

Thèse Adélaïde ROGUET

soutenance le 2 décembre 2015 à l'UPEC (amphi gris)

Fichier : LEESU-ROGUET-Adelaide-These-Resume-2015-12-02.docx

Caractérisation des pressions anthropiques et environnementales influençant le compartiment bactérien dans les lacs peu profonds

Bien que présentes dans tous les écosystèmes lacustres, la composition ainsi que l'abondance des communautés bactériennes peut varier à l'échelle régionale mais également à l'échelle locale. Une meilleure compréhension des facteurs responsables de ces patrons biogéographiques permettrait d'améliorer la connaissance des fonctionnements de ces systèmes aquatiques et donc de leur réponse potentielle face aux pressions anthropiques.

Dans ce contexte, cette thèse a visé à étudier la biogéographie du compartiment bactérien dans un ensemble de lacs peu profonds. Les objectifs principaux de cette étude ont été d'évaluer aux échelles régionale et locale les facteurs responsables des patrons biogéographiques pour (i) l'ensemble de la communauté bactérienne et (ii) pour un groupe bactérien spécifique, i.e. les mycobactéries non-tuberculeuses. Pour atteindre ces objectifs deux approches complémentaires ont été entreprises. Tout d'abord, la variabilité spatiale à l'échelle régionale a été évaluée par l'échantillonnage en Ile-de-France de 49 lacs pendant trois étés. Couplé à cette approche, une étude plus fine a été entreprise pour caractériser la dynamique spatiotemporelle du compartiment bactérien par le suivi mensuel pendant deux ans et de six événements pluvieux importants au sein du lac de Créteil (Val de Marne).

À l'échelle régionale, la variabilité spatiale de la structure de la communauté bactérienne pour les trois années de suivi (caractérisé par T-RFLP) a été prédite à hauteur de 76% (r carré moyen) par les processus stochastiques et moins de 14% par les facteurs déterministes incluant les paramètres environnementaux (statut trophique) et les processus de dispersion (connexion du lac à une rivière et les axes PCNM). L'analyse de la composition de la communauté bactérienne par séquençage à haut débit (MiSeq Illumina) a mis en évidence des résultats similaires à ceux acquis par T-RFLP. Cependant, cette analyse a révélé que l'importance des processus impliqués dans les patrons biogéographiques pouvait évoluer en fonction des phylums ou des classes bactériens considérés. La variabilité spatiale des densités de mycobactéries (PCR en temps réel), était quant à elle expliquée à hauteur de 50% par des facteurs déterministes (pH de l'eau, concentration en fer labile et connexion à une rivière).

À l'échelle locale, le suivi du lac de Créteil n'a révélé aucune variation spatiale significative (le long des transects horizontal et vertical) de la structure de la communauté bactérienne ainsi que des densités de mycobactéries. Par contre une étude spécifique sur deux lacs a révélé des variations significatives de densité et la diversité des mycobactéries au sein de différents compartiments des lacs. À l'inverse, d'importantes variations temporelles de la structure des communautés bactériennes ont été observées au cours des deux années de suivi, principalement associées aux variations de température de l'eau. Par ailleurs, bien que relativement stable au cours des deux années de suivi, les variations de densités des mycobactéries ont seulement été prédites par les processus stochastiques à hauteur de 35%.

Mots-clés : biogéographie, communauté bactérienne, mycobactérie non-tuberculeuse, lac, pressions anthropiques, biologie moléculaire

Characterization of anthropogenic and environmental pressures influencing the bacterial compartment in shallow lakes

Although bacteria are widespread in lacustrine environments, their composition and abundance vary at the regional and also at the local scale. A better understanding of the factors responsible for these biogeographic patterns would improve our knowledge of these aquatic systems and thus their potential response to anthropogenic pressures.

In this context, this thesis studied the biogeography of the bacterial compartment in a set of shallow lakes located in the Paris area. The main objectives of this study were to assess at the regional and local scale the

factors responsible for the biogeographical patterns on (i) the entire bacterial community, and (ii) a specific bacterial group, i.e. the nontuberculous mycobacteria. To achieve these objectives two complementary approaches were undertaken. First, at the regional scale, the spatial variability was assessed by sampling 49 lakes during three consecutive summers. A finer study was also performed to characterize the spatio-temporal dynamics of the bacterial compartment over a two-year monthly monitoring and during six important rain events within the Créteil Lake (Val de Marne).

At the regional scale, the spatial variability of the bacterial community structure for the three summers (assessed by T-RFLP) was predicted for 76% (mean r-squared) by stochastic processes and less than 14% by deterministic factors including environmental parameters (trophic status) and dispersal-related process (connection to a river and PCNM axes). The analysis of the bacterial composition by high-throughput sequencing (Illumina MiSeq) showed similar tendencies to those acquired by T-RFLP. However, this analysis revealed that the importance of the processes involved in biogeographical patterns could vary according to the bacterial phyla or classes considered. Spatial variability of mycobacterial densities (real-time PCR) was explained up to 50% by deterministic factors (water pH, amount of labile iron and connection to a river).

At the local scale, the monitoring of Créteil Lake revealed no significant spatial variation (along the horizontal and vertical transect) on the structure of the bacterial community and mycobacterial densities. However, a specific study of two lakes showed that mycobacterial density and diversity significantly varied among the different compartments of the lakes. Inversely, significant temporal variations on the bacterial community structure were observed over the two-year of monitoring, mainly related to water temperature changes. Although mycobacterial densities were relatively stable over the Créteil Lake monitoring, their variations were only predicted by stochastic processes up to 35%.

Key-words: biogeography, bacterial community, nontuberculous mycobacteria, lake, anthropogenic pressures, molecular biology