

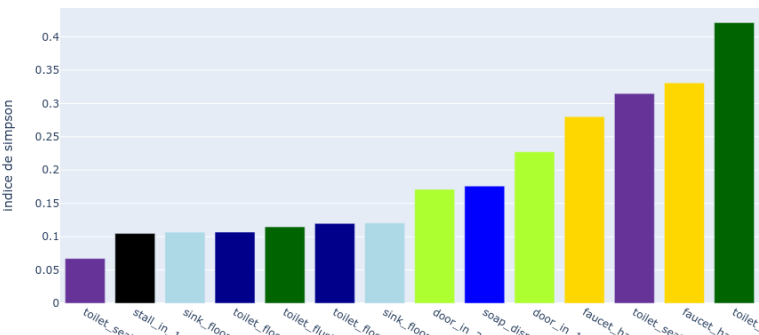
# Biogéographie microbienne de diverses surfaces dans des toilettes publiques

Microbial Biogeography of Public Restroom Surfaces  
par Gilberto E. Flores et al. 2011

## INTRODUCTION

Afin d’aider à la **prévention des épidémies**, l’étude et l’**identification des bactéries** avec lesquelles nous sommes amenés à être en contact est primordiale. Heureusement les **progrès du séquençage**, nous permettent d’analyser l’ADN environnemental et de retracer les organismes présents afin de décrire la communauté microbienne. Une **étude de métagénomique** publiée en 2011 a étudié la répartition des bactéries dans une pièce très couramment utilisée : **les toilettes**.

## ALPHA DIVERSITÉ

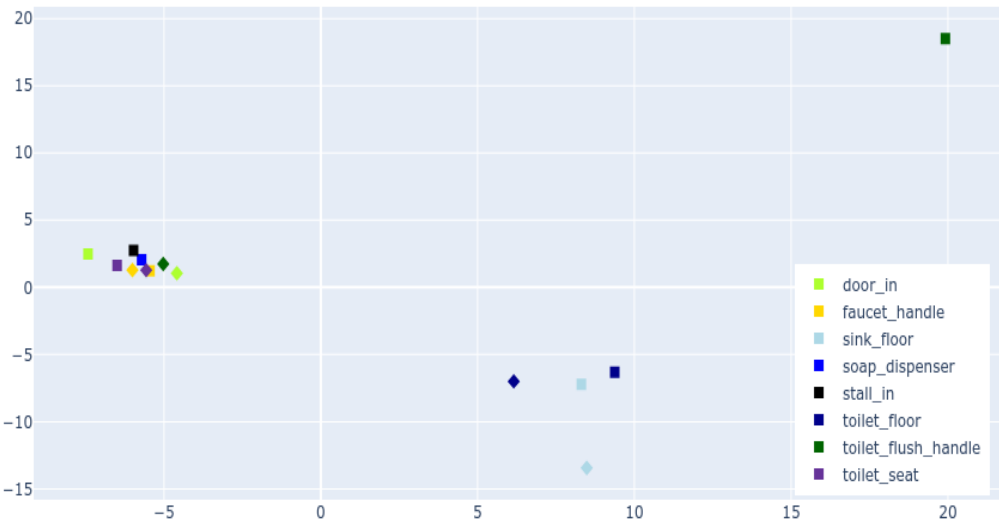


La diversité  $\alpha$  consiste à mesurer la **diversité intra échantillon**. Différents estimateurs existent, nous avons choisis d'utiliser l'estimateur D de Simpson :

$$D = \frac{\sum n(n-1)}{N(N-1)}$$

Plus la valeur est grande plus la diversité de l'échantillon est importante. L'échantillon possédant le **plus de diversité** est celui correspondant à la poignée de **chasse d'eau des toilettes homme**.

## BÊTA DIVERSITÉ

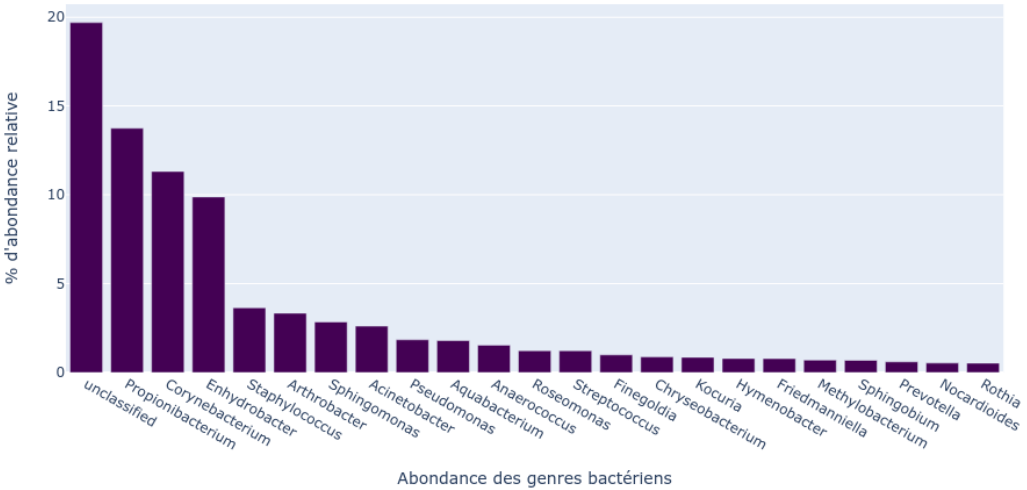


La diversité  $\beta$  consiste à mesurer la **diversité des espèces entre les échantillons**. On procède le plus souvent à de l'analyse multivariée (ACP) de la matrice des comptages des genres par échantillon. Ici, on observe le regroupement d'échantillons dont la composition en genre bactérien est similaire. 3 « clusters » sont identifiés : un « **cluster sol** », un « **cluster peau** » et un « **outlier** » dont il nous faut connaître la composition.

## MÉTHODES

- ✓ Prélèvement sur 10 surfaces dans 6 toilettes hommes et 6 toilettes femmes
- ✓ Extraction de l'ADN contenue dans les échantillons & amplification de la région 16S.
- ✓ Séquençage.
- ✓ Assignation taxonomique par bio-informatique.

## GAMMA DIVERSITÉ



La diversité  $\gamma$  consiste à étudier les genres bactériens **les plus représentés** dans l'environnement. On notera la présence majoritaire de séquences « unclassified ». En effet les approches de métagénomiques liées à l'ARN 16S ne permettent pas toujours d'obtenir le niveau taxonomique du genre. Beaucoup de genre bactérien possède une abondance relative faible. Mais 3 genres se démarquent : **Propionibacterium**, **Corynebacterium** et **Enhydrobacter**.

## CONCLUSION

La formation de cluster est lié aux **types de contamination** des différentes échantillons et la **forte diversité  $\alpha$**  de l'échantillon «**chasse d'eau homme**», explique son positionnement anormal dans l'ACP. En effet, selon les auteurs de la publication, cet échantillon constitue un **mélange** entre le « **cluster peau** » et le « **cluster sol** » : s'expliquant par le fait que les hommes tirent parfois la chasse d'eau avec le pied. On notera que les approches de métagénomiques permettent de **capturer la biodiversité** d'un environnement. Pour autant elles ne permettent pas de distinguer les **microbiomes actifs et inactifs**. Les bactéries actives qui pourraient être vectrices de maladies.

L'utilisation de la **metatranscriptomique** permettrait d'en apprendre plus sur les réseaux d'interactions entre bactérie et donc de cibler préférentiellement certaines espèces dans une logique de **prévention des maladies**.