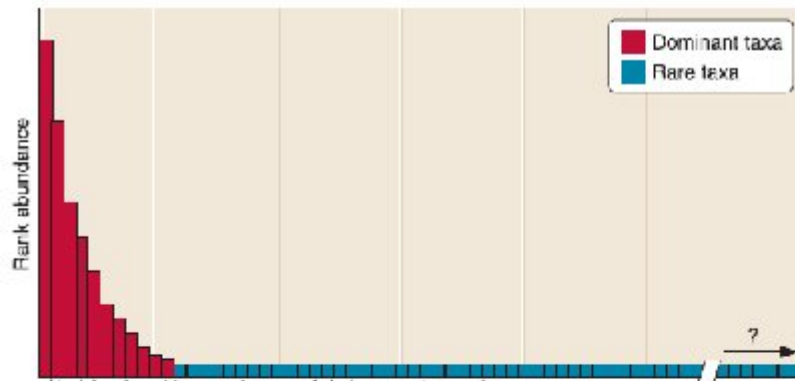


Scientific background

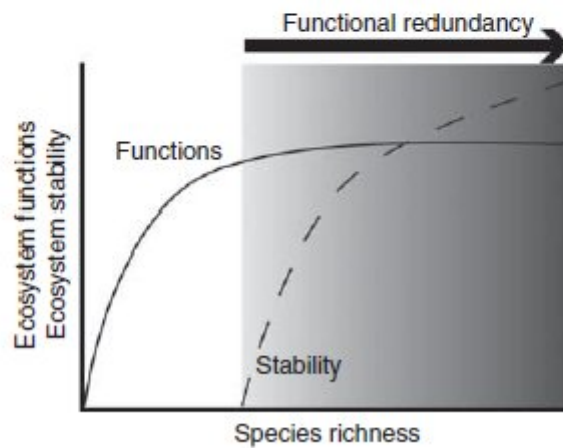
The goal of community ecology is to understand the structuring of assemblages, their changes in time and space, and their functional interactions. The microbial community is thus seen as a supra-organism composed of populations which interact in a theoretically homogeneous environment; the metagenome can thus be considered as a property of this community (Konopka 2009 ISMEJ). However, the study of microbial communities has its own specificities such as the definition of the species or the existence of micro-environments. On the other hand, the fact that few microorganisms can be cultured means that the characterization of the structure-function relationship at the scale of an organism, often known only by the sequence of the small subunit of the rRNA, remains a methodological challenge. Microbiologists are therefore faced with a problem that can be likened to that of astrophysicists faced with the characterization of dark matter (Rinke et al. 2013 Nature). Indeed, as the latter deduce the existence of a large quantity of mass not yet detected in the universe by indirect approaches, the microbiologists only glimpse the extraordinary microbial diversity starting from indirect molecular techniques (study of phylogenetic markers). Finally, long ignored within the framework of metacommunities, the aspects of spatial dynamics cannot be separated from the evolutionary dynamics generated by dispersion (eg coevolution) (Urban et al. 2008 Trends in Ecology & Evolution), all the more important as these communities have very short generation times. Our work integrates these different aspects and falls within the field of community dynamics by combining the different spatial and historical scales.

L'objectif de l'écologie des communautés est de comprendre la structuration des assemblages, leurs changements dans le temps et dans l'espace et leurs interactions fonctionnelles. La communauté microbienne est ainsi vue comme un supra-organisme composé de populations qui interagissent dans un environnement théoriquement homogène ; le metagenome peut ainsi être considéré comme une propriété de cette communauté (Konopka 2009 ISMEJ). Or, l'étude des communautés microbiennes comporte des spécificités propres comme la définition de l'espèce ou l'existence de micro-environnements. D'autre part, le fait que peu de microorganismes puissent être mis en culture fait que la caractérisation de la relation structure-fonction à l'échelle d'un organisme, connu souvent uniquement par la séquence de la petite sous-unité de l'ARNr, reste un défi méthodologique. Les microbiologistes se retrouvent donc face à un problème qui peut être assimilé à celui des astrophysiciens confrontés à la caractérisation de la matière sombre (Rinke et al. 2013 Nature). En effet, comme ces derniers déduisent l'existence d'une grande quantité de masse non encore détectée dans l'univers par des approches indirectes, les microbiologistes ne font qu'entrevoir l'extraordinaire diversité microbienne à partir de techniques moléculaires indirectes (étude de marqueurs phylogénétiques). Enfin, longtemps ignorés dans le cadre des métacommunautés, les aspects de dynamique spatiale ne peuvent être disjoints de la dynamique évolutive engendrée par la dispersion (e.g. coévolution) (Urban et al. 2008 Trends in Ecology & Evolution), d'autant plus importante que ces

communautés ont des temps de génération très courts. **Nos travaux intègrent ces différents aspects et se situent dans le champ de la dynamique des communautés en combinant les différentes échelles spatiales et historiques.**



(Pedros-Alio, 2006)



(Konopka *et al.* 2009)

[https://lmge.uca.fr/version-francaise/equipes/genomique-de-lenvironnement-et-bioinformatique-meb/contexte-scientifique\(https://lmge.uca.fr/version-francaise/equipes/genomique-de-lenvironnement-et-bioinformatique-meb/contexte-scientifique\)](https://lmge.uca.fr/version-francaise/equipes/genomique-de-lenvironnement-et-bioinformatique-meb/contexte-scientifique(https://lmge.uca.fr/version-francaise/equipes/genomique-de-lenvironnement-et-bioinformatique-meb/contexte-scientifique))