



@Durban Nadège, INRAE, UR PROSE
Communauté microbienne complexe
de station observée en microscopie
confocale à balayage laser après
hybridation de sondes nucléiques
fluorescentes.

Des modèles pour prédire les fonctions métaboliques de communautés microbiennes complexes : application aux biotechnologies environnementales



En savoir plus

Desmond-Le Quemener E, Bouchez T
A thermodynamic theory of microbial growth.
ISME Journal . 2014

Delattre H, Desmond-Le Quemener E,
Duquennoi C, Filali A, Bouchez T
*Consistent microbial dynamics and functional
community patterns derived from first
principles.*
ISME Journal . 2019

Partenariat

Le développement de la théorie de l'état de transition microbien et l'évaluation du potentiel des modèles de thermodynamique microbienne fait actuellement l'objet d'un projet ANR (ANR THERMOMIC 2016-2020) coordonné par l'UR PROSE et qui implique les UR LBE et TBI

Contact

Théodore Bouchez
UR PROSE
theodore.bouchez@inrae.fr



Contexte

Les microorganismes sont non seulement les êtres vivants les plus abondants sur terre, mais aussi le principal moteur biogéochimique de la biosphère. Ils contribuent de façon majeure au bouclage des grands cycles élémentaires à l'échelle planétaire et nous exploitons leurs formidables capacités biocatalytiques dans de nombreux procédés biotechnologiques au sein du département TRANSFORM. Pour le développement de la bioéconomie, mieux comprendre et maîtriser l'utilisation des communautés microbiennes à des fins de biotransformation constitue un enjeu majeur.

Résultats

Les modèles de dynamique microbienne reposent sur des équations phénoménologiques dont la plus répandue est l'équation proposée par Jacques Monod dans les années 1940. L'utilisation de ces modèles nécessite le calage de paramètres à partir de données expérimentales. Lorsqu'on a affaire à des communautés microbiennes complexes composées majoritairement de microorganismes non cultivés, cette contrainte devient rapidement un verrou majeur qui limite l'utilisation et les capacités prédictives des modèles. Pourtant, dans des conditions physico-chimiques données, que ce soit dans la nature ou dans les procédés biotechnologiques non confinés, les mêmes fonctions métaboliques de biotransformation sont en général présentes, ce qui suggère que des processus déterministes

et génériques sont à l'œuvre pour l'assemblage des communautés microbiennes fonctionnelles. Nous pensons que les flux d'énergie jouent un rôle majeur pour la structuration des fonctions microbiennes dans les écosystèmes. S'appuyant sur quelques concepts physiques simples, nous proposons un cadre théorique pour capturer de façon générique et mathématiquement explicite l'influence de l'énergie sur la vitesse de croissance des populations microbiennes. L'objectif général est de rendre compte de façon émergente, à partir de la connaissance des conditions physico-chimiques du milieu, des fonctions métaboliques des microbiotes. Nous illustrons les capacités prédictives de notre approche en modélisant des microbiotes de complexité croissante à l'aide d'un nombre réduit de paramètres. Nous modélisons en particulier un procédé d'épuration à boues activées avec trois fois moins de paramètres que les approches conventionnelles.

Perspectives

Cette approche ouvre la voie à un nouveau type de modèles d'écosystèmes microbiens, potentiellement dotés de capacités prédictives étendues. Afin de rendre nos approches accessibles au-delà du monde de la recherche, nous avons engagé l'implémentation des nouvelles équations cinétiques issues de notre théorie dans des plateformes logicielles de simulation du fonctionnement de procédés de biotechnologie environnementale.