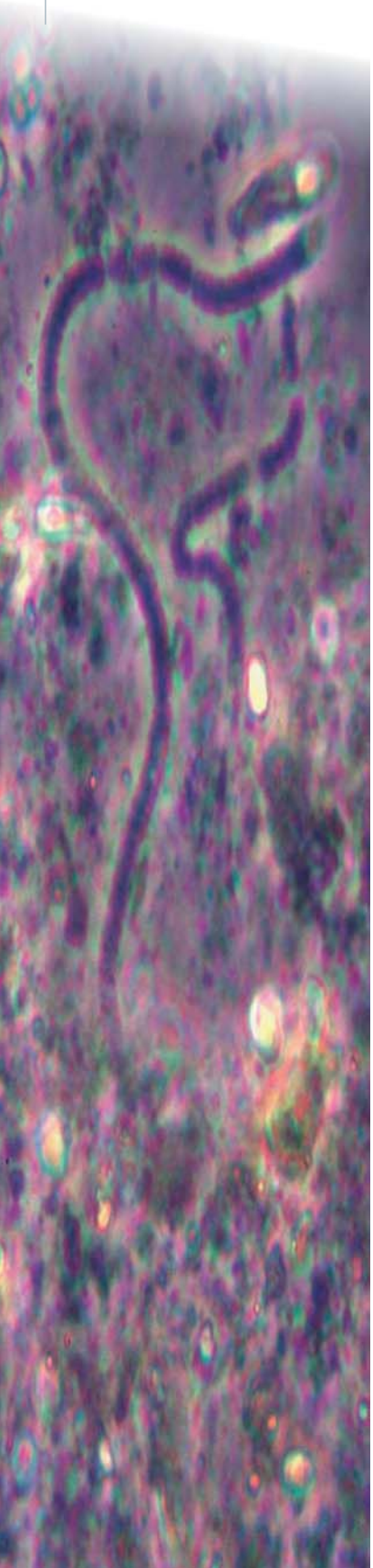
Cloaca maxima

15

la diversité bactérienne d'un épurateur



On s'étonne souvent que tant d'espèces d'insectes ou de plantes restent à découvrir. Pourtant, la diversité du monde bactérien est encore plus mal connue. Nos connaissances sont en effet fondées sur les bactéries que l'on parvient à isoler et cultiver en laboratoire. Or il ne s'agit que d'une infime fraction (sans doute moins de 1%) des bactéries présentes dans les milieux naturels.

En outre, même une bactérie aussi étudiée que le colibacille, la bête de laboratoire des microbiologistes depuis des décennies, conserve des secrets, puisque les fonctions de 17% de ses gènes sont encore inconnues. Les bactéries ont fait preuve d'une fantastique inventivité métabolique au cours de l'évolution et ont développé un arsenal de gènes dont on mesure encore mal l'ampleur : le nombre de gènes bactériens différents, toutes espèces confondues, pourrait être de l'ordre de 10 milliards. Il s'agit là d'une mine d'informations et d'applications nouvelles pour la science, l'industrie, la médecine ou l'environnement.

La prise de conscience de la diversité réelle du monde bactérien est récente. La technique d'amplification génique par PCR (polymerase chain reaction) permet de multiplier des séquences d'ADN présentes en quantités infimes dans un échantillon, d'où son intérêt pour étudier les séquences des bactéries non cultivables. Un gène, présent dans chaque espèce bactérienne, a été amplifié par PCR à partir de prélèvements de milieux naturels. En comparant entre elles les séquences amplifiées, on a pu observer des formes totalement inédites de ce gène. On a conclu à l'existence de nombreuses espèces nouvelles, constituant parfois des branches entières dans l'arbre phylogénétique des bactéries. Souvent, ces espèces, faute de pouvoir être cultivées, demeurent connues par une unique séquence d'ADN !

Le Genoscope s'est intéressé à des communautés bactériennes particulièrement complexes et importantes pour nos sociétés, celles des " boues activées " des stations d'épuration des eaux usées. L'épuration des eaux est un processus biologique effectué par les microorganismes des boues activées. Nous ne savons que très peu de choses sur les microorganismes, notamment les bactéries, qui contribuent à l'épuration des eaux. De plus, la production excessive de ces boues pose un problème économique et écologique général. Notre travail s'inscrit dans le cadre d'un projet européen qui vise à réduire la production de boues sans compromettre l'efficacité de l'épuration. Un premier objectif est d'obtenir un tableau quantitatif et qualitatif des espèces présentes, afin de mieux connaître les mécanismes et les acteurs de l'épuration.

(suite au dos)

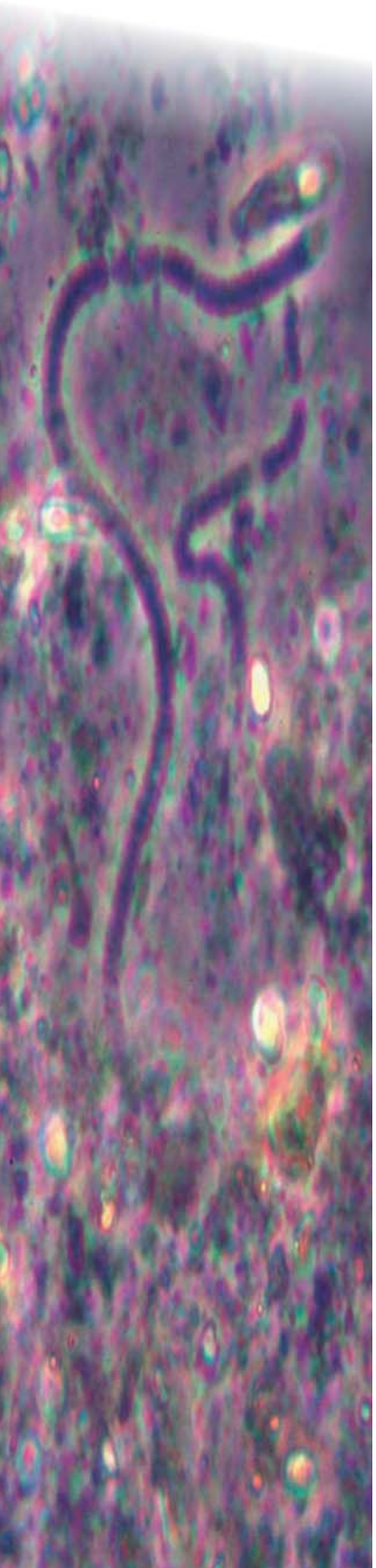




A gauche, les bassins de l'épurateur d'Evry. A droite, détail d'une peinture du XIX^e siècle figurant le débouché de Cloaca maxima, l'égout majeur de Rome, dans le Tibre.

Cloaca maxima (suite)

15



Nous avons effectué des amplifications géniques sur des échantillons des bassins de l'épurateur d'Evry et avons observé de très nombreuses séquences qui proviennent d'espèces nouvelles, réparties dans différents groupes dont une grande partie n'a pas de représentant cultivable connu.

Mais le procédé d'amplification par PCR, qui repose sur une conservation partielle de la séquence du gène analysé, ne permet peut-être pas d'amplifier des formes variantes dont la séquence serait trop différente. Il n'est donc pas sûr que cette méthode permette d'établir un inventaire représentant toutes les espèces de bactéries. D'autres approches génomiques doivent être mises en œuvre pour obtenir un aperçu plus complet de la diversité bactérienne.

C'est pourquoi nous avons commencé à explorer l'ensemble des séquences génomiques (le "métagénome") des communautés de l'épurateur d'Evry, en clonant de grands fragments d'ADN bactérien (de 50 à 150 milliers de nucléotides). Diverses méthodes d'exploration de ces séquences d'ADN peuvent ensuite être utilisées. En raison de la complexité du métagénome bactérien, l'inventaire de ses gènes risque de prendre beaucoup plus de temps que celui des gènes humains.

