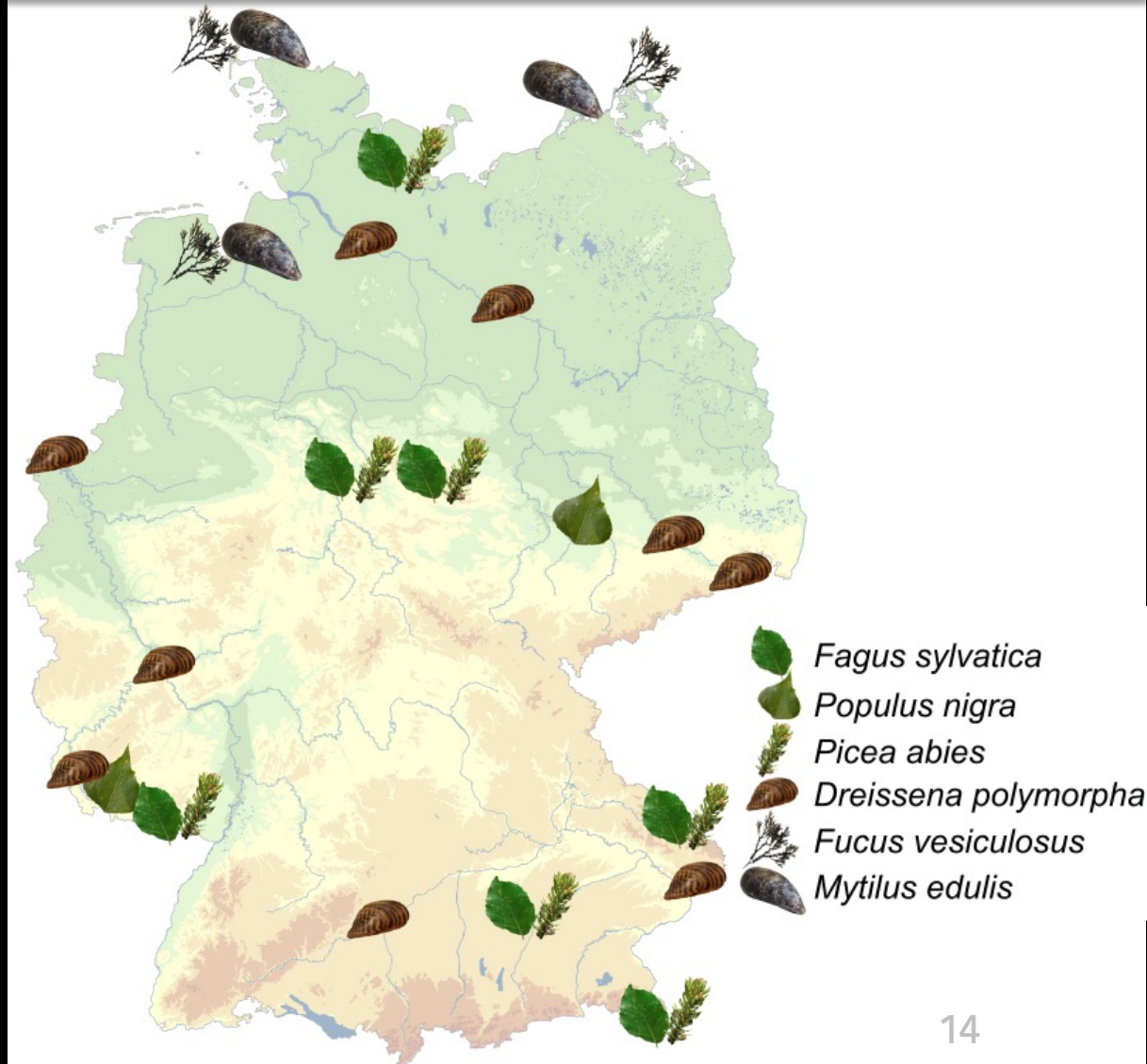
Documenter la dynamique de biodiversité microbienne dans des communautés libres

Environmental Specimen Banks (ESB)

→ milieux aquatiques
(moules et algues)

→ milieux terrestres
(feuilles de 3 espèces)

Conservés en azote liquide

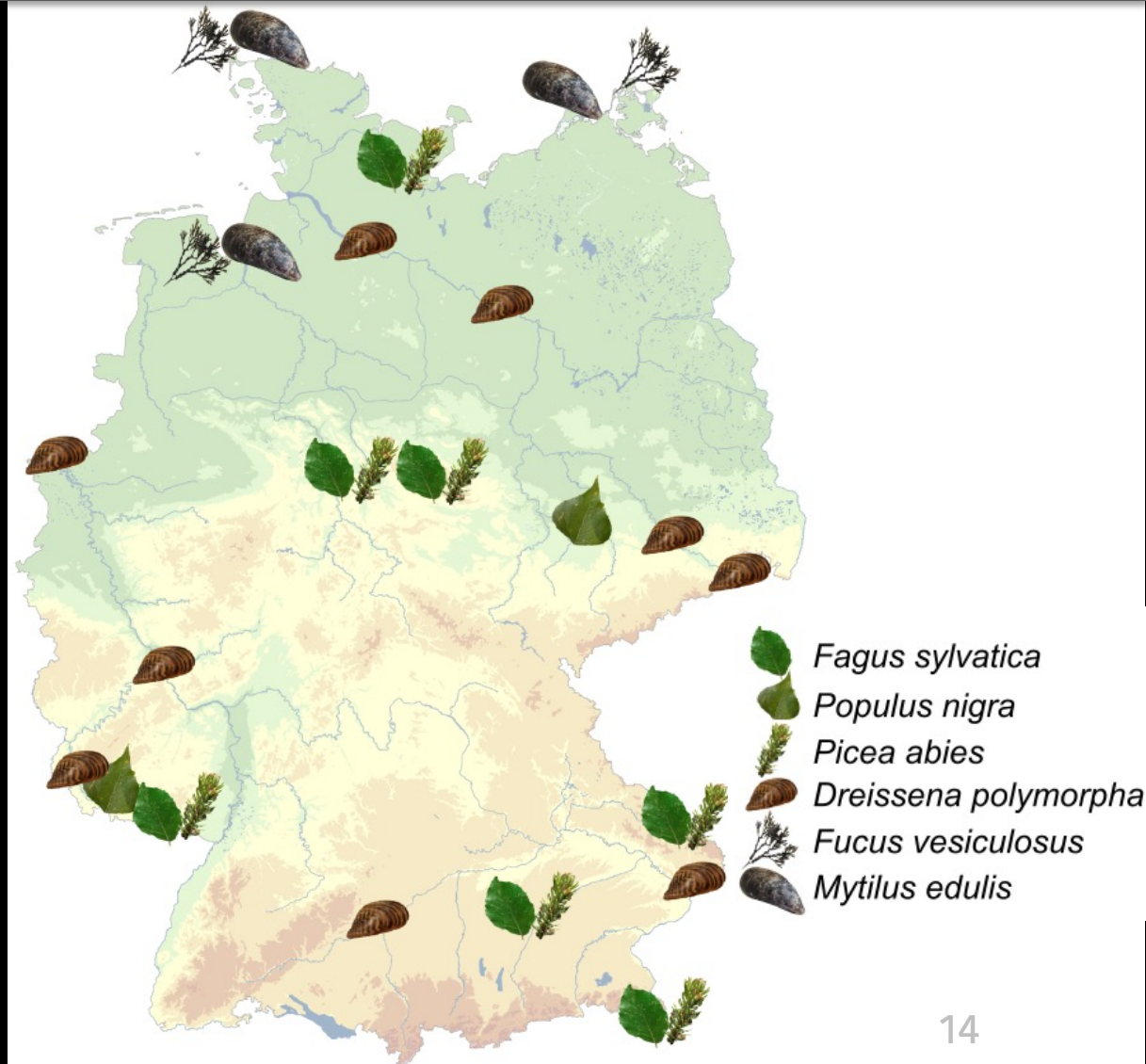


Documenter la dynamique de biodiversité microbienne dans des communautés libres

Environmental Specimen Banks (ESB)

Métabarcoding réalisé par
Henrik Krehenwinkel *et al.*
(Université de Trier) :

- procaryotes (ARNr 16S)
- micro-eucaryotes (ARNr 18S)
- champignons (ITS)



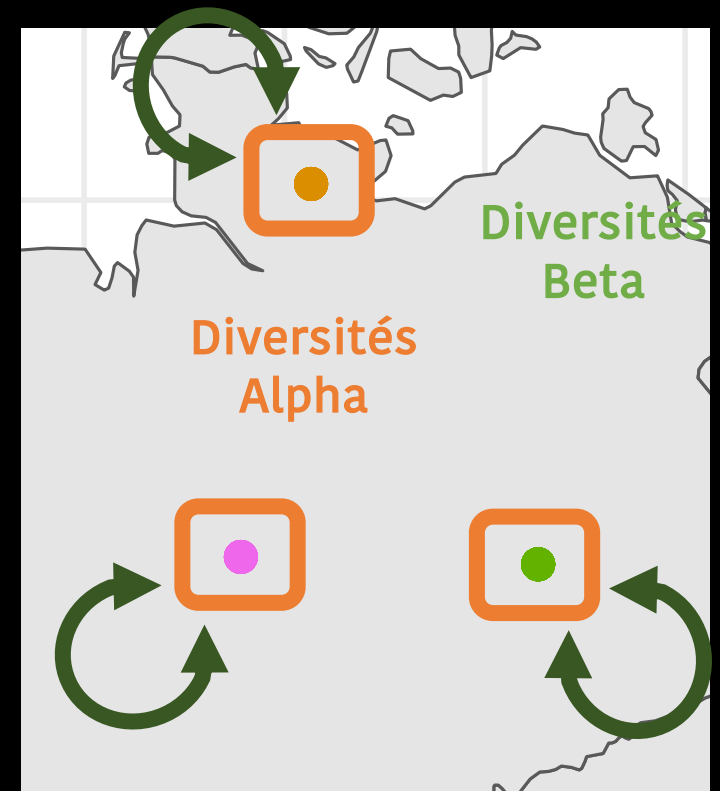
Documenter la dynamique de biodiversité microbienne dans des communautés libres

→ **Diversité Alpha** : Richesse en OTU
→ diversité locale



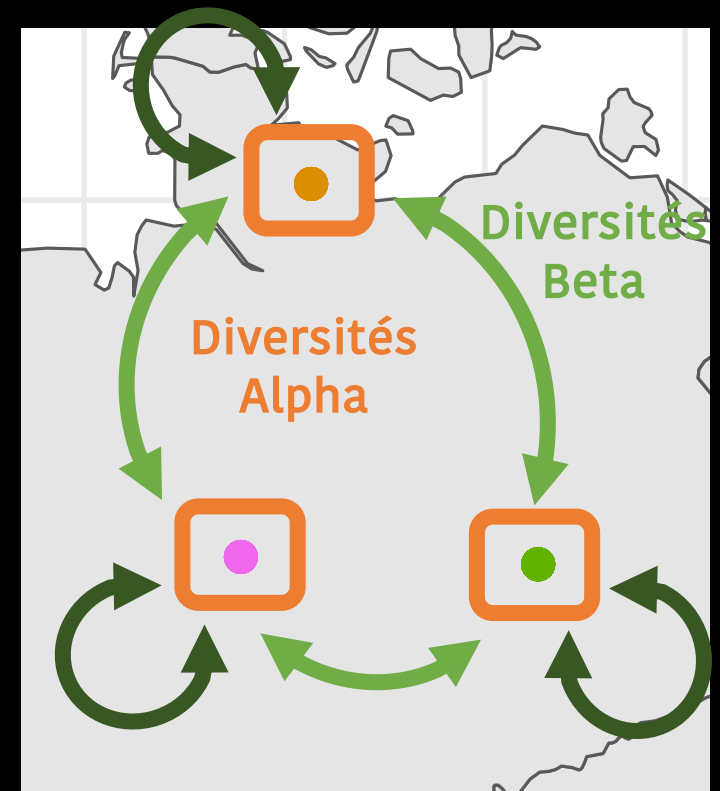
Documenter la dynamique de biodiversité microbienne dans des communautés libres

- **Diversité Alpha** : Richesse en OTU
→ diversité locale
- **Diversité Beta** : Distance de Jaccard
→ diversité compositionnelle (au cours du temps ou dans l'espace)



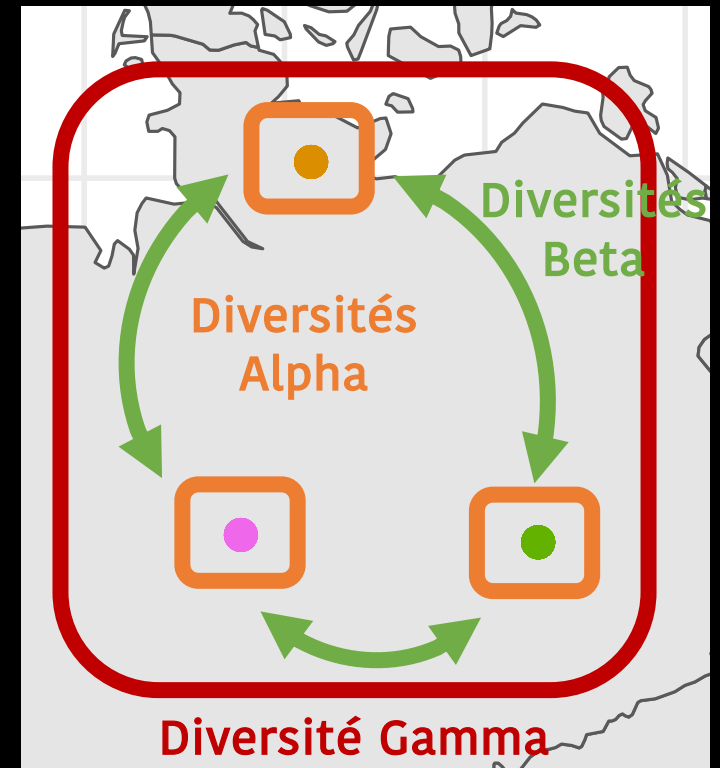
Documenter la dynamique de biodiversité microbienne dans des communautés libres

- **Diversité Alpha** : Richesse en OTU
→ diversité locale
- **Diversité Beta** : Distance de Jaccard
→ diversité compositionnelle (au cours du temps ou dans l'espace)



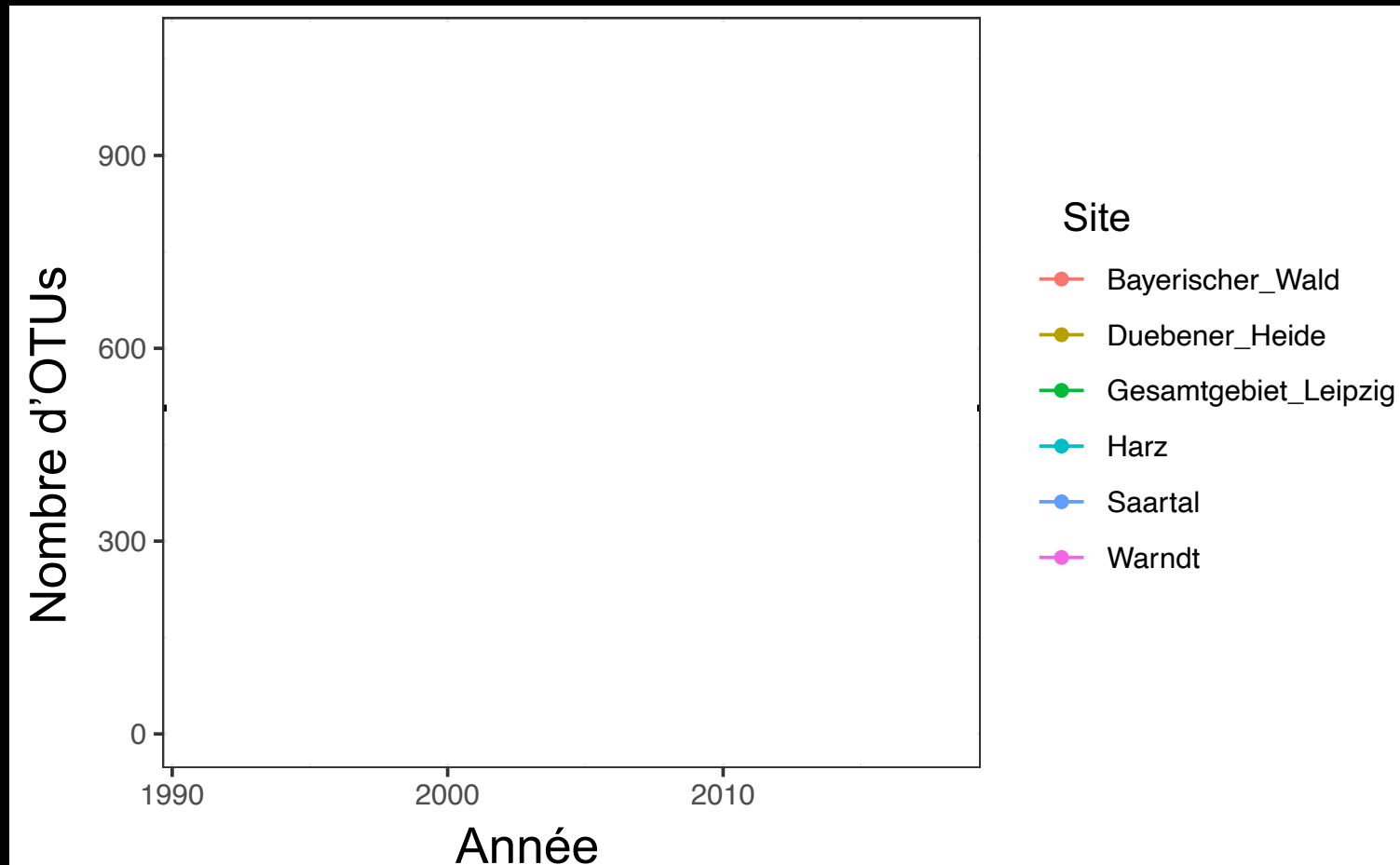
Documenter la dynamique de biodiversité microbienne dans des communautés libres

- **Diversité Alpha** : Richesse en OTU
→ diversité locale
- **Diversité Beta** : Distance de Jaccard
→ diversité compositionnelle (au cours du temps ou dans l'espace)
- **Diversité Gamma** : bootstrapping
→ diversité régionale

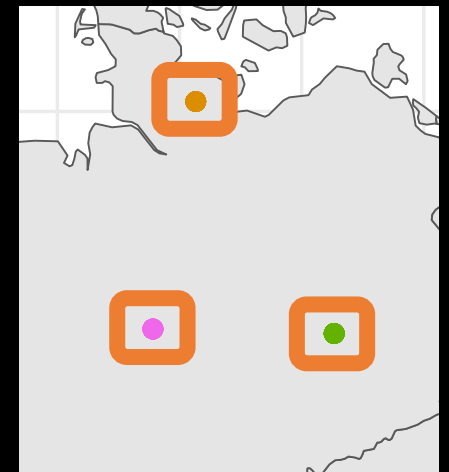


Documenter la dynamique de biodiversité microbienne dans des communautés libres

Diversité Alpha

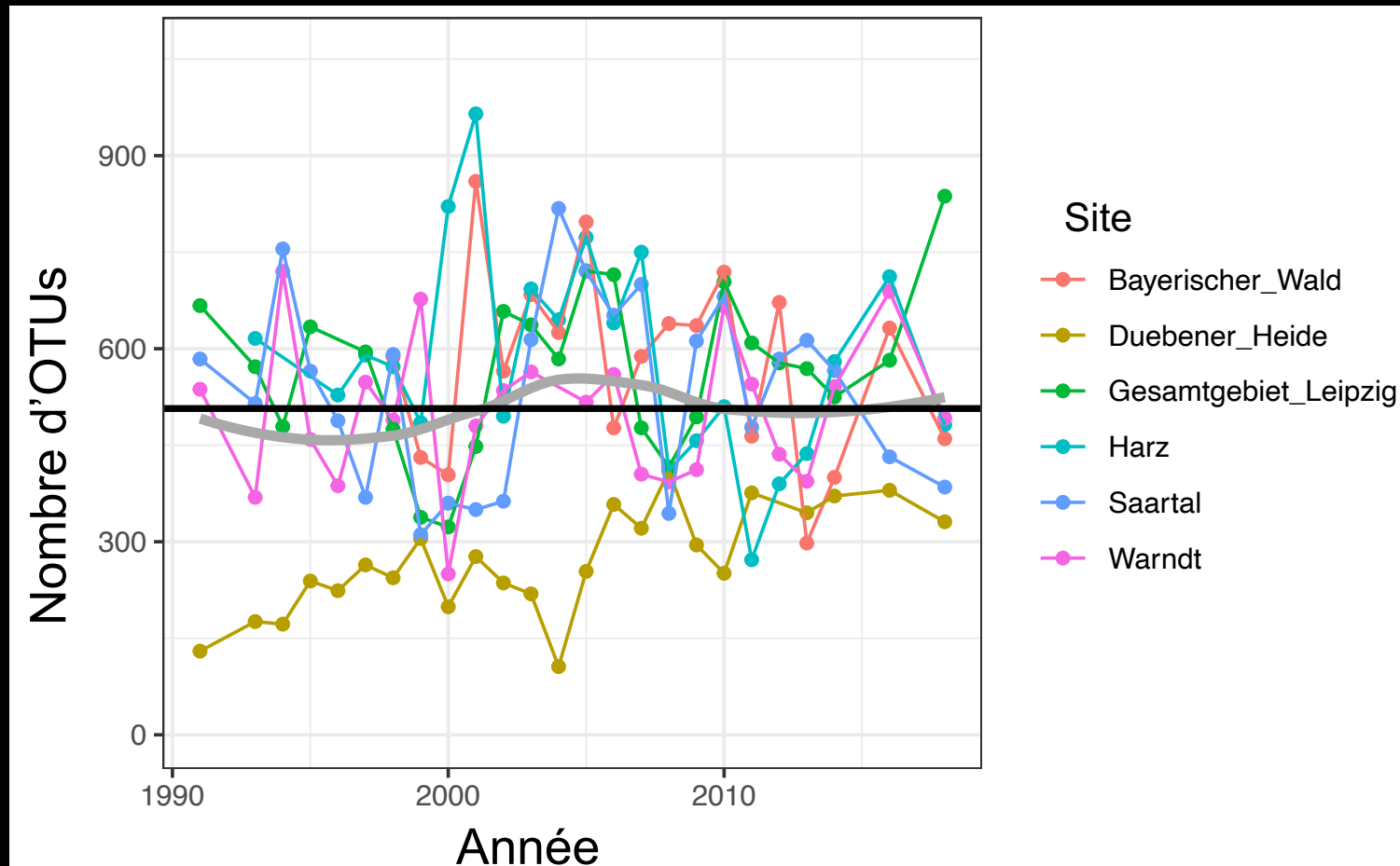


Fagus salvetica
(16S – surface foliaire)



Documenter la dynamique de biodiversité microbienne dans des communautés libres

Diversité Alpha

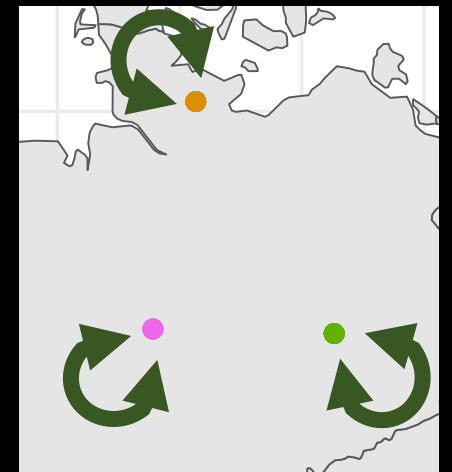
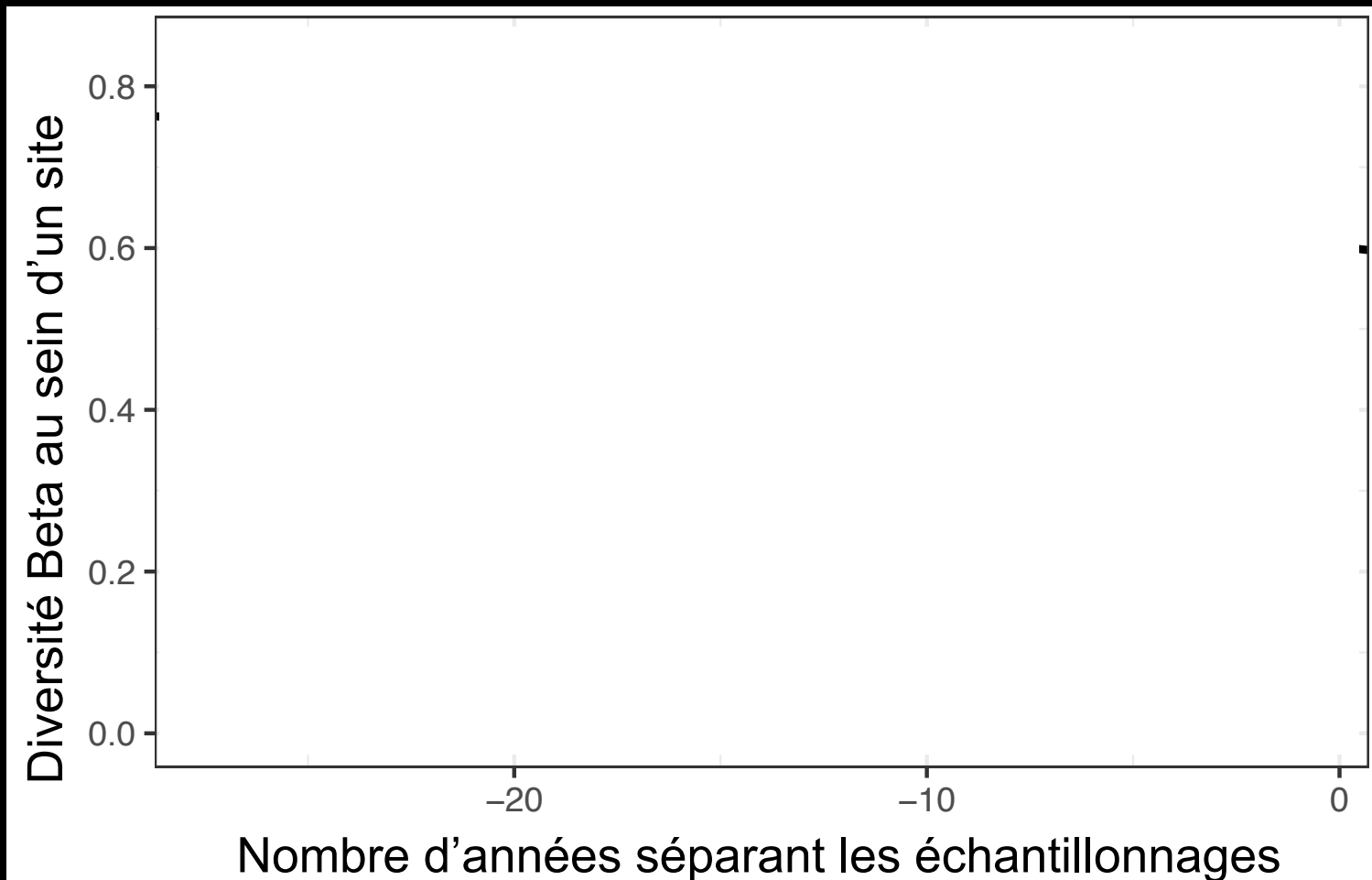


Fagus salvetica
(16S – surface
foliaire)

→ pas de
perte de
diversité
locale

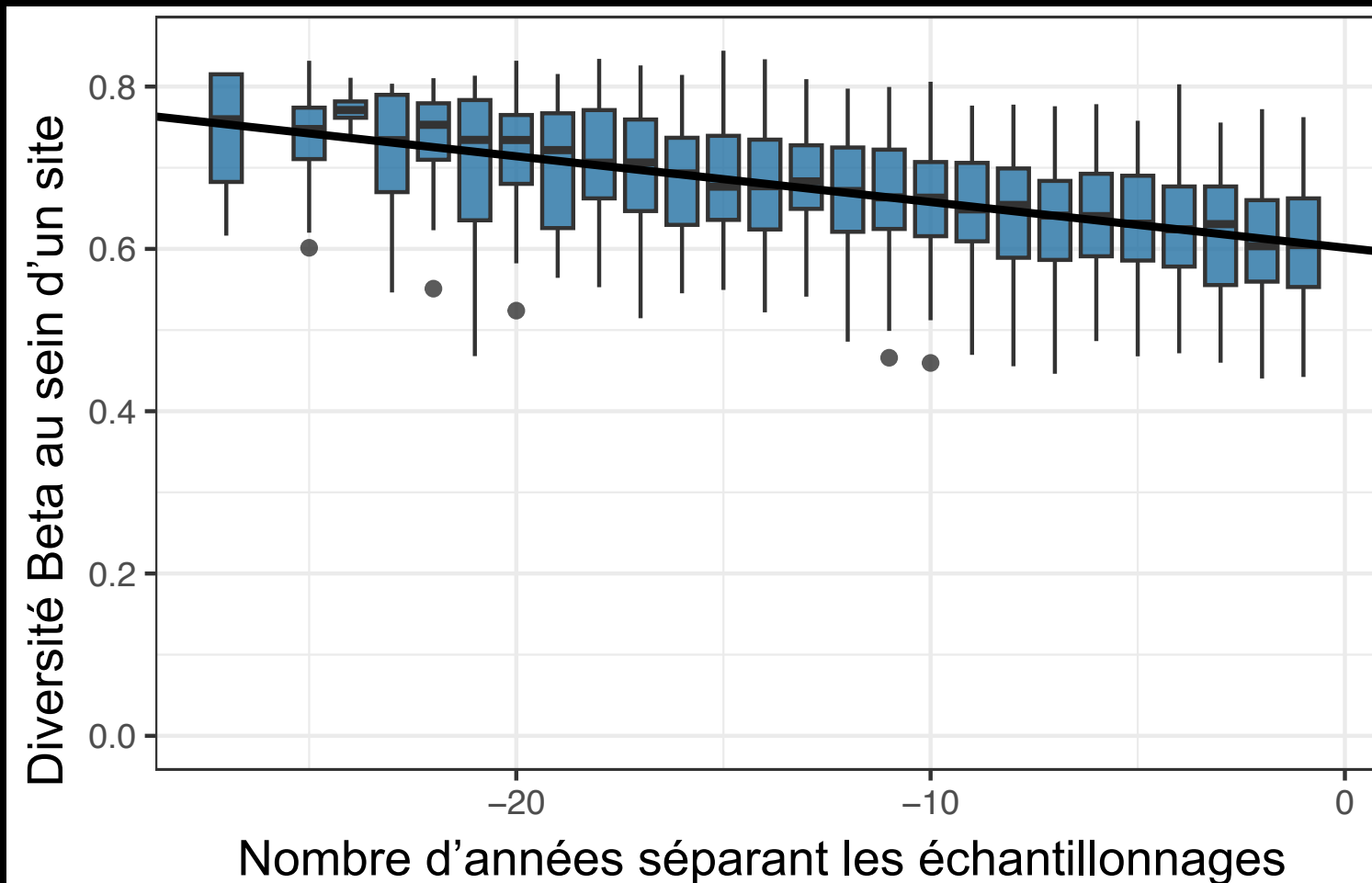
Documenter la dynamique de biodiversité microbienne dans des communautés libres

Diversité Beta de chaque site en fonction du temps



Documenter la dynamique de biodiversité microbienne dans des communautés libres

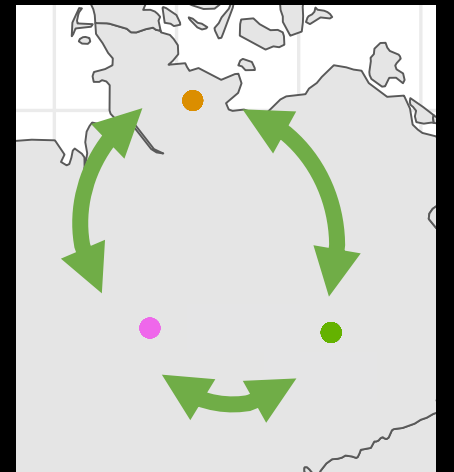
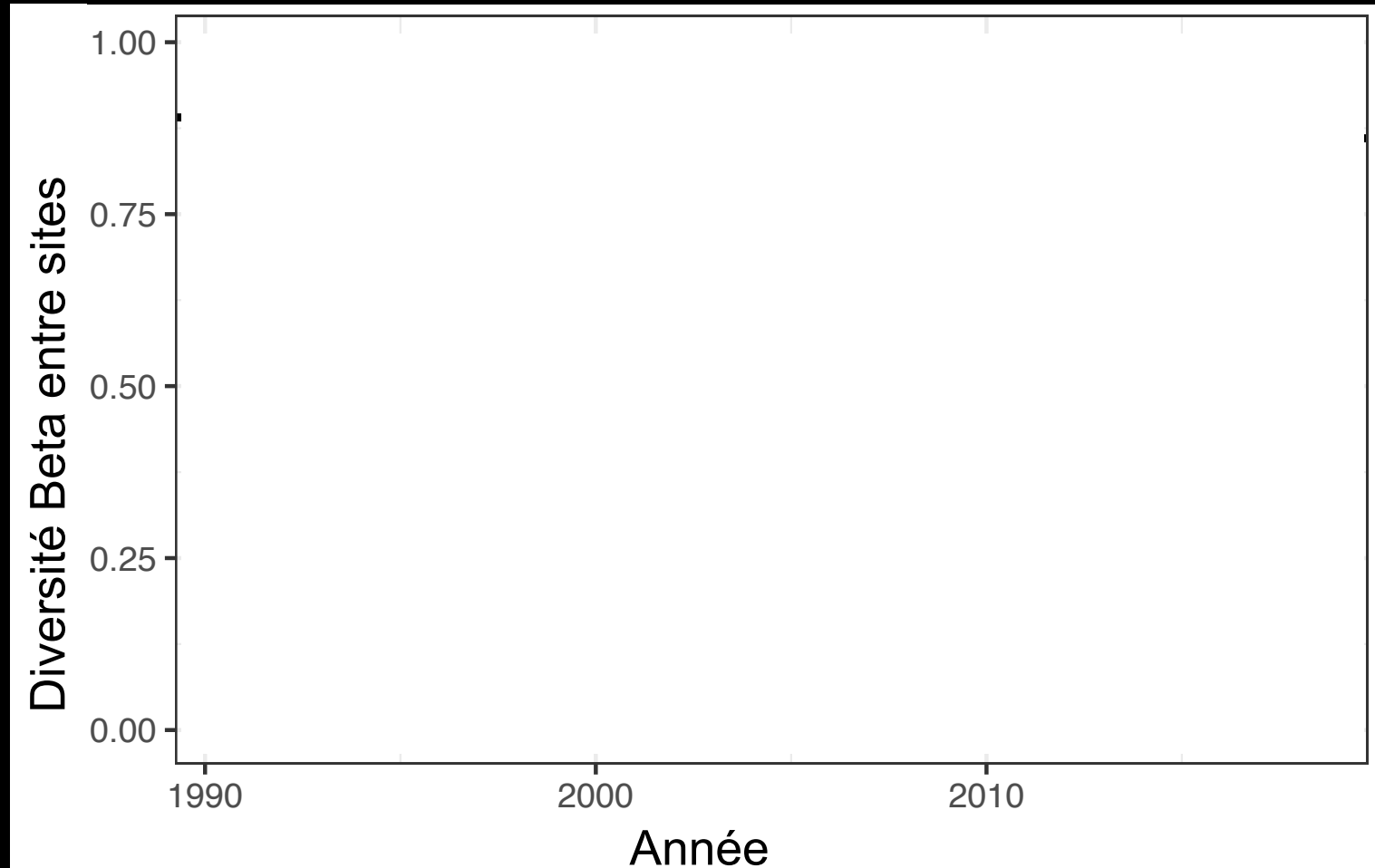
Diversité Beta de chaque site en fonction du temps



→ Changement de la composition des communautés au cours du temps

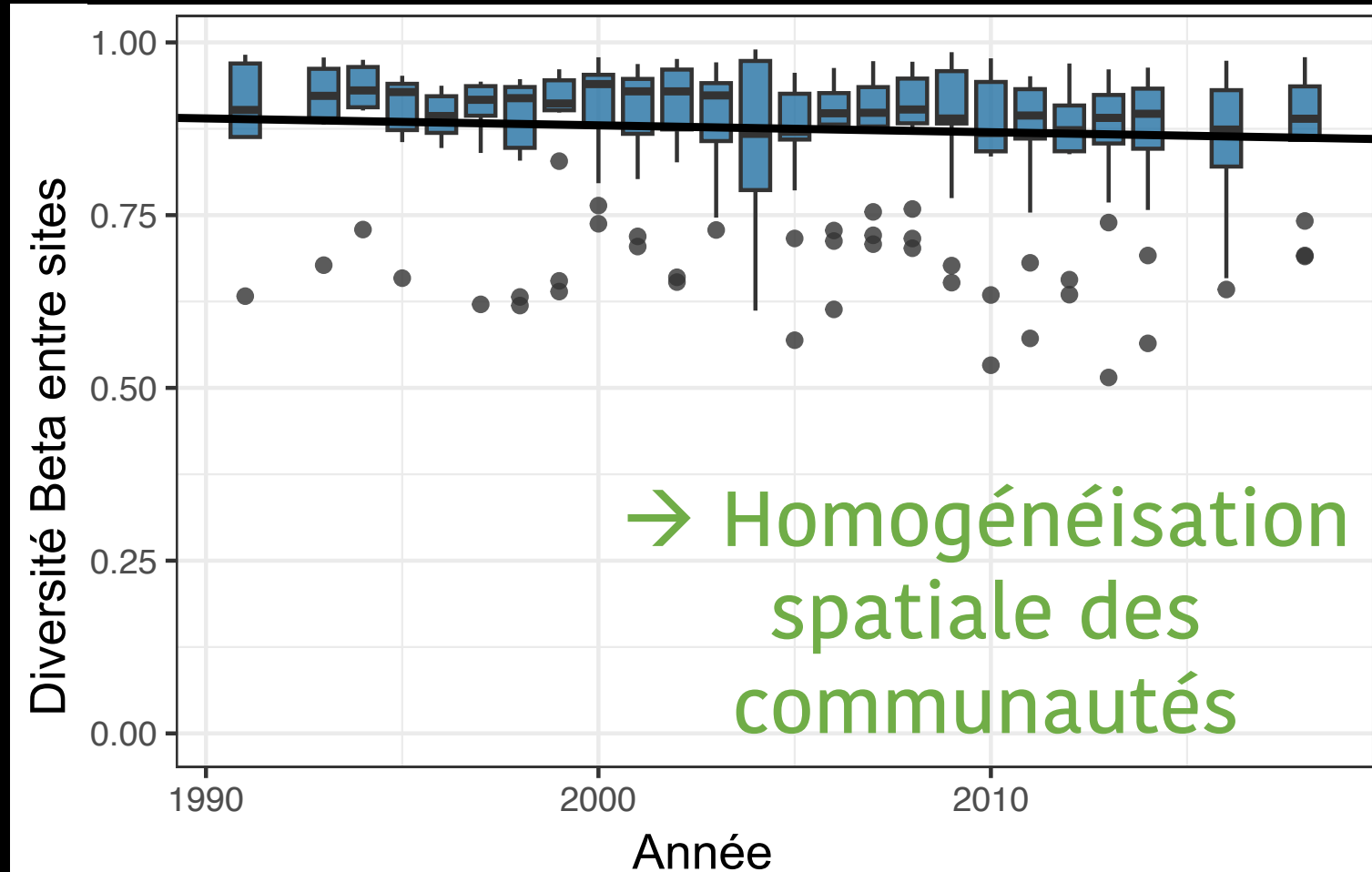
Documenter la dynamique de biodiversité microbienne dans des communautés libres

Diversité Beta entre sites au fil du temps



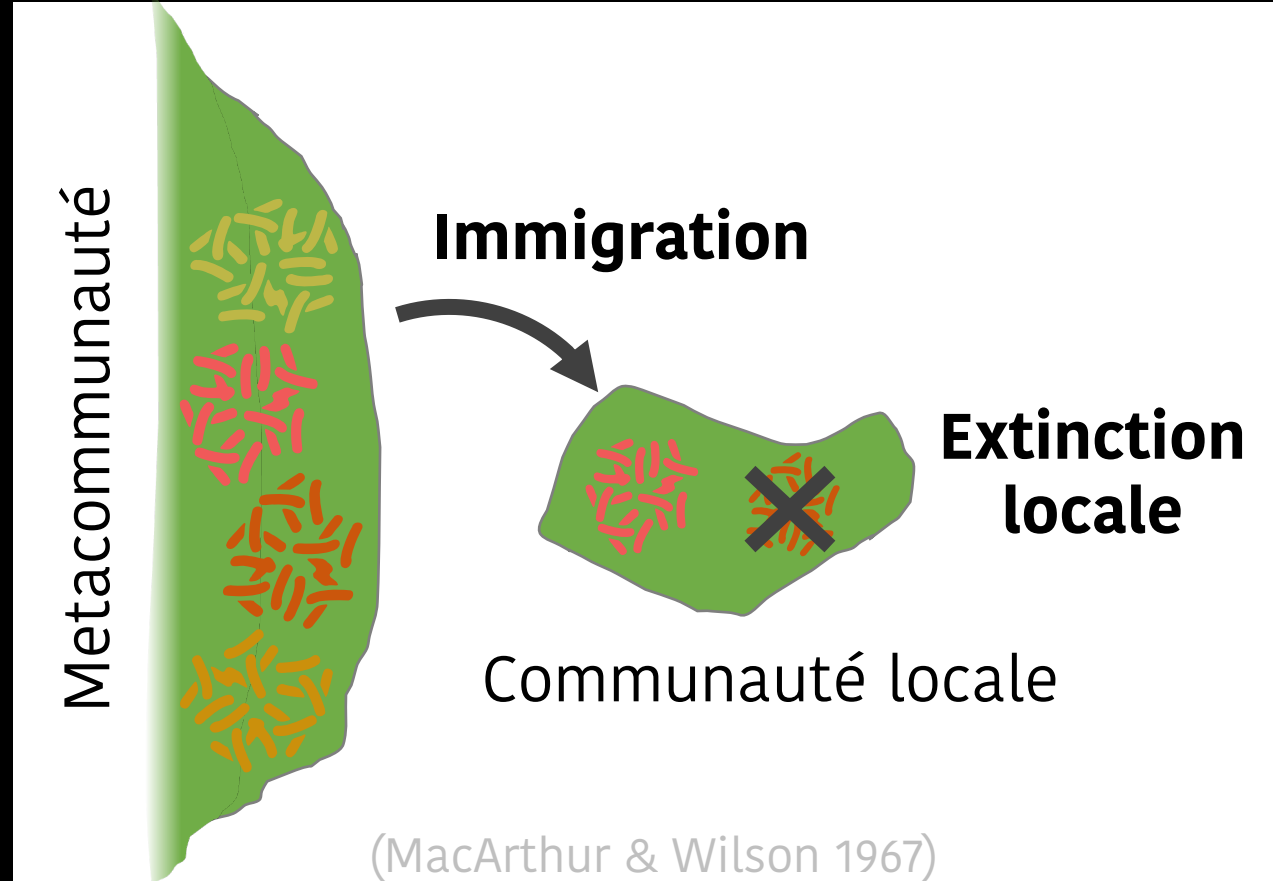
Documenter la dynamique de biodiversité microbienne dans des communautés libres

Diversité Beta entre sites au fil du temps



Documenter la dynamique de biodiversité microbienne dans des communautés libres

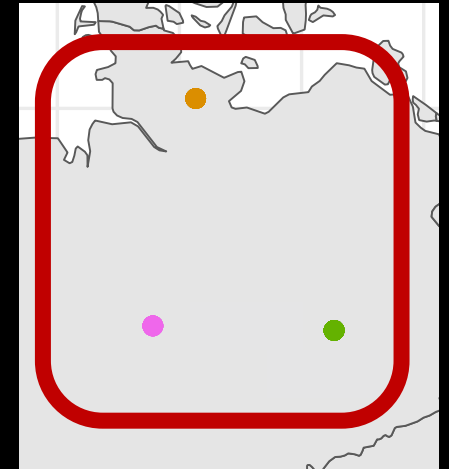
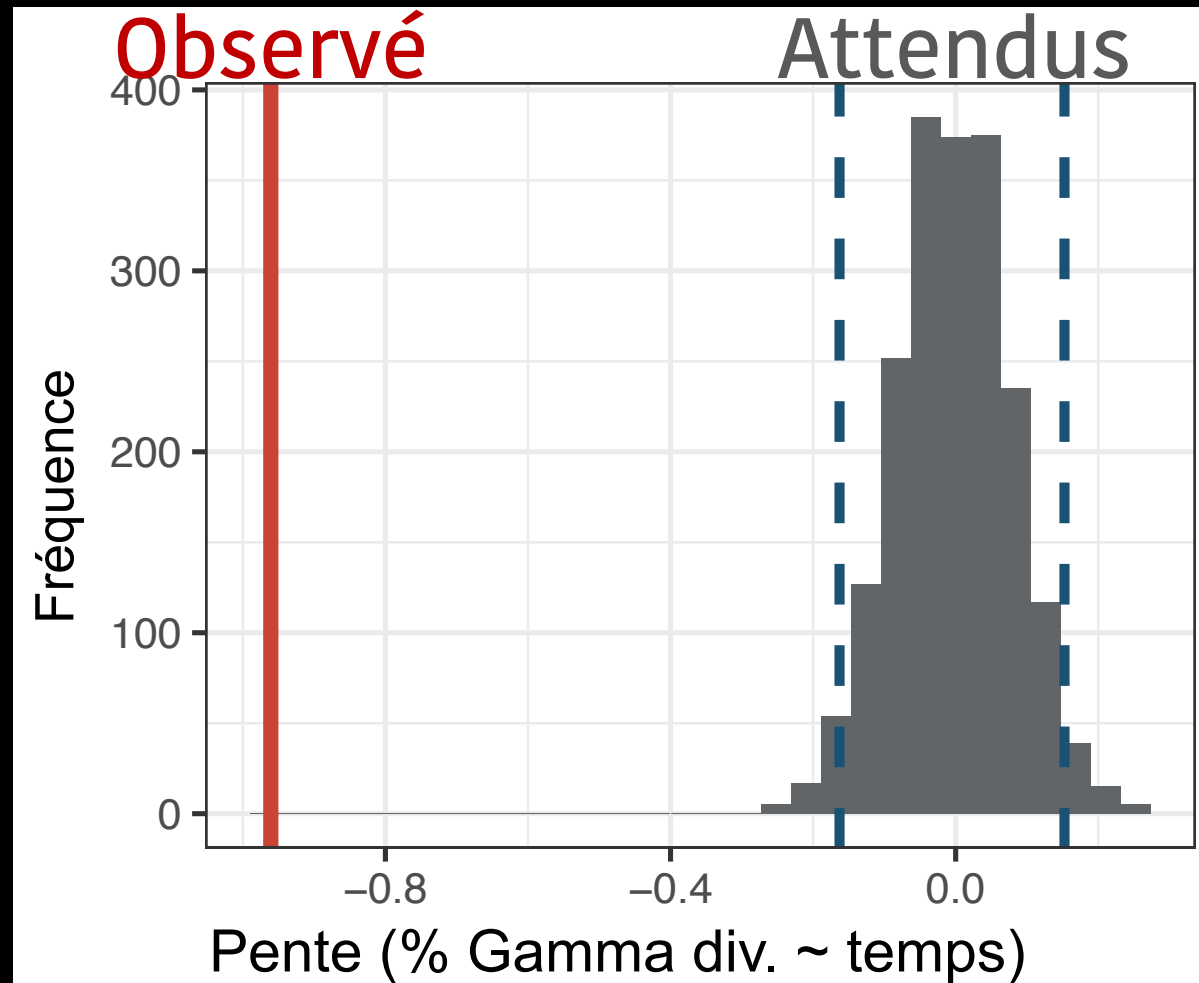
Attendus selon un modèle d'équilibre dynamique dérivé de la théorie de la biogéographie insulaire



**(+ Relâchement
de l'hypothèse
de neutralité)**

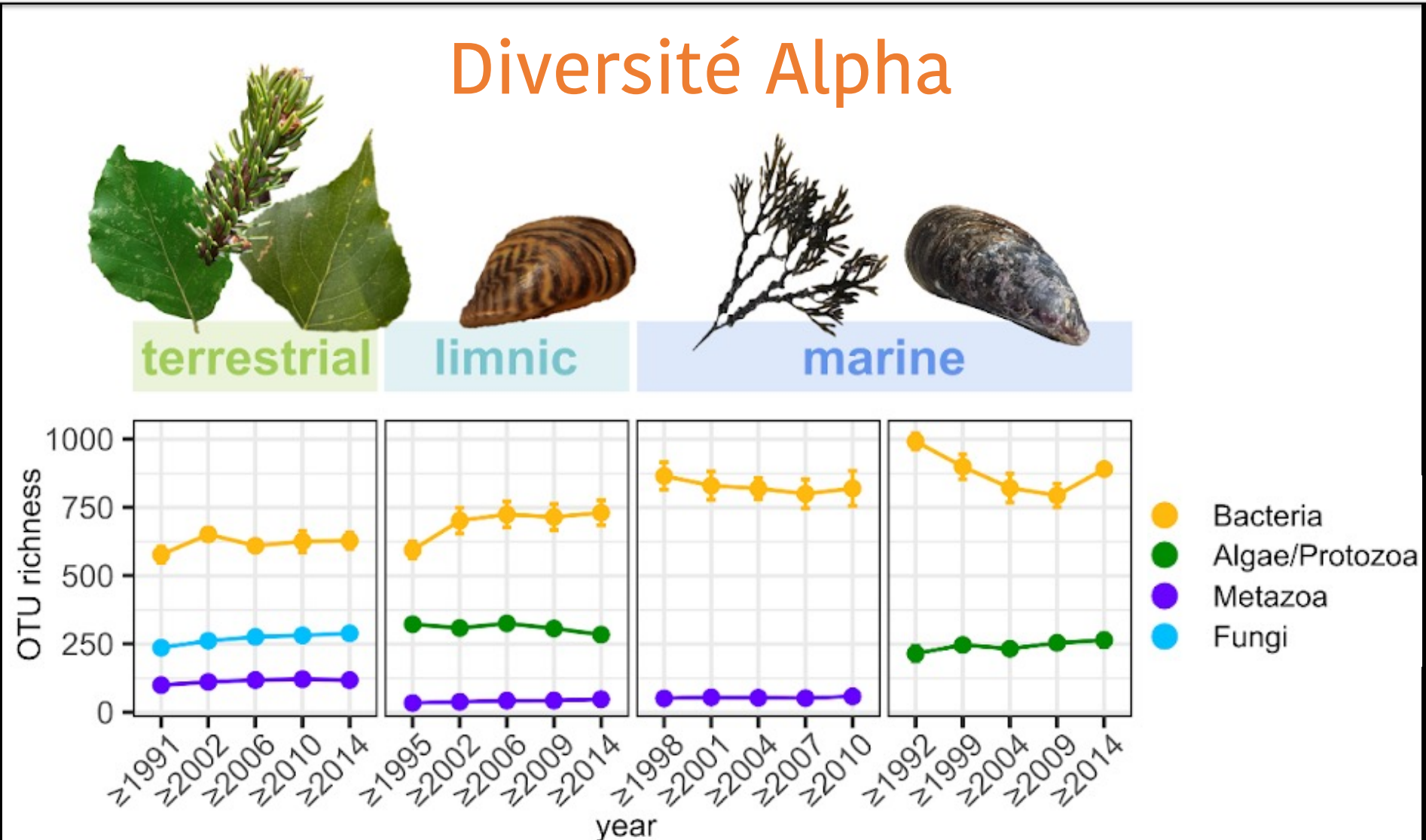
Documenter la dynamique de biodiversité microbienne dans des communautés libres

Diversité Gamma au cours du temps



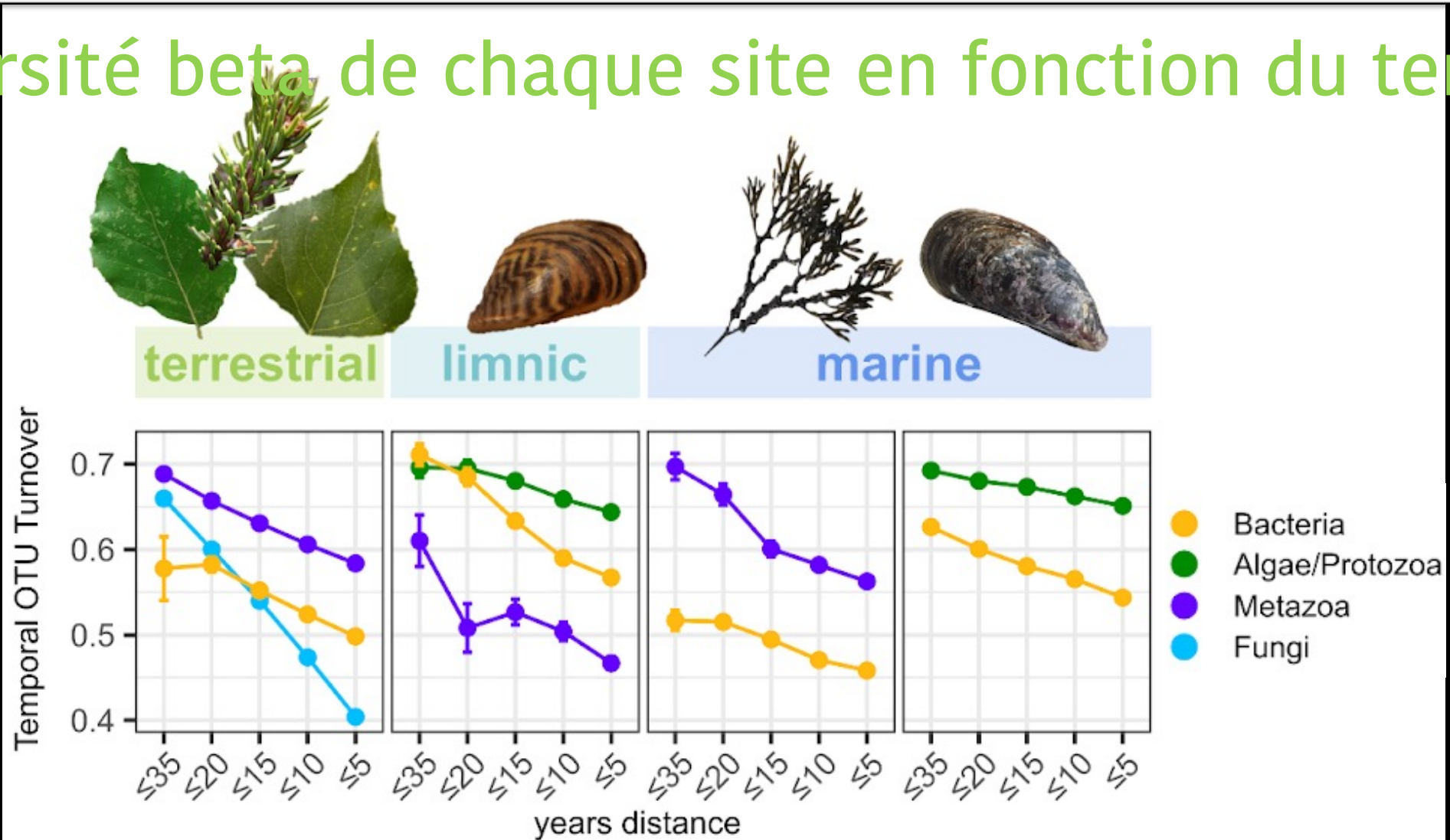
→ perte de
diversité
régionale

Documenter la dynamique de biodiversité microbienne dans des communautés libres



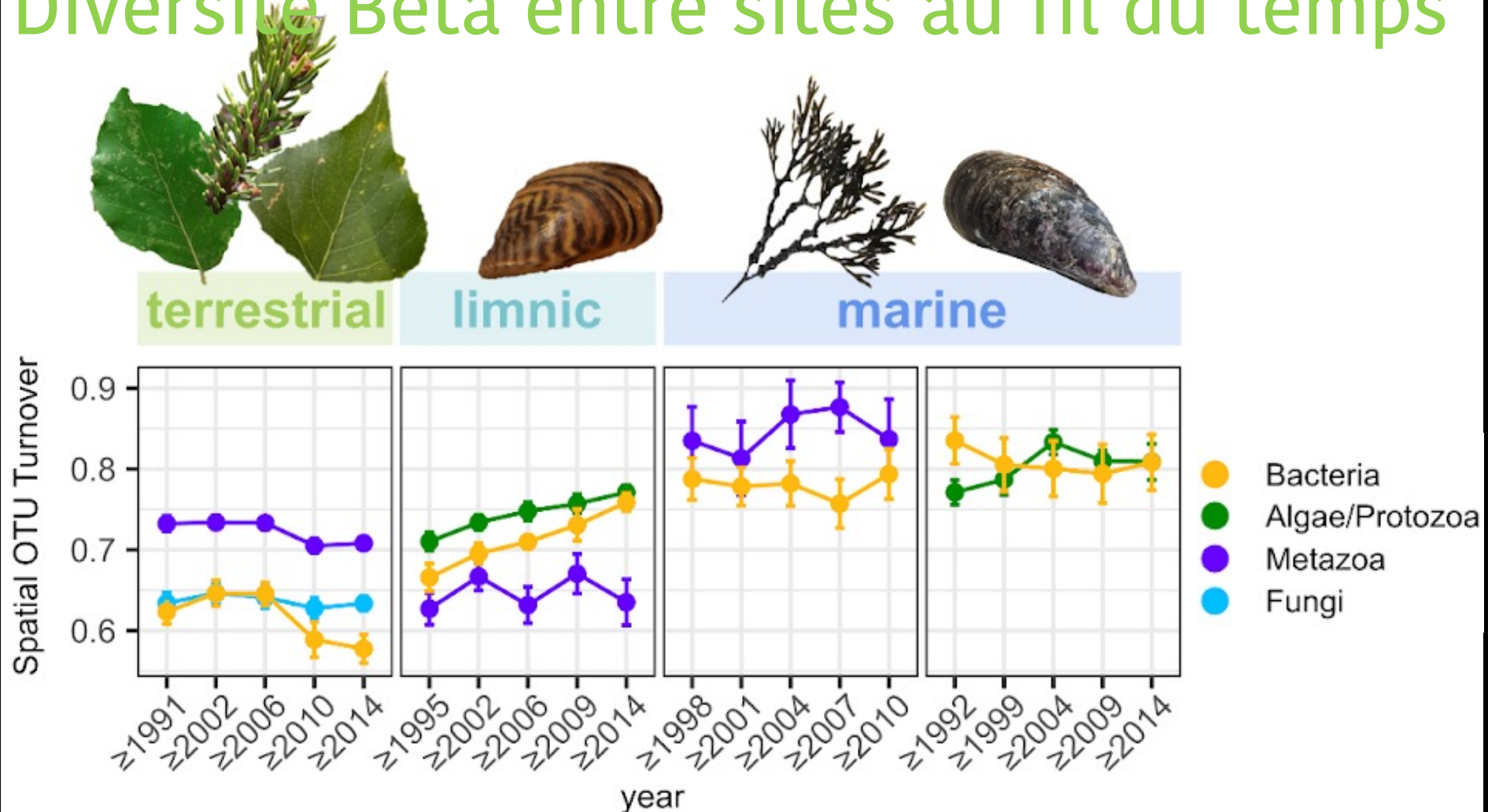
Documenter la dynamique de biodiversité microbienne dans des communautés libres

Diversité beta de chaque site en fonction du temps



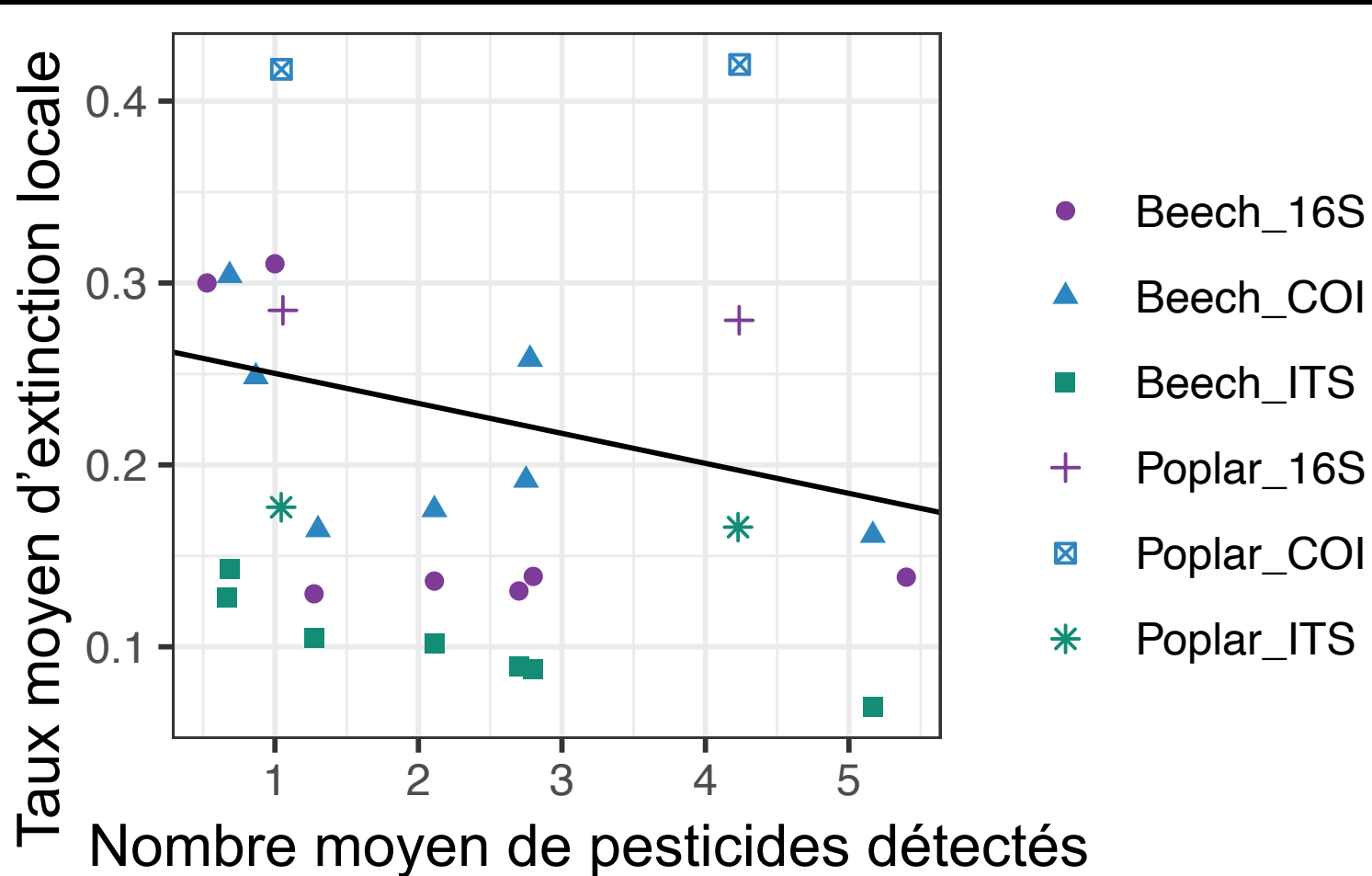
Documenter la dynamique de biodiversité microbienne dans des communautés libres

Diversité Beta entre sites au fil du temps



Documenter la dynamique de biodiversité microbienne dans des communautés libres

Effet significatif des pesticides



→ homogénéisation
et réduction du
turnover temporel

L'érosion de la biodiversité microbienne

→ Microbiotes associés à des hôtes :
Perte de diversité chez les humains
(conséquences délétères sur la santé ?)

→ Communautés microbiennes libres :
**Homogénéisation spatiale et perte de diversité
à l'échelle régionale**

Remerciements

Hélène MORLON

Marc-André SELOSSE, Florent MARTOS

Maarja ÖPIK

Claire CHERBUY, Cassandre BEDU-FERRARI

Henrik KREHENWINKEL, Isabelle JUNK,
Julian HANS

Membres de l'IBENS et de l'ISYEB

