



HAL
open science

Les biofilms bactériens: vers une modélisation “ hybride ”

Annick Lesne, Fabien Campillo, Alain Rapaport

► To cite this version:

Annick Lesne, Fabien Campillo, Alain Rapaport. Les biofilms bactériens: vers une modélisation “ hybride ”. Systèmes complexes, de la biologie aux territoires, 23, Agropolis International Editions, pp.33, 2018, Dossiers d’Agropolis International. hal-01823255v2

HAL Id: hal-01823255

<https://hal.inrae.fr/hal-01823255v2>

Submitted on 5 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L’archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d’enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

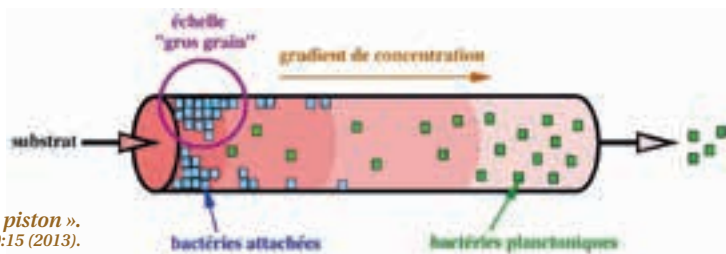
Dynamique des populations

Les biofilms bactériens : vers une modélisation « hybride »

Les biofilms, assemblages de bactéries et de la matrice adhérente qu'elles sécrètent, sont présents dans de nombreux écosystèmes naturels. Ils comprennent des milliards de micro-organismes appartenant à des centaines, voire des milliers, d'espèces, et peuvent former des structures tridimensionnelles variées. Un biofilm est typiquement un système complexe, par le fait qu'il est composé d'un très grand nombre d'individus et que leurs interactions dépendent à la fois de la structure spatiale du biofilm et de la diversité bactérienne. Dans les systèmes récents d'épuration des eaux, les biofilms participent au fonctionnement en améliorant l'efficacité du traitement bactérien dans les bioréacteurs. Les modèles fonctionnels de biofilms doivent coupler biodiversité et structure spatiale, en intégrant des hypothèses réalistes sur les interactions entre les bactéries et la matrice de polymères qu'elles produisent. Une description macroscopique effective est donc insuffisante. Les modèles couramment utilisés sont stochastiques et individus-centrés, i.e. chaque bactérie est simulée avec sa richesse de comportements, ce qui peut devenir très coûteux pour de grandes populations. Nous proposons de dériver des versions réduites de ces modèles individus-centrés, par homogénéisation et approximations des premiers moments, afin de capturer les propriétés statistiquement robustes de ces

modèles computationnels en termes de modèles mathématiques plus synthétiques. La considération de dynamiques multi-échelles hybrides, stochastiques ou déterministes selon la taille de la population, a révélé des résultats surprenants et de portée générale : une étude de modèles « macroscopiques » obtenus par changement d'échelle à partir de modèles de saut pur au niveau microscopique, révèle des zones de l'espace d'état « sensibles » à la taille de la population. Le résultat notable est que les « faibles populations », pour lesquelles les termes stochastiques ne peuvent être négligés, vont jusqu'à des tailles contenant un plus grand nombre d'individus qu'attendu.

Contacts : A. Lesne (UMR LPTMC), lesne@lptmc.jussieu.fr, F. Campillo (Inria), fabien.campillo@inria.fr, A. Rapaport (UMR MISTEA), alain.rapaport@inra.fr
Plus d'informations : travaux réalisés dans le cadre de l'ANR DISCO, <https://sites.google.com/site/anrdisco>



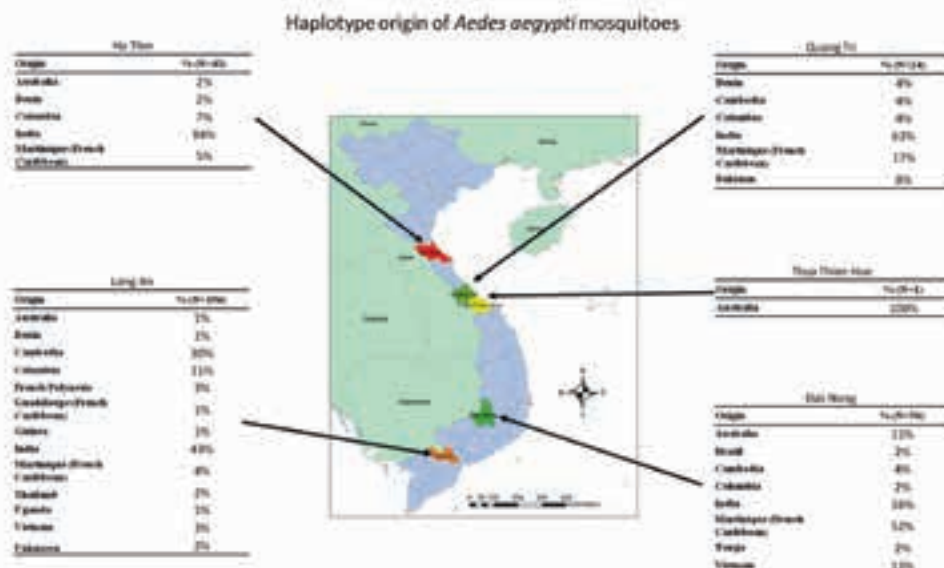
► Schéma d'un bioréacteur de type « piston ». D'après Deygout et al. *Ecological Modelling*, 250:15 (2013).

Paramètres éco-évolutifs de l'émergence des maladies transmissibles

L'émergence ou la réémergence de maladies transmissibles dans une espèce ou une population est le résultat de processus complexes de mieux en mieux compris. Cependant, malgré les avancées théoriques, les modèles échouent à anticiper ces émergences. Étudier les émergences nécessite d'intégrer des données à différentes échelles biologiques (gène, génome, population, métapopulation), spatiales (locale, régionale et mondiale) et temporelles (court et long termes). L'ISEM et ses partenaires*, étudient les dynamiques épidémiques et évolutives de différents agents pathogènes dans les populations hôtes, afin de mieux comprendre, et prévenir, l'implantation de nouveaux pathogènes et l'apparition d'épidémies. L'institut travaille principalement sur des maladies dites « vectorielles » (transmises par des arthropodes hématophages). L'approche pluri- et interdisciplinaire utilisée s'appuie sur des compétences reconnues en écologie parasitaire, évolution et co-évolution, santé publique et vétérinaire, analyse de données biologiques complexes, etc. Par exemple, l'agent pathogène de la dengue, bien que central, n'est pas le principal déterminant du déclenchement et du

maintien des épidémies. Les espèces de moustiques vectrices présentes dans une zone géographique donnée (principalement *Aedes aegypti* et *A. albopictus*, le moustique tigre) sont tout aussi importantes. Au-delà des espèces elles-mêmes, les différentes lignées de chaque espèce peuvent présenter des capacités différentes à transmettre la maladie (capacité vectorielle) et donc influencer la dynamique de la maladie elle-même. Ainsi, l'analyse des lignées de vecteurs réalisée au Vietnam entre 2012 et 2014 (fig. ci-dessous) a mis en évidence que (i) les espèces vectrices majoritaires ne sont pas les mêmes dans différentes zones géographiques, (ii) les lignées porteuses du virus sont systématiquement des lignées déjà détectées dans d'autres zones géographiques (Afrique, Océanie, Amérique du Sud ou même Europe) et (iii) la densité totale d'une espèce de moustique n'est pas un déterminant majeur de l'épidémie.

Contacts : L. Gavotte, laurent.gavotte@umontpellier.fr et C. Moulia, catherine.moulia@umontpellier.fr (UMR ISEM)



* Cirad, Inria, Universités de Barcelone et de Varsovie, Gadjah Mada University et National Institute of Health Research and Development (Indonésie), National Institute of Hygiene Epidemiology (Vietnam), Universiti Putra Malaysia (Malaisie), Mahidol University (Thaïlande).

◀ Distribution des haplotypes des populations de moustique *A. aegypti* au Vietnam.
 © Laurent Gavotte