

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية

République Algérienne Démocratique et Populaire

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique

Université Ibn Khaldoun de Tiaret

Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie



INTERACTIONS MICROORGANISMES - HÔTES - ENVIRONNEMENT

Polycopié de cours destiné aux étudiants des Licences et Masters du domaine
Sciences de la Nature et de la Vie

Présenté par

Dr. Leila AIT ABDERRAHIM

2018 – 2019

Table des matières

Introduction	01
---------------------------	----

Interactions biologiques

1. Interactions microorganismes – environnement	04
2. Interactions microorganismes – hôtes	06
2.1. Microorganismes – plantes	06
a. La rhizosphère	06
b. La phyllosphère	14
c. Les phytopathogènes	16
d. Les mécanismes de défense de la plante	18
2.2. Microorganismes – Humains	20
a. Flore cutanée.....	21
b. Flore respiratoire	22
c. Flore buccale	22
d. Flore urogénitale	24
e. Flore digestive	24
2.3. Microorganismes – animaux	27
a. Herbivores	28

Références bibliographiques

Introduction

Introduction

La présence des microorganismes sur notre planète remonte à des milliards d'années, les procaryotes, rien qu'à eux seuls, sont estimés à 5×10^{30} cellules dans la biosphère (partie de notre planète où la vie s'est développée). Leur masse importante associée à leur énorme potentiel d'adaptation, dû à leur importante plasticité génomique (particulièrement chez les procaryotes), sont à l'origine de l'extraordinaire niveau de diversité observé aujourd'hui. Ceci a aussi permis à ces organismes de coloniser tous les écosystèmes (unités composées d'organismes vivants qui interagissent entre eux et avec le milieu dans lequel ils vivent) de notre planète des plus courants ; sols, eaux et sédiments aux plus extrêmes tels que les milieux acides, hyper-salins, sources hydrothermales et même dans des roches à des kilomètres sous la surface de la terre ou encore à la surface ou à l'intérieur d'autres organismes dans le monde animal, végétal et même avec des champignons.

Ces organismes microscopiques fonctionnent en tant que populations ou assemblages d'organismes similaires. Des populations proches du point de vue métabolique sont appelées des guildes et les guildes interagissent au sein de populations microbiennes différentes (communauté). Ces microorganismes ont évolué tout en interagissant avec les organismes supérieurs et avec le monde inorganique. Ces interactions des microorganismes avec leur environnement contribuent au fonctionnement des écosystèmes; maintenant la vie sur cette planète telle qu'on la connaît.

La compréhension du fonctionnement des écosystèmes, à savoir les diverses interactions entre la composante biotiques (biocénose) et abiotique (biotope), est plus que nécessaire afin de garantir une meilleure gestion et conservation de ces écosystèmes. La science qui s'intéresse et étudie les relations entre les êtres vivants et avec leur environnement est l'écologie, ce mot a été défini par le biologiste allemand Ernst Haeckel en 1866.

En outre, l'écologie microbienne est, quant à elle la science qui examine les interactions entre les microorganismes et les éléments biotiques et abiotiques de leur environnement.

En effet, les microorganismes sont de grands acteurs de l'environnement, si ceux-là venaient à disparaître, la vie sur terre cessera ! En dépit du fait que certains

microorganismes peuvent avoir des effets dévastateurs sur l'homme, l'animal et les plantes, ils ne représentent qu'une fraction minime de l'ensemble des microorganismes.

Les écosystèmes sont contrôlés de manière importante par les activités microbiennes. Le problème majeur pour l'étude de ces microorganismes réside dans le fait que la majorité reste non cultivable au niveau du laboratoire en dehors de leurs habitats. En effet, on considère que les bactéries cultivables à partir d'un échantillon environnemental ne représentent qu'un pour cent de la diversité totale. De plus, la méthode des cultures pures ne permet que d'isoler une seule espèce pure ce qui ne permet pas d'étudier les interactions écologiques.

Bibliographie

Interactions biologiques

Au sein d'une biocénose, différents types d'interactions sont observés entre individus d'espèces différentes (interactions interspécifiques) ou de la même espèce (interactions intraspécifiques). Les interactions interspécifiques peuvent être positives (mutualisme, commensalisme, syntrophisme, synergisme ou protocoopération), neutres (neutralisme) ou négatives (parasitisme, amensalisme ou antagonisme, compétition, prédation).

➤ Interactions positives (bénéfiques)

- *Mutualisme* : interaction dont les deux partenaires tirent un bénéfice réciproque de leur association, chacun pouvant encore mener une vie indépendante. Si l'interaction est obligatoire, c'est-à-dire qu'au moins une des espèces impliquées ne peut vivre sans l'autre, et que les organismes sont en contact, on parle de mutualisme symbiotique.

- *Commensalisme* : interaction durable entre des individus d'espèces différentes où l'un des partenaires retire un bénéfice de l'association tandis que l'autre n'y trouve ni avantage ni véritable inconvénient.

- *Syntrophisme* (nourriture en commun) : association de deux microorganismes, qui coopèrent pour une activité métabolique globale bien précise et qui dépendent l'un de l'autre pour leur croissance et leur existence.

- *Proto-coopération* : interaction entre organismes de différentes espèces dans laquelle les deux en bénéficient sans que l'interaction soit obligatoire.

➤ Interaction neutre

- *Neutralisme* : aucune interaction ne se manifeste entre les deux espèces cohabitant dans le même biotope.

➤ Interactions négatives (néfastes)

- *Amensalisme* : interaction où une des espèces excrète une substance qui inhibe le développement de l'autre.

- *Parasitisme* : interaction entre deux organismes dont l'un (le parasite) vit au dépend de l'autre (l'hôte) tout en lui portant préjudice. On distingue les ectoparasites (vivant à la surface à leur hôte) et les endoparasites (vivant à l'intérieur de leur hôte).

- *Compétition* : Concurrence entre des organismes pour l'utilisation d'une ressource, la recherche de la nourriture ou l'appropriation d'un habitat.

- *Prédation* : interaction entre organismes ou l'un (prédateur) se nourrit sur l'autre (proie).

Les relations intraspécifiques s'établissent entre individus de la même espèce, formant une population. Il s'agit de phénomènes de coopération ou de compétition, avec partage du territoire, et parfois organisation en société hiérarchisée.

1. Interaction microorganismes – environnement

Il y a trois types principaux d'environnement : celui des eaux douces, le type marin et le type terrestre. Chaque environnement possède ses caractéristiques propres qui en font un habitat propre à une macro et micro flore et faune déterminées.

Dans tous les écosystèmes (terrestres et aquatiques), les éléments chimiques formant les êtres vivants (plantes, animaux, microorganismes) sont constamment recyclés constituant ainsi le cycle de la matière (cycles biogéochimiques). On dit qu'il y a renouvellement ou turnover des éléments (**Fig. 1**). Au cours de leur croissance et leur métabolisme, les micro-organismes interagissent les uns avec les autres dans le cycle des nutriments, tel que le carbone (C), le soufre (S), l'azote (N), le phosphore (P), le fer (Fe) et le manganèse (Mn). Les éléments sont oxydés et réduits par des micro-organismes pour répondre à leurs besoins métaboliques. L'importance de l'intervention des microorganismes dans le cycle de la matière varie suivant l'élément considéré. Dans le cas de carbone, d'azote et de soufre, elle est capitale, puisque l'absence, voire l'inactivité des microorganismes, entraînerait un arrêt de l'approvisionnement naturel des sols en azote et un blocage du turnover de C, N, S se traduisant par l'accumulation de ces éléments sous forme organique inutilisable par les végétaux (producteurs) menant la mort de ces derniers qui sera à l'origine de la mort des organismes consommateurs à leur tour. Dans le cas des autres éléments, tels que le phosphore, l'intervention microbienne est beaucoup plus discrète mais reste bénéfique dans la nutrition des plantes essentiellement dans les sols qui en sont pauvres.

En effet, les microorganismes (en se nourrissant) décomposent et transforment la matière organique en matière inorganique par les différents processus d'obtention de l'énergie ; à savoir la respiration aérobie, anaérobie ou par fermentation. Les éléments qui en résultent seront soit directement libérés dans l'atmosphère sous forme de gaz ou réutilisés par d'autres organismes dans leur nutrition

En outre, tous les cycles biogéochimiques sont liés, et les transformations de ces nutriments ont des répercussions au niveau planétaire. Des composants gazeux importants se produisent dans les cycles de carbone et de l'azote et dans une moindre mesure dans les cycles du soufre, à l'inverse des cycles " sédimentaires ", tels que celui du P et du Fe où il n'y pas de composant gazeux. Ainsi, les micro-organismes du sol ou aquatique peuvent souvent fixer ces formes gazeuses de carbone et d'azote.

Il est à noter que parmi tous les organismes vivants de notre planète, seuls quelques microorganismes procaryotes (bactéries) sont capables de fixer l'azote atmosphérique et de le transformer en une forme assimilable par les plantes.

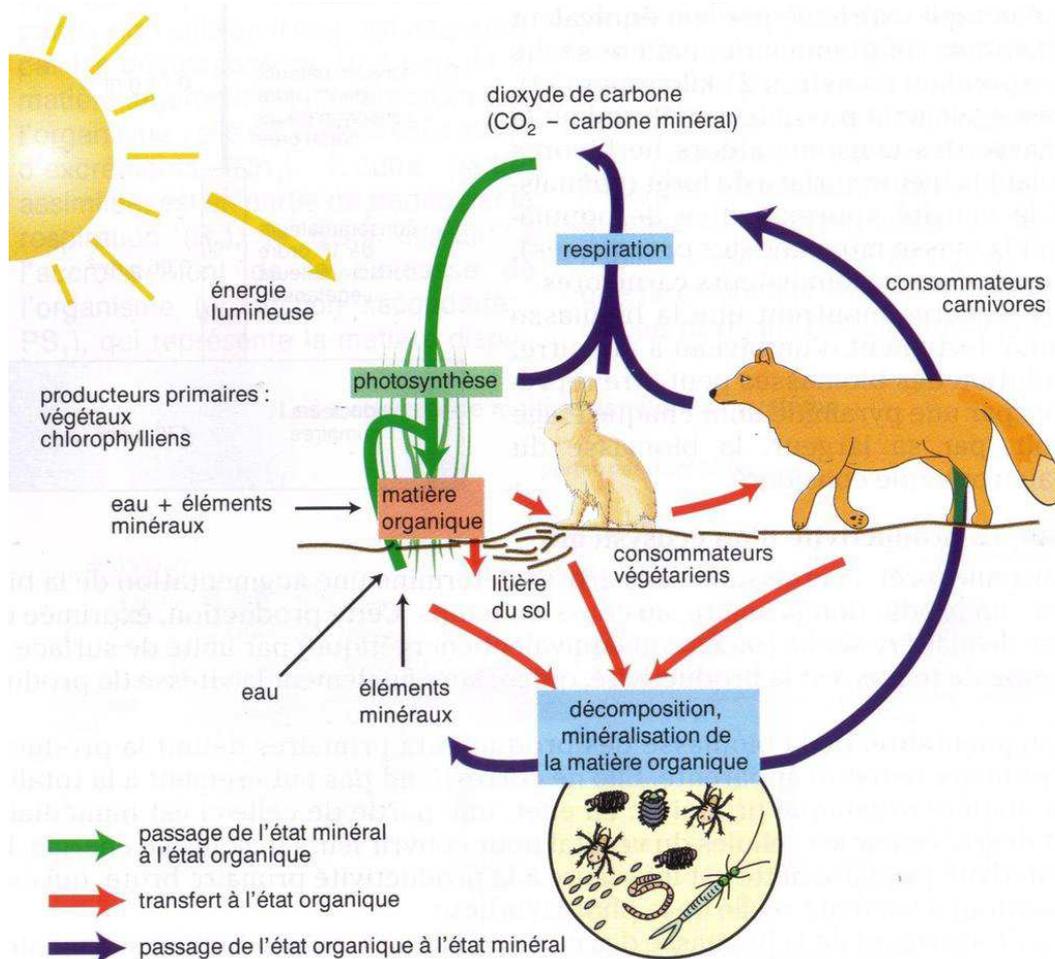


Figure 1. Cycle de la matière dans un écosystème.

2. Interactions microorganismes – hôtes

2.1. Microorganismes – plantes

Différents types de micro-organismes sont associés aux feuilles, tiges, fleurs, graines et aux racines des plantes. Ces dernières sont directement ou indirectement influencées par les activités des communautés microbiennes qui comprennent des micro-organismes qui se développent à la surface de la plante ou épiphytes et à l'intérieur de celle-ci ou endophytes.

a. La rhizosphère

Le sol est un milieu vivant dans lequel plantes, animaux et microorganismes mêlent constamment leurs activités et régulent les processus de décomposition de la matière organique et du flux des nutriments à travers un réseau trophique très complexe. Il se développe sur de longues périodes de temps grâce à des interactions complexes entre les matériaux de base (roche, sable, matériaux de sédiments glaciaires,...), la topographie, le climat, et les organismes. Cette communauté biologique complexe contribue à la formation, l'entretien et, dans certains cas, la dégradation des sols.

Les microorganismes du sol y jouent deux rôles essentiels: d'une part, ils sont responsables de maintes transformations chimiques et même physiques qui se déroulent dans les sols participant à la fois à la structuration des sols, à la fertilité biologique (cycle géochimique des nutriments, turnover et minéralisation de la matière organique), au contrôle de certains pathogènes ainsi qu'à la dégradation de certains contaminants des sols. D'autre part, ils sont capables d'interagir avec les plantes dans une large gamme d'interactions allant du mutualisme symbiotique au parasitisme.

Il existe une grande diversité des communautés microbiennes dans le sol tant du point de vue de la diversité taxonomique que du point de vue des fonctions. En effet, il est estimé, par exemple, qu'un gramme de sol contient environ 10^{10} à 10^{11} bactéries dont 6000 à 50000 espèces de bactéries et plus de 200 mètres d'hyphes de champignons. Les bactéries, les actinobactéries et les champignons représentent l'essentiel de la biomasse microbienne du sol. Mais, dans les sols hydromorphes, les algues ont tendance à proliférer en surface et les bactéries anaérobies en profondeur. Les virus sont souvent associés aux argiles à partir desquelles ils peuvent pénétrer dans les racines des plantes par des blessures.

La rhizosphère (**Fig. 2**) est la partie du sol entourant les racines des plantes, c'est l'habitat de plusieurs microorganismes qui vivent en interaction avec la plante et en influencent sa croissance. La population microbienne du sol est la plus grande dans les quelques centimètres supérieurs et diminue rapidement avec la profondeur. Le nombre et l'activité des microorganismes y sont importants en raison de la richesse de cette zone en substances organiques libérées par les racines des plantes. Ces microorganismes interagissent avec les plantes soit de manière délétère ou bénéfique.

Les interactions plante-communautés microbiennes sont bidirectionnelles. En effet, si les communautés microbiennes du sol sont capables de modifier la croissance de la plante, cette dernière a également un fort impact sur celles-ci via la rhizodéposition (exsudats racinaires). Une partie du carbone assimilée lors de la photosynthèse est perdue dans le sol sous forme de rhizodépôts (environ 17 %), qui servent à la fois de nutriments pour les communautés microbiennes hétérotrophes du sol mais également de signaux dans les interactions plante-communautés microbiennes. En effet, les racines des plantes libèrent une grande variété de substrats dans leur sol environnant, notamment l'éthylène, divers alcools, des sucres aminés, des acides organiques, des vitamines, des nucléotides, des polysaccharides, et des enzymes. Ceci permet de créer des environnements uniques pour les micro-organismes du sol. Ces environnements comprennent (i) la rhizosphère, décrite par Lorenz Hiltner en 1904, qui est représentée par le volume de sol autour de la racine influencé par les substrats rejetées par celle-ci. (ii) La surface de la racine de la plante, appelée rhizoplan, qui fournit également un environnement unique pour les micro-organismes, comme des matières gazeuses, solubles, et des particules se déplaçant à partir de la plante vers le sol.

Or, la perte de la plante d'une partie de ses produits est largement compensée. En effet, les microorganismes contribuent, entre autre, au recyclage des éléments dans la rhizosphère pour en faire des nutriments assimilables par la plante, à la production d'hormones végétales ou encore à la protection de la plante contre des agents pathogènes. Ces microorganismes peuvent se trouver libres dans le sol ou présenter des associations symbiotiques avec les plantes.

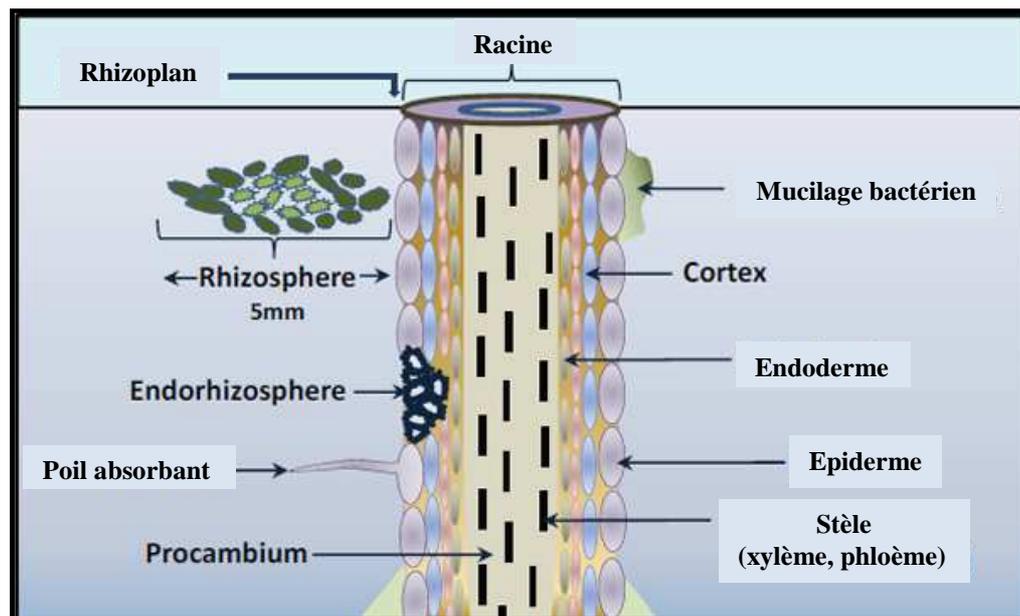


Figure 2. La rhizosphère.

En effet, certaines bactéries de la rhizosphère sont capables d'améliorer la croissance des plantes; on les appelle des PGPR pour « Plant Growth Promoting Rhizobacteria ». L'effet bénéfique des PGPR (**Fig. 3**) peut être assuré par des mécanismes directs à travers la stimulation de la germination des graines. De même, la nutrition minérale de la plante peut être stimulée directement par l'augmentation de la minéralisation de la matière organique : on parle alors de biofertilisation. De manière plus indirecte, la nutrition minérale peut également être améliorée via une stimulation du développement racinaire appelée « phytostimulation » en sécrétant des phytohormones telles que la gibbérelline, l'auxine, la cytokinine, ... etc. Par ailleurs, la croissance de la plante peut être affectée par un effet direct de certaines PGPR sur la dégradation de certains polluants des sols par « rhizoremédiation ». De plus les PGPR peuvent protéger la plante de l'action de certains pathogènes soit par compétition pour des ressources nutritionnelles en sécrétant des molécules chélatrices telles que les sidérophores qui piègent le fer (Fe^{3+}) ou par antagonisme en sécrétant des substances inhibant le développement du pathogène (antibiose). Enfin, certaines PGPR sont capables de protéger la plante d'agents phytopathogènes en lui conférant une résistance appelée résistance systémique induite «RSI ou ISR : Induced Systemic Resistance» (**Fig. 4**).

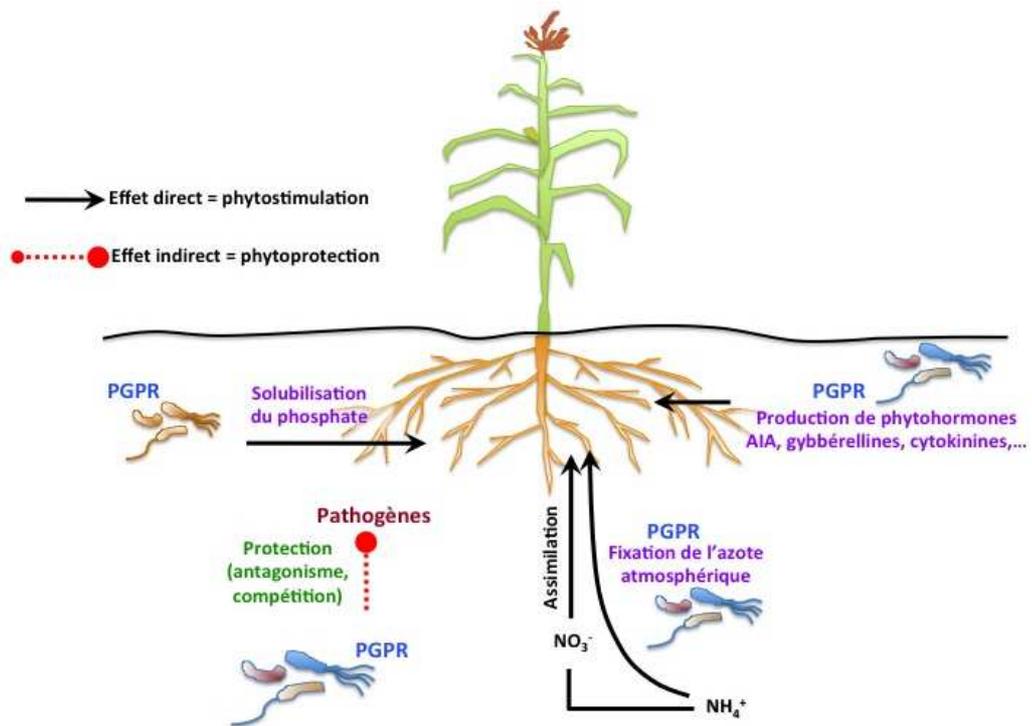


Figure 3. Interactions des PGPR avec les plantes.

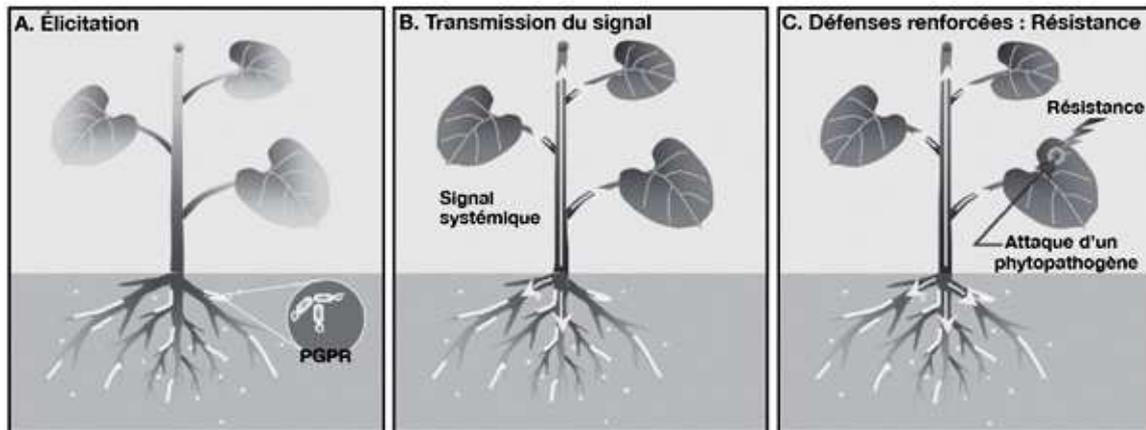


Figure 4. Résistance systémique induite

(A- l'élicitation : les PGPR interagissent avec les racines de l'hôte et produisent des éliciteurs qui sont perçus par la plante. B- après la reconnaissance des déterminants, un signal est véhiculé dans l'ensemble de la plante afin de l'alerter. C- lors d'une éventuelle attaque par un agent phytopathogène, la plante sera en mesure de répondre plus efficacement à l'agression, lui conférant ainsi une résistance).

Les PGPR peuvent être classés en PGPR extracellulaires (ePGPR) et PGPR intracellulaires (iPGPR), les premiers sont ceux du rhizoplan ou ceux vivant dans l'espace intercellulaire du cortex de la racine, alors que les deuxièmes se trouvent généralement à l'intérieur de structures nodulaires au niveau des cellules racinaires. Les bactéries des genres *Agrobacterium*, *Arthrobacter*, *Azotobacter*, *Azospirillum*, *Bacillus*, *Burkholderia*, *Caulobacter*, *Chromobacterium*, *Erwinia*, *Flavobacterium*, *Micrococcus*, *Achromobacter*, *Pseudomonas* et *Serratia* appartiennent aux ePGPR. Les iPGPR comprennent les bactéries de la famille des Rhizobiaceae à savoir : *Allorhizobium*, *Bradyrhizobium*, *Mesorhizobium* et *Rhizobium*, en plus des endophytes et les espèces du genre *Frankia* fixant l'azote en formant des symbioses avec les plantes supérieures.

Malgré le fait que certaines bactéries appartenant aux PGPR ont la capacité de fixer l'azote atmosphérique en étant libre dans le sol, cependant, le rendement reste faible du fait que le complexe enzymatique responsable de cette fixation « complexe dinitrogénase » (**Fig. 5**) est susceptible à l'oxygène et donc requière que la bactérie vive en anaérobiose. Par conséquent, le rendement en énergie du métabolisme de la bactérie sera faible alors que la fixation de l'azote demeure un processus hautement consommateur en énergie.

Pour contrer ce problème, certaines bactéries forment des symbioses avec des plantes spécifiques à travers la sécrétion de molécules signales de part et d'autres des deux organismes. La plante fournit les nutriments essentiels et les conditions appropriées au métabolisme de la bactérie, et cette dernière fournit l'azote fixé directement à la plante afin de l'incorporer dans la matière organique.

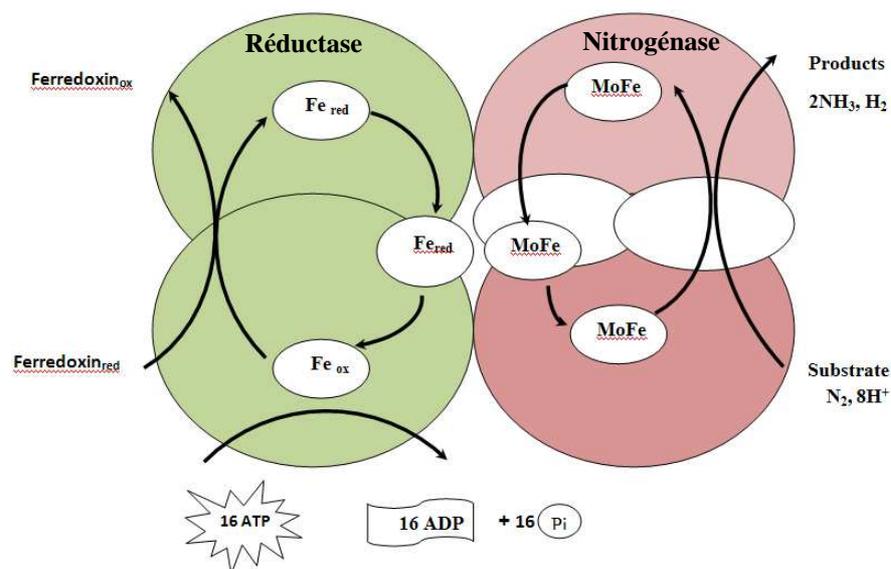


Figure 5. Fixation de l'azote par le complexe dinitrogénase.

La symbiose mutuelle Fabaceae – Rhizobium est l'une des interactions plantes – microorganismes des plus étudiées. Les bactéries du genre Rhizobium sont des bacilles à Gram négatif formant des nodosités sur les racines des plantes de la famille des Fabaceae (lentille, soja, fève, pois, luzerne, haricot, ...). Les nodosités racinaires (**Fig. 6**) renferment les bactéries et une protéine chélatrice de l'oxygène « la leghémoglobine » dont une partie est codée par les gènes des bactéries (partie hème) et l'autre par ceux de la plante (partie globine). La leghémoglobine maintient une pression basse en oxygène à l'intérieur du nodule tout en permettant à la bactérie de vivre en aérobie en même temps favorisant l'activité du complexe dinitrogénase. Un nodule actif aura une couleur rose-rouge due à la leghémoglobine cependant lorsqu'il devient jaune cela reflète son inactivité.

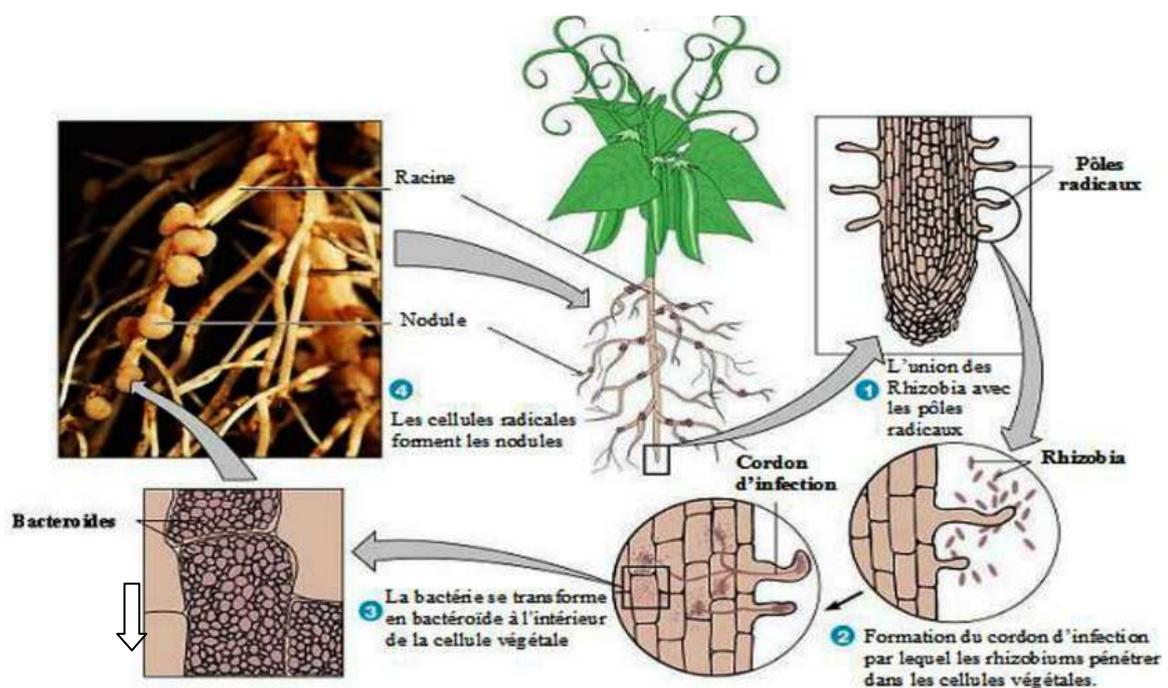


Figure 6. Formation du nodule racinaire.

D'autres associations entre des actinobactéries fixatrices d'azote du genre Frankia avec les racines de plantes non légumineuses appelées "plantes actinorhiziennes" (**Fig. 7**) ont été décrites.



Figure 7. Actinorrhize Frankia – Aulne.

En outre, il a été démontré que des champignons de classes et d'habitats hétérogènes fonctionnent comme des PGPF (Plant Growth Promoting Fungi). Les moisissures des genres *Aspergillus*, *Fusarium*, *Penicillium*, *Piriformospora*, *Phoma*, et *Trichoderma* sont les plus fréquentes des PGPF. Les études ont démontré que l'interaction plante-PGPF pouvait avoir des effets positifs sur les organes aériens et souterrains de la plante. Les effets les plus fréquemment rapportés sont une amélioration significative de la germination, de la vigueur des plantules, de la production de biomasse, du développement des poils absorbants, de l'efficacité photosynthétique, de la floraison et du rendement. Quelques souches ont la capacité d'affecter la composition biochimique de la plante. Il a été également rapporté que les PGPF peuvent contrôler plusieurs pathogènes des feuilles et des racines en induisant une résistance systémique (RSI) chez la plante hôte. Ceci est dû à leur capacité à améliorer l'absorption des nutriments et la production de phytohormones, ainsi que de reprogrammer l'expression des gènes des plantes, via l'activation différentielle des voies de signalisation des plantes.

L'une des associations plantes – champignons la plus étudiée et la plus fréquemment rencontrées est celle des mycorhizes. Les racines d'environ 80 % de toutes sortes de plantes vasculaires sont normalement impliquées dans des associations symbiotiques avec des mycorhizes. Les champignons mycorhiziens utilisent les hydrates de carbone élaborés par les plantes hôtes. En contrepartie ils permettent une absorption

accrue d'éléments nutritifs : favorisent l'absorption hydrique, la nutrition minérale et parfois sécrètent des hormones ou des antibiotiques. Ils augmentent la surface à travers laquelle la plante peut absorber les éléments nutritifs, en particulier le phosphore, qui n'est pas très mobile dans le sol. Les principales associations mycorhizienne sont : les endomycorhizes et les ectomycorhizes (**Fig. 8**).

Les endomycorhizes se retrouvent chez toutes les familles d'angiospermes et la plupart des gymnospermes (sauf les Pinaceae). Les cellules fongiques pénètrent dans les cellules corticales de la plante, s'immiscent et pénètrent à l'intérieur de celles-ci. Les plus répandus sont les Mycorhizes Vésiculaires Arbusculaires (MVA) appartenant aux glomérromycètes. Les hyphes de ces spores germent et pénètrent dans la racine de la plante en formant deux types de structures: des vésicules et des arbuscules. Les vésicules sont des corps ovales lisses qui fonctionnent comme des structures de stockage et les arbuscules, de structures minuscules, sont formées à l'intérieur des cellules de la plante. Les nutriments se déplacent dans le sol par les hyphes de ces arbuscules, qui décomposent et libèrent progressivement les éléments nutritifs pour les plantes.

Les ectomycorhizes sont principalement associées aux arbres des forêts des zones tempérées; principalement aux conifères, hêtres et chênes. Les hyphes s'infiltrerent dans les racines de l'arbre entre les cellules des couches les plus extérieures de l'écorce, entourant les cellules sans y pénétrer, formant une gaine c'est le réseau de Hartig, et forment au pourtour de la racine, un amas d'hyphes qui s'appelle un manchon. Les échanges symbiotiques entre les partenaires se font au niveau intercellulaire. Le manchon joue aussi un rôle protecteur contre des organismes pathogènes. Les champignons associés produisent souvent des fructifications comestibles appelés chapeau ou carpophore; citons entre autres les girolles (ou chanterelles) et les bolets. D'autres comme les truffes ne sortent jamais du sol, on les dits « hypogés ». Ce sont principalement des ascomycètes et des basidiomycètes. Une espèce de champignon forme une association avec une espèce donnée d'arbre (spécificité d'hôte), d'où le fait que l'on retrouve, par exemple: les truffes sous les chênes, les cèpes sous les pins, ... etc

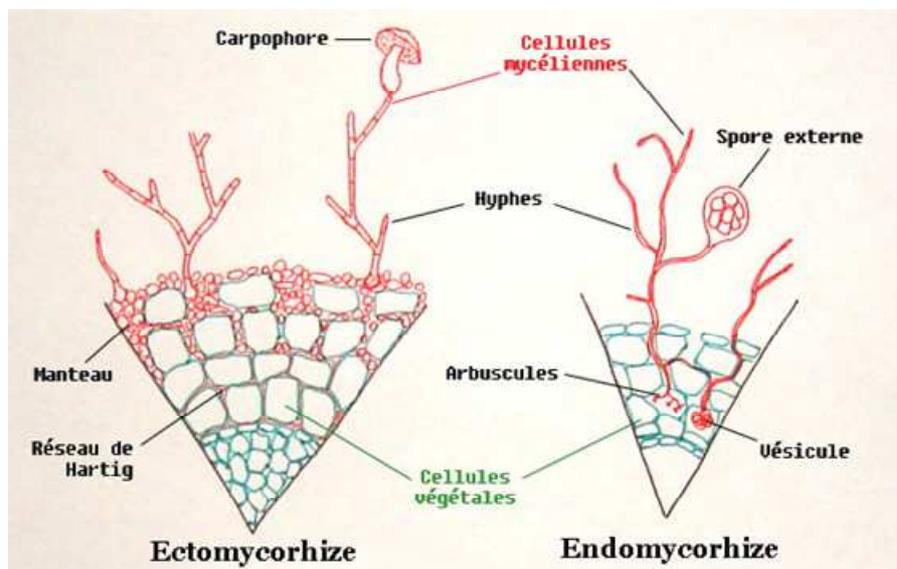


Figure 8. Types de Mycorhizes.

Il est important de signaler que dans certains cas les interactions des microorganismes entre eux peut favoriser l'interaction avec la plante, par exemple une étude a démontré que *Pseudomonas fluorescens*, qui fait parti des PGPR, favoriserait l'endomycorhization des racines de la plante *Medicago truncatula*. Cet exemple démontre que pour comprendre l'interaction plante-microbe il faut considérer non seulement l'espèce bénéfique mais toute la communauté microbienne.

b. La phyllosphère

En plus du microbiote de la rhizosphère, une grande variété de microorganismes se trouvent sur la partie aérienne des plantes, appelée phyllosphère (**Fig. 9**). Les parties aériennes des plantes sont normalement colonisées par diverses bactéries, levures, champignons, algues et dans une moindre mesure par des protozoaires et des nématodes. Certaines espèces vivent à l'intérieur des tissus (endophytes), mais beaucoup sont récupérées à la surface des plantes saines (épiphytes). Il s'agit notamment de microorganismes qui ont des interactions complexes avec la plante à différents stades de développement. Les communautés microbiennes varient aussi en fonction des conditions climatiques étant donné qu'elles sont directement exposées au soleil, aux variations du taux d'humidité, de température, ... etc.

Bien que des recherches aient été menées sur le microbiote des bourgeons et des fleurs, les travaux se sont principalement focalisés sur les feuilles. L'habitat se trouvant à

la surface des feuilles est dit phylloplan. Les bactéries sont les microorganismes les plus dominants sur les feuilles, on les trouve souvent en nombre moyen de 10^6 à 10^7 cellules/cm² (jusqu'à 10^8 cellules/g) de feuilles.

Etant donné que les fleurs sont riches en sucres, celles-ci favoriseraient le développement de quelques levures telles que *Candida reukauffi*, *C. pulcherrima*, *Torulopsis*, *Rhodotorula*, ... etc.

Les feuilles et les tiges libèrent des composés organiques, et cela peut conduire à un développement massif de micro-organismes. Les micro-organismes de la phyllosphère jouent un rôle important dans la protection mais peuvent éventuellement nuire à la plante.

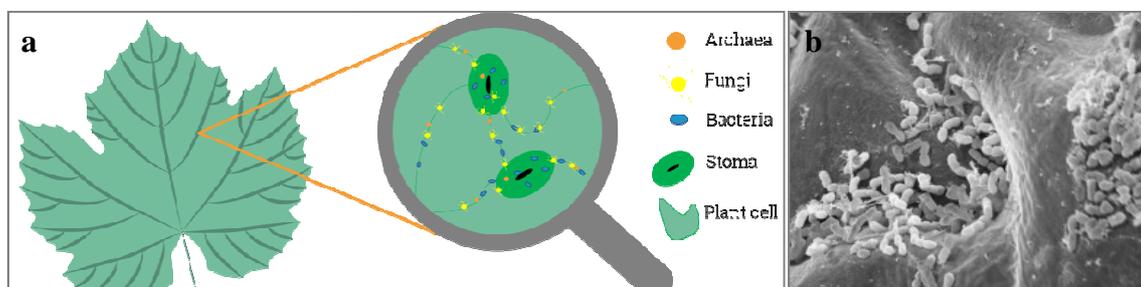


Figure 9. Microorganismes de la phyllosphère. a) représentation schématique, b) observation au microscope électronique de la surface d'une feuille végétale.

Une particularité de la phyllosphère est son abondance en populations microbiennes (bactéries et levures) pigmentées. La pigmentation confère aux microbes une protection contre les radiations solaires. Certaines espèces possèdent des structures qui leurs permettent de faire face aux variations des conditions environnementales telles que des parois protectrices spécialisées. De plus, certains épiphytes (champignons) produisent des spores qui se transportent d'une plante à une autre.

Les microorganismes de la phyllosphère interagissent entre eux et avec la plante, en effet, certains métabolites produits par les uns favorisent le développement des autres qui participent à la protection de la plante en luttant contre les agents phytopathogènes. D'autres microorganismes s'associent avec la plante et la protègent contre d'autres organismes qui se nourrissent sur elle. L'exemple le plus décrit est celui de l'association des champignons *Acremonium lolii* et *Acremonium coenophialum* avec les plantes herbacées *Lolium perenne* et *Festuca arundinacea* respectivement, ceux-ci se nourrissent

des photosynthétats fournis par la plante et en retour produisent des alcaloïdes qui sont des poisons ou des agents répulsifs contre certains insectes, nématodes et mammifères herbivores. Certains fournissent des nutriments essentiels à la plante tel que l'azote, l'exemple le plus étudié est celui de la symbiose entre la cyanobactérie du genre *Anabaena* avec la plante aquatique *Azolla* au niveau des feuilles (à l'inverse des *Rhizobium*) dans laquelle se déroule la fixation de l'azote atmosphérique (**Fig. 10**). De même, d'autres bactéries fixatrices d'azote se trouvent dans la phyllosphère de plantes terrestres comme les conifères.

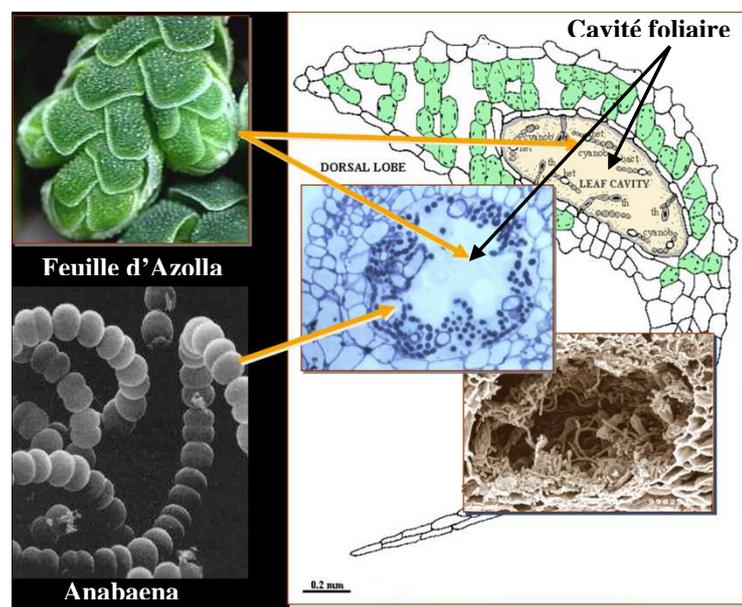


Figure 10. Symbiose *Anabaena* – *Azolla*.

c. Les phytopathogènes

Les agents phytopathogènes qu'ils soient des bactéries, champignons, virus ou protozoaires, en causant des maladies chez les plantes ont des impacts écologiques et économiques conséquents. Par exemple, le mildiou qui est une maladie fongique touchant les Solanacées (pomme de terre, tomate,..) et provoquant des nécroses au niveau des différentes parties de la plante, a marqué l'histoire de l'humanité. Les premières épidémies en Europe, au cours des années 1840, ont été à l'origine de famines dramatiques et de la mort de plus d'un million de personnes, tout particulièrement en Irlande.

Les agents phytopathogènes peuvent soit causer la mort de la plante, perturber la croissance ou affaiblir le rendement de celle-ci.

Les microorganismes pathogènes entrent en contact avec la plante au niveau de la rhizosphère comme au niveau de la phyllosphère. Ces microorganismes sont soit déjà présents dans le milieu et sont attirés par la plante par chimiotactisme (attraction ou répulsion qu'exerce une substance chimique sur une cellule vivante) ou transmis par un vecteur tel que l'air ou des insectes. Ils pénètrent à travers des blessures ou des ouvertures naturelles (ex. stomate) sur le végétal comme ils peuvent libérer des enzymes pour dégrader les tissus végétaux. Une fois à l'intérieur, ceux-ci vont déployer leur artillerie et libèrent des enzymes de dégradation, toxines et des régulateurs de croissance perturbant le fonctionnement normal de l'organisme. Généralement les agents phytopathogènes du sol produisent des pectinases, cellulases et hémicellulases causant la dégénération de la structure végétale menant à des lésions comme la pourriture molle et bien d'autres. Certains pathogènes produisent des hormones de croissance menant à la formation de tumeurs dans la plante, l'exemple le plus décrit est celui de la bactérie à Gram négatif, appartenant à la famille des Rhizobiaceae, *Agrobacterium tumefaciens* responsable de la galle du collet se traduisant par une tumeur au site de l'infection (**Fig. 11**).



Figure 11. Galle du collet.

D'autres phytopathogènes produisent des toxines interférant avec le métabolisme normal de la plante. L'un des exemples est celui de la toxine (tabtoxine) produite par la bactérie à Gram négatif *Pseudomonas syringae* pv. *tabaci*, l'agent du feu sauvage dans la plante du tabac *Nicotiana tabacum*; cette toxine interfère avec le métabolisme de la

méthionine chez la plante provoquant sur les feuilles des taches ponctuées et nécrosées entourées d'un halo chlorotique typique (**Fig. 12**).

Une fois la plante affaiblie et présentant les symptômes de l'infection primaire, elle peut être sujette à des infections secondaires causées par des agents opportunistes causant ainsi sa mort car celle-ci aura épuisée ses défenses.



Figure 12. Feuille de *Nicotiana tabacum* atteinte de la maladie du feu sauvage.

d. Mécanismes de défense des plantes

A l'instar des animaux, les plantes possèdent des moyens de défense contre les agents phytopathogènes. Ceux-ci peuvent être des défenses passives telles que les barrières protectrices (cuticule, paroi pectocellulosique, lignine) résistantes contre les bioagresseurs, et des substances chimiques préformées appelées phytoanticipines (composés phénoliques, alcaloïdes, lactones, saponines, glycosides cyanogéniques et les huiles essentielles) à action antimicrobienne.

Les défenses actives, quant à elles, se traduisent par des signaux spécifiques entre la plante et le microbe menant à la synthèse de substances phytochimiques qui limiteront l'infection et même protégeront la plante contre des infections ultérieures.

Lors d'une attaque microbienne, la plante peut synthétiser des molécules appelées «phytoalexines» qui sont des métabolites secondaires, de natures variables en fonction de la plante et qui possèdent des propriétés antimicrobiennes. De plus, la plante synthétise des protéines PR (pathogenesis related), comme les chitinases, qui ont la capacité d'attaquer l'agresseur en dégradant sa paroi par exemple. La voie de signalisation principale conduisant à la synthèse des protéines PR est celle de l'acide salicylique.

De plus, la plante peut réagir en induisant la nécrose du tissu infecté, limitant ainsi la propagation de l'infection. Cette réaction se manifeste par la mort de la cellule hôte qui, avant de s'autodétruire, aura émis des signaux d'alerte vers les cellules voisines pour créer une zone de résistance locale acquise (RLA). Il s'ensuit la synthèse de molécules de défense antimicrobienne à action directe ou indirecte. Ces premières lignes de défense sont très efficaces pour confiner le pathogène et retarder son invasion dans l'organisme. La propagation des signaux et la synthèse des molécules de défense peuvent se généraliser à la plante entière : il s'agit de la résistance systémique acquise (RSA). La RSA ressemble à un état de veille permanent qui permet à la plante d'être en alerte en cas d'attaque potentielle et de répondre promptement à l'agression.

2.2. Microorganismes – Humains

A la naissance les êtres humains sont dépourvus de micro-organismes, néanmoins peu après ils deviennent rapidement colonisés par une microflore dense et complexe provenant de la mère et du milieu environnant. En outre, le corps humain possède à peu près 10^{13} cellules et héberge environ 10^{14} cellules microbiennes, pour la plupart des bactéries, dans son tube digestif, sur sa peau et ses muqueuses. Ces populations microbiennes constituent la flore microbienne commensale normale. Cette flore est relativement stable, des genres spécifiques peuplent diverses régions du corps au cours de périodes particulières de la vie d'un individu. Cette microflore peut être résidente (commensale) ou transitoires (saprophyte).

L'hôte humain et sa flore microbienne constituent un écosystème complexe dont l'équilibre constitue un remarquable exemple d'adaptation réciproque. La flore normale influe sur l'anatomie, la physiologie, la sensibilité aux agents pathogènes et la morbidité de l'hôte.

Les micro-organismes de la flore normale peuvent aider l'hôte en se disputant les microenvironnements plus efficacement que des agents pathogènes gênant leur installation ou en produisant les nutriments que l'hôte peut utiliser tels que la vitamine B12 et K et en aidant dans leur absorption. Cependant, ils peuvent également nuire à l'hôte en provoquant des caries dentaires, des abcès ou d'autres maladies infectieuses ; car malgré que la plupart des organismes de la flore microbienne normale sont inoffensifs chez les individus en bonne santé, ceux-ci causent fréquemment des maladies chez les hôtes affaiblis. D'autres peuvent exister en tant que commensales et habitent l'hôte pendant de longues périodes sans causer de préjudice ni d'avantage détectable.

Les virus et les parasites ne sont pas considérés comme des membres de la flore microbienne normale par la plupart des chercheurs car ils ne sont pas commensaux et n'aident pas l'hôte.

La flore commensale varie selon le site, l'âge, l'environnement et l'état de santé de l'individu et peut être répartie en 4 flores principales : cutanée, respiratoire, urogénitale et digestive (**Fig. 13**).

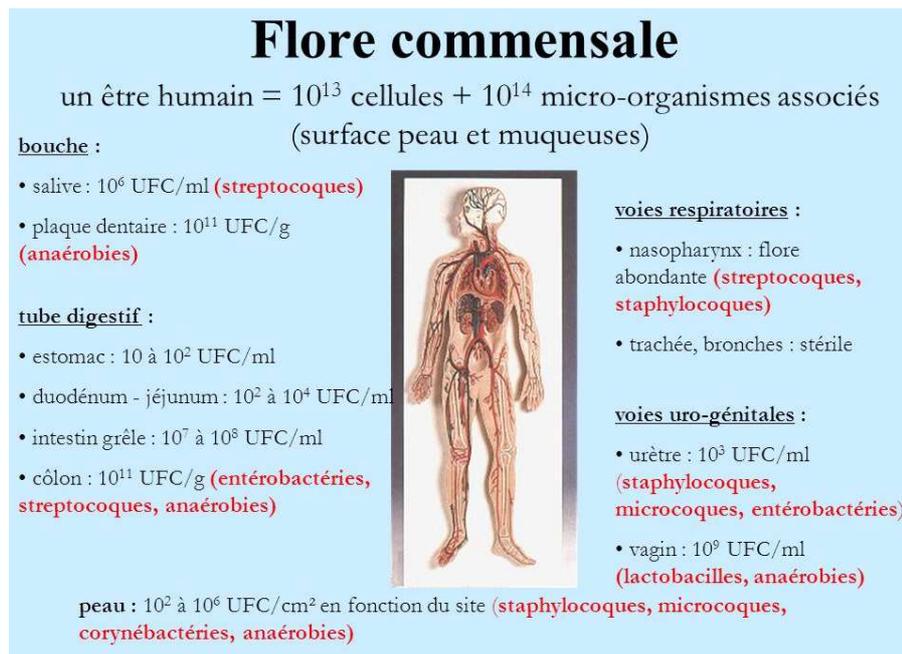


Figure 13. Flores commensales de l'homme.

a. Flore cutanée

Un adulte moyen est recouvert d'environ 2 m^2 de peau. Il a été estimé que cette surface supporte environ 10^{12} bactéries. La surface cutanée est le siège d'un écosystème microbien riche et varié qui joue un rôle essentiel dans l'équilibre de l'organisme (**Fig. 14**). Les micro-organismes trouvent sur la peau les nutriments nécessaires à leur développement, que ceux-ci soient apportés par la sueur, le sébum ou les débris cellulaires. En effet, les sécrétions des glandes cutanées sont riches en nutriments microbiens tels que l'urée, les acides aminés, les sels, l'acide lactique et les lipides. La présence des microorganismes est plus marquée dans certaines régions; plis, périnée et les mains. On rencontre 2 types de flores sur la peau :

- la flore résidente : constituée d'espèces qui sont implantées de façon prolongée voire permanente sur la peau. Cette flore résidente joue un rôle essentiel dans l'équilibre physico-chimique de la peau et constitue une barrière efficace contre la colonisation par des microbes exogènes. Elle est essentiellement formée par des bactéries à Gram positif plus résistantes à l'absence d'humidité que les bactéries à Gram négatif, on retrouve principalement des Cocci à Gram+ : *Staphylococcus epidermidis* (face, narines, creux axillaires), *S. hominis* (creux axillaire, inguinaux et périnée), *S. haemolyticus* (bras, jambes, espaces interdigitaux), Streptocoques et microcoques. Les bacilles à Gram + : Aérobie:

Corynebacterium sp. lipophiles (périnée, narines, creux axillaires, espaces interdigitaux). Anaérobies: *Propionibacterium acnes*, *P. granulosum*, *P. avidum* (régions riches en glandes sébacées; cuir chevelu, face, ailes du nez, creux axillaires), muqueuses. Bactéries à Gram- : Cocci (*Neisseria*) et bacilles (*Acinetobacter*, *Proteus*, *Brevibacterium*...). Champignons: *Malassezia furfur* (levure appelée aussi *Pityrosporum* ovale). Parasites: *Demodex brevis* (acariens) et *D. follicularum* (visage, près du nez, des cils et des sourcils).

- la flore transitaire (passagère) : comporte des espèces qui font un bref séjour cutané et qui proviennent soit de l'environnement extérieur, soit du tube digestif. Le caractère instable de la flore transitaire est à l'origine de la transmission de bactéries pathogènes, responsable d'infections nosocomiales. Elle peut être formée par des entérobactéries, *Pseudomonas*, *Staphylococcus aureus*, spores de *Clostridium*,

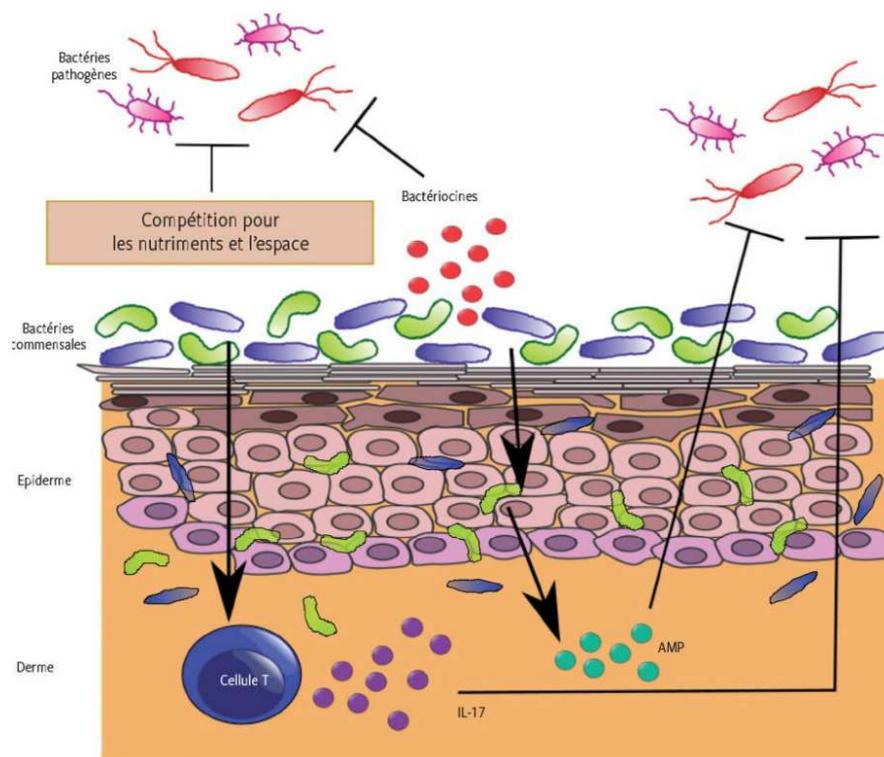


Figure 14. Flore commensale de la peau.

b. Flore respiratoire

Les voies respiratoires sont divisées en voies respiratoires supérieures et inférieures. Les voies supérieures comprennent le nez et le nasopharynx, l'oropharynx et la gorge,

tandis que les voies respiratoires inférieures comprennent la trachée, les bronches et les poumons.

La flore de l'arbre respiratoire supérieur est très variable et abondante au niveau du rhinopharynx (10^8 / ml de sécrétion pharyngée). Elle contient de nombreux opportunistes majeurs : *Staphylococcus aureus* (orifices nasaux en particulier), Streptocoques (dont *Streptococcus pneumoniae*), Haemophilus, Neisseria (éventuellement *Neisseria meningitidis* dont le portage est transitoire), *Branhamella catarrhalis*, des Anaérobies, corynébactéries et lactobacilles.

Au niveau de la trachée, la flore est minime et activement combattue par le mucus, les cils, les macrophages, etc... alors que l'arbre respiratoire inférieur est stérile.

c. Flore buccale

La microflore normale de la cavité buccale (bouche) est constituée de micro-organismes capables de résister à l'élimination mécanique et d'adhérer fermement à des surfaces telles que les gencives et les dents.

Au début, la flore microbienne qui s'établit dans la bouche appartient aux genres Streptococcus, Neisseria, Actinomyces, Veillonella, Lactobacillus et à certaines levures. Ces micro-organismes initiaux sont des aérobies et des anaérobies obligatoires. Lorsque les premières dents éclatent, les formes anaérobies (par exemple, Porphyromonas, Prevotella, Fusobacterium) dominent car l'espace entre les dents et les gencives est anaérobie. Plus tard, Streptococcus spp., essentiellement constitués de streptocoques alpha hémolytiques (*Streptococcus salivarius*, *S. mitis*, *S. sanguis*, *S. milleri*...), s'installent sur la surface de l'émail des dents et se fixent aussi sur les surfaces épithéliales et colonisent la salive. La présence de ces bactéries contribue à la formation éventuelle de plaques dentaires, de caries dentaires, de gingivites (inflammation des tissus des gencives) et de maladies parodontales (destruction des tissus et des os). Les streptocoques jouent aussi un rôle important dans le développement des endocardites.

La flore salivaire est le reflet de la flore de la muqueuse buccale, et contient un nombre élevé de bactéries (10^5 - 10^6 / ml), avec une nette prédominance des streptocoques et particulièrement de *S. salivarius*.

d. Flore urogénitale

Dans les voies urinaires normales de l'homme et de la femme, la vessie reste stérile alors que l'urètre est colonisé par des cocci et des bacilles à Gram négatif aérobies facultatifs.

Les voies génitales (vagin) d'une femme adulte, en raison de sa grande surface et de ses sécrétions muqueuses, possèdent une microflore complexe. Le milieu vaginal est faiblement acide et contient des quantités importantes de glycogène. *Lactobacillus acidophilus* fermente le glycogène pour produire de l'acide lactique et maintient les conditions acides. D'autres microbes tels que des levures (*Torulopsis* et *Candida*), des streptocoques et *E. coli* peuvent également être présents.

Le rôle des lactobacilles acidophiles (bacille de Döderlein) est prédominant, ils sont sélectionnés par l'acidité vaginale et constituent des compétiteurs contre les autres espèces en colonisant l'épithélium vaginal mais aussi pour certaines espèces en produisant du peroxyde d'hydrogène inactivateur des anaérobies et des *Gardnerella*.

La microflore vaginale change constamment entre la puberté et la ménopause. Avant la puberté, le vagin de la femme est alcalin et ne produit pas de glycogène, *L. acidophilus* est absent et la flore est constituée principalement de staphylocoques, de streptocoques, de diphtéroïdes et de *E. coli*. Après la ménopause, la production de glycogène cesse, le pH augmente et la flore ressemble à celle retrouvée avant la puberté.

Chez l'homme les bactéries présentes au niveau de l'urètre sont des *Streptocoques* sp., *Mycobacterium* sp., *E. coli* et *Bactéroïde* sp.

e. Flore digestive

Le tractus gastro-intestinal humain, site de la digestion des aliments, comprend l'estomac, l'intestin grêle et le gros intestin. La composition de la flore gastro-intestinale chez l'homme varie considérablement et est quelque peu dépendante du régime alimentaire. En effet, les personnes qui consomment une quantité considérable de viande présentent un nombre plus élevé de *Bacteroides* hautement protéolytiques et un nombre moins élevé de coliformes et de bactéries lactiques par rapport à ceux qui consomment un régime végétarien.

La flore digestive est la plus abondante et la plus importante. Elle varie en fonction des différents étages du tube digestif (**Fig. 15**). Les bactéries s'implantent dès la naissance pour

donner une flore endogène qui devient stable à partir de l'âge d'un an. Les bactéries intestinales jouent un rôle important dans le développement du système immunitaire.

Plusieurs études montreraient maintenant l'influence du microbiote intestinale sur le comportement des hôtes. En effet, des souris ayant reçu des bactéries intestinales *Lactobaccillus rhamnosus* sont moins stressées que les autres. Les récepteurs de l'acide γ -aminobutyrique situés dans le cerveau sont également plus actifs. L'ablation du nerf allant de l'intestin au cerveau fait disparaître ces caractéristiques, prouvant ainsi qu'un signal est envoyé grâce aux bactéries vers le système nerveux central. Ceci démontre l'interaction mutuelle étroite existant entre l'hôte et sa flore.

L'estomac est un environnement relativement hostile aux bactéries. Il contient des bactéries avalées avec la nourriture et des bactéries délogées de la bouche. Il possède une flore très pauvre du fait de son acidité (pH 2). L'acidité diminue le nombre de bactéries, qui est le plus élevé (environ 10^3 à 10^6 organismes / g de contenu) après les repas et le plus faible (souvent indétectable) après la digestion. Certaines bactéries *Helicobacter pylori* peuvent coloniser l'épithélium gastrique et causer des ulcères. L'intestin grêle possède aussi une flore pauvre en raison du péristaltisme et de l'abondance des sécrétions. Les germes présents sont essentiellement des streptocoques, staphylocoques et lactobacilles.

La flore colique est en revanche extrêmement variée et abondante. Elle comprend un nombre stupéfiant de bactéries (plus de 400 espèces ont été identifiées); néanmoins, 95 à 99 % appartiennent à des genres anaérobies tels que Bacteroides, Bifidobacterium, Eubacterium, Peptostreptococcus et Clostridium, viennent ensuite les entérobactéries (*E. coli*, Proteus, Klebsiella...), entérocoques et Staphylocoques. Dans cette région hautement anaérobie de l'intestin, ces genres prolifèrent, occupent la plupart des niches disponibles et produisent des déchets métaboliques tels que les acides acétique, butyrique et lactique. Les conditions anaérobies strictes, l'exclusion physique et les déchets bactériens sont des facteurs qui inhibent la croissance d'autres bactéries dans le gros intestin. De plus, cette flore est habituellement stable et limite l'implantation d'espèces pathogènes telles que Salmonelle, Shigelle ou Campylobacter et le développement de bactéries commensales potentiellement dangereuses. De plus, cette flore favorise la digestion et constitue dans une certaine mesure un apport supplémentaire à celui de l'alimentation. Elle Synthétise différentes vitamines (vitamines K et B9). Des espèces des genres Bifidobacterium, Lactobacillus, et Faecalibacterium jouent un rôle protecteur contre l'inflammation de la

muqueuse en inhibant la production de cytokines pro-inflammatoires ou en stimulant celle d'autres cytokines antiinflammatoires comme l'interleukine.

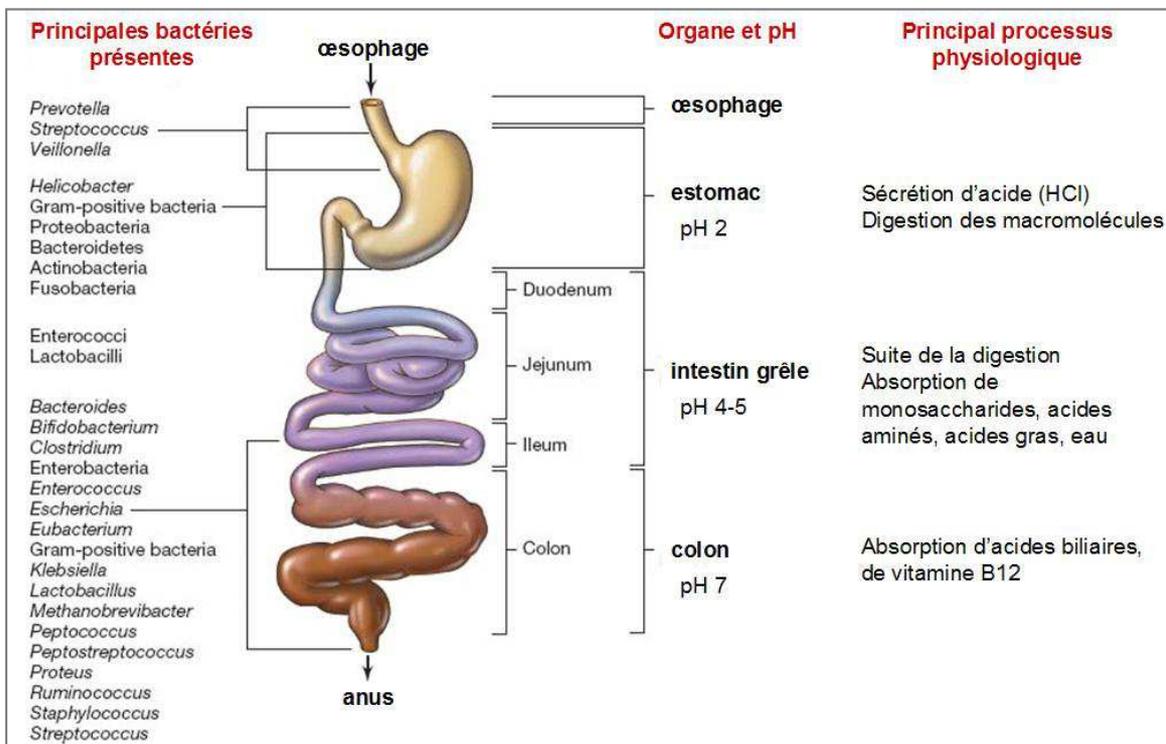


Figure 15. Flore de l'appareil digestive de l'homme

Bien que la flore normale puisse inhiber les agents pathogènes, bon nombre de ses membres peuvent provoquer une maladie chez l'homme. Les anaérobies dans le tractus intestinal sont les principaux agents des abcès intra-abdominaux et de la péritonite. Les anaérobies peuvent également causer des problèmes au niveau de la lumière gastro-intestinale. Le traitement aux antibiotiques peut permettre à certaines espèces anaérobies de devenir prédominantes et de provoquer des maladies. D'autres conditions pathologiques intestinales ou une intervention chirurgicale peuvent provoquer une prolifération bactérienne dans l'intestin grêle supérieur entraînant en malabsorption des nutriments.

En outre, de nombreuses maladies, notamment auto-immunes, sont associées à des déséquilibres de l'écosystème microbien intestinal et des solutions thérapeutiques fondées sur la restauration de la biodiversité intestinale sont développées.

2.3. Microorganismes – animaux

Tout comme l'être humain, les animaux sont exposés aux microorganismes dès le moment de la naissance ou de l'éclosion. Le tractus gastro-intestinal (TGI) des mammifères reçoit le premier inoculum de bactéries des matières fécales et du lait maternel, tandis que les poussins nouvellement éclos reçoivent des bactéries de la surface des coquilles d'œufs. Très peu d'informations est disponible sur la colonisation bactérienne de l'intestin du poisson, mais il semble logique que l'inoculum pour les alevins provienne de l'eau environnante. Chez les poulets, le tractus gastro-intestinal devient rapidement colonisé par des bactéries, avec la densité maximale étant atteinte dans les 5 premiers jours après éclosion. Au cours des semaines suivantes, la composition de la microflore change de façon marquée.

En révélant l'extraordinaire étendue de la diversité bactérienne et archéenne qui vit sur et à l'intérieur des organismes multicellulaires, les récents progrès technologiques du séquençage de l'ADN ont remis en cause cette vision simpliste. Il est de plus en plus évident que ces communautés de microorganismes, appelées microbiote, influencent profondément les phénotypes de l'hôte qui les portent et vice-versa. L'intestin des animaux présente des conditions de vie propices à la croissance des microorganismes qu'il héberge ; on y retrouve en effet la nourriture en abondance (les aliments en cours de digestion) et une très faible teneur en oxygène (un poison pour ces microorganismes qui sont pour la plupart strictement anaérobies). Ces communautés permettent en retour de compenser les déficits enzymatiques de l'hôte en digérant une partie de la nourriture, ce qui permet une meilleure extraction de l'énergie contenue dans les molécules alimentaires complexes.

La coévolution des espèces animales et de leurs microflores intestinales ont conduit à une situation dans laquelle les points chauds de la fermentation bactérienne ont été limités à des parties définies du TGI. Chez les animaux monogastriques, la fermentation bactérienne s'est concentrée dans le caecum et le côlon. Ces parties du TGI reçoivent des composés alimentaires qui échappent à la digestion et à l'absorption de l'hôte; par conséquent, les bactéries ne rivalisent pas avec l'hôte lorsqu'elles fermentent les substrats entrants. Cependant, dans le TGI supérieur, il y a compétition pour tous les sucres simples et les acides aminés utilisés par l'hôte, qui sont également disponibles pour les bactéries. Chez les dindonneaux, les équidés et les rongeurs, le site de fermentation bactérienne intense est un appendice ou cecum bien développé. Chez d'autres animaux monogastriques,

tels que l'homme et le porc, l'appendice caecal est réduit et la fermentation bactérienne se produit principalement dans le côlon.

Les espèces de mammifères qui se sont adaptées de manière convergente à un même régime alimentaire, par exemple l'herbivore, ont acquis dans leur intestin des bactéries identiques appartenant à de grandes catégories taxonomiques. L'intestin des herbivores est en effet enrichi en bactéries de la famille des Ruminococcaceae et Lachnospiraceae qui produisent des enzymes nécessaires à la dégradation de sucres complexes de plantes. Ces enzymes n'étant pas codées par le génome de l'hôte, ces bactéries jouent donc un rôle fondamental dans l'assimilation, par l'hôte, de ces molécules énergétiques.

Les carnivores, de leur côté, ont un microbiote intestinal enrichi en certaines familles de bactéries (telles *Lactobacillus*) impliquées dans la dégradation d'acides aminés, en forte concentration dans leur régime alimentaire. Des études portant sur le microbiote des chiens et des chats ont démontré la prédominance des Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria, Fusobacteria, et Actinobacteries.

Bien qu'ils aient en commun de grandes familles bactériennes, des espèces ayant le même régime alimentaire n'abritent pas les mêmes bactéries. A un niveau taxonomique plus précis, la répartition des bactéries entre intestins de mammifères n'est plus expliquée par des différences de régimes alimentaires, mais semble refléter la position phylogénétique des espèces.

a. Herbivores

Un herbivore est un vertébré qui se nourrit d'herbes et de plantes basses. En outre, la paroi des matières végétales est principalement composée de cellulose, d'hémicelluloses et de lignine qui assurent la structuration et la rigidité des végétaux. Or, l'énergie carbonée contenue dans ces polymères végétaux est difficilement accessible pour les consommateurs primaires. Seule l'action synergique d'un assemblage complexe de microorganismes permet d'hydrolyser les fibres alimentaires, puis de les fermenter.

Chez les mammifères herbivores, différents types de fermenteur sont observés (**Fig. 16**). Un large fermenteur caecal en position distale caractérise les herbivores de petite taille (lagomorphes, daman, rongeurs herbivores, petits marsupiaux herbivores). Pour les grands herbivores, on distingue la stratégie du fermenteur colique (équidés, éléphant, orang-outang, gorille) de celle du fermenteur stomacal (ruminants, camélidés, paresseux, marsupiaux macropodes).

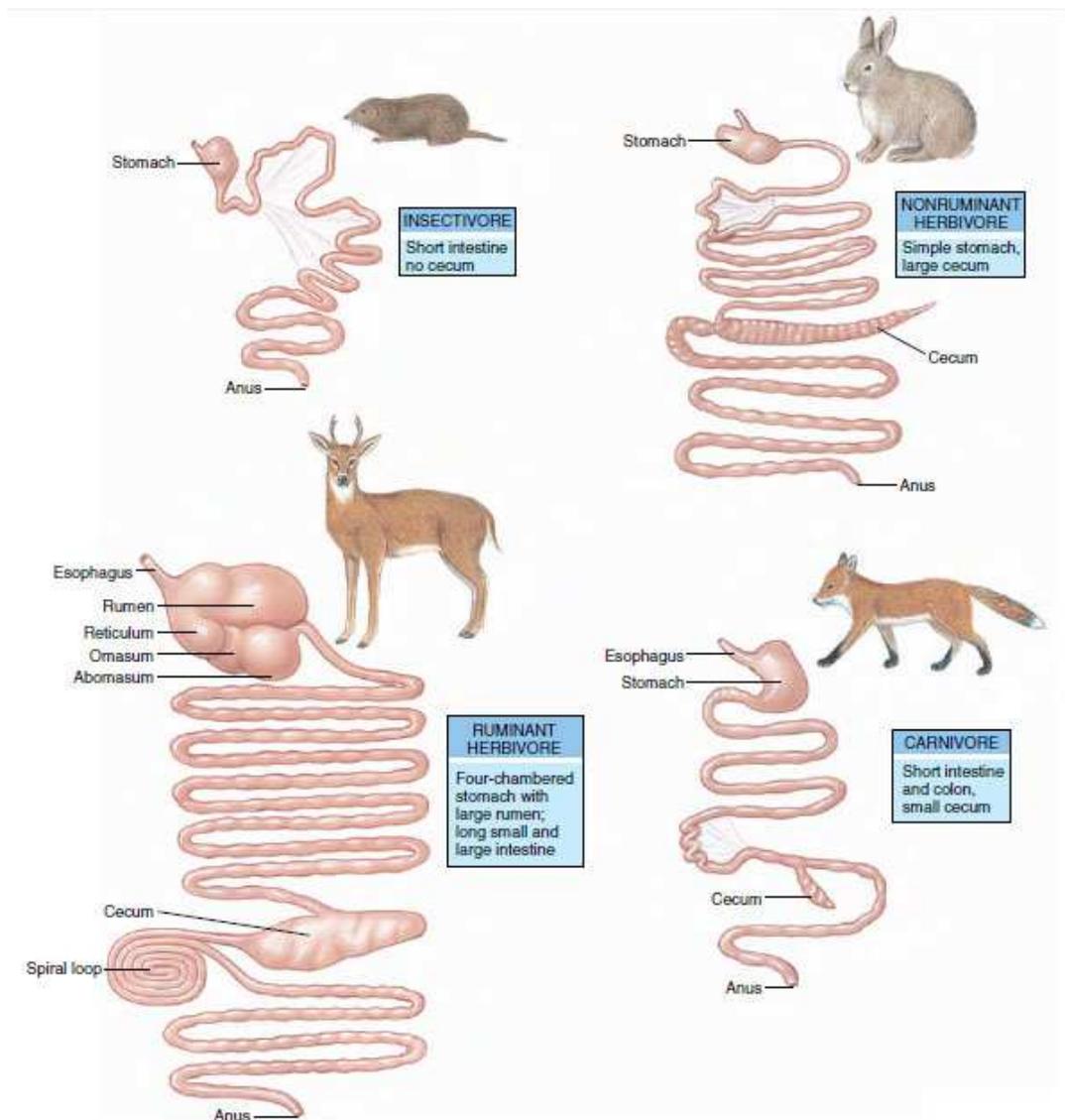


Figure 16. Systèmes digestifs des animaux.

Dans un fermenteur digestif, un ensemble de processus mécaniques, chimiques et biologiques convertit l'énergie contenue dans les aliments sans utiliser le dioxygène. La particularité des fermenteurs digestifs comparativement à d'autres organes digestifs, réside dans la densité et la diversité des microorganismes présents.

Les fermenteurs stomacal et caecal sont représentatifs des deux principales stratégies évolutives rencontrées chez les principaux mammifères herbivores de rente. Le fermenteur stomacal, dont la vache domestique (*Bos taurus*) est un représentant spécifique, est basé sur le mutualisme coopératif entre l'hôte et son microbiote : les microorganismes

utilisent des sources fibreuses non concurrentielles avec l'hôte. L'inconvénient de ce mutualisme pour l'hôte est la digestion par les microorganismes de sources carbonées qui auraient pu être accessibles à la digestion de l'hôte.

A l'opposé, le fermenteur caecal, dont le lapin européen (*Oryctolagus cuniculus*) est un représentant spécifique, est basé sur le mutualisme compétitif coopératif entre l'hôte et son microbiote. En effet, la stratégie digestive du lapin repose sur un mutualisme combiné: le mutualisme est dit compétitif car le lapin, à l'instar des espèces carnivores, conserve un accès privilégié à l'aliment en retardant son accès aux microorganismes; le mutualisme est dit coopératif car les microorganismes du caecum utilisent, à l'instar de ceux présents dans le rumen, des sources carbonées non concurrentielles pour le lapin.

Chez les bovins, la stratégie digestive est de favoriser le séjour des fibres alimentaires ingérées dans le rumen, jusqu'à aboutir à une réduction suffisante de la taille des particules, et donc à une dégradation poussée des fibres. En outre, les enzymes microbiennes, contrairement aux enzymes de mammifères, peuvent digérer la cellulose. Dans les conditions anaérobies, les microbes génèrent des acides gras volatils comme produits finaux de fermentation. L'environnement du rumen est adapté pour les fermentations microbiennes, ceci permet à l'animal hôte d'utiliser les glucides complexes et l'azote pour les besoins en énergie et en protéines. Les ruminants complètent l'activité microbienne en régurgitant (ruminant), qui permet une mastication supplémentaire des grosses particules alimentaires. Le mouvement des muscles dans la paroi du rumen permet le mélange continu du contenu du rumen pour maintenir la digestion par les microbes et l'absorption d'acides gras volatils ainsi que d'autres nutriments par l'hôte. Les acides gras volatils, l'acétate, le propionate et le butyrate peuvent contribuer jusqu'à 80% des besoins énergétiques de l'animal. De plus, les ruminants n'ont généralement pas besoin de suppléments en vitamines dans leur régime alimentaire en particulier la vitamine B qui est synthétisée par la microflore du rumen, souvent au-delà des besoins de l'animal.

Chez le lapin, à l'inverse, la stratégie de l'hôte est de tirer parti des fractions rapidement digestibles des plantes (amidon, protéines...) dans l'intestin grêle. Dans le gros intestin du lapin (caecum et côlon) il s'agit de permettre aux particules les plus fines de séjourner plus longuement dans le fermenteur, tout en favorisant un transit plus rapide des particules les plus grossières, évacuées dans les fèces. Les microorganismes, qui se multiplient dans le caecum et le côlon proximal et produisent des nutriments absorbables,

sont en partie ingérés via le comportement de caecotrophie. La caecotrophie est pratiquée par tous les Lagomorphes (Lapins, Lièvres, ...) et par quelques Rongeurs (Castor, ...), consistant en la production de deux types d'excréments au cours de la même journée et à ingérer systématiquement un des deux types d'excrément (du contenu digestif très peu modifié) et à rejeter systématiquement l'autre type (déjections vraies).

Outre, les microorganismes qui peuplent les fermenteurs digestifs appartiennent aux trois domaines du vivant : Bacteria, Archaea et Eucarya. Les virus, qui ne sont pas considérés comme des êtres vivants mais comme des entités biologiques, sont également présents. Le rumen de la vache contient 10^{10} à 10^{11} bactéries, 10^8 à 10^{10} archées, 10^3 à 10^6 protozoaires (ciliés et flagellés), 10^2 à 10^4 zoospores de champignons et 10^9 à 10^{10} particules virales par millilitre. La population bactérienne du caecum est largement majoritaire et estimée à 10^{10} à 10^{12} bactéries par g de contenu tandis que la population des archées est estimée à 10^7 par g de contenu. En ce qui concerne le domaine des eucaryotes, l'écosystème digestif caecal du lapin semble dépourvu de champignons anaérobies et de levures bien que la présence de levures «commensales» ait été observée dans le caecum (10^6 par g). Les protozoaires sont absents de l'écosystème caecal.

Dans le rumen, les proportions de Firmicutes et de Bacteroidetes sont similaires (41 vs 47 %) ; à l'inverse, chez le lapin une large prédominance des Firmicutes est observée (92,5 %), les Bacteroidetes ne représentant que 3 %. Par ailleurs, les bactéries présentes sont spécifiques de chaque espèce hôte puisqu'aucune espèce en commun n'a pu être trouvée entre ces deux écosystèmes. Chez le lapin 80 à 90 % des espèces hébergées dans le caecum sont considérées comme de nouvelles espèces jamais référencées dans les bases de données. Enfin, la réalisation d'empreintes moléculaires des communautés bactériennes, «Capillary Electrophoresis Single Strand Conformation Polymorphism», montre que la diversité de la communauté bactérienne est plus élevée dans le rumen que dans le caecum.

Références bibliographiques

Références bibliographiques

- Apajalahti J. 2005. Comparative gut microflora, metabolic challenges, and potential opportunities. *The Journal of Applied Poultry Research*. 14: 444–453.
- Atlas RM. and Bartha R. 1998. Microbial ecology. Fundamentals and applications. Fourth Edition. Benjamin/ Cummings Science Publishing, California, USA.
- Beneduzi A., Ambrosini A. and Passaglia LMP. 2012. Plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR): Their potential as antagonists and biocontrol agents. *Genetics and Molecular Biology*. 35(4): 1044-1051.
- Davis CP. 1996. Normal flora. In: Baron S. Medical microbiology. 4th edition. The University of Texas Medical Branch at Galveston. Galveston, Texas, USA.
- Fasano A. 2009. Comprendre le dialogue: l'interaction entre les micro-organismes et l'hôte. *Annales Nestlé*. 67: 9–18. DOI: 10.1159/000222311.
- Groussin M. et Mazel F. 2017. Évolution des microbiotes intestinaux de mammifères et ses conséquences sur la santé humaine. *Médecine/Sciences*. 33(12): 1038–1042. DOI:10.1051/medsci/20173312007
- Gupta G., Parihar SS., Ahirwar NK., Snehi SK. and Singh V. 2015. Plant Growth Promoting Rhizobacteria (PGPR): Current and future prospects for development of sustainable agriculture. *Journal of Microbial and Biochemical Technology*. 7(2): 96-102.
- Hossain MM., Sultana F. and Islam S. 2017. Plant Growth-Promoting Fungi (PGPF): Phytostimulation and Induced Systemic Resistance. In: Singh D., Singh H. and Prabha R. (eds) plant-microbe interactions in agro-ecological perspectives. Springer, Singapore.
- Lepinay C. 2013. Etude des interactions plantes-microbes et microbes-microbes au sein de la rhizosphère, sous un aspect coûts-bénéfices, dans un contexte de variation environnementale. Thèse pour obtenir le grade de Docteur de l'Université de Bourgogne en Sciences Vie. Spécialité : Ecologie microbienne Sciences agricoles. Université de Bourgogne.
- Lindow SE. and Brandl MT. 2003. Microbiology of the Phyllosphere. *Applied and Environmental Microbiology*. 69(4): 1875–1883.
- Madigan M. et Martinko J. 2007. Biologie des microorganismes. 11^{ème} Edition. Distribution Nouveaux Horizons, Paris.

- Mezaache-Aichour S. Microbiologie Environnementale. Polycopié de cours destiné aux étudiants de 3^{ème} Année Licence Microbiologie et Microbiologie Appliquée. Université Ferhat Abbas, Sétif, Algérie.
- Michelland R., Combes S., Monteils V., Bayourthe C., Cauquil L., Enjalbert F., Julien C., Kimsé M., Troegeler-Meynadier A., Zened A., Gidenne T., Fortun-Lamothe L. 2012. Analyse comparée des écosystèmes digestifs du rumen de la vache et du caecum du lapin. *INRA Productions Animales*. 25(5): 395-406. ISSN 0990-0632
- Prescott LM., Harley JP. and Klein DA. 2005. Microbiology. 6th Edition. McGraw – Hill. USA.
- Tancrède C. 1992. Role of human microflora in health and disease. *European Journal of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*. 11(11): 1012-1015.
- Wells JE. And Varel VH. 2005. GI Tract: Animal/Microbial Symbiosis. In: Pond WG. And Bell AW. Encyclopedia of animal science. Marcel Dekker, Inc, New York, USA.
- Zancarini A. 2012. Etude de l'interaction plante-communautés microbiennes de la rhizosphère chez l'espèce modèle *Medicago truncatula* par une approche multidisciplinaire contribution à la réflexion sur le pilotage des interactions par la plante. Thèse pour obtenir le grade de Docteur de l'Université de Bourgogne en Sciences de la Vie et de la Terre. Spécialités : Ecophysiologie et Ecologie Microbienne.