

Evolution et Biodiversité des Microorganismes

Tamara Basta-Le Berre

tamara.basta-le-berre@universite-paris-saclay.fr

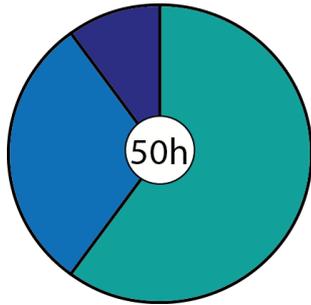
Modalités de Contrôle des Connaissances

UE optionnelle, S1, plateforme Microbiologie, 50h, **5 ECST**

1^{ère} session: devoir (à rendre pour **le lundi 30 décembre**, coef. 0,4
examen écrit de 2h (**mardi 28 janvier**), coef. 0,6

2^{ème} session: report note devoir, coef. 0,4
examen écrit de 2h, coef. 0,6 → **ANNALES sur E-campus**

Equipe pédagogique et contenu



T. Basta-Le Berre

tamara.basta-le-berre



J. Peltier

johann.peltier

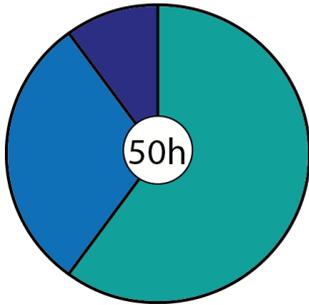
@universite-paris-saclay.fr

COURS MAGISTRAUX

- Les concepts fondamentaux de la phylogénie moléculaire
- Histoire évolutive des Archées, Bactéries et des Protistes
- L'arbre de vie – état de l'art
- Dernier ancêtre universel commun

TRAVAUX DIRIGES

- Construction et interprétation des arbres phylogénétiques
- Annotation de gènes

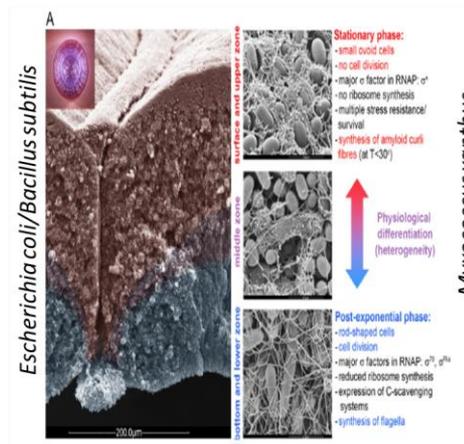


C. Regard

christophe.regard

COURS MAGISTRAUX et TDs

→ Evolution des microorganismes sous le prisme de la différenciation



Biofilms

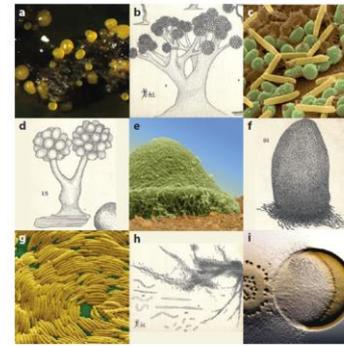
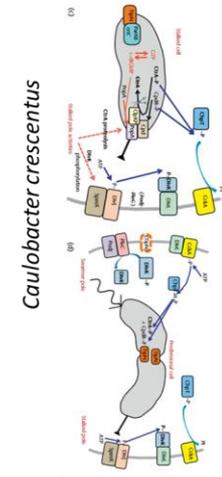
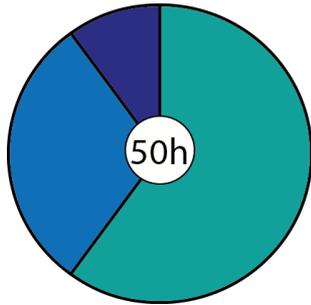


Figure 1
Myxobacterial social phenotypes. (a) Myxococcus xanthus fruiting bodies emerging from a soil particle. (b) Sketch of a Chlamydomonas reinhardtii fruiting body. (c) Spherical spores and vegetative rod forms of M. xanthus cells. (d) Sketch of a Chlamydomonas reinhardtii (recolonized as Dictyostelium discoideum) fruiting body. (e) M. xanthus fruiting body. (f) Sketch of a Myxococcus xanthus fruiting body. (g) M. xanthus cells engaging in coordinated motility. (h) Sketch of swimming and individual cells of C. reinhardtii. (i) M. xanthus swarms (movements left to right) consuming a colony of Escherichia coli (image by J. Berkman and J. Karle). All sketches are by Roland Thumme, 1992 (2017), used with permission of Harvard University, Cambridge, MA. Electron microscopy images are by J. Berger and S. Kadam.

Corps fructifères



Régulation motilité/fixation



COURS MAGISTRAUX

→ Ecologie microbienne dans le sol et dans les milieux aqueux

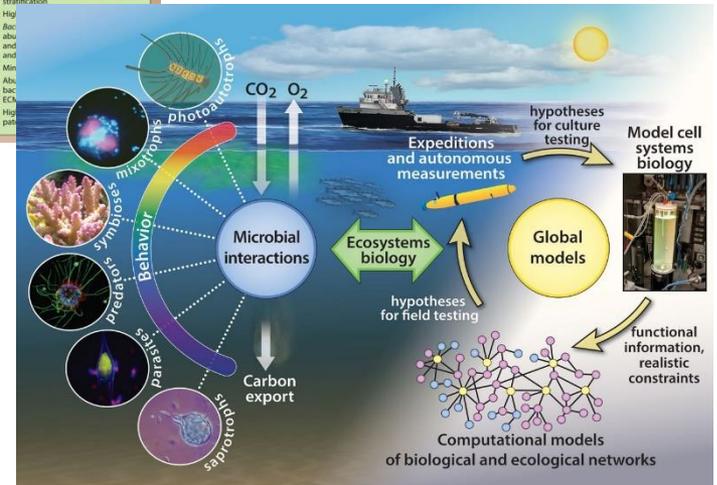
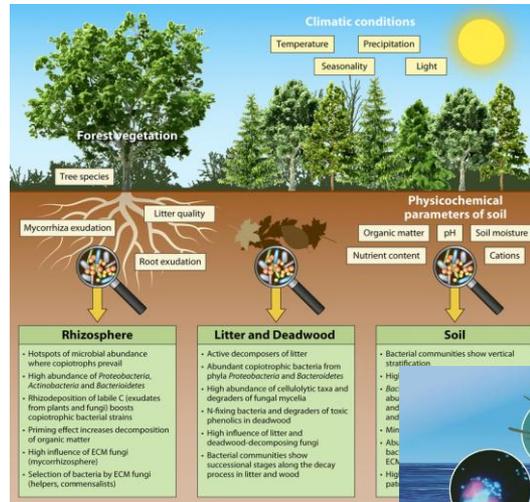


L. Barthes

M. Iniesto

laure.barthes

miguel.iniesto



1. Préambule:

- pourquoi *évolution* et biodiversité des microorganismes?
- 21ème siècle – l'âge d'or de la microbiologie

2. Découverte et classification des microorganismes: brève histoire

3. Brève histoire de la pensée évolutive

4. Découverte du 3-eme domaine du vivant – les Archées

5. Diversité microbienne – la révolution technologique

Préambule: pourquoi *évolution* et biodiversité des microorganismes?

COMPLEXITE

« Nothing in biology makes sense except in the light of evolution »



Theodosius Dobzhansky (1900-1975)
Entomologiste et généticien russe

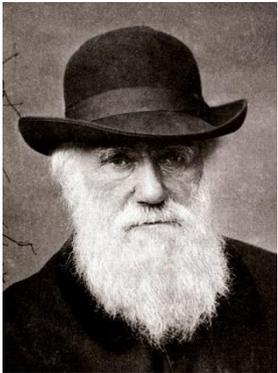
The complications of the machinery out of which organisms are built are nothing short of incredible. And these complications bear the stigmata of a complex history.

Careful **examination of the current features of organisms** thus **reveals a great deal about the contingent pathways** by means of which they were constructed.

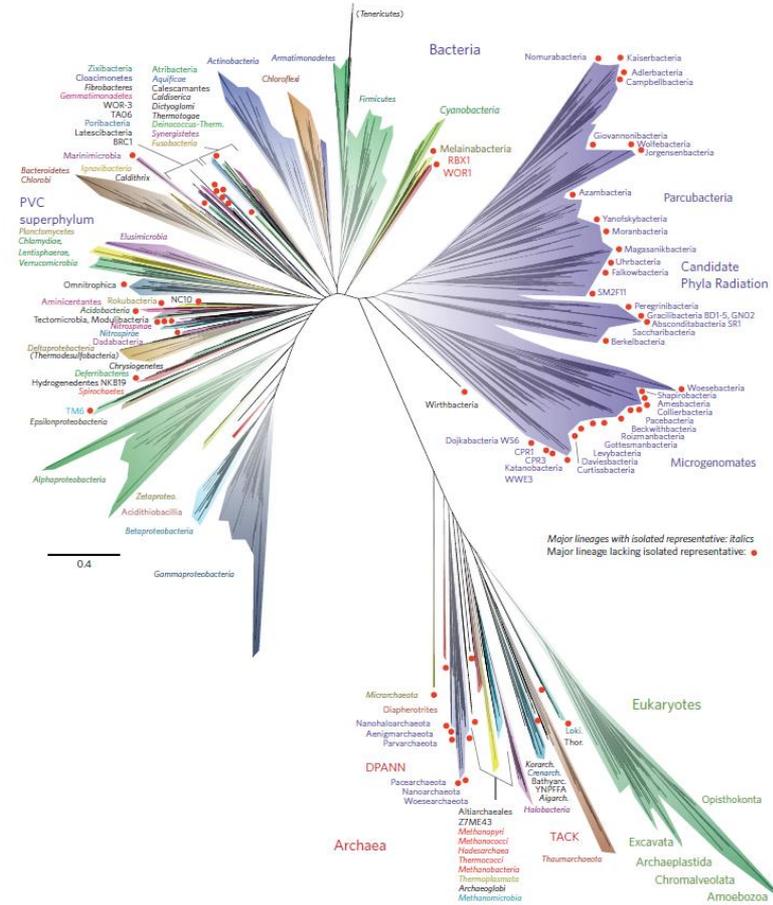
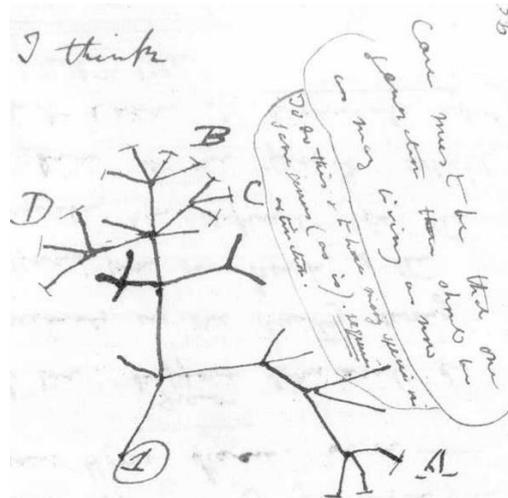
Préambule: pourquoi évolution et biodiversité des microorganismes?

DIVERSITE

→ Pour comprendre la diversité microbienne nous avons besoin de connaître leur histoire évolutive (et *vice versa*)



Charles Darwin
(1809-1882)



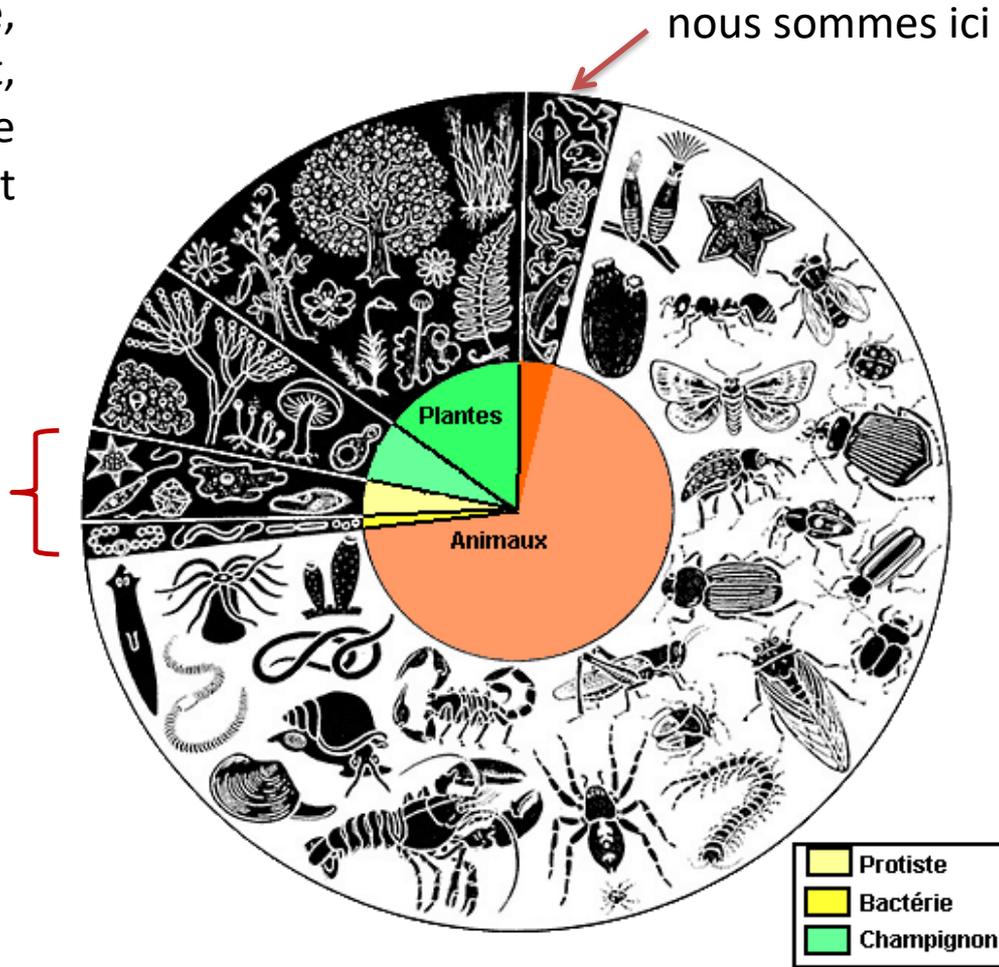
→ Phylogénie moléculaire : classification et l'histoire évolutive des organismes

Préambule: 21eme siècle - l'âge d'or pour la microbiologie

« The time will come I believe, though I shall not live to see it, when we shall have very fairly true genealogical trees of each great kingdom of nature. »

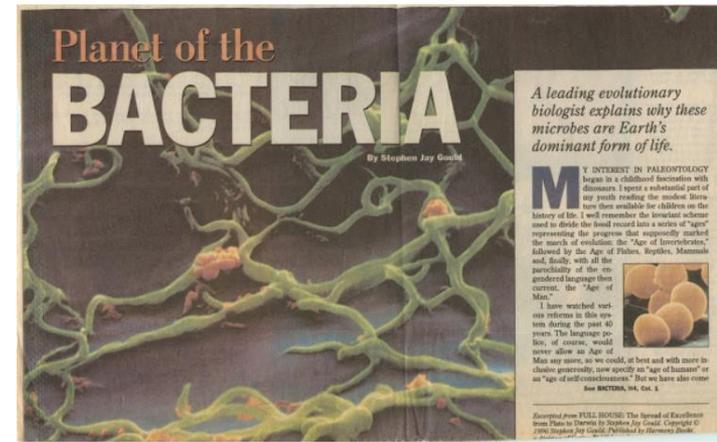
C. Darwin to Tomas Huxley, 1857

« MONERA »



Préambule: 21eme siècle - l'âge d'or pour la microbiologie

“We live now in the ‘Age of Bacteria.’ Our planet has always been in the “Age of Bacteria,” ever since the first fossils —bacteria, of course—were entombed in rocks more than 3 billion years ago. On any possible, reasonable or fair criterion, bacteria are—and always have been—the dominant forms of life on Earth. Our failure to grasp this most evident of biological facts arises in part from the **blindness of our arrogance** but also, in large measure, as an effect of scale. **We are so accustomed to viewing phenomena of our scale—sizes measured in feet and ages in decades—as typical of nature.**”



Stephen Jay Gould
(1996)
paleontologiste

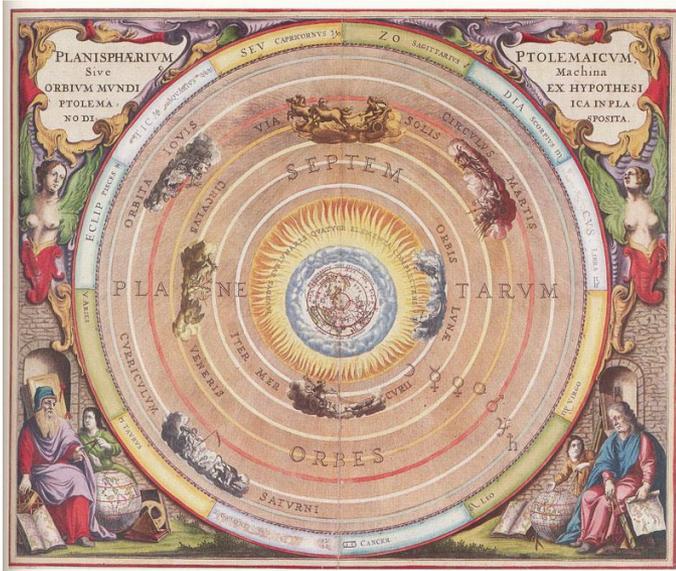


Gould SJ (1996) Planet of the bacteria, Washington Post Horizon, vol. 119, p 344

<https://phylogenomics.blogspot.com/2016/07/blast-from-past-stephen-jay-gould-on.html>¹⁷

Préambule: 21eme siècle - l'âge d'or pour la microbiologie

→ Changement de paradigme: la terre n'est pas le centre d'univers!



la terre est au centre de l'univers
Albrecht Dürer (1471–1528)

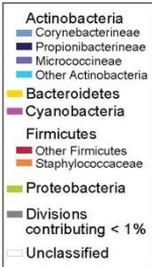


la terre est à la périphérie de la voie lactée, une galaxie parmi de milliards des milliards des galaxies

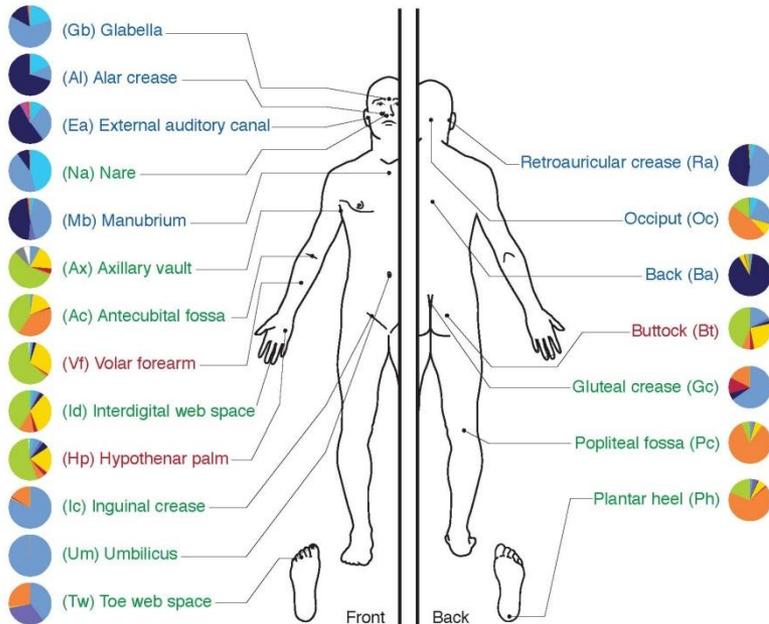
Cette découverte à permis d'avancés révolutionnaires dans notre compréhension de l'univers.

Préambule: 21eme siècle - l'âge d'or pour la microbiologie

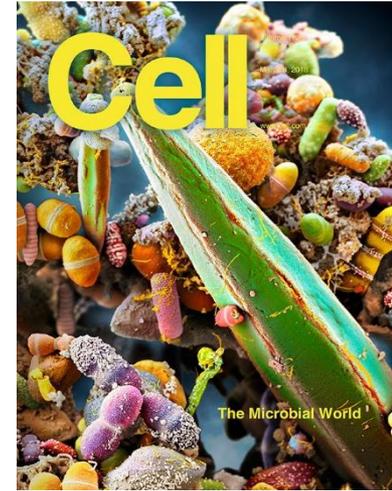
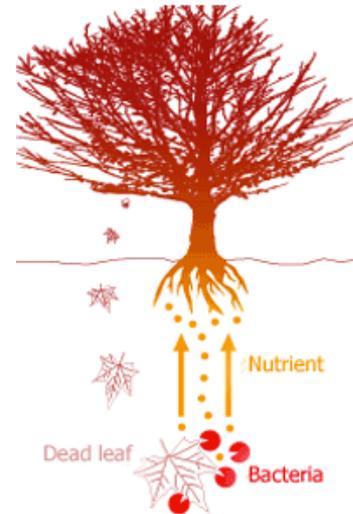
diversité des bactéries sur la peau humaine, environ 1000 espèces et 1 trillion (10^{12}) de cellules



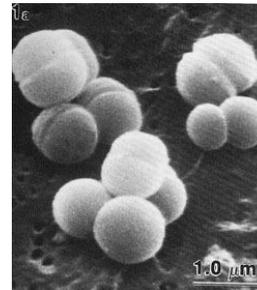
→ ~2 kg de prokaryotes dans notre corps!



recyclage de matière



changement climatique



Methanosphaera stadtmanae

Classification?

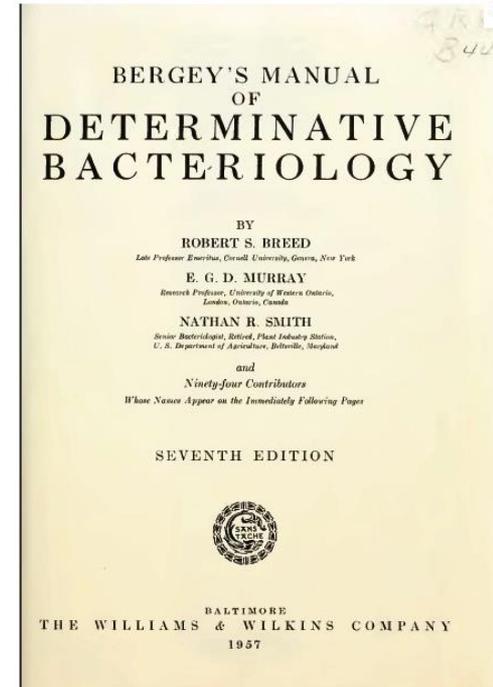


Découverte et classification des microorganismes: brève histoire



→ depuis 1923, répertorie les caractéristiques de toutes les espèces *décrites* (cultivables) de bactéries

David Hendricks Bergey
(1860-1937)



→ 1ere édition: les microorganismes sont regroupés de manière arbitraire selon différentes caractéristiques (morphologie, physiologie etc.)

Découverte et classification des microorganismes: brève histoire



Cornelius B. van Niel
1897 - 1985



Roger Y. Stanier
1916 - 1982

→ 1930, la classification des bactéries est la question majeure non-résolue en microbiologie

→ essais de classification via métabolisme ou morphologie ne portent pas de fruits

→ 1950-1970, « Dark Age »: « Le but ultime de classification biologique ne peut pas être atteint pour les bactéries »

R. Y. Stanier, *The microbial World*,
2eme édition

Découverte et classification des microorganismes: brève histoire

1974:

Kingdom *Procaryotae*

Division I: Phototrophic procaryotes
(‘Photobacteria’)

Class I: Blue–green photobacteria

Class II: Red photobacteria

Class III: Green photobacteria

Division II: Procaryotes indifferent to light
(‘Scotobacteria’)

Class I: The bacteria

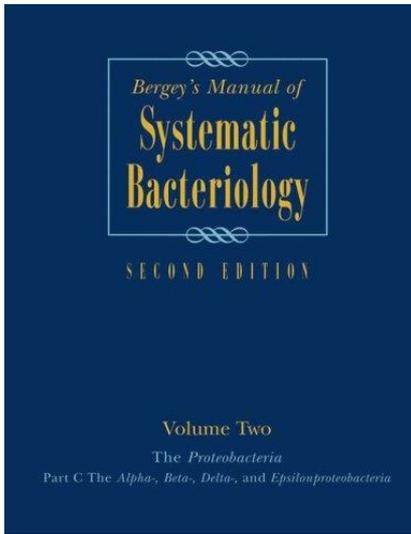
Class II: Obligate intracellular Scoto-
bacteria in eucaryotic cells – Rickettsias

Class III Scotobacteria without cell
walls – *Mollicutes*

No doubt time will settle the problems involved in making a reasonable arrangement within the Procaryotae. Haste is unwise; all previous classifications seem to have suffered infinite rearrangement due to insufficient information. The groupings suggested above, even if the rank designations may need adjustment, might appear to be stable until a new level of understanding overtakes us. The new insights are likely to come from a clear understanding, on a comparative level, of the components of the genome of procaryotic cells. This may allow us to understand why and how vastly different phylogenetic groupings of phototrophic, lithotrophic and organotrophic organisms have remarkably similar and complex structural components (as exemplified by the wide range of spirilla). Surprises may well be in store for us; hence, our adherence to simplicity.

Les nouvelles connaissances publiées en 1977 vont révolutionner notre vision de la diversité microbienne!

Découverte et classification des microorganismes: brève histoire



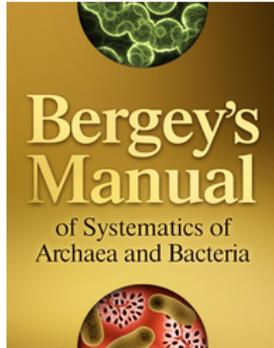
→ la 2ème édition est basée sur la **classification phylogénétique** qui tient compte de l'**histoire évolutive** (ou phylogénie) des (micro)organismes pour les classer

→ **Phylogénie**: l'étude des relations de parenté entre êtres vivants; permet de reconstituer l'évolution des organismes vivants

→ la **classification phylogénétique** bouleverse toutes les classifications l'ayant précédée autant les classifications de biologistes fixistes (ex. von Linné) que celles qui suivirent Charles Darwin et qui incluaient la sélection naturelle comme cause de la spéciation

Découverte et classification des microorganismes: brève histoire

<https://www.bergeys.org/publications/>



Bergey's Manual of Systematic of Archaea and Bacteria First Edition

Editor(s):

Professor William B. Whitman
John Wiley & Sons, Inc.

Online ISBN: 9781118960608
DOI: 10.1002/9781118960608

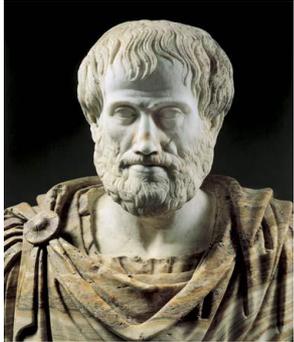
This manual replaces and expands upon the second edition of Bergey's Manual of Systematic Bacteriology, a 5-volume set completed in 2012. Please click on the [BMSAB](#) link for further details or in information on pricing and how to order.

[Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria \(BMSAB\)](#) is a reference work aimed at undergraduates, graduate students, researchers, professors and experienced professionals at all levels. About a hundred new genera and 600+ new species have been described per year for each of the last 5 years. To remain abreast of this explosion in knowledge of the microbial world, an electronic manual with frequent updates is necessary. The [BMSAB](#) is an essential tool for anyone at the forefront of research in microbiology. The digital edition provides up-to-date descriptions of the taxonomy, systematics, ecology, physiology and other biological properties of all named prokaryotic taxa.

 Read about: [Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria](#)

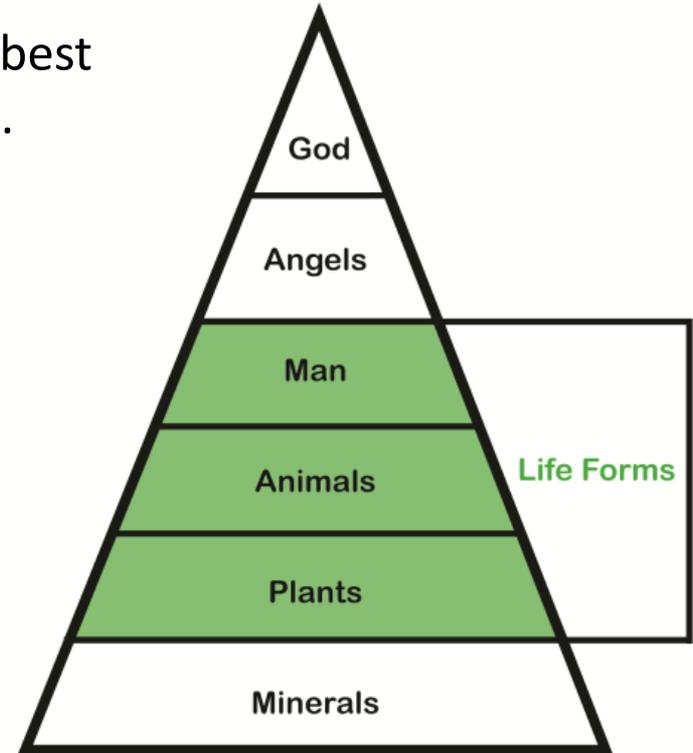
Brève histoire de la pensée évolutive

Aristotle



384 - 322 B.C

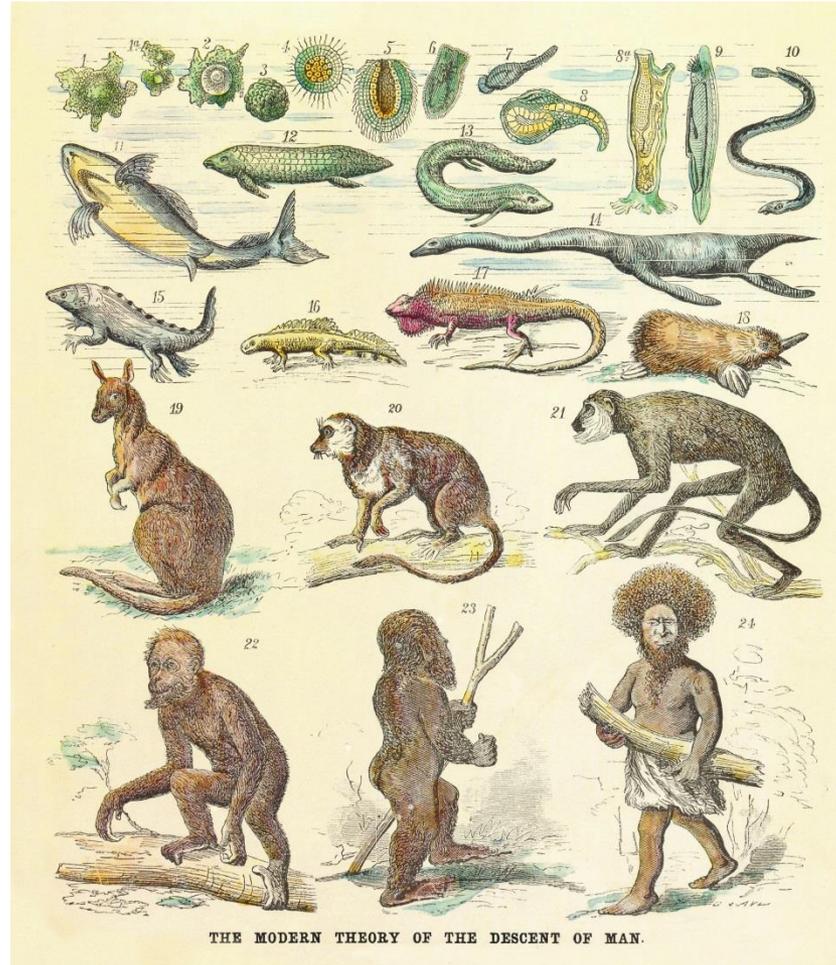
'man, when perfected, is the best of animals' (*Politics*, 1.1253a).



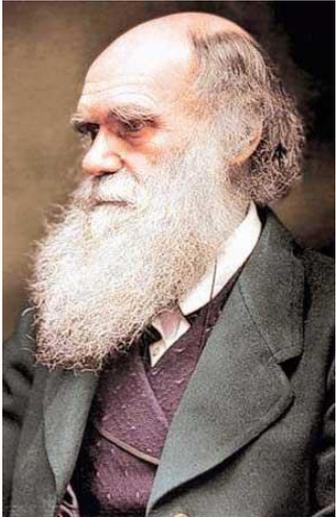
→ Relation linéaire/progressive entre les organismes de « inférieurs » vers « supérieurs »

Brève histoire de la pensée évolutive

1873, The modern theory of the decent of man



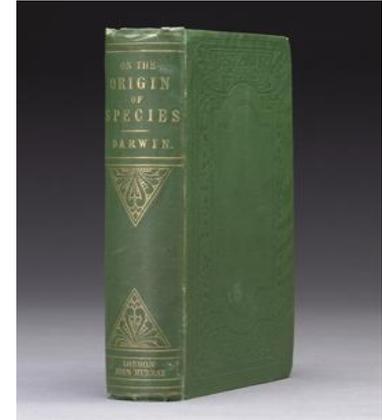
Brève histoire de la pensée évolutive



Charles Darwin
(1809-1882)

- le premier avec Alfred Russel Wallace à formuler la théorie d'évolution d'espèces basé sur la *sélection naturelle*

→ Species originate by *divergence* and evolve by *diversification*, not by progression from « simple » to « complex » forms of life



Darwin, C. (1859) *On the Origin of Species by Means of Natural Selection, or The Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life*

→ révolutionne la biologie et permet d'expliquer l'origine et la fantastique diversité des êtres vivants sur terre

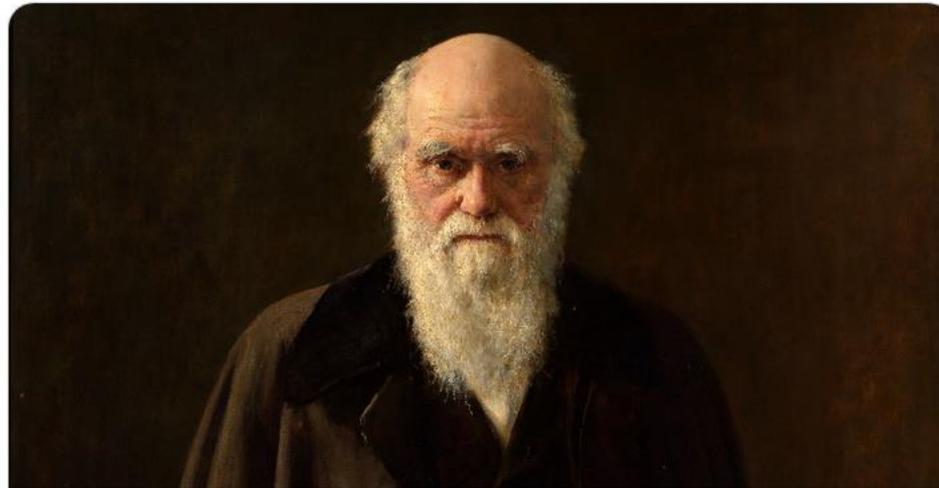
→ ouvre la voie aux modernes classifications naturelles, fondées sur la phylogénie



MyDearDarwin
@MyDearDarwin



To celebrate the 163rd anniversary of the publication of *Origin of Species* today, we have published the full edition of Charles Darwin's correspondence online! Explore more than 15000 letters, from Darwin's first letter in 1822 to his death in 1882.



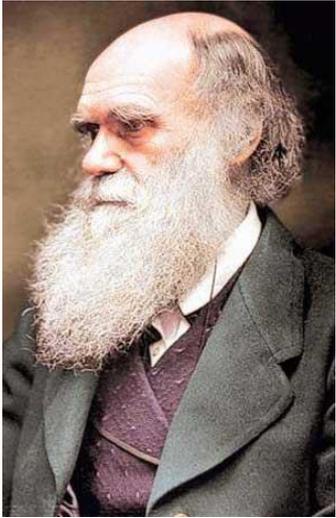
darwinproject.ac.uk
Read all Darwin's letters online for the first time

11:05 AM · Nov 24, 2022 · Twitter for Advertisers

596 Retweets **58** Quote Tweets **1,810** Likes



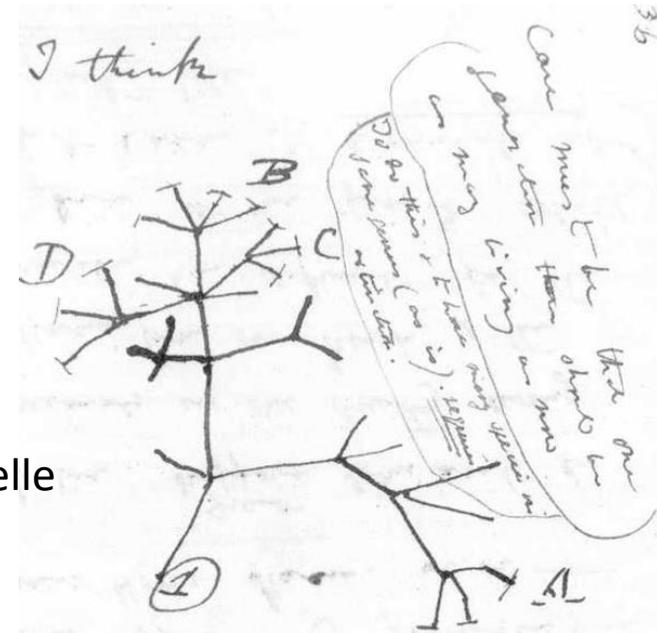
Brève histoire de la pensée évolutive



Charles Darwin
(1809-1882)

- le 1^{er} à dessiner un arbre phylogénétique montrant que les espèces contemporaines ont un ancêtre commun qui a vécu dans le passé

« (...) probably all the organic beings which have ever lived on this Earth have descended from some one primordial form »



« Il est impossible de définir les relations de parenté entre organismes sans prendre en considération la façon dans la quelle ils ont été modifiés au cours du temps »

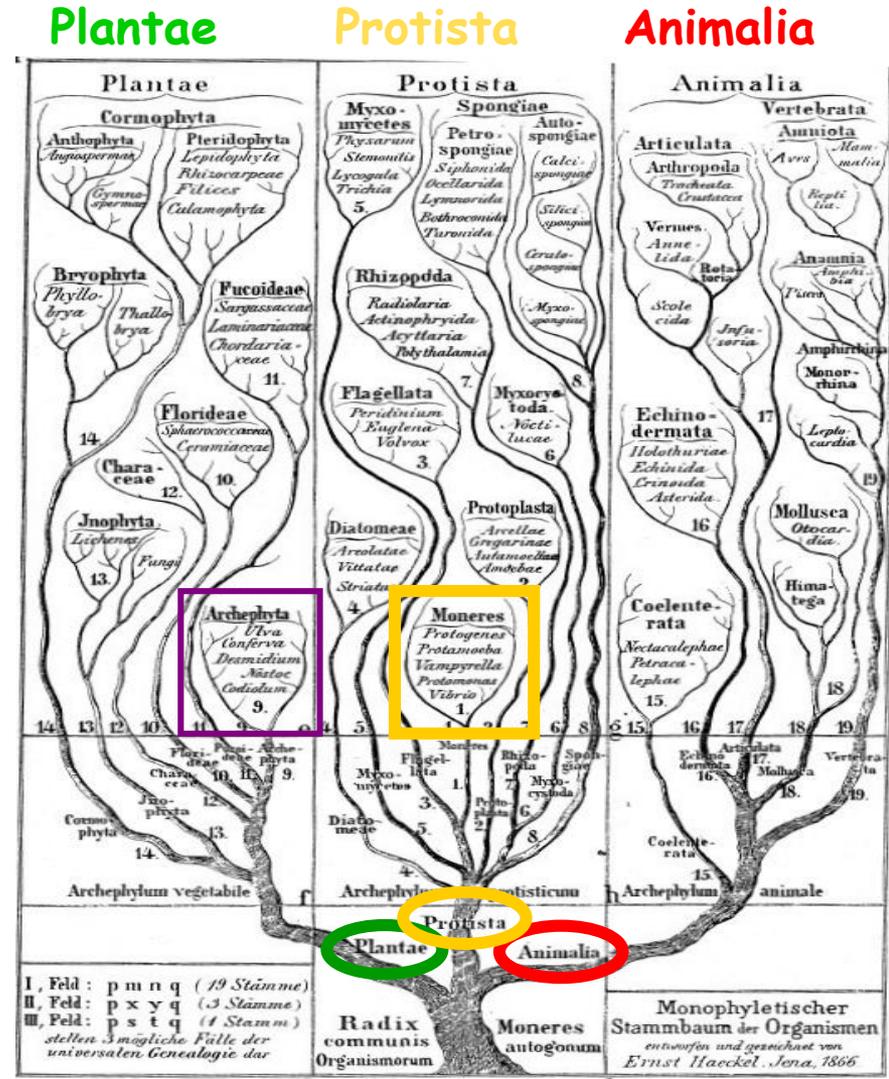
Brève histoire de la pensée évolutive



'Generelle Morphologie der Organismen' (1866).

Ernst Haeckel (1834-1919)

- première classification universelle des êtres vivants élaborée dans un cadre évolutif
- première apparition des microorganismes en tant que règne à part : les Protista
- en sein de Protista on retrouve les Monera – les cellules dépourvues de noyau



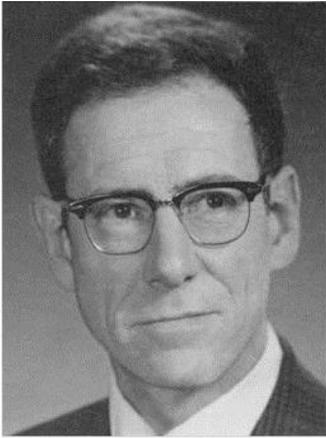
Kutschera U. 2016, Nat Microbiol. 1(8):16114.

Brève histoire de la pensée évolutive

- Mais... les mammifères sont au sommet de l'arbre!
- La notion de hiérarchie est conservée



Brève histoire de la pensée évolutive

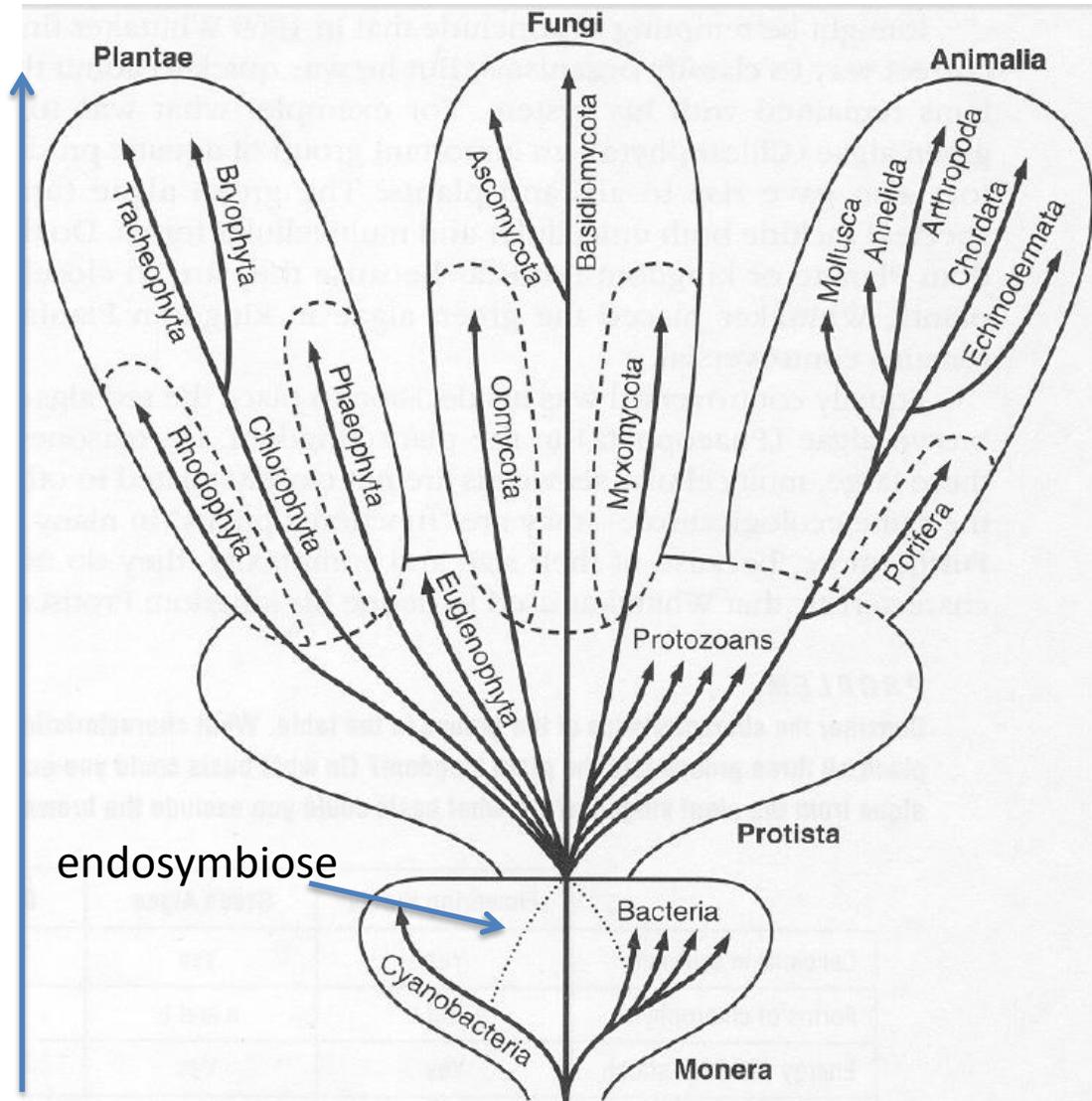


1969, classification en cinq règnes:

Robert Whittaker
1920-1980

complexité?
temps?

-classification *hiérarchique* en prokaryote → eukaryote unicellulaire (eucaryote « inférieur ») → eukaryote multicellulaire (eucaryote « supérieur »)

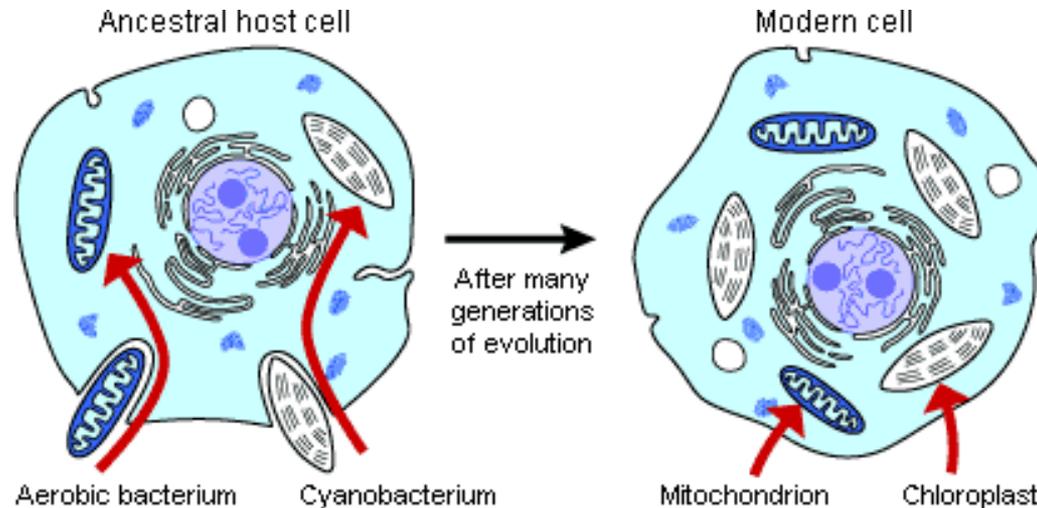


Brève histoire de la pensée évolutive



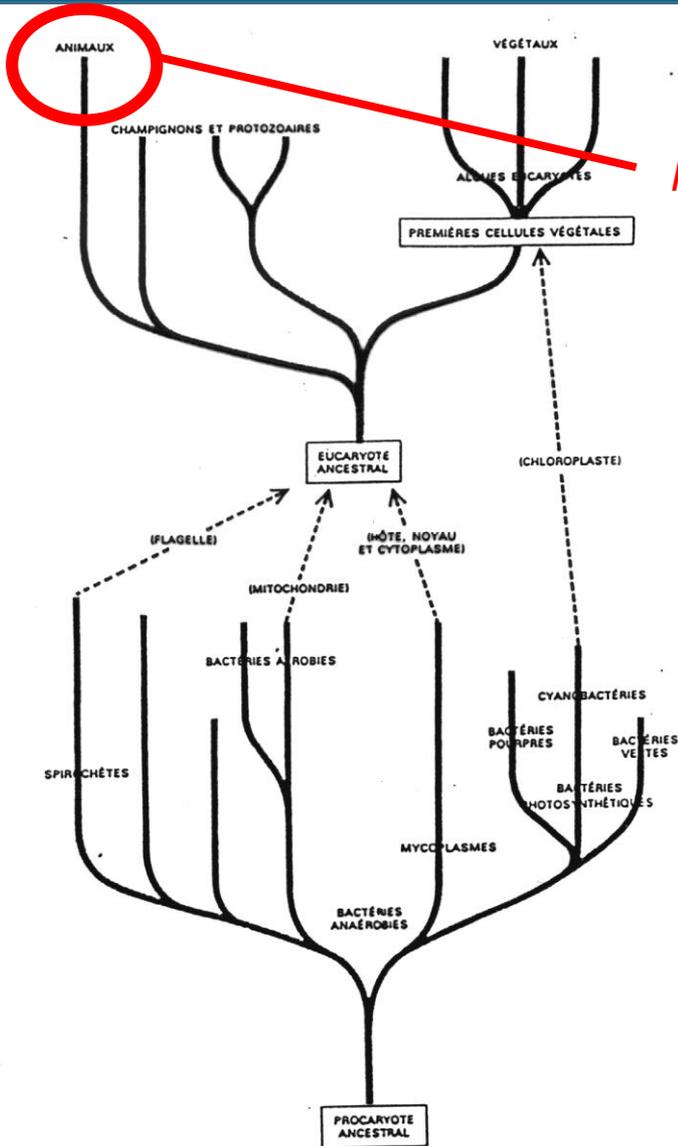
Lynn Margulis
1938-2011

fin 1960: les mitochondries et les chloroplastes sont les descendants des bactéries symbiotiques → cette théorie était très controversé à l'époque: "On the Origin of Mitosing Cells" publié en 1967 après avoir été refusé par 15 journaux scientifiques!



-montre que les événements symbiotiques ont eu des effets majeur sur l'organisation des cellules et leur complexité → un autre mécanisme important de l'évolution naturelle (autre que la spéciation par la dérive génétique)

Brève histoire de la pensée évolutive



Homo sapiens

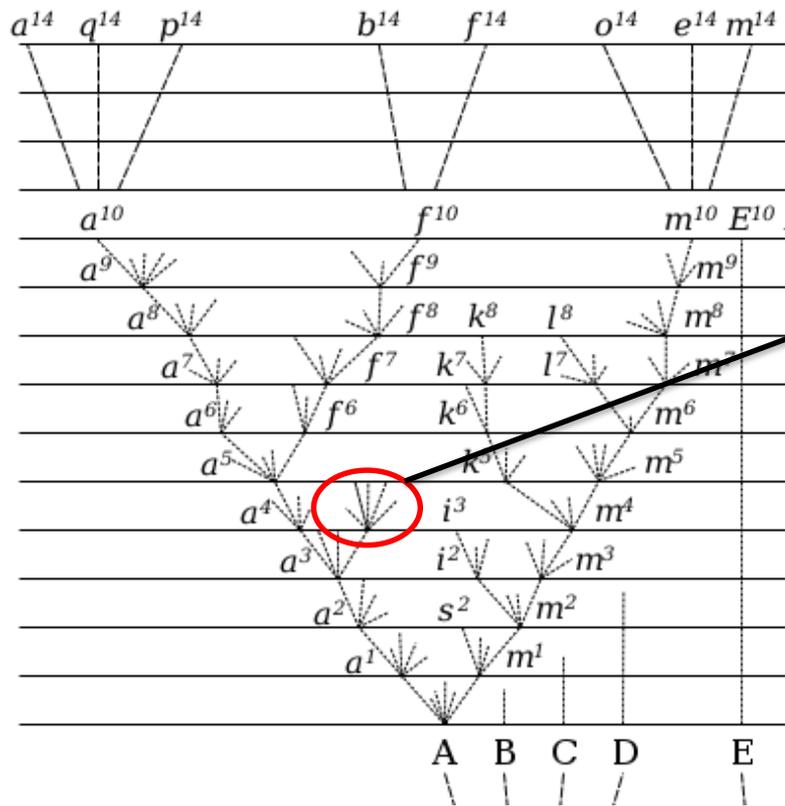
L'arbre Universel
du vivant
Au début des années 70

La fusée à deux étages !

Dichotomie Prokaryote/Eukaryote

Une découverte importante à la fin
des années 1970 va chambouler
cette vision

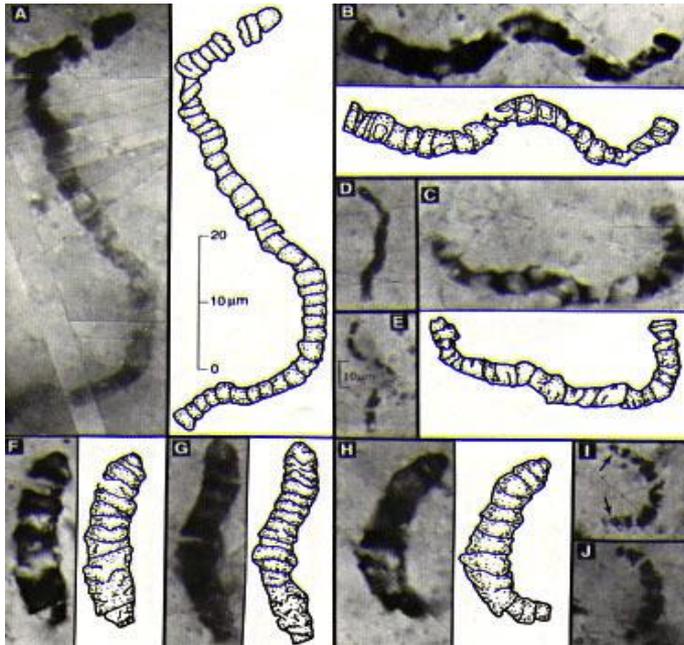
Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées



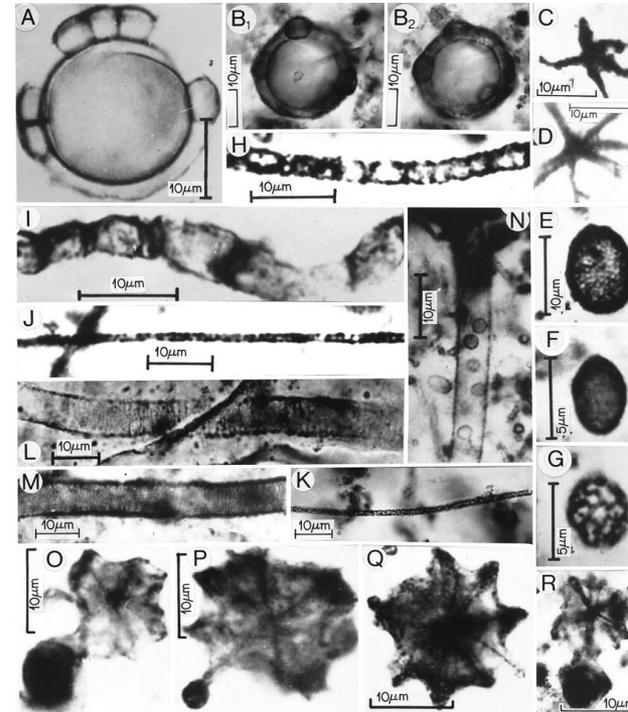
Darwin a conçu sa théorie sur l'histoire évolutive des espèces grâce (en partie) aux études des fossiles = espèces disparues mais...

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

...la plupart des procaryotes n'ont pas de morphologies distinctives et les formes des fossiles ne peuvent pas être utilisées pour les identifier



microfossiles d'Apex, 3,465 Ga, cyanobactéries?



Microfossiles de Gunflint chert, ≈2,1 Ga

→ analyse erronée du contexte géologique, une étude subjective des critères morphologiques

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

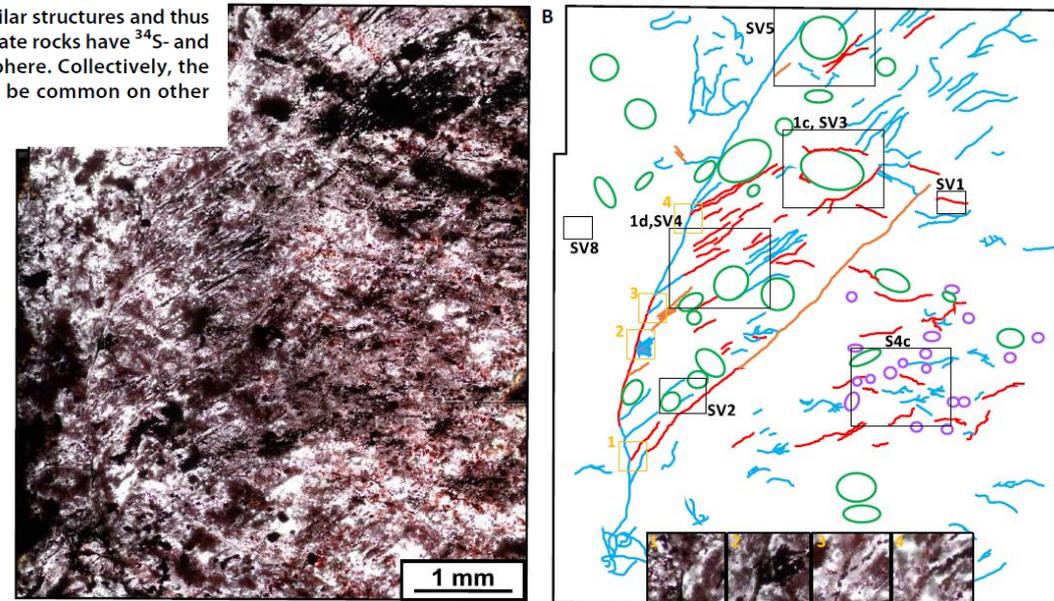
PALEONTOLOGY

Metabolically diverse primordial microbial communities in Earth's oldest seafloor-hydrothermal jasper

4,2 – 3,7 milliards d'années

Dominic Papineau^{1,2,3,4*}, Zhenbing She¹, Matthew S. Dodd¹, Francesco Iacoviello⁵, John F. Slack^{6,7}, Erik Hauri^{8†}, Paul Shearing⁵, Crispin T. S. Little⁹

The oldest putative fossils occur as hematite filaments and tubes in jasper-carbonate banded iron formations from the 4280- to 3750-Ma Nuvvuagittuq Supracrustal Belt, Québec. If biological in origin, these filaments might have affinities with modern descendants; however, if abiotic, they could indicate complex prebiotic forms on early Earth. Here, we report images of centimeter-size, autochthonous hematite filaments that are pectinate-branching, parallel-aligned, undulated, and containing Fe²⁺-oxides. These microstructures are considered microfossils because of their mineral associations and resemblance to younger microfossils, modern Fe-bacteria from hydrothermal environments, and the experimental products of heated Fe-oxidizing bacteria. Additional clusters of irregular hematite ellipsoids could reflect abiotic processes of silicification, producing similar structures and thus yielding an uncertain origin. Millimeter-sized chalcopyrite grains within the jasper-carbonate rocks have ³⁴S- and ³³S-enrichments consistent with microbial S-disproportionation and an O₂-poor atmosphere. Collectively, the observations suggest a diverse microbial ecosystem on the primordial Earth that may be common on other planetary bodies, including Mars.



→ analyse erronée du contexte géologique, une étude subjective des critères morphologiques ?

Décodeur de l'ADN - le 3-eme domaine du vivant - les Archées

R. 200 (1948).
 * Van Ariz, M. S., Woods Hole Papers in Phys., Oceanogr., Meteor., 11 (1950).
 * Ekman, V. W., *Archiv. Mat. Astron. Fysik.* (Stockholm), 5:111 (1950).

MOLECULAR STRUCTURE OF NUCLEIC ACIDS

A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid

WE wish to suggest a structure for the salt of deoxyribose nucleic acid (D.N.A.). This structure has novel features which are of considerable biological interest.

A structure for nucleic acid has already been proposed by Pauling and Corey¹. They kindly made their manuscript available to us in advance of publication. Their model consists of three intertwined chains, with the phosphates near the fibre axis, and the bases on the outside. In our opinion, this structure is unsatisfactory for two reasons: (1) We believe that the material which gives the X-ray diagrams is the salt, not the free acid. Without the acidic hydrogen atoms it is not clear what forces would hold the structure together, especially as the negatively charged phosphates near the axis will repel each other. (2) Some of the van der Waals distances appear to be too small.

Another three-chain structure has also been suggested by Fraser (in the press). In his model the phosphates are on the outside and the bases on the inside, linked together by hydrogen bonds. This structure as described is rather ill-defined, and for this reason we shall not comment on it.

We wish to put forward a radically different structure for the salt of deoxyribose nucleic acid. This structure has two helical chains each coiled round the same axis (see diagram). We have made the usual chemical assumptions, namely, that each chain consists of phosphate diester groups joining β-D-deoxy-ribofuranose residues with 3',5' linkages. The two chains (but not their bases) are related by a dyad perpendicular to the fibre axis. Both chains follow right-handed helices, but owing to the dyad the sequences of the atoms in the two chains run in opposite directions. Each chain, loosely resembling Furlberg's model No. 1; that is, the bases are on the inside of the helix and the phosphates on the outside. The configuration of the sugar and the atoms near it is close to Furlberg's 'standard configuration', the sugar being roughly perpendicular to the attached base. There

This figure is purely diagrammatic. The two ribbons embrace the two phosphate-sugar chains, and the horizontal rods the pairs of bases belonging to the same dyad. The vertical line marks the fibre axis.

Nature, 25 avril 1953

→ permettront de comprendre comment se copie et se transmet l'information génétique

the outside, cations have easy access to them.

The structure of the bases and their content is rather high. At lower water contents we would expect the bases to tilt so that the structure could become more compact.

The novel feature of the structure is the manner in which the two chains are held together by the purine and pyrimidine bases. The planes of the bases are perpendicular to the fibre axis. They are joined together in pairs, a single base from one chain being hydrogen-bonded to a single base from the other chain, so that the two lie side by side with identical z-coordinates. One of the pair must be a purine and the other a pyrimidine for bonding to occur. The hydrogen bonds are made as follows: purine position 1 to pyrimidine position 1; purine position 6 to pyrimidine position 6.

If it is assumed that the bases only occur in the structure in the most plausible tautomeric forms (that is, with the keto rather than the enol configurations) it is found that only specific pairs of bases can bond together. These pairs are: adenine (purine) with thymine (pyrimidine), and guanine (purine) with cytosine (pyrimidine).

In other words, if an adenine forms one member of a pair on either chain, then on the same assumption the other member must be thymine; similarly for guanine and cytosine. The sequence of bases on a single chain does not appear to be restricted in any way. However, if only specific pairs of bases can be formed, it follows that if the sequence of bases on one chain is given, then the sequence on the other chain is automatically determined.

It has been found experimentally² that the ratio of the amounts of adenine to thymine, and the ratio of guanine to cytosine, are always very close to unity for deoxyribose nucleic acid.

It is probably impossible to build this structure with a ribose sugar in place of the deoxyribose, as the extra oxygen atom would make too close a van der Waals contact.

The previously published X-ray data³ on deoxyribose nucleic acid are insufficient for a rigorous test of our structure. So far as we can tell, it is roughly compatible with the experimental data, but it must be regarded as unproved until it has been checked against more exact results. Some of these are given in the following communications. We were not aware of the details of the results presented there when we devised our structure, which rests mainly though not entirely on published experimental data and stereochemical arguments.

It has not escaped our notice that the specific pairing we have postulated immediately suggests a possible copying mechanism for the genetic material. Full details of the structure, including the conditions assumed in building it, together with a set of co-ordinates for the atoms, will be published elsewhere.

We are much indebted to Dr. Jerry Donohue for constant advice and criticism, especially on interatomic distances. We have also been stimulated by a knowledge of the general nature of the unpublished experimental results and ideas of Dr. M. H. F. Wilkins, Dr. R. E. Franklin and their co-workers at

Dear Michael, Jim Watson and I have probably made a most important discovery. We have built a model for the structure of de-oxy-ribose-nucleic-acid (read it carefully) called D.N.A.[...] Now we believe that the D.N.A. is a code. In other words we think we have found the basic copying mechanism by which life comes from life" - extrait d'une lettre de Francis Crick à son fils.



Francis Crick et James Watson

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

→ la découverte de la structure d'ADN permet de comprendre comment se copie et se transmet l'information génétique



Rosalind Franklin
(1920-1958)



The Nobel Prize in Physiology or Medicine 1962



Francis Harry
Compton Crick
Prize share: 1/3



James Dewey Watson
Prize share: 1/3



Maurice Hugh
Frederick Wilkins
Prize share: 1/3

The Nobel Prize in Physiology or Medicine 1962 was awarded jointly to Francis Harry Compton Crick, James Dewey Watson and Maurice Hugh Frederick Wilkins *"for their discoveries concerning the molecular structure of nucleic acids and its significance for information transfer in living material"*.

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

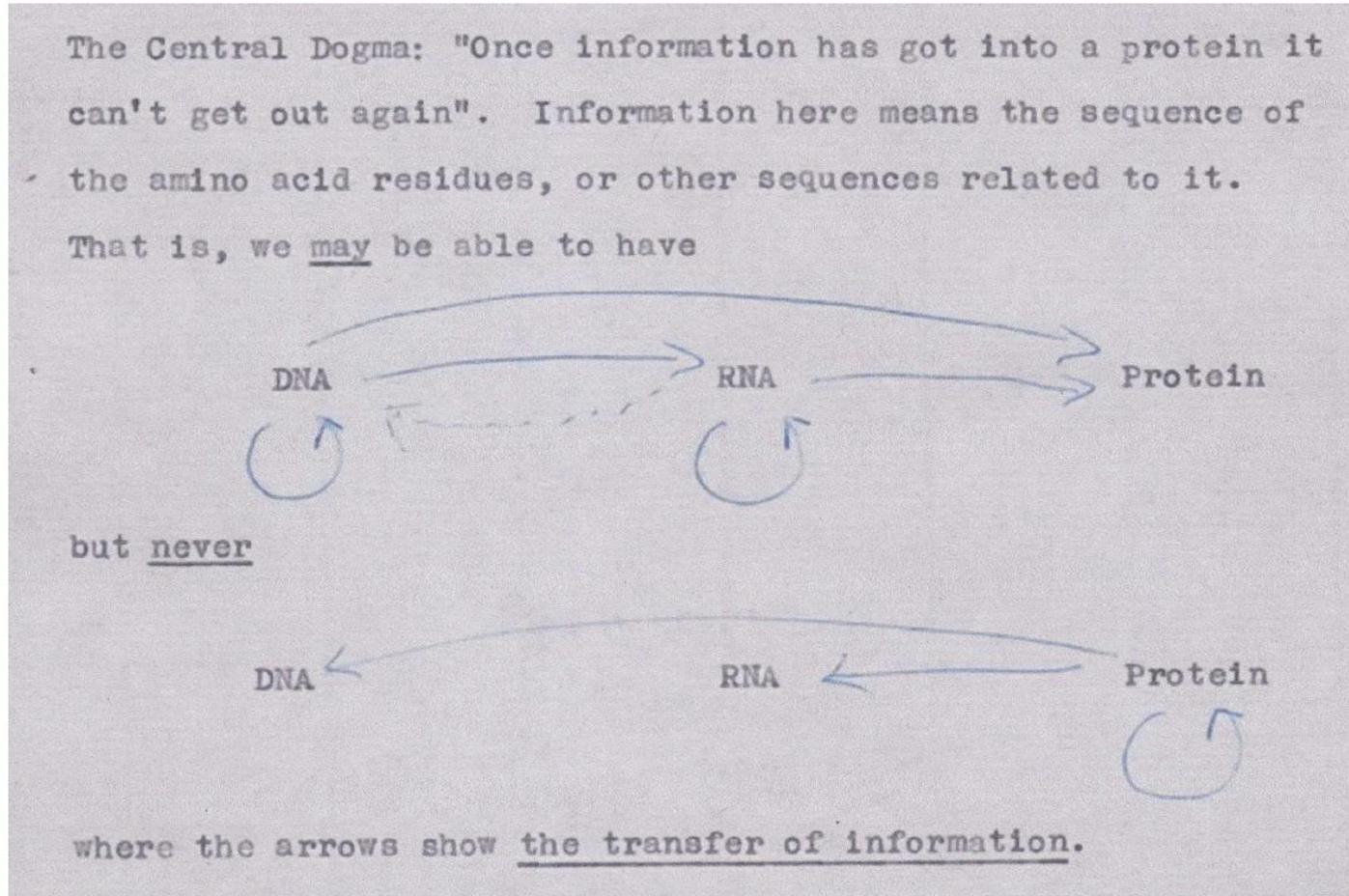


Fig 1. Crick's first outline of the central dogma, from an unpublished note made in 1956. Credit: Wellcome Library, London.

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées



Fig 2. Crick speaking at the 1963 Cold Spring Harbor Symposium. Note the drawing of the central dogma on the blackboard. *Credit: Cold Spring Harbor Laboratory.*

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

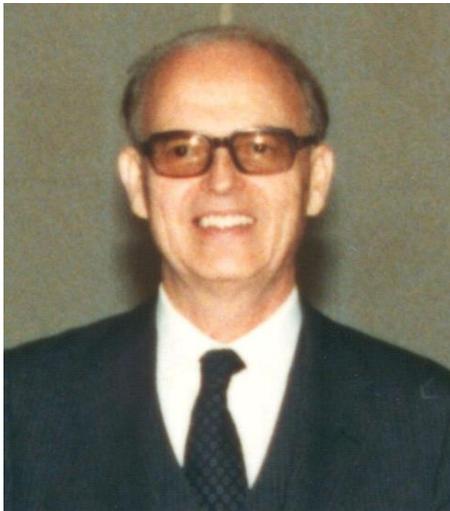
→ F. Crick en 1957, seulement quelques séquences de protéines sont disponibles!!!

“Biologists should realise that before long we shall have a subject which might be called “protein taxonomy” **the study of the amino acid sequences of the proteins of an organism and the comparison of them between species.** It can be argued that these sequences are the most delicate expression possible of the phenotype of an organism and **that vast amounts of evolutionary information may be hidden away within them.**”

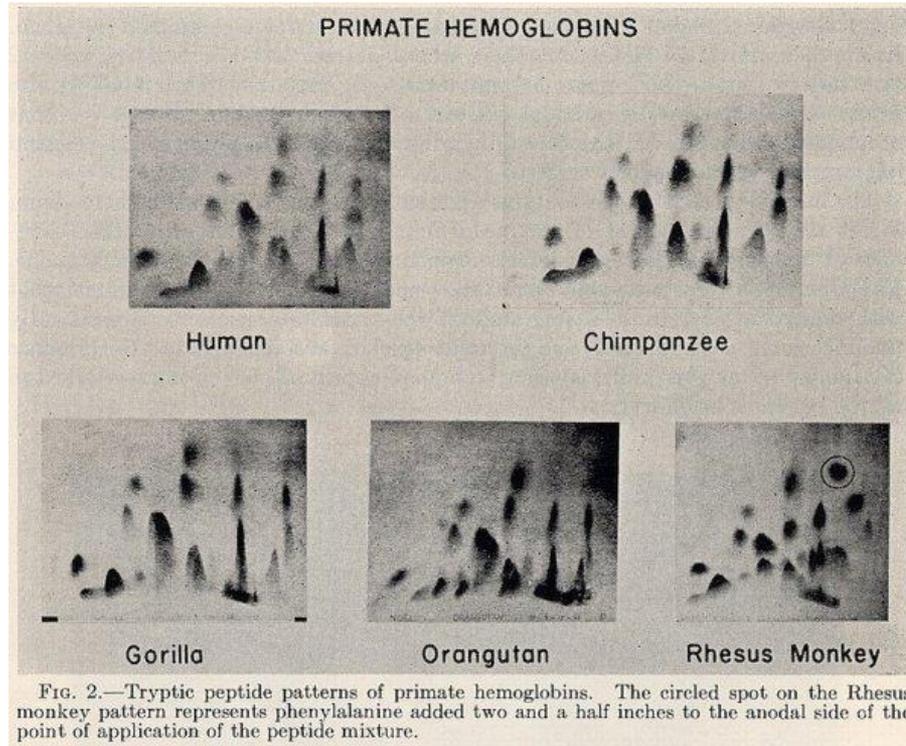
Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées



Linus Pauling
1901 – 1994



Emile Zuckerkandl
1922-2013



-comparaison des profiles de digestion: entre l'homme et le cheval 20/146 aa sont différents; l'homme et gorille 1/146!

- le plus deux espèces sont apparentés le moins de différences il y a dans la séquence protéique de l'hémoglobine → développement de la théorie de **l'horloge moléculaire**

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

J. Theoret. Biol. (1965) **8**, 357–366

Molecules as Documents of Evolutionary History

EMILE ZUCKERKANDL AND LINUS PAULING

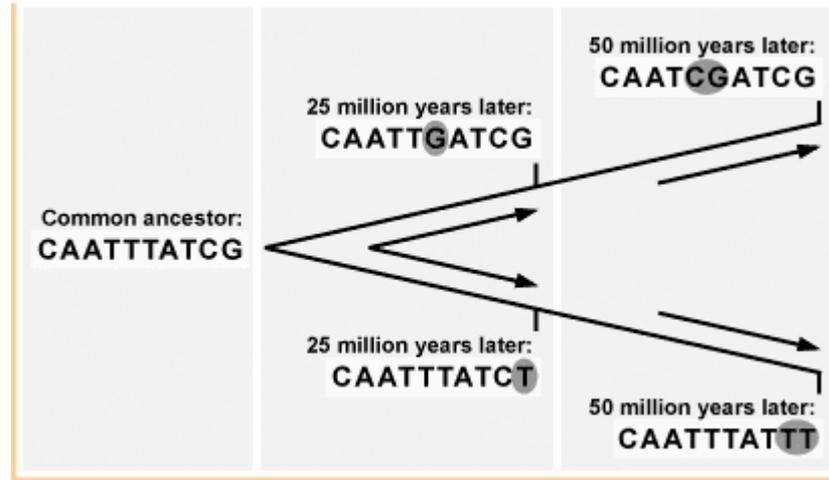
*Gates and Crellin Laboratories of Chemistry,
California Institute of Technology, Pasadena, California, U.S.A.*

(Received 17 September 1964)

→ l'hypothèse de l'horloge moléculaire

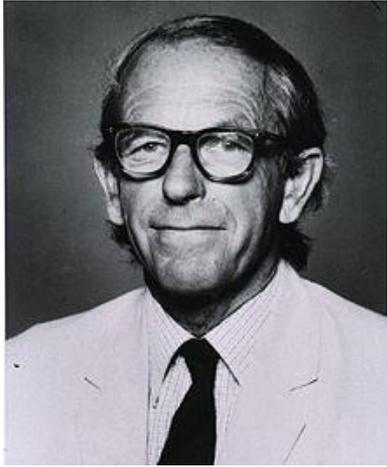
-la vitesse d'accumulation des changements dans les macromolécules biologiques est *en moyenne* constante sur de longues périodes. Couplée à des étalonnages paléontologiques (si existence des fossiles), elle permet donc d'estimer les âges absolus de divergence des espèces.

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées



- concept clé dans le domaine de l'évolution moléculaire, à l'origine des phylogénies moléculaires
- la comparaison des séquences modernes permet de reconstituer les séquences ancestrales et le processus évolutif !

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées



Frederick Sanger
1918 - 2013

→ technique de séquençage d'ARN
(via les catalogues d'oligonucleotides)

→ marquage d'ARN avec P32

→ digestion avec une ribonucléase
séquence – spécifique

→ séparation des oligonucléotides en
deux dimensions par
chromatographie sur couche mince

R 5 Preparation of ribosomal RNA (see R 1)

Another batch of ribosomal RNA was prepared as in R1 but with the following modifications:

The mutant of E coli which is supposed not to contain ribonuclease was used. The medium used for incubation was as follows:

Medium L 100 ml

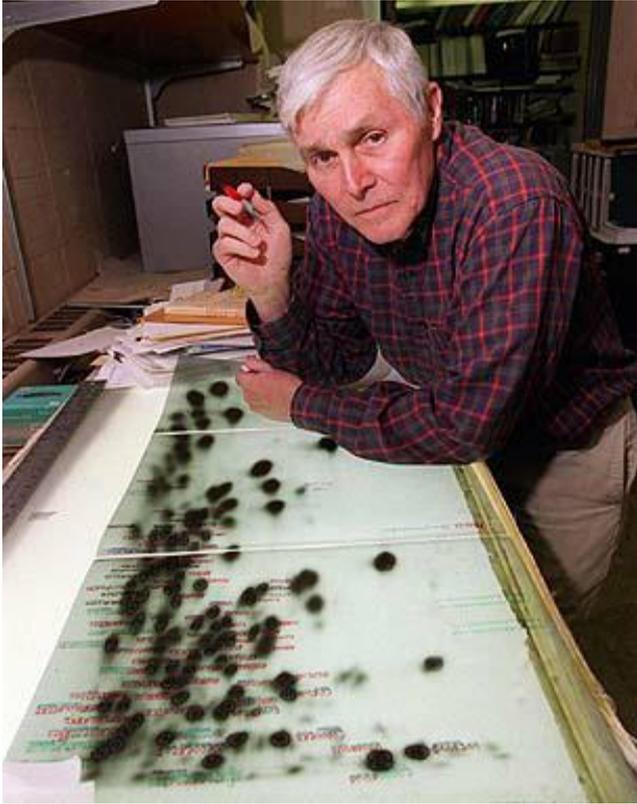
2.2 mg/ml	
β -glycerol phosphate	1.0
CaCl ₂ 0.1M	0.2
glu 20%	1.0
MgSO ₄ 0.1	1.0
FeCl ₃ 100 μ g/ml	0.3

The bugs grew much better on this material and after 3 hours there was quite a heavy growth using about 2 ml of inoculum and about 7 mc ³²P so the uptake was about 50% and had not changed after a further 2 hours when they were harvested. The sucrose gradient was done as before except that LiCl was used instead of NaCl. There was very much more material here and the fractionation of the two bands does not seem as good. It rather looks as though there is something heavier going ahead of the 23S band. The fractions were pooled to give 5 fractions A-E which were precipitated with ethanol, washed with 75% ethanol and then treated with 1 ml water and 1 ml phenol for one hour at room temperature. The aqueous layers were then precipitated with ethanol. E appeared to contain quite a lot of material and a large number of the counts seem to stay in the phenol layer whereas the other fractions behave as expected.

After washing with 75% ethanol, absolute ethanol and drying, each fraction was dissolved up in .1 ml and samples taken for counting and D250. The D260 readings were rather low so not very accurate.

Sanger, F, Brownlee, G B, Barrell, B G (1965) 'A two-dimensional fractionation procedure for radioactive nucleotides', Journal of Molecular Biology, 13/2, 373-98.

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées



Carl Woese
1928-2012



George E. Fox
1946-

→ C. Woese s'intéresse au problème de classification des bactéries

→ 1969: wanted to use "the cell's 'internal fossil record' to extend our knowledge of evolution backward in time by a billion years or so."

Letter to Francis Crick

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées



Carl Woese
1928-2012

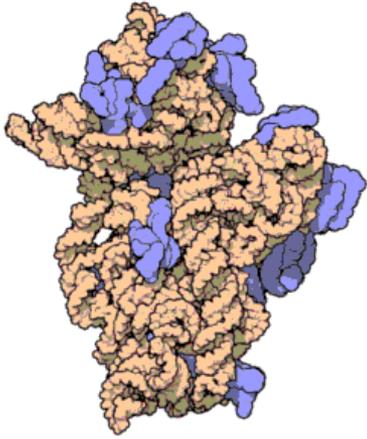


George E. Fox
1946-

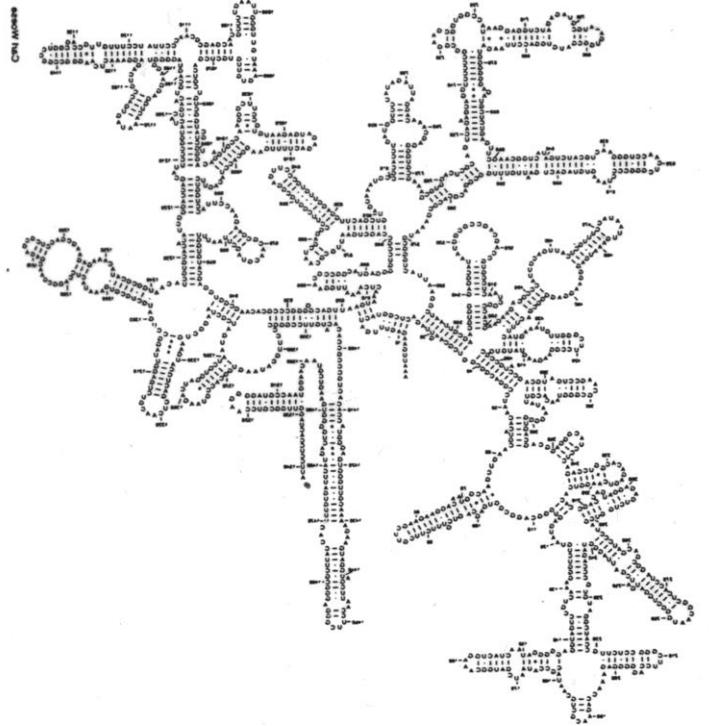
→ 1966 décide d'utiliser l'ARN ribosomique plutôt que les protéines comme source de matériel pour essayer d'établir la phylogénie des bactéries

→ catalogue d'oligonucléotides issus d'un ARN ribosomique 16S (1 an pour le premier catalogue!)

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées



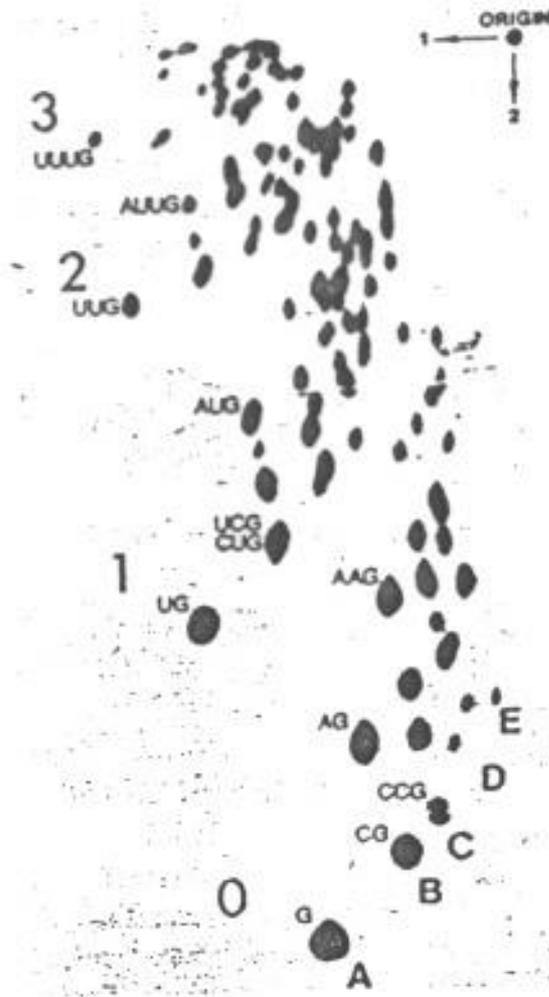
petite sous-unité du ribosome prokaryote (30S), ARN en orange



ARNr 16S, environ 1500 pb

- ubiquitaire
- même fonction chez tous les organismes
- facile à isoler
- riche en information (comparée au 5S)
- plus facile à étudier que le 23S

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées



Marquage des cellules au P32



Isolement des ribosomes



Isolement des ARN ribosomiques



Isolement de l'ARN 16S



Digestion par la RNase T1

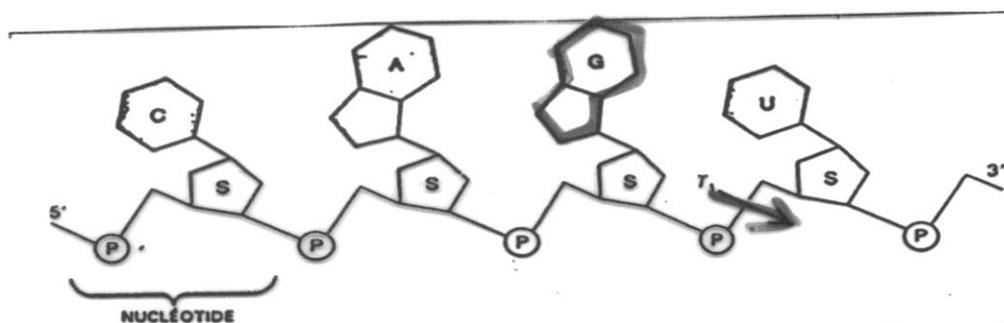


Chromatographie 2D, autoradiographie

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

Production d'un catalogue d'oligonucléotides digérés par la RNase T1:

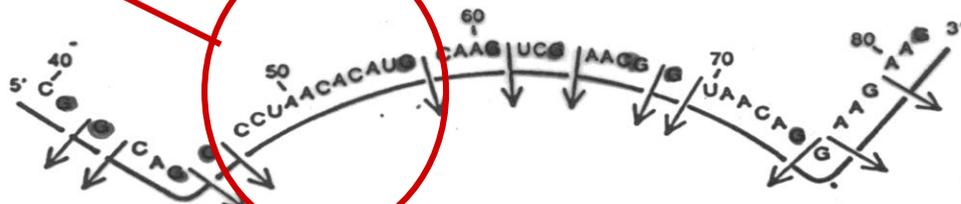
G



La RNase T1 coupe en 3' d'un G

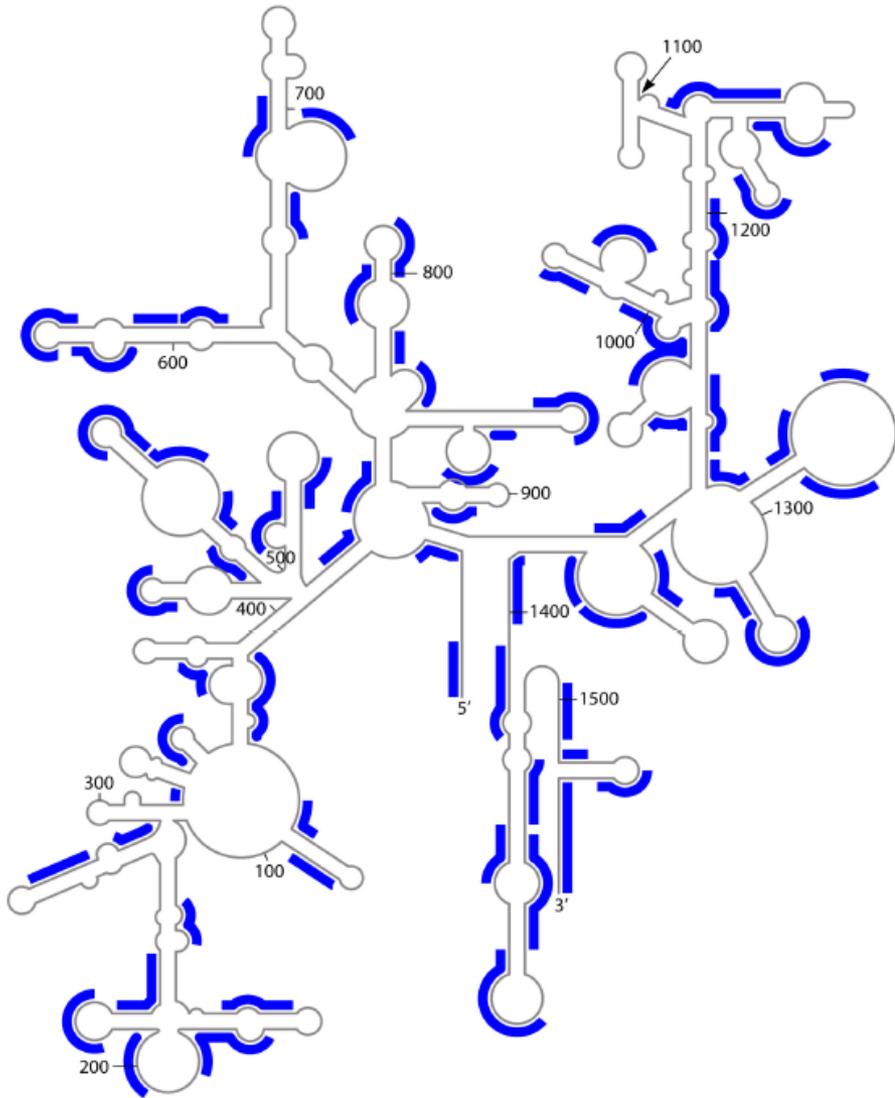
Oligo
N ≥ 6

6. CHAQUE NUCLÉOTIDE d'une molécule d'ARN est composé d'une base, d'un sucre, le ribose (S), et d'un groupement phosphate (P). Des enzymes appelées ribonucléases coupent la chaîne en des sites spécifiques. La ribonucléase T₁ la coupe par hydrolyse (insertion d'une molécule d'eau) à l'extrémité 3' du phosphate qui suit chaque nucléotide à guanine (G). Elle partage ainsi une longue molécule d'ARN en un certain nombre de courts fragments; chacun est composé d'un ou plusieurs nucléotides et se termine par la guanine (G).



7. L'EFFET DE LA RIBONUCLÉASE T₁ sur un court segment de la molécule 16 S de *E. coli* apparaît ici : lorsque l'ARN 16 S est coupé de cette façon, sa séquence se scinde en fragments (des « mots ») dont la longueur varie d'un nucléotide (une « lettre ») à 20 nucléotides. La séquence des bases de chacun des mots est déterminée très précisément. Les mots de six lettres ou plus sont compilés dans un dictionnaire. La comparaison des dictionnaires des deux organismes se fait par le calcul en fonction du coefficient d'association S_{AB} . Ce coefficient est le rapport entre le double du nombre de lettres dans les mots (de six lettres au minimum) communs aux organismes A et B et le nombre total de lettres dans tous ces mots dans A et dans B.

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées



-le positionnement des fragments > 6 nt sur l'ARN 16S

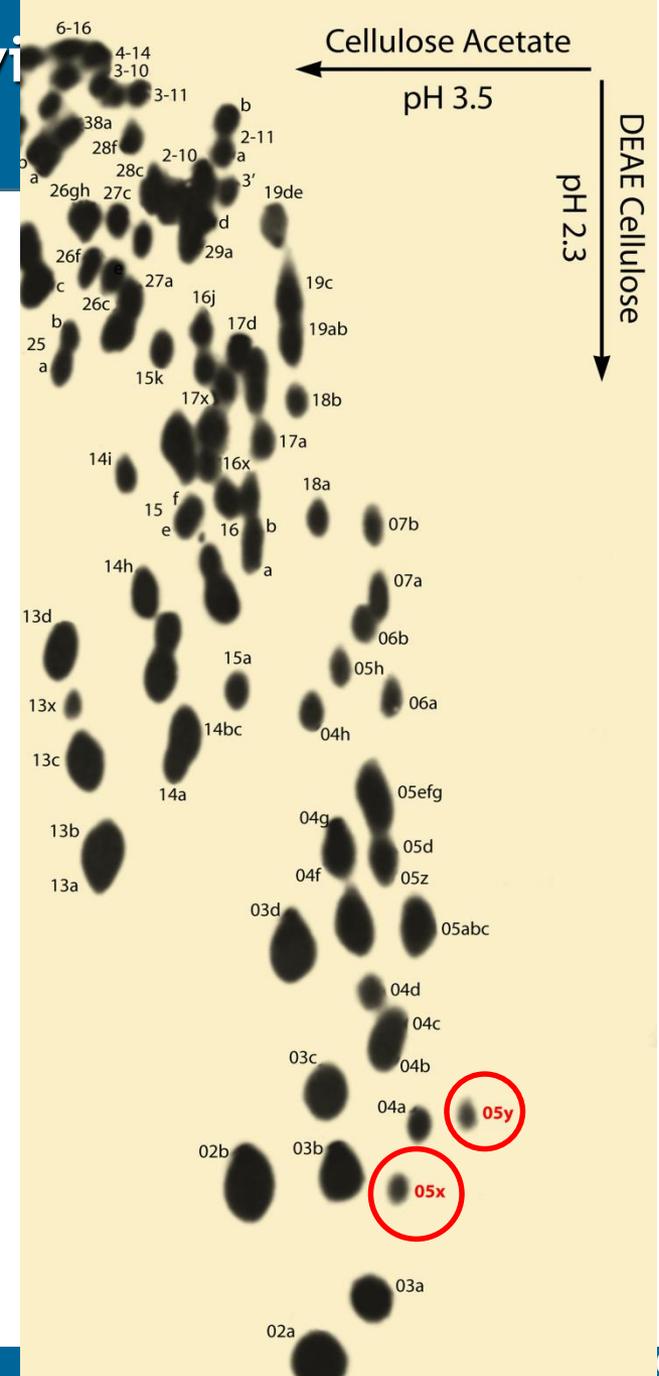
-couvrent de manière homogène l'intégralité de la séquence → un catalogue représentatif de chaque espèce

Découverte du 3-eme domaine du vi Archées



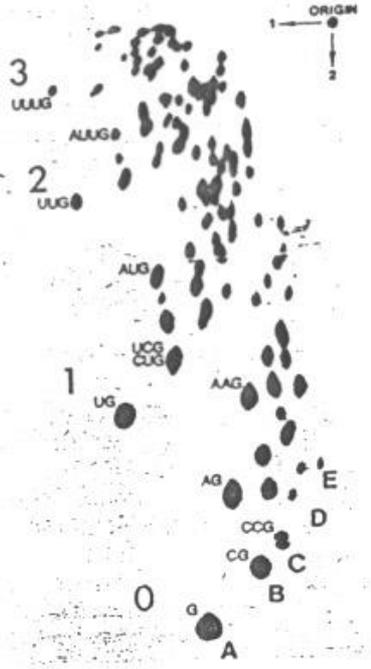
Photograph of Carl working on a fingerprint, circa 1976. (Courtesy of Ken Luehrsen.)

nucléotides modifiés caractéristiques des bactéries
→ absents chez les « bactéries » méthanogènes?!



Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

Patrick Forterre avec Carl Woese, 2011



Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

→ la comparaison de deux catalogues se fait par le calcul du **coefficient d'association Sab**:

N_a = Nombre d'oligos dans le catalogue de l'espèce a

N_b = Nombre d'oligos dans le catalogue de l'espèce b

N_{ab} = Nombre d'oligos commun aux catalogues des espèces a et b

$$S_{ab} = 2N_{ab}/N_a + N_b$$

S_{ab} peut avoir des valeurs entre 0 – 1;

0 → espèces not apparentés

1 → espèces phylogénétiquement très proches ou identiques

→ arbitrairement: au dessous de $S_{ab}=0.1$ les espèces ne sont pas apparentées

Les comparaisons entre les catalogues permettent d'identifier des groupes phylogénétiques au différents niveaux taxonomique y compris pour le plus haut niveau (domaine)

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

Premier résultat obtenu par Woese et son équipe : les ARN 16S ribosomiques des procaryotes et des eucaryotes sont bien différents en terme de séquence (pas seulement de taille)

	SAB
<u>Homme</u> - <u>levure de bière</u>	<u>0,33</u>
<u>Homme</u> - <u>colibacille</u>	0,06
<u>Levure de bière</u> - <u>colibacille</u>	0,05

 eucaryote
 procaryote

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

→ les chloroplastes sont bien d'origine bactérienne

	SAB
<u>Homme</u> - <u>levure de bière</u>	<u>0,33</u>
<u>Homme</u> - <u>colibacille</u>	0,06
<u>Levure de bière</u> - <u>colibacille</u>	0,05
<u>colibacille</u> - <u>cyanobactérie</u>	<u>0,26</u>
<u>cyanobactérie</u> - <u>chloroplaste</u>	<u>0,31</u>
<u>chloroplaste</u> - <u>plante</u>	0,09

~~~~~ eucaryote

~~~~~ procaryote



Lynn Margulis
1938-2011

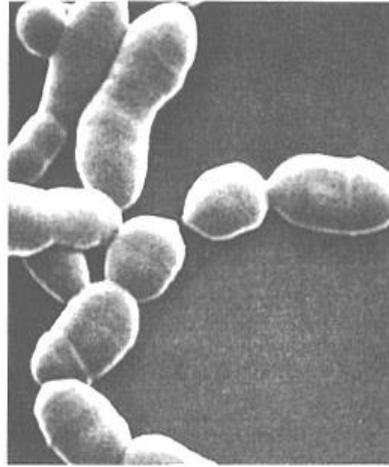
Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

Comment classer les « bactéries » méthanogènes ?



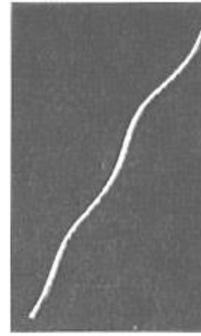
(a)

Alexander Zehnder



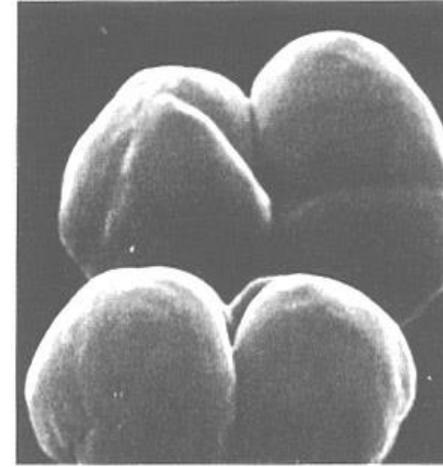
(b)

Alexander Zehnder



(c)

Alexander Zehnder



(d)

Alexander Zehnder



« bactéries » bizarres:

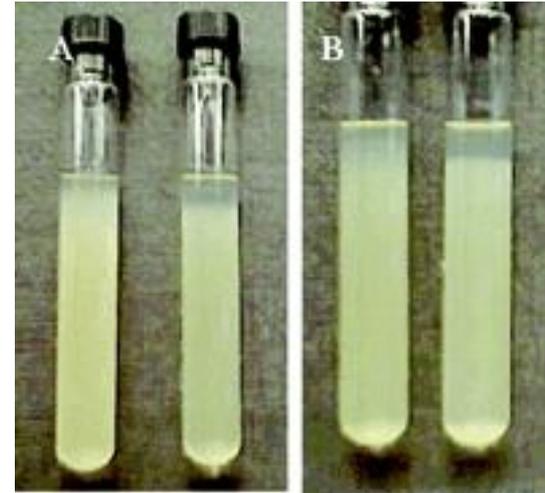
- morphologies variés
- absence de peptidoglycane (lysozyme n'a pas d'effet, absence de coloration de Gram)
- enzymes étranges

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

photo credit: P. Forterre



Ralph S. Wolfe
1921-



-l'un des rares personnes à l'époque qui pouvaient cultiver les méthanogènes

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

Sab

eucaryote A - eucaryote B 0,29 - 0,36

eucaryote - bactérie 0,05 - 0,11

bactérie A - bactérie B 0,20 - 0,34

méthanogène - bactérie 0,05 - 0,13

méthanogène - eucaryote 0,06 - 0,11

méthanogène - méthanogène 0,24 - 0,51

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

photo credit: P. Forterre



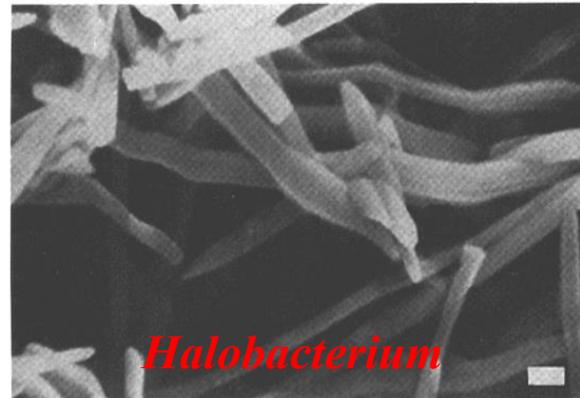
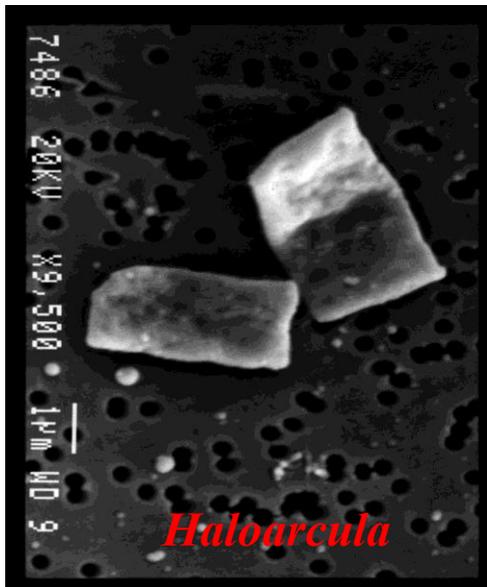
Ralph S. Wolfe
1921-

When I asked Woese about the results of the first attempt to label the 16S rRNA of a methanogen, he replied that something had gone wrong with the extraction – perhaps they had isolated the wrong RNA. The experiment was repeated with special care, and this time Carl's voice was full of disbelief when he said, 'Wolfe, these things aren't even bacteria'.

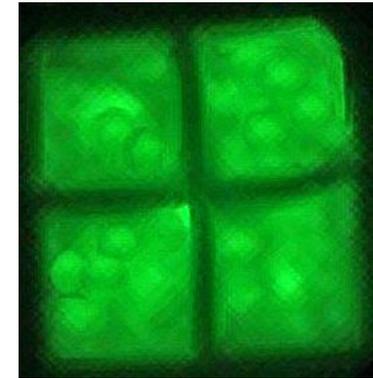
Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

→ les microorganismes halophiles extrêmes obligatoires sont aussi bizarres...

Ils vivent en présence de 4-5 M NaCl (10 fois plus que l'eau de mer) et accumulent de 4-5 M de KCl dans leur cytoplasme !!



(a)



Haloquadratum walsby

- aérobies obligatoire
- unique forme des cellules
- meilleur échange de gaz

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

- photosynthétiques (bacteriorodopsin) → production d'énergie sous forme d'ATP via gradient de protons, ne fixent pas le CO₂
- supportent très hautes concentrations de MgCl₂ à la limite de toxicité
- résistants à la dessiccation, chaleur, froid...



cristaux de NaCl avec les Halo »bactéries »



H. walsby jusqu'au 80% de biomasse

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

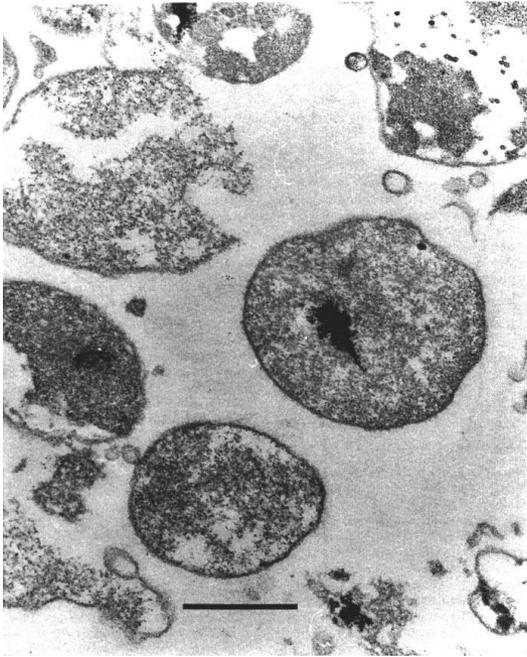
Sab

| | |
|---|-------------|
| <u>eucaryote</u> A - <u>eucaryote</u> B | 0,29 - 0,36 |
| <u>eucaryote</u> - <u>bactérie</u> | 0,05 - 0,11 |
| <u>bactérie</u> A - <u>bactérie</u> B | 0,20 - 0,34 |
| <u>méthanogène</u> - <u>bactérie</u> | 0,05 - 0,13 |
| <u>méthanogène</u> - <u>eucaryote</u> | 0,06 - 0,11 |
| <u>méthanogène</u> - <u>méthanogène</u> | 0,24 - 0,51 |
| <u>halophile</u> - <u>méthanogène</u> | 0,19 - 0,34 |

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

→ ... et les thermoacidophiles aussi

Thermoplasma acidophilum
60°C, pH 1, aérobie



70-80°C, pH 2-3

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

Sab

| | |
|--|-------------|
| <u>eucaryote</u> A - <u>eucaryote</u> B | 0,29 - 0,36 |
| <u>eucaryote</u> - <u>bactérie</u> | 0,05 - 0,11 |
| <u>bactérie</u> A - <u>bactérie</u> B | 0,20 - 0,34 |
| <u>méthanogène</u> - <u>bactérie</u> | 0,05 - 0,13 |
| <u>méthanogène</u> - <u>eucaryote</u> | 0,06 - 0,11 |
| <u>méthanogène</u> - <u>méthanogène</u> | 0,24 - 0,51 |
| <u>halophile</u> - <u>méthanogène</u> | 0,19 - 0,34 |
| <u>Thermoplasma</u> - <u>méthanogène</u> | 0,13 - 0,23 |
| <u>Sulfolobus</u> - <u>méthanogène</u> | 0,13 - 0,17 |
| <u>Sulfo/halo/Thermo</u> | 0,13 - 0,19 |
| <u>Sulfo/halo/Thermo</u> - <u>eucaryote</u> - <u>bactéries</u> | 0,05 - 0,13 |

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

Table 1. Association coefficients (S_{AB}) between representative members of the three primary kingdoms

| | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | 13 |
|--|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| 1. <i>Saccharomyces cerevisiae</i> , 18S | — | 0.29 | 0.33 | 0.05 | 0.06 | 0.08 | 0.09 | 0.11 | 0.08 | 0.11 | 0.11 | 0.08 | 0.08 |
| 2. <i>Lemna minor</i> , 18S | 0.29 | — | 0.36 | 0.10 | 0.05 | 0.06 | 0.10 | 0.09 | 0.11 | 0.10 | 0.10 | 0.13 | 0.07 |
| 3. L cell, 18S | 0.33 | 0.36 | — | 0.06 | 0.06 | 0.07 | 0.07 | 0.09 | 0.06 | 0.10 | 0.10 | 0.09 | 0.07 |
| 4. <i>Escherichia coli</i> | 0.05 | 0.10 | 0.06 | — | 0.24 | 0.25 | 0.28 | 0.26 | 0.21 | 0.11 | 0.12 | 0.07 | 0.12 |
| 5. <i>Chlorobium vibrioforme</i> | 0.06 | 0.05 | 0.06 | 0.24 | — | 0.22 | 0.22 | 0.20 | 0.19 | 0.06 | 0.07 | 0.06 | 0.09 |
| 6. <i>Bacillus firmus</i> | 0.08 | 0.06 | 0.07 | 0.25 | 0.22 | — | 0.34 | 0.26 | 0.20 | 0.11 | 0.13 | 0.06 | 0.12 |
| 7. <i>Corynebacterium diphtheriae</i> | 0.09 | 0.10 | 0.07 | 0.28 | 0.22 | 0.34 | — | 0.23 | 0.21 | 0.12 | 0.12 | 0.09 | 0.10 |
| 8. <i>Aphanocapsa</i> 6714 | 0.11 | 0.09 | 0.09 | 0.26 | 0.20 | 0.26 | 0.23 | — | 0.31 | 0.11 | 0.11 | 0.10 | 0.10 |
| 9. Chloroplast (<i>Lemna</i>) | 0.08 | 0.11 | 0.06 | 0.21 | 0.19 | 0.20 | 0.21 | 0.31 | — | 0.14 | 0.12 | 0.10 | 0.12 |
| 0. <i>Methanobacterium thermoautotrophicum</i> | 0.11 | 0.10 | 0.10 | 0.11 | 0.06 | 0.11 | 0.12 | 0.11 | 0.14 | — | 0.51 | 0.25 | 0.30 |
| 1. <i>M. ruminantium</i> strain M-1 | 0.11 | 0.10 | 0.10 | 0.12 | 0.07 | 0.13 | 0.12 | 0.11 | 0.12 | 0.51 | — | 0.25 | 0.24 |
| 2. <i>Methanobacterium</i> sp., Cariaco-isolate JR-1 | 0.08 | 0.13 | 0.09 | 0.07 | 0.06 | 0.06 | 0.09 | 0.10 | 0.10 | 0.25 | 0.25 | — | 0.32 |
| 3. <i>Methanosarcina barkeri</i> | 0.08 | 0.07 | 0.07 | 0.12 | 0.09 | 0.12 | 0.10 | 0.10 | 0.12 | 0.30 | 0.24 | 0.32 | — |

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

Proc. Natl. Acad. Sci. USA
Vol. 74, No. 11, pp. 5088-5090, November 1977
Evolution

Phylogenetic structure of the prokaryotic domain: The primary kingdoms

(archaeobacteria/eubacteria/urkaryote/16S ribosomal RNA/molecular phylogeny)

CARL R. WOESE AND GEORGE E. FOX*

Department of Genetics and Development, University of Illinois, Urbana, Illinois 61801

Communicated by T. M. Sonneborn, August 18, 1977

ABSTRACT A phylogenetic analysis based upon ribosomal RNA sequence characterization reveals that living systems represent one of three aboriginal lines of descent: (i) the eubacteria, comprising all typical bacteria; (ii) the archaeobacteria, containing methanogenic bacteria; and (iii) the urkaryotes, now represented in the cytoplasmic component of eukaryotic cells.

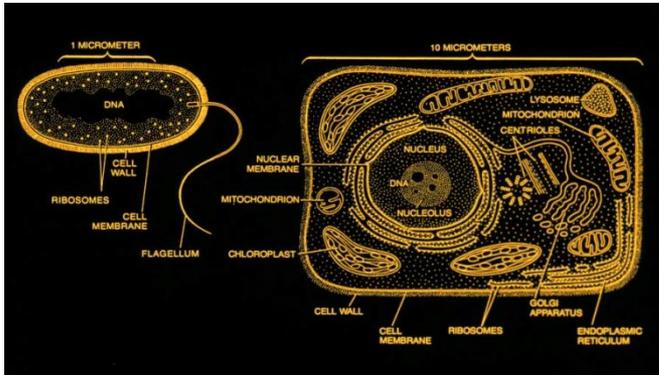
to construct phylogenetic classifications between domains: Prokaryotic kingdoms are not comparable to eukaryotic ones. This should be recognized by an appropriate terminology. The highest phylogenetic unit in the prokaryotic domain we think should be called an “urkingdom”—or perhaps “primary kingdom.” This would recognize the qualitative distinction

→ Les “bactéries” méthanogènes semblent être aussi éloignées des vraies bactéries (eubactéries) que d’eukaryotes!

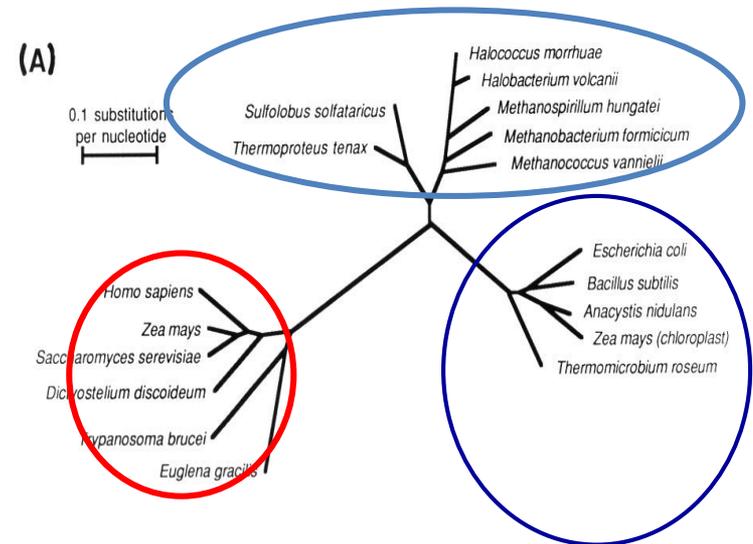
→ Ces organismes sont appelés les **archéobactéries** dans un premier temps et ensuite les Archées pour éviter toute confusion avec les vraies Bactéries

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

DICHOTOMIE Procaryote/Eucaryote



Arbre à TROIS domaines



Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

The New York Times



National Aeronautics
and Space Administration

Scientists Discover a Form of Life That Predates Higher Organisms; SCIENTISTS DISCOVER DISTINCT LIFE FORM

By RICHARD D. LYONS Special to The New York Times ();
November 03, 1977,
, Section The Week In Review, Page 49, Column , words

 PERMISSIONS

[DISPLAYING ABSTRACT]

URBANA, Ill., Nov. 2 Scientists studying the evolution of primitive organisms reported today the existence of a separate form of life that is hard to find in nature. They described it as a "third kingdom" of living material, composed of ancestral cells that abhor oxygen, digest carbon dioxide and produce methane.

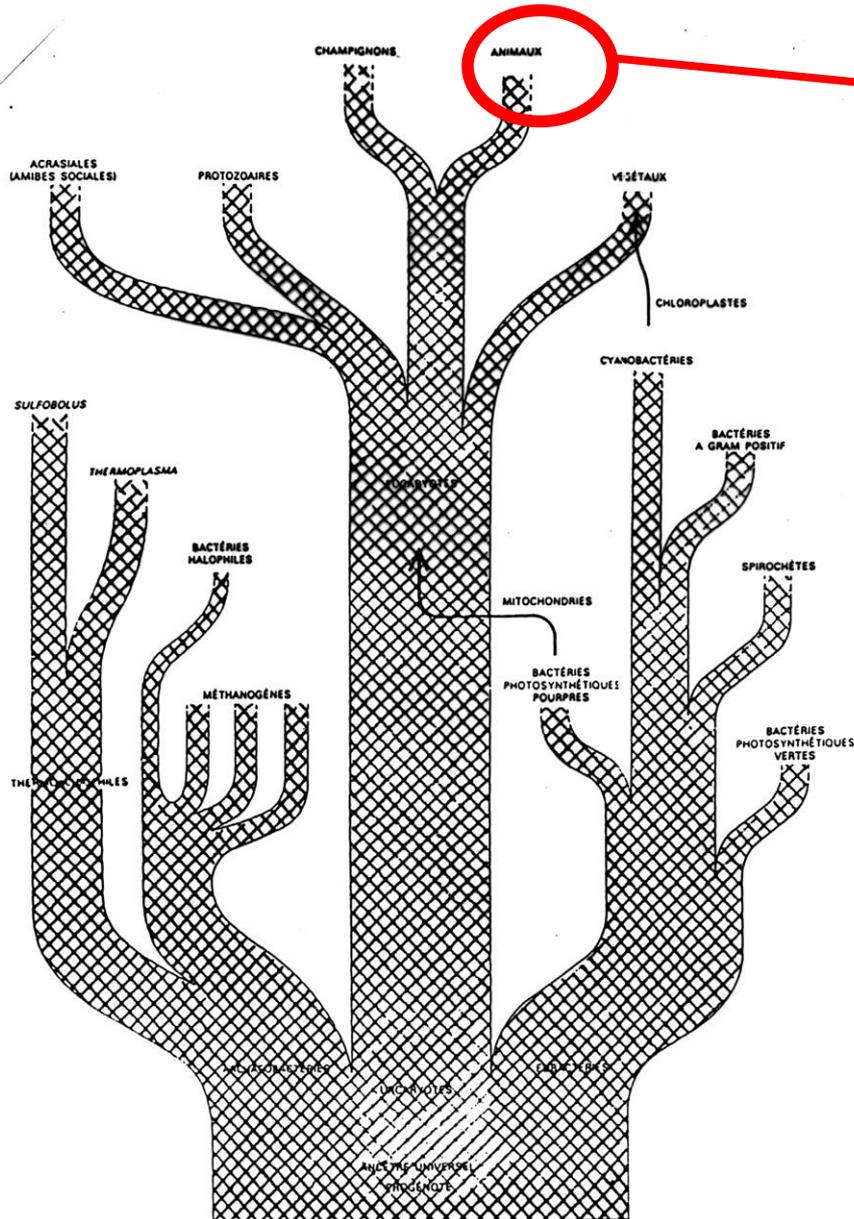
MICROBIAL BIOLOGY:

Microbiology's Scarred Revolutionary

Carl Woese revised the tree of life and started a new age in microbial biology by recognizing a third domain of life—but he paid the price for his radical ideas

« a crank , who was using a crazy technique to answer an impossible question »

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées



Homo sapiens

Le nouvel
arbre Universel
du vivant

Scientific American
(1981)

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

Proc. Natl. Acad. Sci. USA
Vol. 87, pp. 4576-4579, June 1990
Evolution

Towards a natural system of organisms: Proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eucarya

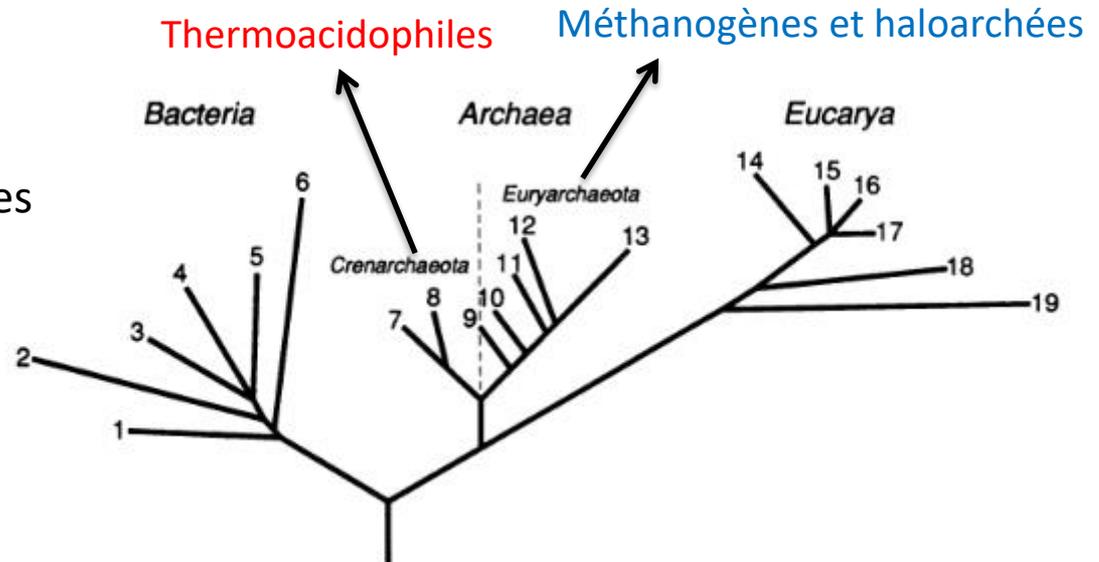
(Euryarchaeota/Crenarchaeota/kingdom/evolution)

CARL R. WOESE*[†], OTTO KANDLER[‡], AND MARK L. WHEELIS[§]

*Department of Microbiology, University of Illinois, 131 Burrill Hall, Urbana, IL 61801; [†]Botanisches Institut der Universität München, Menzinger Strasse 67, 8000 Munich 19, Federal Republic of Germany; and [§]Department of Microbiology, University of California, Davis, CA 95616

Contributed by Carl R. Woese, March 26, 1990

- introduction du domaine comme catégorie au dessus du règne
- les archées sont divisés en 2 règnes



Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

- Apporte la preuve que tous les organismes sont apparentés
- Premier à construire un arbre phylogénétique basé sur les séquences porteur de l'information génétique
- Une nouvelle façon, scientifiquement solide, de comprendre et classer la diversité microbienne

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

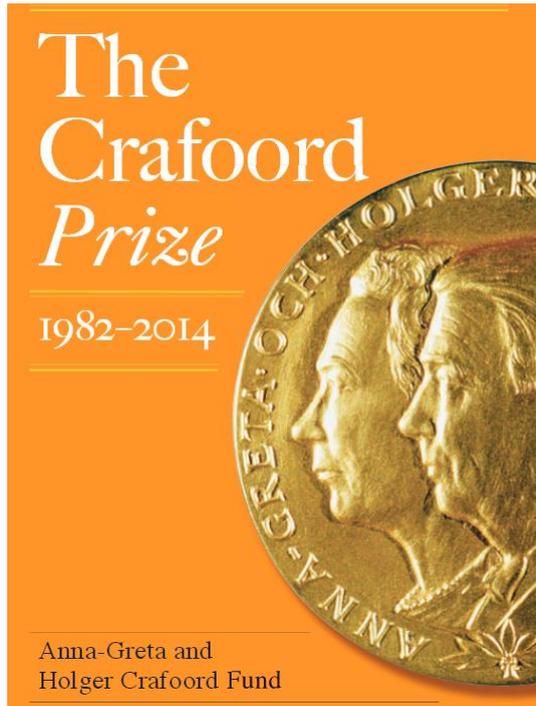
Prix van Leeuwenhoek, 1992



-récompense tous les 10 ans le scientifique qui est jugé d'avoir fait la plus grande contribution en microbiologie de la décennie

Découverte du 3-eme domaine du vivant - les Archées

La prix Craafoord, Septembre 2003



Carl Woese et le roi de Suède

2003 **BIOSCIENCES**

CARL R. WOESE, University of Illinois (UIUC), IL, USA, *"for his discovery of a third domain of life"*.

Diversité microbienne - la révolution technologique

The Nobel Prize in Physiology or Medicine 1975



David Baltimore
Prize share: 1/3



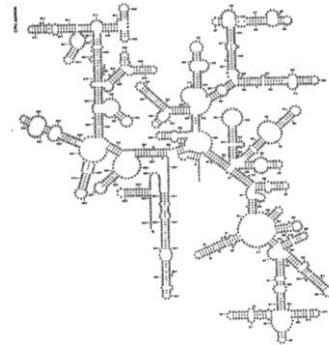
Renato Dulbecco
Prize share: 1/3



Howard Martin
Temin
Prize share: 1/3

The Nobel Prize in Physiology or Medicine 1975 was awarded jointly to David Baltimore, Renato Dulbecco and Howard Martin Temin *"for their discoveries concerning the interaction between tumour viruses and the genetic material of the cell"*.

1970, découverte de la reverse transcriptase



ARNr 16S



ARNr 16S
(cDNA)



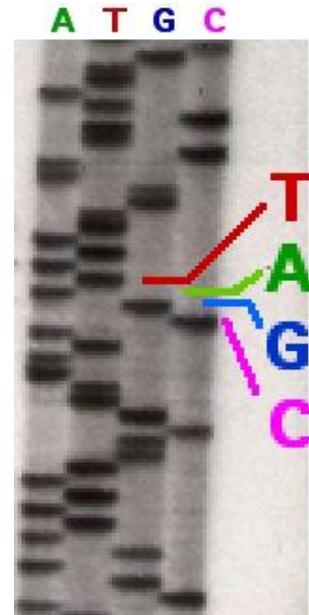
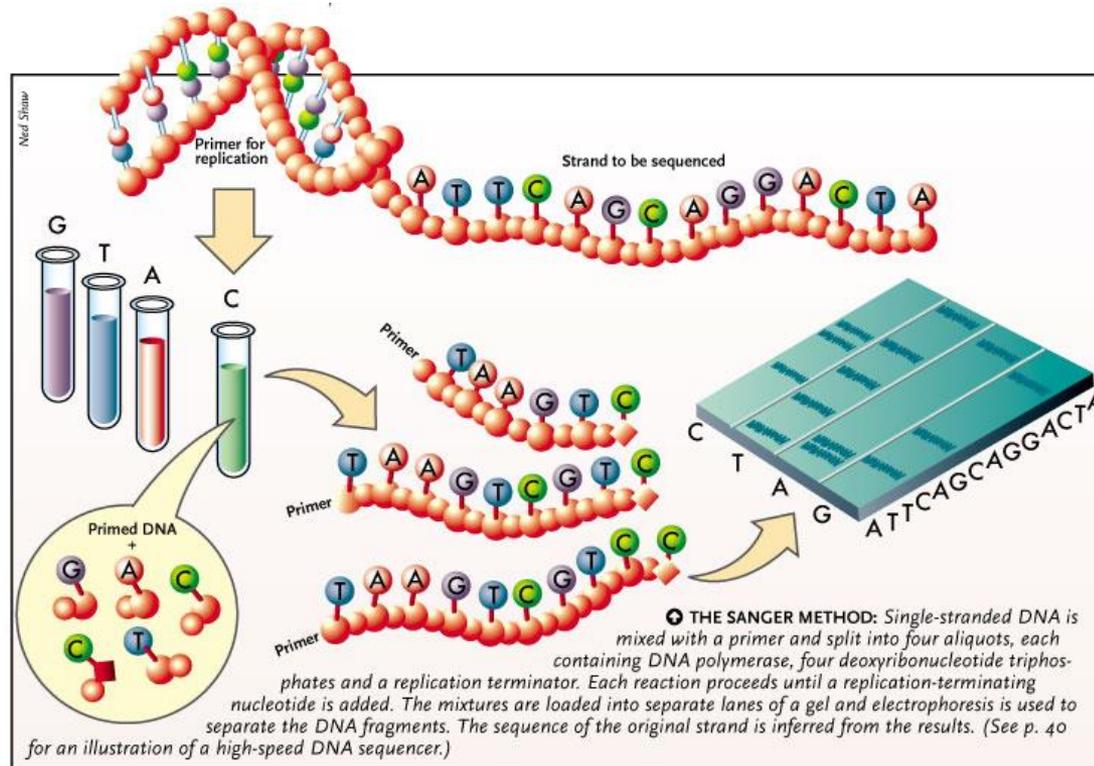
séquençage

Diversité microbienne - la révolution technologique



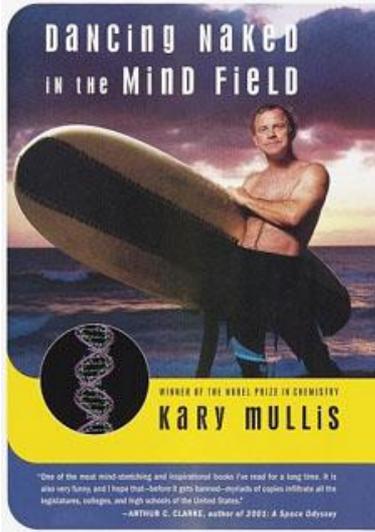
Frederick Sanger
1918-2013

1977, publie la nouvelle méthode de séquençage d'ADN – fiable et rapide (méthode dideoxy)



- permet de déterminer rapidement les séquences de gènes codant pour RNAr 16S

Diversité microbienne - la révolution technologique



1985, améliore la technique de PCR (le réaction de polymérisation en chaîne)

1978, thermostable ADN polymérase (*Thermus aquaticus*) permet d'automatiser le processus



The Nobel Prize in Chemistry 1993

Kary B. Mullis, Michael Smith

Kary Mullis

1944-



ADN total $\xrightarrow{\text{PCR}}$ ADN 16S \longrightarrow séquençage

→ il est devenu possible d'établir des phylogénies des bactéries et des archées *cultivables* (environ 1% de diversité microbienne)

Diversité microbienne - la révolution technologique

→ à partir des années 1990, études systématiques de la diversité microbienne dans l'environnement (*organismes non-cultivés*)



Norman Pace



Edward DeLong



Obsidian Pool



Filtre, 0.22µm

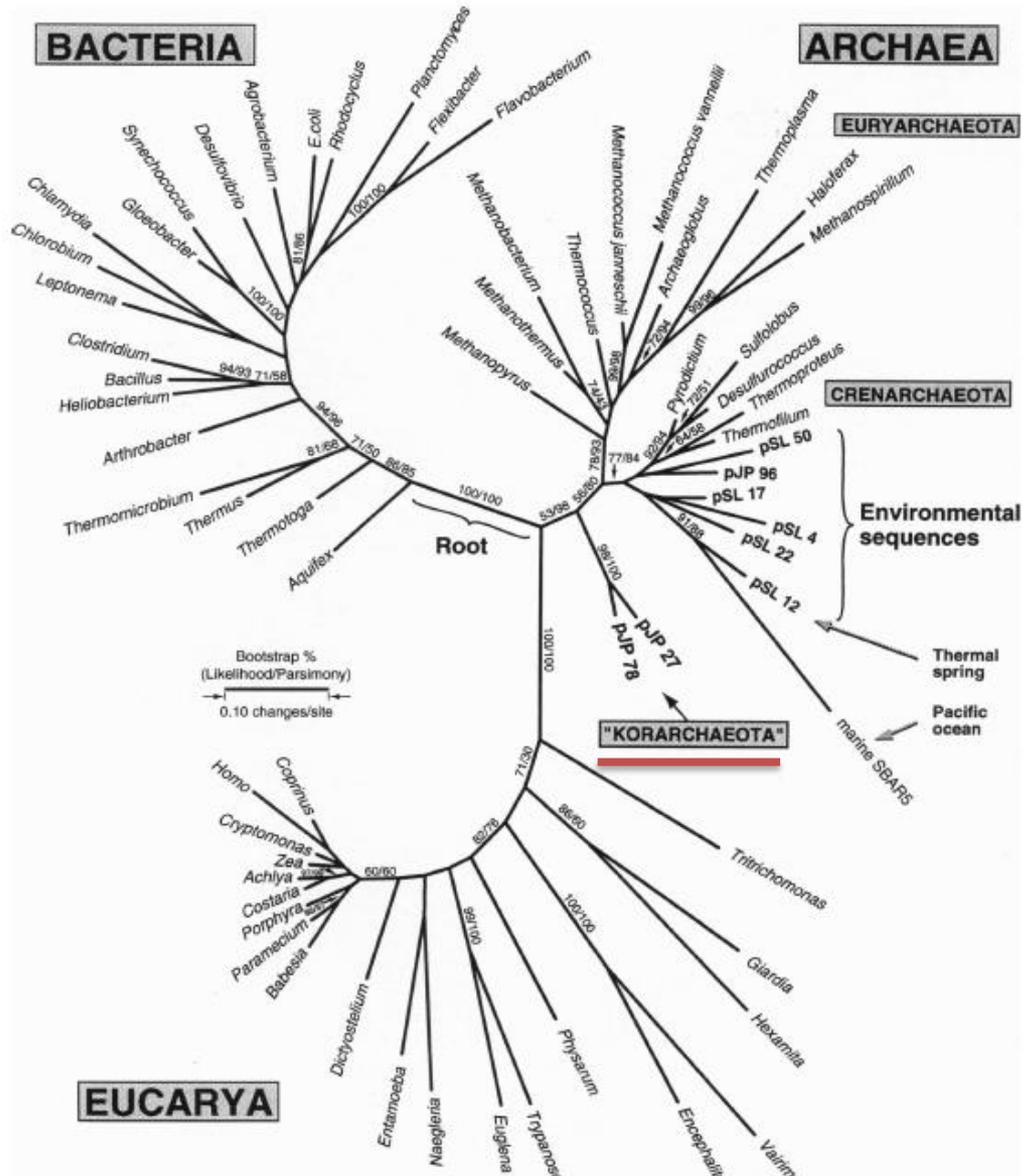
ADN total $\xrightarrow{\text{PCR}}$ ADN 16S \longrightarrow séquençage



Diversité microbienne - la révolution technologique

9190 Microbiology: Barns et al.

Proc. Natl. Acad. Sci. USA 93 (1996)



Norman Pace

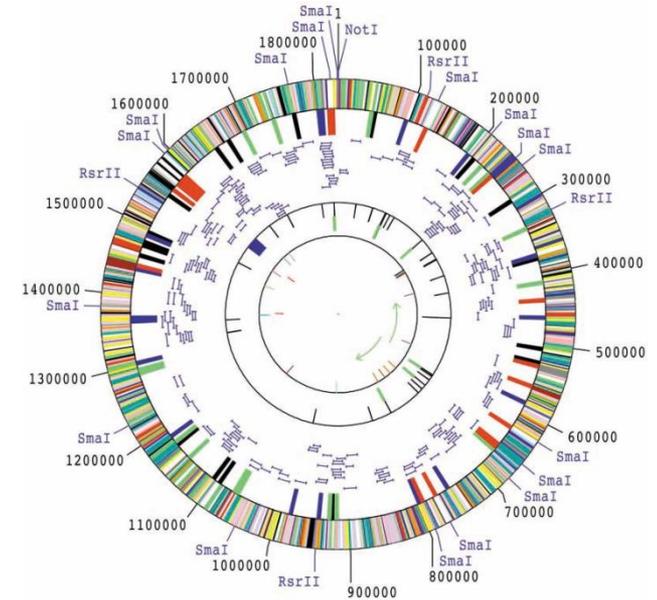
- découvre plusieurs nouvelles groupes d'archées non-cultivés dont un groupe qui a divergé avant les Crenarchaeota → Korarchaeota

Diversité microbienne - la révolution technologique

1995, premier génome cellulaire entièrement séquencé : celui de la bactérie *Haemophilus influenzae*



Craig Venter



→ 1,8 megabases = 10 x plus que le plus grand génome jamais séquencé

→ assemblage d'un génome entier à partir de 24,304 fragments d'ADN à l'aide d'un *programme informatique* – plus besoin de cartographier le génome au préalable

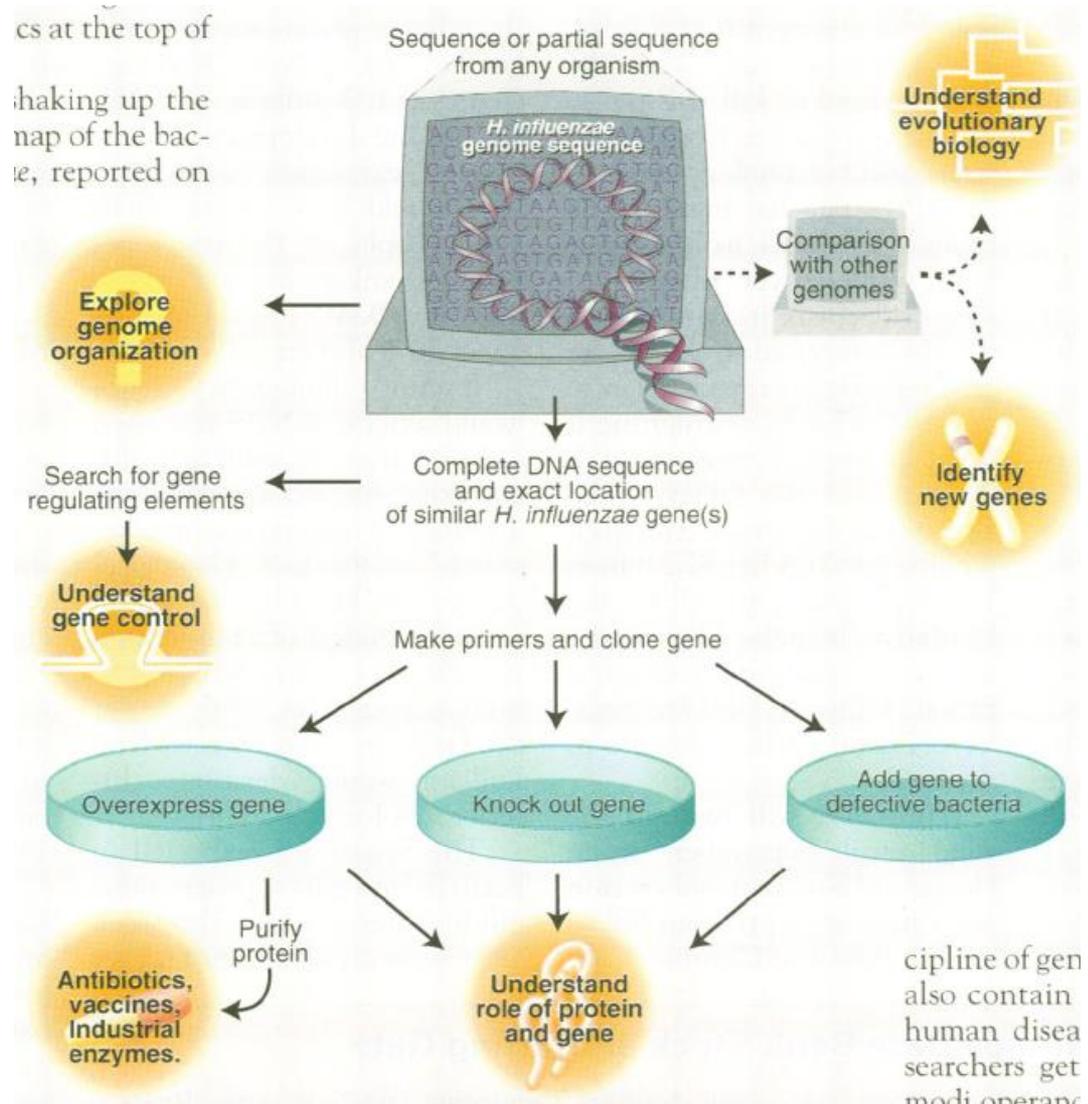
Diversité microbienne - la révolution technologique



MARTY KATZ

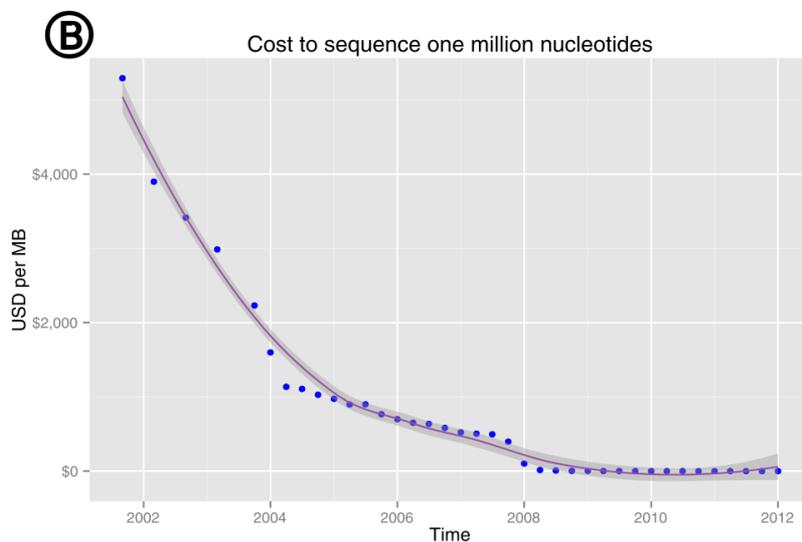
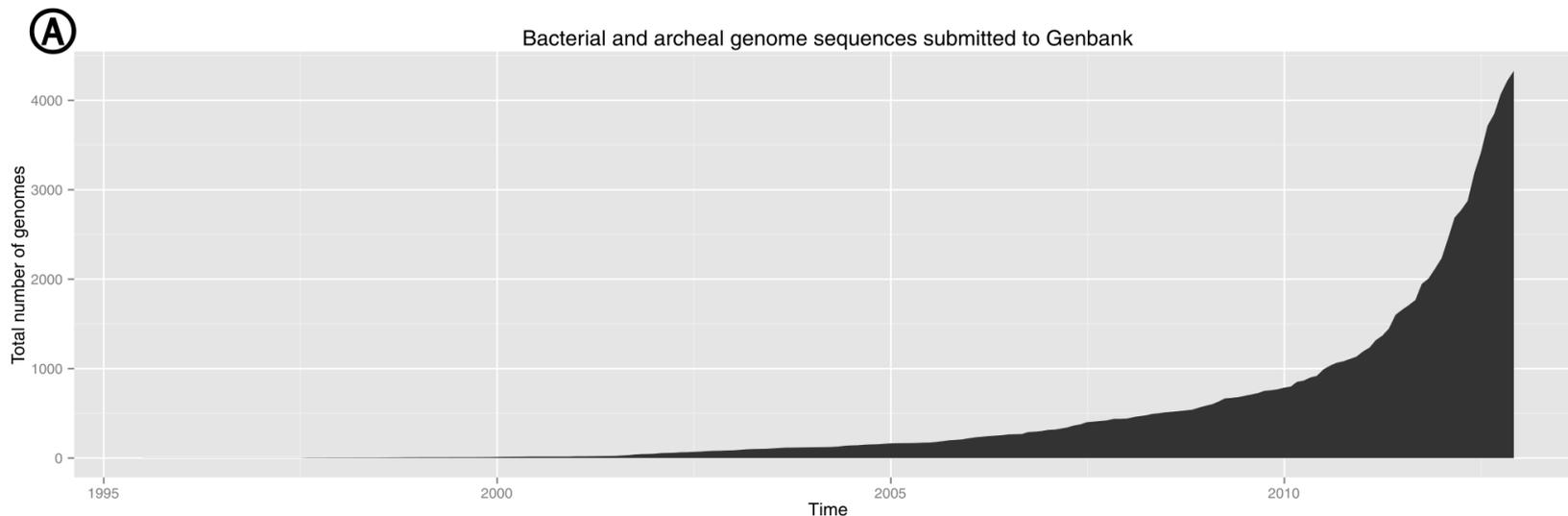
Genome gang. This photograph shows the group that sequenced the *H. influenzae* genome, with team leaders Craig Venter at front left and Hamilton Smith at front right.

→ le projet a duré 1 an



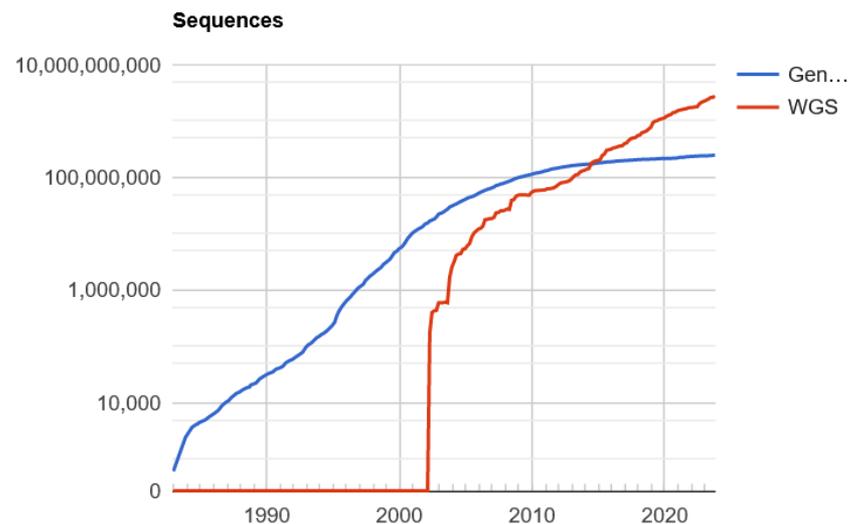
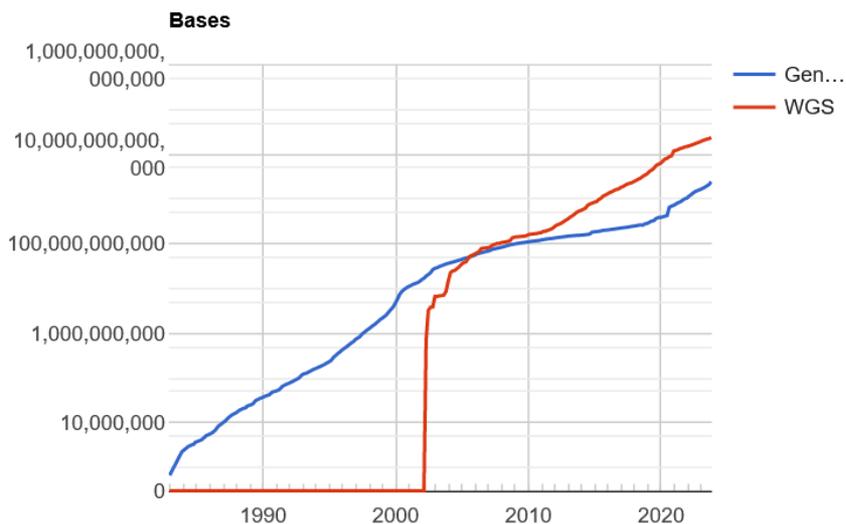
Diversité microbienne - la révolution technologique

à partir de 1995 → l'explosion!



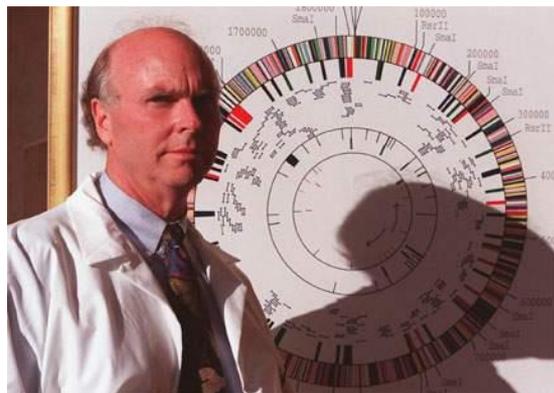
Diversité microbienne - la révolution technologique

→ Depuis 1982 le nr. de bases séquencées double tous les 18 mois



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/statistics/>

Diversité microbienne - la révolution technologique



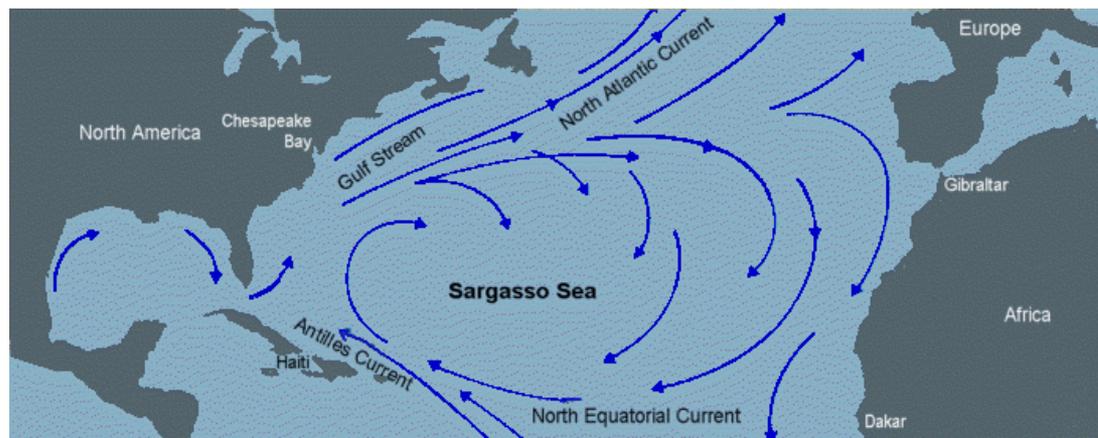
2 APRIL 2004 VOL 304 SCIENCE www.sciencemag.org

RESEARCH ARTICLE

Environmental Genome Shotgun Sequencing of the Sargasso Sea

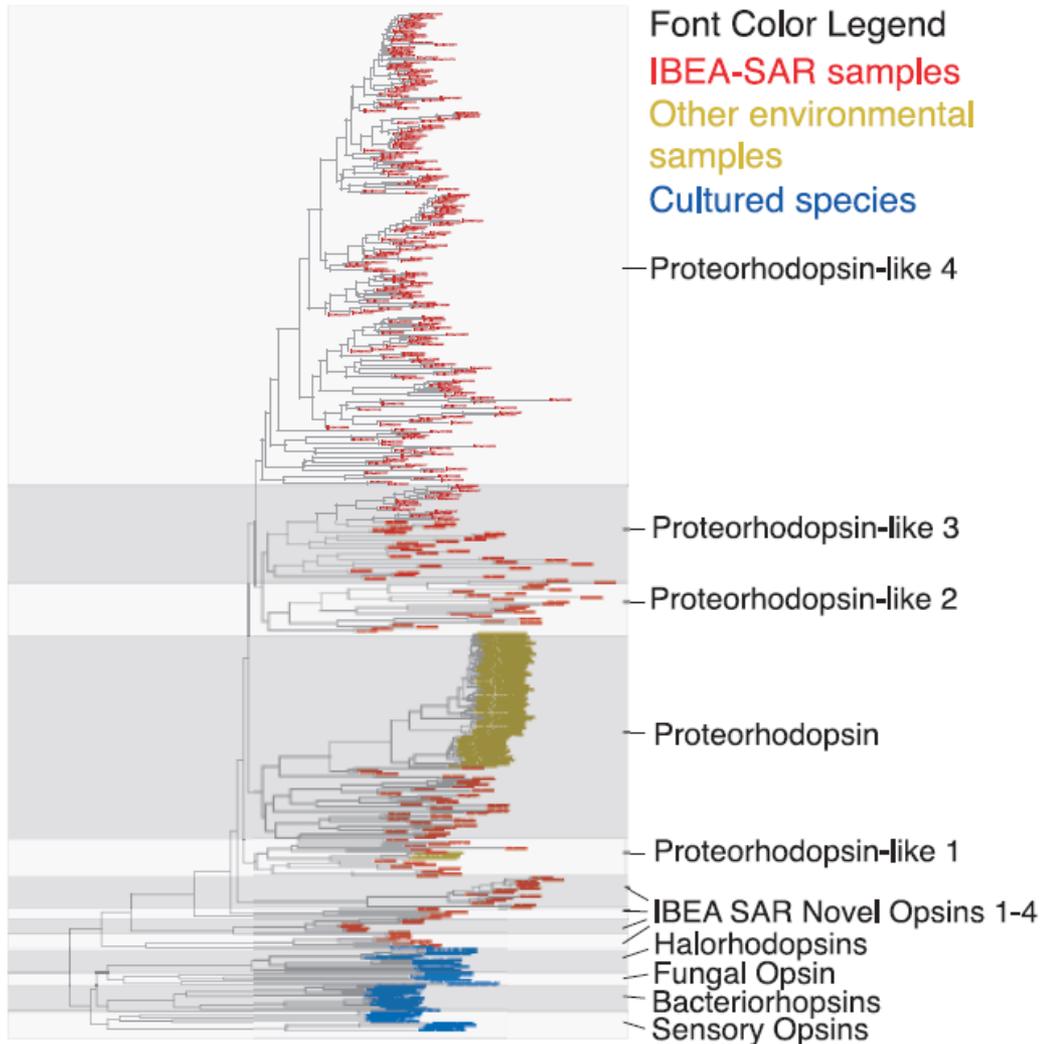
-applique le gunshot séquençage à des *populations entières*

-dévoile une diversité microbienne inattendue dans l'océan



-une région océanique très étudié depuis 50 ans → interprétation des données génomiques dans le contexte océanographique

Diversité microbienne - la révolution technologique



En 2001 Ed DeLong découvre bactériorhodopsin (protéine capturant l'énergie solaire en absence de chlorophylle) →

Identification de 13 nouvelles sous-familles de protéorhodopsine!

Diversité microbienne - la révolution technologique

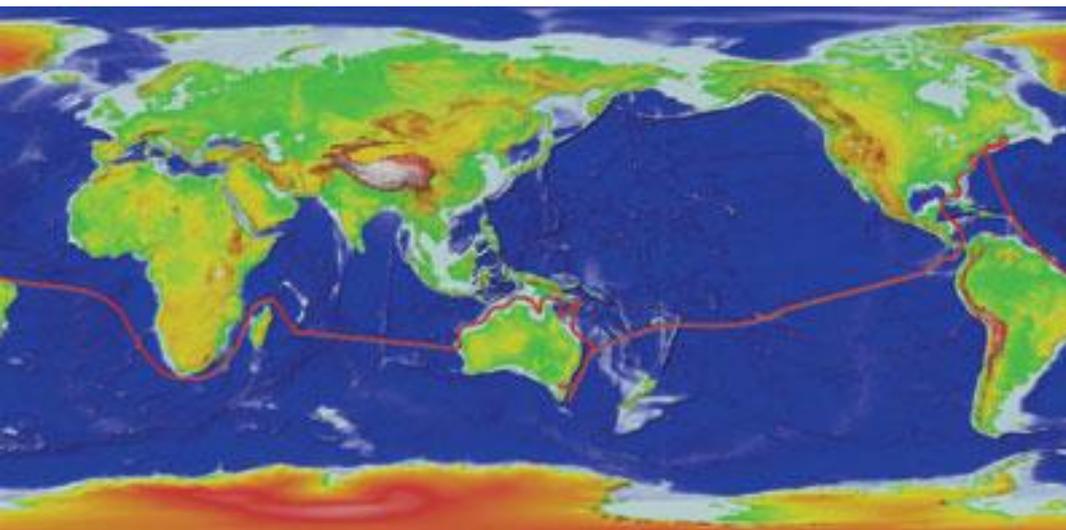


OPEN ACCESS Freely available online

PLoS BIOLOGY

The *Sorcerer II* Global Ocean Sampling Expedition: Northwest Atlantic through Eastern Tropical Pacific 2007

Douglas B. Rusch^{1*}, Aaron L. Halpern¹, Granger Sutton¹, Karla B. Heidelberg^{1,2}, Shannon Williamson¹, Shibu Yooseph¹, Dongying Wu^{1,3}, Jonathan A. Eisen^{1,3}, Jeff M. Hoffman¹, Karin Remington^{1,4}, Karen Beeson¹, Bao Tran¹, Hamilton Smith¹, Holly Baden-Tillson¹, Clare Stewart¹, Joyce Thorpe¹, Jason Freeman¹, Cynthia Andrews-Pfannkoch¹, Joseph E. Venter¹, Kelvin Li¹, Saul Kravitz¹, John F. Heidelberg^{1,2}, Terry Utterback¹, Yu-Hui Rogers¹, Luisa I. Falcón⁵, Valeria Souza⁵, Germán Bonilla-Rosso⁵, Luis E. Eguiarte⁵, David M. Karl⁶, Shubha Sathyendranath⁷, Trevor Platt⁷, Eldredge Bermingham⁸, Victor Gallardo⁹, Giselle Tamayo-Castillo¹⁰, Michael R. Ferrari¹¹, Robert L. Strausberg¹, Kenneth Nealson^{1,12}, Robert Friedman¹, Marvin Frazier¹, J. Craig Venter¹

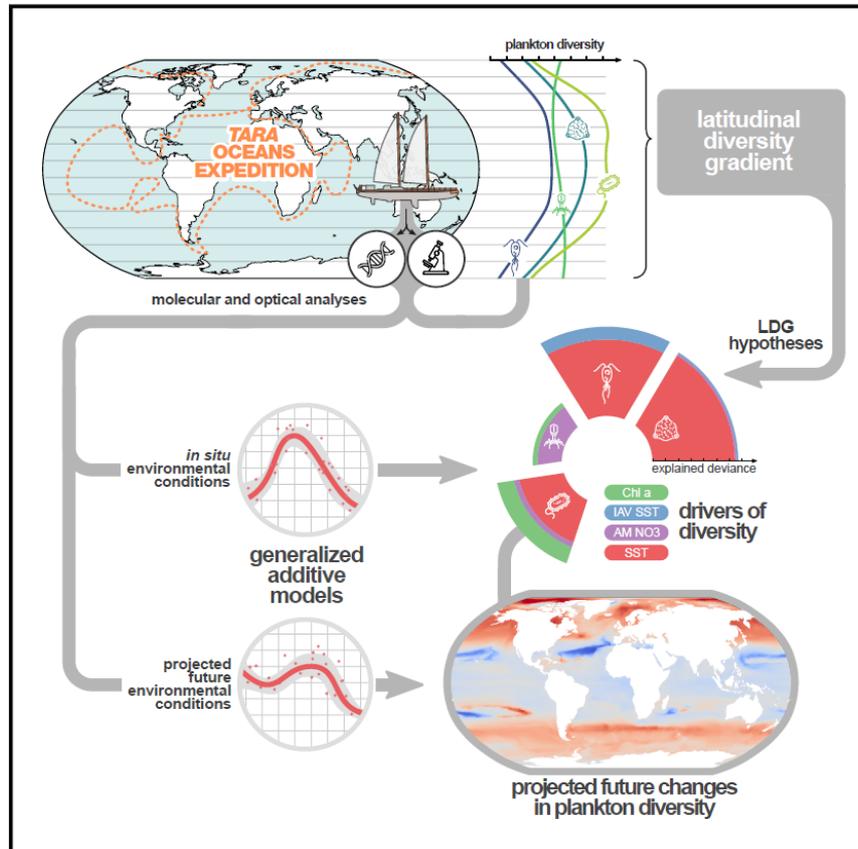


-7.7 million de séquences → un aperçu de la diversité et hétérogénéité des populations microbiennes

-l'assemblage des génomes *complets* à partir des données metagénomiques est un challenge → séquences courtes, diversité des populations augmente la complexité, différences d'abondance d'organismes, répétitions...

Diversité microbienne - la révolution technologique

TARA Oceans project



Federico M. Ibarbalz, Nicolas Henry,
Manoela C. Brandão, ..., Fabien Lombard,
Chris Bowler, Lucie Zinger

Correspondence

cbowler@biologie.ens.fr (C.B.),
lucie@zinger.fr (L.Z.)

In Brief

The drivers of ocean plankton diversity across archaea, bacteria, eukaryotes, and major virus clades are inferred from both molecular and imaging data acquired by the *Tara* Oceans project and used to predict the effects of severe warming of the surface ocean on this critical ecosystem by the end of the 21st century.

Ibarbalz et al 2019, Cell

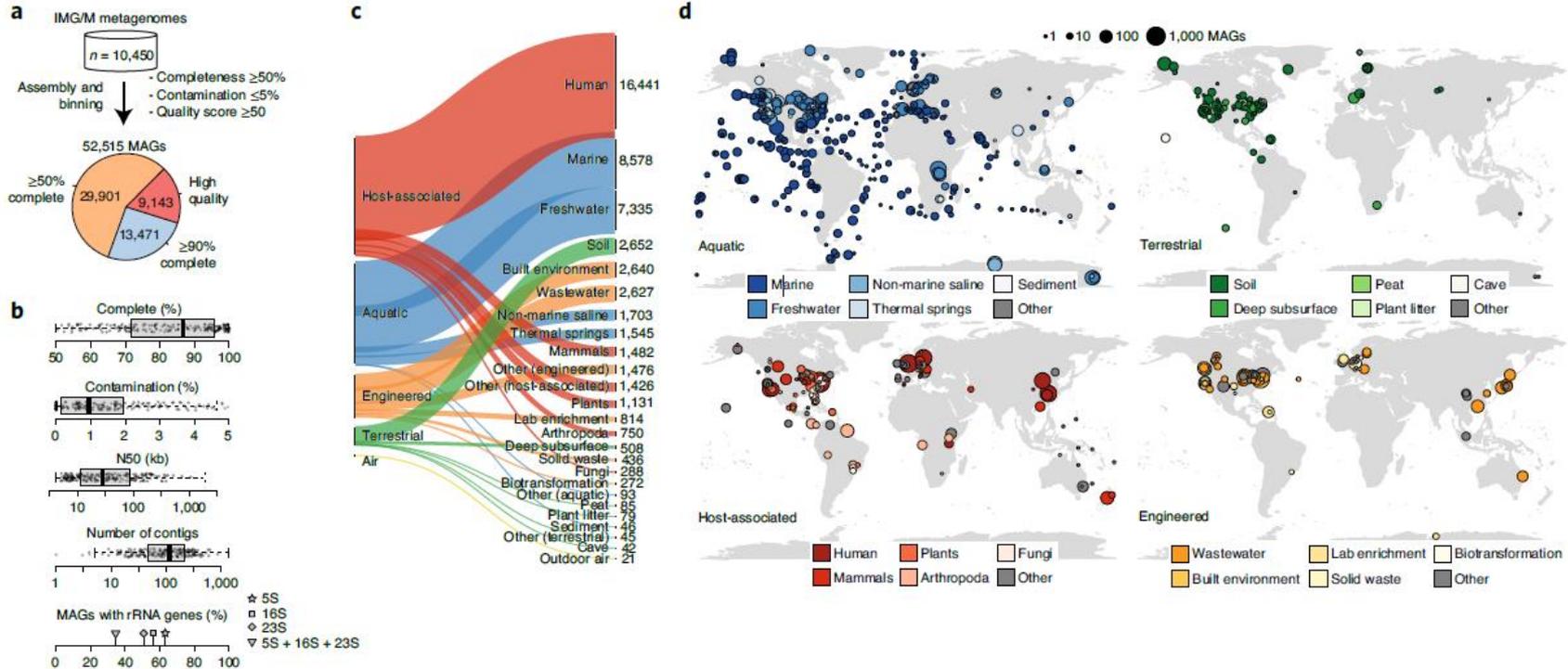


A genomic catalog of Earth's microbiomes

Stephen Nayfach¹, Simon Roux¹, Rekha Seshadri¹, Daniel Udvary¹, Neha Varghese¹, Frederik Schulz¹, Dongying Wu¹, David Paez-Espino¹, I-Min Chen¹, Marcel Huntemann¹, Krishna Palaniappan¹, Joshua Ladau¹, Supratim Mukherjee¹, T. B. K. Reddy¹, Torben Nielsen¹, Edward Kirton¹, José P. Faria², Janaka N. Edirisinghe², Christopher S. Henry², Sean P. Jungbluth^{1,4}, Dylan Chivian³, Paramvir Dehal³, Elisha M. Wood-Charlson³, Adam P. Arkin³, Susannah G. Tringe¹, Axel Visel¹, IMG/M Data Consortium^{*}, Tanja Woyke¹, Nigel J. Mouncey¹, Natalia N. Ivanova¹, Nikos C. Kyrpides¹ and Emiley A. Elie-Fadrosh¹✉

The reconstruction of bacterial and archaeal genomes from shotgun metagenomes has enabled insights into the ecology and evolution of environmental and host-associated microbiomes. Here we applied this approach to >10,000 metagenomes collected from diverse habitats covering all of Earth's continents and oceans, including metagenomes from human and animal hosts, engineered environments, and natural and agricultural soils, to capture extant microbial, metabolic and functional potential. This comprehensive catalog includes 52,515 metagenome-assembled genomes representing 12,556 novel candidate species-level operational taxonomic units spanning 135 phyla. The catalog expands the known phylogenetic diversity of bacteria and archaea by 44% and is broadly available for streamlined comparative analyses, interactive exploration, metabolic modeling and bulk download. We demonstrate the utility of this collection for understanding secondary-metabolite biosynthetic potential and for resolving thousands of new host linkages to uncultivated viruses. This resource underscores the value of genome-centric approaches for revealing genomic properties of uncultivated microorganisms that affect ecosystem processes.

Diversité microbienne - la révolution technologique



→ reconstruction of bacterial and archaeal genomes from shotgun metagenomes :
 52,515 metagenome-assembled genomes representing 12,556 novel candidate species-level OTU spanning 135 phyla
 → expands the known phylogenetic diversity of bacteria and archaea by 44% but...

Diversité microbienne - la révolution technologique

We found little evidence of new deep-branching lineages representing new phyla, consistent with recent studies of microbial diversity.

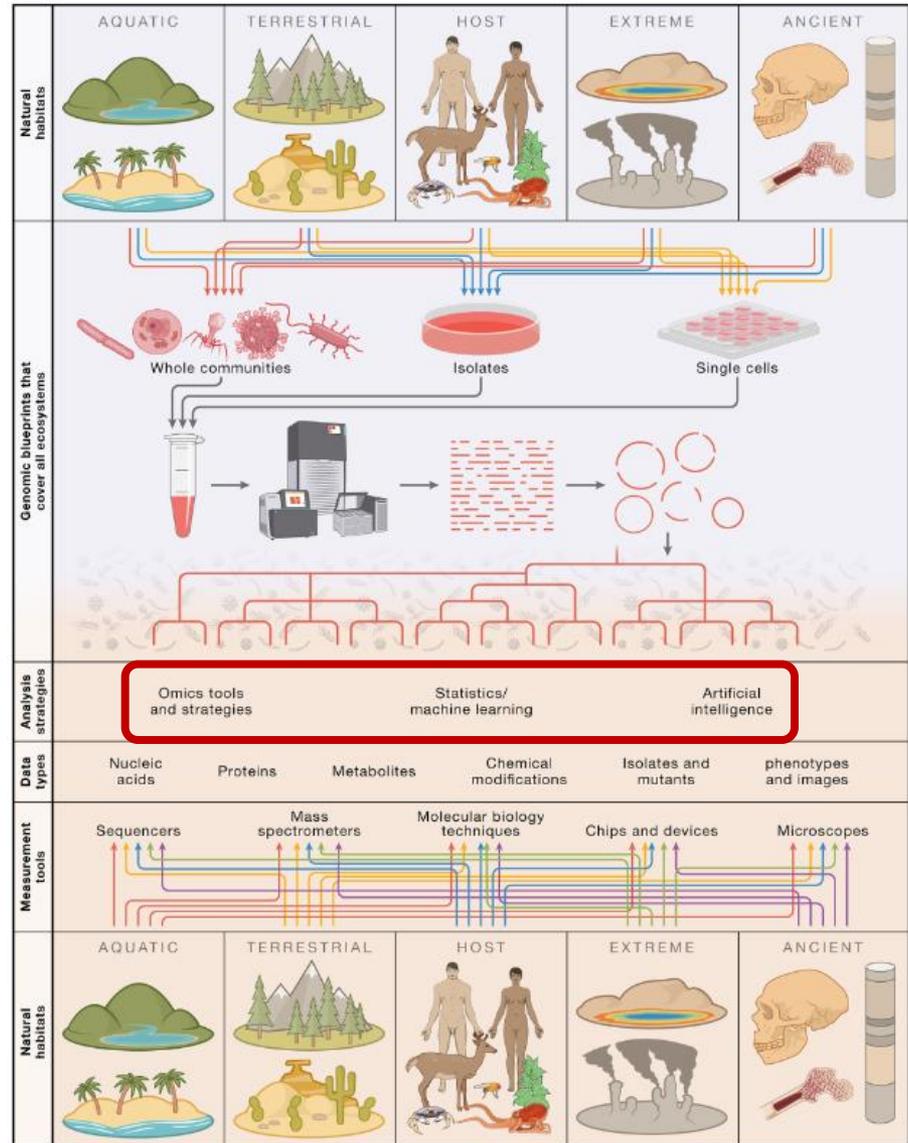
Combien de diversité archées/bactéries reste inexploré?

Pas tant que cela, il semblerait!

Alors what comes next?

Diversité microbienne - quel futur ?

Comment les systèmes microbiens peuvent être exploités pour relever les défis contemporains dans les domaines de la santé, de l'environnement et de la science fondamentale?



Diversité microbienne - quel futur ?

nature biotechnology



Article

<https://doi.org/10.1038/s41587-023-01674-2>

High-throughput microbial culturomics using automation and machine learning

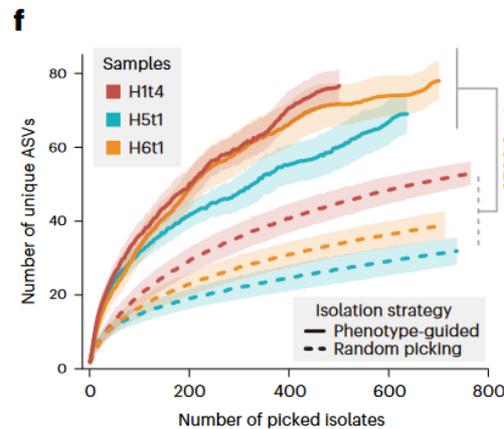
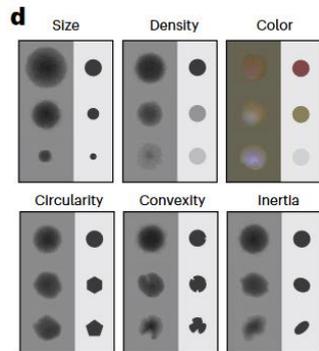
Received: 12 August 2021

Yiming Huang^{1,4}, Ravi U. Sheth^{1,4}, Shijie Zhao¹, Lucas A. Cohen¹, Kendall Dabaghi¹, Thomas Moody¹, Yiwei Sun², Deirdre Ricaurte¹, Miles Richardson¹, Florencia Velez-Cortes¹, Tomasz Blazejewski¹, Andrew Kaufman¹, Carlotta Ronda¹ & Harris H. Wang^{1,3}✉

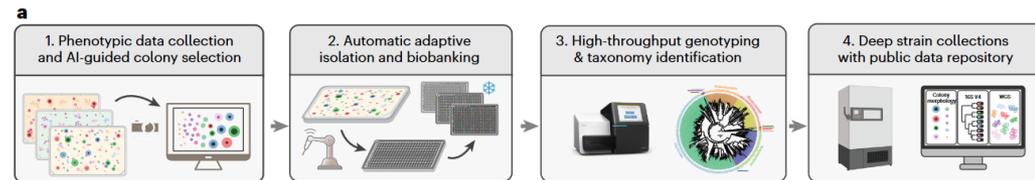
Accepted: 11 January 2023

Published online: 20 February 2023

AI permet de choisir les isolats différents à partir des caractéristiques morphologiques des colonies



Utilisé pour isoler plus efficacement les différentes espèces à partir du microbiome intestinal humain

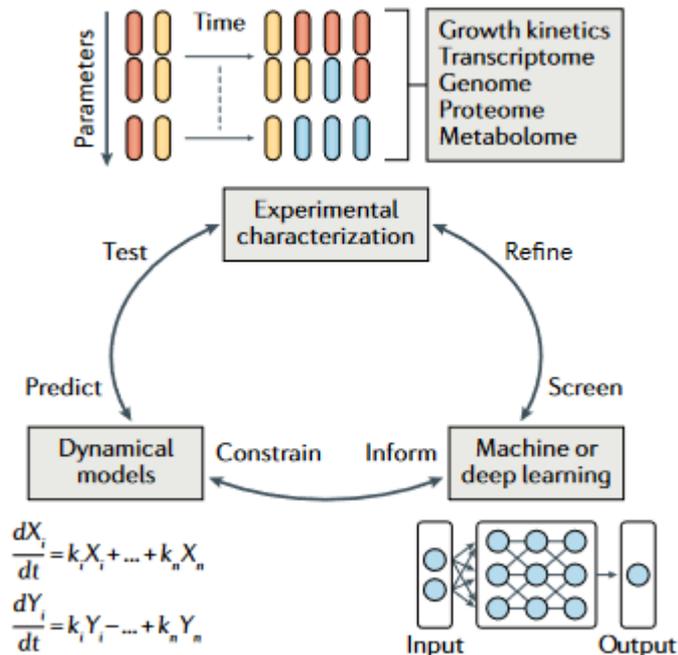


Choix des colonies guidé par AI permet d'obtenir plus de diversité comparé à une approche aléatoire

Diversité microbienne - quel futur ?

Predictive biology: modelling, understanding and harnessing microbial complexity

Allison J. Lopatkin^{1,2,3,4} and James J. Collins^{1,2,3}



→ predictions des interactions écologiques

Wu, F. et al. A unifying framework for interpreting and predicting mutualistic systems. *Nat. Commun.* 10, 242 (2019).

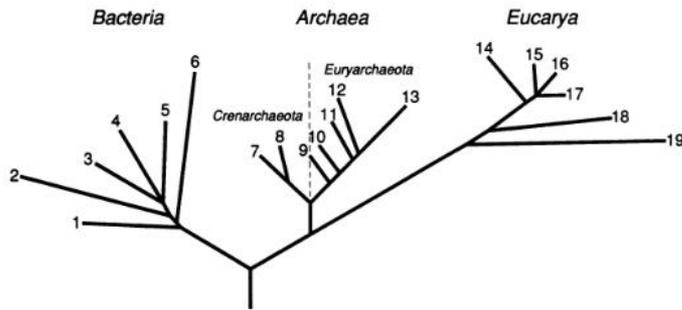
→ Identification des relations de cause à effet entre les médicaments et la réponse cellulaire

Yang, J. H. et al. A white-box machine learning approach for revealing antibiotic mechanisms of action. *Cell* 177, 1649–1661.e9 (2019).

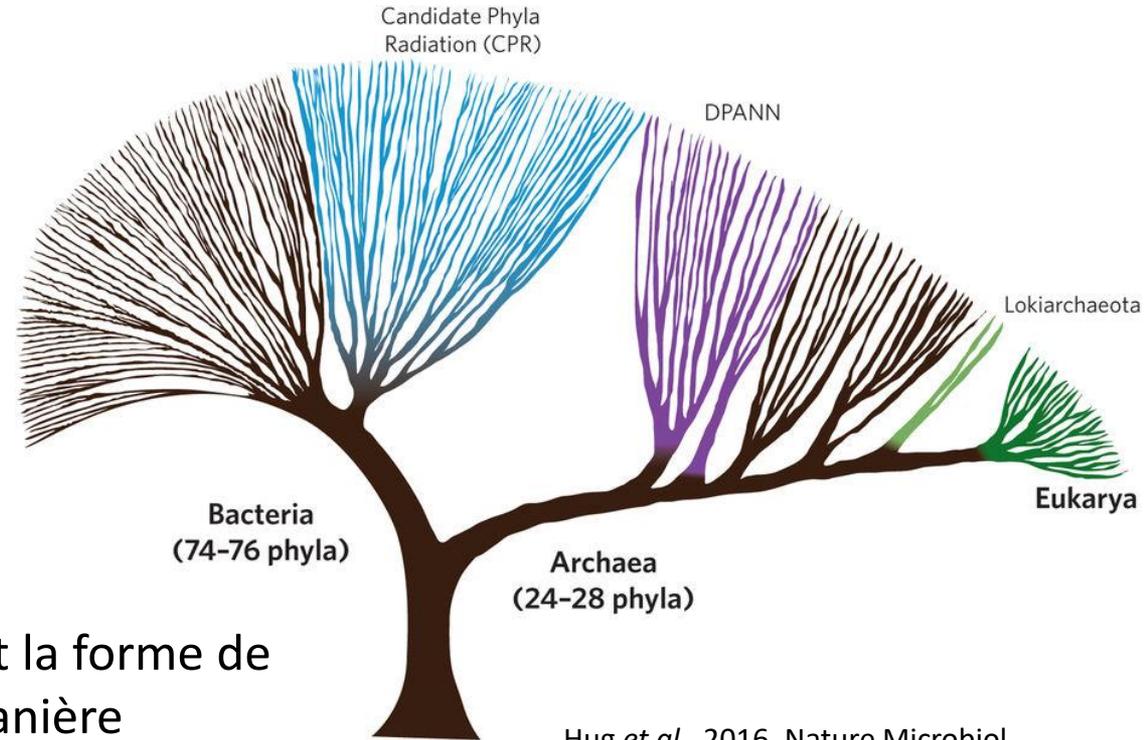
→ Modification des microbiomes naturels pour améliorer leur capacité de bioremediation

Ruan, Z. et al. Engineering natural microbiomes toward enhanced bioremediation by microbiome modelling. *Nat. Comm* 15, (2024).

Diversité microbienne - la révolution technologique



Woese *et al.*, 1990, PNAS



Hug *et al.*, 2016, Nature Microbiol.
Rinke *et al.*, 2013, Nature
Spang & Ettema, 2016, Nature Microbiol.

En seulement 30 ans le contenu et la forme de l'arbre universel ont changé de manière dramatique!

- l'arbre grandi encore mais les lignées majeures sont toutes connues?
- L'arbre à deux branches ou trois branches? (CM7)

Les microbes occupent 90% des branches de l'arbre universel du vivant !!!

« Microbial diversity, like microbial evolution, has become real science. The same is true for microbial ecology. And it's all because we can now interpret these things within the framework of the tree. « Carl Woese in Morel V., Science 1997

Prokaryotic taxonomy and nomenclature in the age of big sequence data

Philip Hugenholtz ¹ · Maria Chuvochina¹ · Aharon Oren² · Donovan H. Parks ¹ · Rochelle M. Soo ¹

Received: 25 September 2020 / Revised: 9 February 2021 / Accepted: 11 February 2021 / Published online: 6 April 2021

© The Author(s) 2021. This article is published with open access

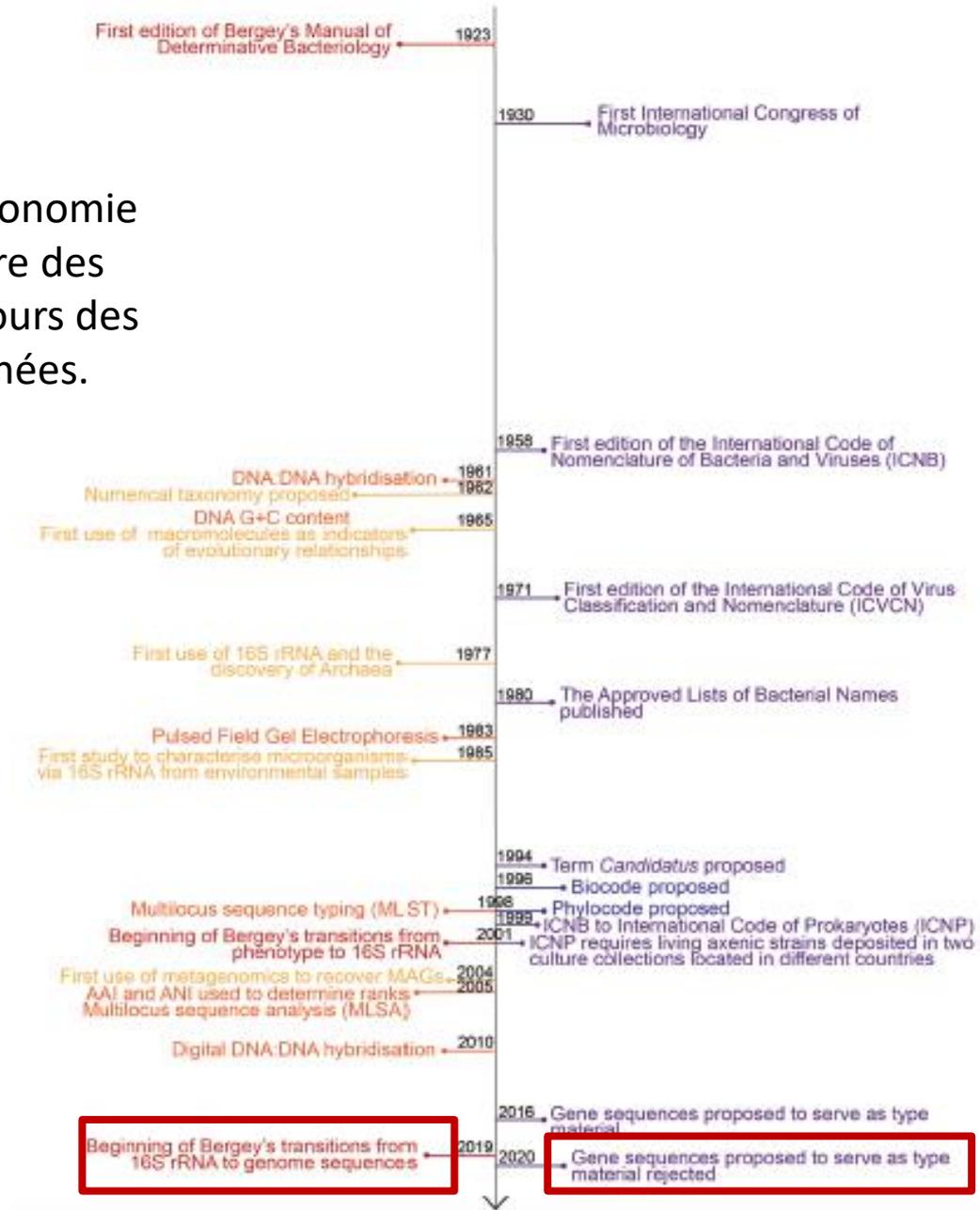
Abstract

The classification of life forms into a hierarchical system (taxonomy) and the application of names to this hierarchy (nomenclature) is at a turning point in microbiology. The unprecedented availability of genome sequences means that a taxonomy can be built upon a comprehensive evolutionary framework, a longstanding goal of taxonomists. However, there is resistance to adopting a single framework to preserve taxonomic freedom, and ever increasing numbers of genomes derived from uncultured prokaryotes threaten to overwhelm current nomenclatural practices, which are based on characterised isolates. The challenge ahead then is to reach a consensus on the taxonomic framework and to adapt and scale the existing nomenclatural code, or create a new code, to systematically incorporate uncultured taxa into the chosen framework.

TAXONOMY

NOMENCLATURE

Événements clé
concernant la taxonomie
et la nomenclature des
procaryotes au cours des
100 dernières années.



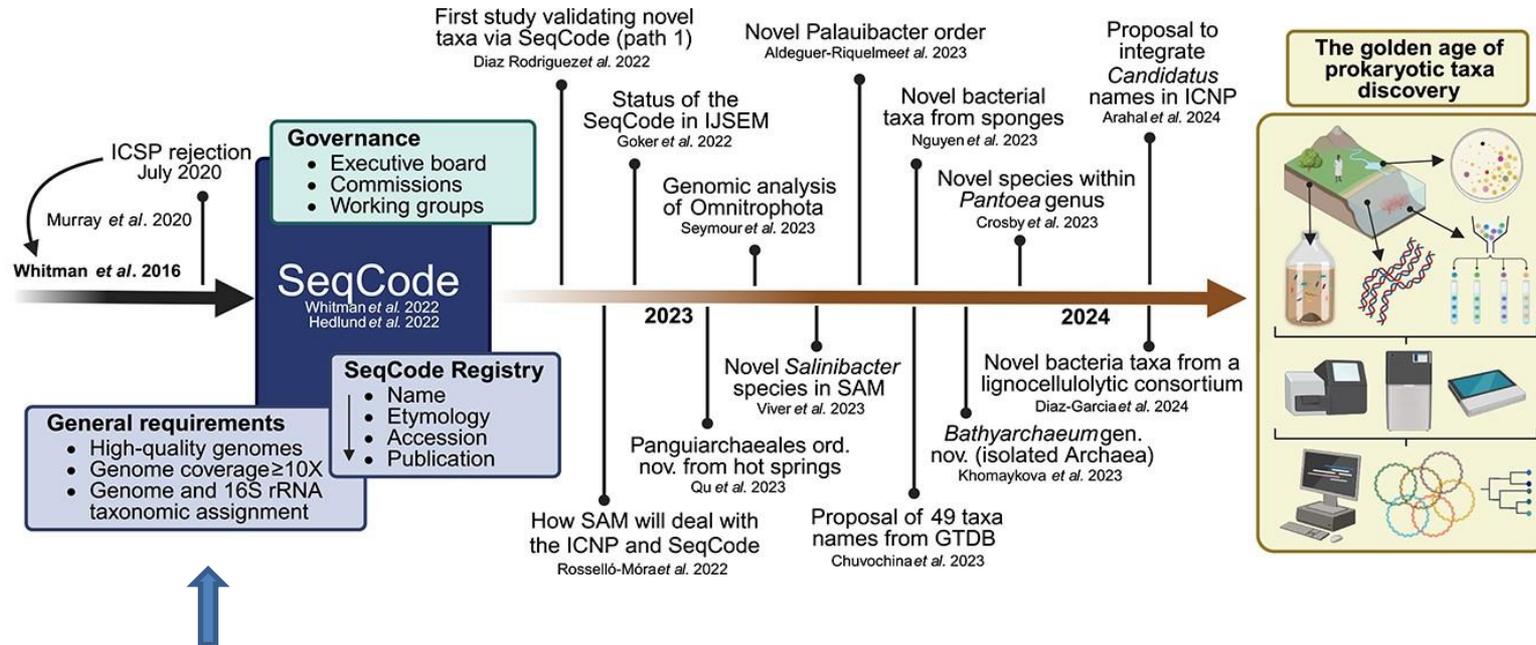
Diversité microbienne - nouvelle classification

SeqCode in the golden age of prokaryotic systematics

Diego Javier Jiménez , Alexandre Soares Rosado 

The ISME Journal, Volume 18, Issue 1, January 2024, wrae109, <https://doi.org/10.1093/>

Métagénomés de référence sont utilisés pour définir des nouvelles lignées



Les critères de choix pour les métagénomés de référence

Diversité microbienne - nouvelle classification

<https://registry.seqco.de/>

SeqCode Registry

Part of the [SeqCode initiative](#), a path forward for naming the uncultivated



**Register New Names or New
Types**



**Search and Explore Registered
Names and Publications**



**Read and Learn More About the
SeqCode**

Names ▾

Search



We have identified **9651** names from **3843** publications, including **646** validly published names in **106** lists.

Questions de révision

1. Pourquoi il est important de connaître l'histoire évolutive des organismes ?
2. Comment la théorie de l'évolution de Darwin et Wallace change notre compréhension du processus évolutif ?
3. A quoi correspond l'hypothèse de l'horloge moléculaire ?
4. Décrivez la méthode que Carl Woese a utilisé pour décrire les relations de parenté entre les différents organismes.
5. Pourquoi a-t-il choisi la molécule de l'ARN 16S pour ces études ?
6. Pourquoi les travaux de C. Woese sont importants ?