
Structure et fonctionnement du microbiote des nuages

Pierre Amato^{*†1,2}, Benjamin Penaud², Anne Oudart³, Najwa Taib³, Isabelle Mary³, Lionel Nauton², Laurent Deguillaume⁴, Didier Debroas³, and Anne-Marie Delort²

¹Institut de Chimie de Clermont-Ferrand (ICCF) – CNRS : UMR6296, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II, Ecole Nationale Supérieure de Chimie de Clermont-Ferrand – 24 Avenue des Landais, 63177 Aubière Cedex, France

²Institut de Chimie de Clermont-Ferrand (ICCF) – CNRS : UMR6296, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II, Sigma – 24 Avenue des Landais, 63177 Aubière Cedex, France

³Microorganismes : génome et environnement (LMGE) – Université d'Auvergne - Clermont-Ferrand I, CNRS : UMR6023, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II – Université Blaise Pascal, Campus des Cézeaux, 24, avenue des Landais BP 80026 63 170 AUBIERE, France

⁴Laboratoire de météorologie physique (LaMP) – INSU, CNRS : UMR6016, Université Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II – bat. Physique 5 - 3ème étg 24 Av des landais 63177 AUBIERE CEDEX, France

Abstract

L'atmosphère transporte des microorganismes et connecte ainsi des écosystèmes distants. Outre les problématiques épidémiologiques sous-jacentes, il a été montré que les aérosols microbiens influencent les processus physico-chimiques atmosphériques dans les nuages, qui sont désormais considérés par certains comme de véritables habitats, temporaires par essence. Les premières études culturelles avaient d'abord révélé une diversité importante dominée par quelques groupes bactériens et fongiques épiphytes (*Pseudomonas*, *Sphingomonas*, *Dioszegia*...). L'avènement des nouvelles méthodes d'amplification (MDA) et de séquençage haut-débit permet d'approfondir notre vision de la structure de cette biodiversité, son fonctionnement, tout en surmontant en partie les problèmes liés à la faible biomasse ($\sim 10^4$ cellules m^{-3}). Ainsi, le séquençage de métagénomés des communautés présentes dans les nuages et des métatranscriptomes associés, ainsi que de bibliothèques d'amplicons (gènes de l'ARNr 16S et 18S) a pu être réalisé (MiSeq). Clairement, la biodiversité est élevée, mais sa distribution inégale avec de nombreux groupes rares associés à quelques groupes très abondants. La large domination des Protéobactéries est confirmée, et la présence de nouveaux groupes tels que les virus, les cyanobactéries, ou encore les Archaeas, notamment est révélée. La biodiversité active largement dominée par les bactéries concerne une fraction seulement des groupes présents, essentiellement les Alpha-Proteobacteria. L'analyse des métatranscriptomes révèlent une représentation forte de certaines fonctions comme notamment les activités de régulation métabolique, de réarrangement du génome, d'accès aux substrats et de défense contre les oxydants. Cela suggère que les nuages sont des milieux peu hospitaliers nécessitant pour survivre une réponse rapide et adaptée de la part des microorganismes.

Keywords: nuage, atmosphère, bactéries, métagénomique, biodiversité

*Speaker

†Corresponding author: pierre.amato@univ-bpclermont.fr