



Approches multi-omiques pour la caractérisation du lien entre biodiversité structurale et l'activité microbienne dans l'évolution naturelle de la fonction photosynthétique et sa réponse au stress chimique au sein des communautés périphytiques

Contacts

Nicolas Creusot

nicolas.creusot@inrae.fr

Olivier Lepais

olivier.lepais@inrae.fr

Mots clés

Communautés microbiennes
aquatiques

Méta-omiques

Biodiversité microbienne

Fonctions écosystémiques

Écotoxicologie

Disciplines impliquées

Analyse de la composition algale

Analyse des lipides

Analyses statistiques multi-omiques

Mesures physico-chimiques

Métabolomique

Métagénomique

Départements concernés

AQUA

ECODIV

Unités impliquées

UR EABX

UMR BIOGECO

Contexte et enjeux

Les communautés microbiennes périphytiques aquatiques sont des assemblages complexes de micro-organismes (algues, bactéries, champignons, cyanobactéries, protozoaires) qui constituent des biofilms plus ou moins attachés à des surfaces immergées (inertes ou vivantes) dans la plupart des écosystèmes aquatiques. Ces communautés jouent un rôle majeur dans le fonctionnement des écosystèmes et le maintien des services écosystémiques (e.g. production primaire, cycles biogéochimiques). Dans le contexte des changements globaux, un des enjeux majeurs pour la santé environnementale et humaine est de mieux comprendre la réponse de ces communautés à des multiples pressions, en termes d'acclimatation, d'adaptation et de résilience afin de pouvoir préserver les fonctions/services écosystémiques associés. En particulier, face à la contamination chimique de ces écosystèmes, l'un des défis actuels est d'arriver à déterminer comment les fluctuations « naturelles » de la biodiversité structurale et le fonctionnement microbien liés aux conditions environnementales modulent la réponse au stress chimique de ces communautés.

Les nouvelles méthodes d'analyse dites « omiques » (e.g. métagénomique non ciblée qui permet d'explorer de manière simultanée la diversité en espèces d'une communauté et son potentiel fonctionnel ou la métabolomique « non-ciblée » qui permet de donner une vision globale de l'activité microbienne en réponse à l'environnement) ouvrent de nouvelles perspectives en éco(toxico)logie microbienne pour répondre à ces déficits de connaissance.



© Motte

Objectifs

MICROBIOMIQ vise à mieux comprendre le lien entre l'activité microbienne (i.e. métabolome), la biodiversité structurale (diversité des espèces et des gènes) et la sensibilité au stress chimique de biofilms périphytiques. Ces liens sont étudiés dans un contexte de changements « naturels » dans la composition et le fonctionnement de ces communautés qui dépendent des conditions environnementales. Le projet se focalisera sur la modulation de la photosynthèse, fonction clef portée par ces communautés, qui est fortement impliquée dans les cycles biogéochimiques et la production primaire.

Ses résultats permettront de mieux comprendre les mécanismes adaptatifs (e.g. plasticité phénotypique) pour des fonctions écosystémiques (i.e. photosynthèse) à la contamination chimique et leur séquence temporelle. Les données collectées dans ce projet pourraient ultérieurement aider au développement d'outils de gestion dans le cadre de la bio-surveillance de la qualité des eaux.

Démarches

MICROBIOMIQ couplera des investigations in situ et des expérimentations au laboratoire basées sur une approche pluri-disciplinaire combinant la métagénomique, la métabolomique, la mesure d'activité photosynthétique et la caractérisation physico-chimique des milieux. La combinaison de ces méthodes permettra d'appréhender de manière novatrice et précise les interrelations entre les changements dans les facteurs environnementaux, la diversité taxonomique, l'activité microbienne et la fonction photosynthétique ainsi que leur sensibilité à la pression chimique en conditions naturelles et contrôlées, en s'appuyant sur des approches bio-informatiques.