

AIR EXTERIEUR VERSUS AIR INTERIEUR, UNE VISION MOLECULAIRE

JJ Godon

LBE, INRA, Univ Montpellier, 11100, Narbonne, France

1. INTRODUCTION

Les 6.10^9 km³ de la troposphère sont 'habités' par des microbes (archées, bactéries, eucaryotes). C'est entre 10^{4-6} bactéries et 10^3 eucaryotes qui peuplent chaque m³ d'air. Leur présence peut être passive (arrachement) ou active pour se disséminer d'un milieu à un autre, d'un hôte à un autre. L'impact réel des microbes dans l'air est encore mal connu mais ils pourraient être important par exemple pour le climat avec la nucléation et la pluie dans les nuages. Pour les microbes, les conditions dans l'air sont extrêmes : UV, dessiccation, température, etc. mais des adaptations existent : ex : pigments, spores, etc. Les principales sources de microbes aéroportés sont les océans (notamment par le bullage), le sol et la phyllosphère (surface foliaire). Quel est l'impact de l'homme aujourd'hui, par sa respiration et par ses activités sur la microbiologie de l'air extérieur ? L'impact est-il direct (microbes en aérosol) ou indirect (polluants et autre composés organiques volatils) qui peuvent servir de nutriments ?

La sédentarisation au néolithique a créé un nouvel 'air', l'air intérieur. Aujourd'hui 50% de l'humanité vit en ville et passe 90% de son temps en air intérieur. Même si cet air représente une infime fraction de l'air total, il nous concerne... et cet air 'anthropisé' est microbiologiquement différent de l'air extérieur. L'objectif de cet article est d'en montrer le niveau d'anthropisation.

2. COMMENT REGARDER ?

Les données qui sont exploitées dans cet article proviennent de données moléculaires ; c'est l'ADN des microbes qui est analysé. C'est l'image, d'une réalité invisible, qui convient le mieux à la question posée : présence et abondance des microbes dans l'air (Bouchez et al. 2015). En effet, un pourcentage important, (de 50 à 99% selon les biotopes) des microbes de l'environnement sont incultivables (Amann, Ludwig, and Schleifer 1995) notamment lorsqu'ils sont stressés par leur environnement. Certes certains ADN identifiés correspondent à un pourcentage inconnu de microbes morts, mais néanmoins ils étaient présents dans l'air.

3. LE MICROBIOME DE L'AIR INTERIEUR

3.1. Définition

Le microbiome (ensemble des microbes) de l'air intérieur peut être 'résumé' à la somme de deux composants : le microbiome de l'air extérieur et le microbiome humain, tous deux soumis aux paramètres de l'enceinte considérée (ventilation, conception, activité) (fig 1). Le ratio entre ces deux composants (la taille des flèches A et B sur la figure 1) dépendant des paramètres (ventilation, conception, activité).

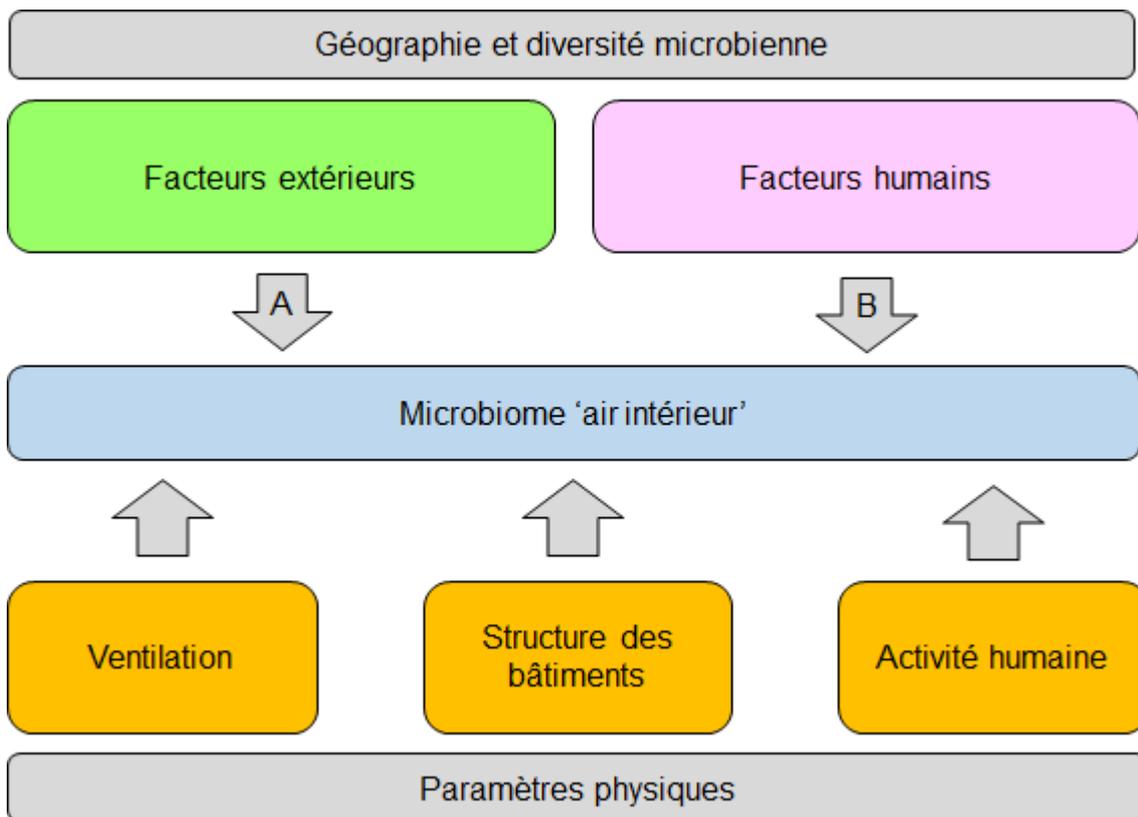


Figure 1 : Différents facteurs structurant le microbiome d'un air intérieur d'après Leung et Lee (Leung and Lee 2016)

3.2. Le microbiome de l'air extérieur

La microbiologie de l'air extérieur (air ambiant) se caractérise par une très grande diversité (plusieurs milliers d'espèces) et par une grande variabilité géographique et temporelle. Les variations temporelles sont à la fois journalières et saisonnières (Ranjard, Poly, and Nazaret 2000). Ainsi un microbiome 'air extérieur' est quasiment indéfinissable.

3.3. Les principaux microbiomes humains

3.3.1. Le microbiome digestif (fécale)

Ce microbiome, très divers, est constitué en grand partie, mais pas uniquement de microbes anaérobies (donc peu apte à survivre dans l'air). Ce microbiome temporellement assez stable est constitué d'une centaine de core-species dont l'abondance relative varie entre individus (Qin et al. 2010).

3.3.2. Le microbiome cutané

Ce microbiome, aussi très divers, varie selon les différentes parties du corps, le sexe, les ethnies et l'habitat (urbain versus rural) (Byrd, Belkaid, and Segre 2018).

3.3.3. Le microbiome oral

Le microbiome présente diversité et stabilité temporelle (Byrd et al. 2018). Il est fortement influencé par la diversité de son hôte (ethnicité, état physiologique, alimentation, etc.) (Byrd et al. 2018).

4. QUELQUES RESULTATS EXPERIMENTAUX

En 2016, 72 publications sur 'indoor air', correspondent à seulement 11 pays et à seulement 10% de la population mondiale (Leung and Lee Microbiome (2016)) alors que des milliers traitent du microbiote digestif humain.

Comme exemple, nous analysons les résultats de travaux qui décrivent les microbiomes de trois airs intérieur avec un gradient de fréquentation (bureau (autour de 10 personnes), hôpital (autour de 100 personnes), musée (autour de 1000 personnes) (Gaüzère, Godon, et al. 2014)(Gaüzère, Moletta-Denat, et al. 2014).

4.1. La diversité

Dans ces trois inventaires d'ADN 16S (ADN qui sert d'identifiant), 2971 phylotypes (équivalent moléculaire de l'espèce) ont été identifiés. La richesse spécifique (nombre d'espèces) est équivalente (figure 2).

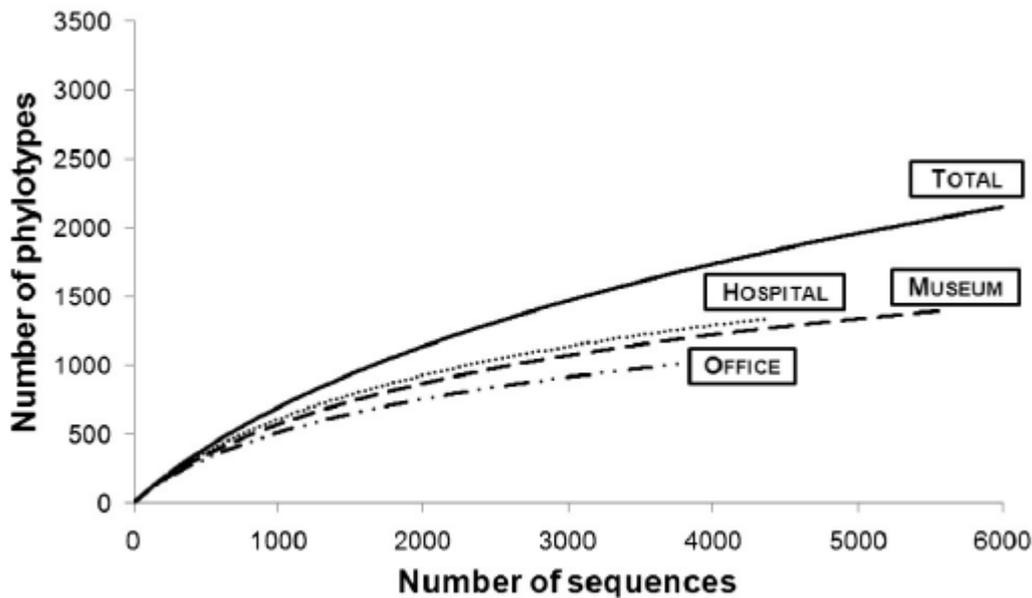


Figure 2 : courbe de rarefaction. Nombre de phylotypes identifiés par nombre de séquences d'ADNr 16S analysées. Comme dans la plupart des microbiomes la diversité est telle que tous les phylotypes ne sont pas décrits.

La figure 3 compare ces trois microbiotes. Plus de 60 % des séquences d'ADNr 16S sont communes entre ces trois environnements intérieurs (même région géographique (Paris) et même saison de prélèvement). Si l'on regarde les phylotypes communs, le pourcentage est plus faible, environ 13 %. Ceci s'explique par la présence de nombreux phylotypes minoritaires.

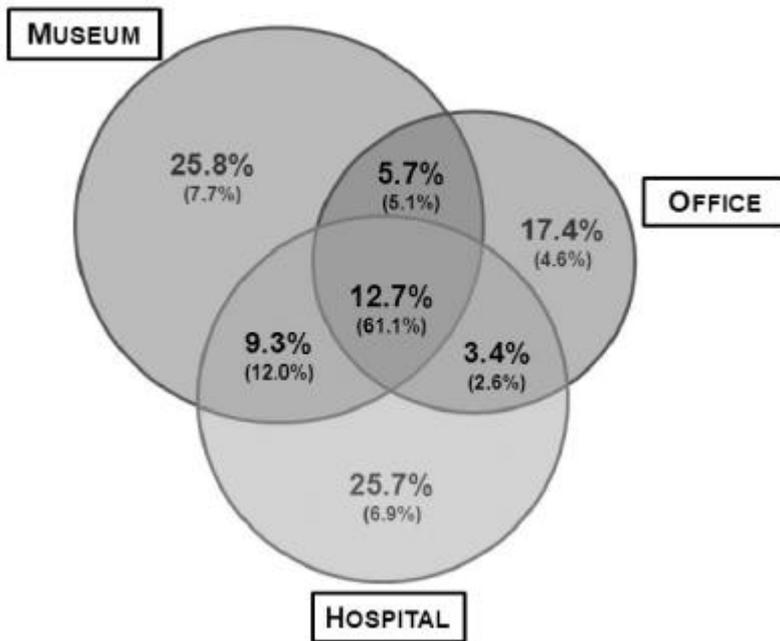


Figure 3 : Comparaison de la diversité entre trois microbiomes d'air intérieur. En gras : en % de phylotype, entre parenthèse : en abondance des phylotypes.

4.2. La stabilité

La stabilité temporelle est un paramètre important pour la compréhension des microbiomes. Nous avons vu que les microbiomes de l'air extérieur sont très variables dans le temps et que les microbiomes humains sont plutôt stables dans le temps. Pour le microbiome de l'air intérieur du musée du Louvre, trois prélèvements espacés dans le temps (jour 1, 157 et 164) montrent une relativement bonne stabilité temporelle, 12% des phylotypes sont conservés en diversité et 58% en abondance (Gaüzère, Moletta-Denat, et al. 2014)(Fig 4).

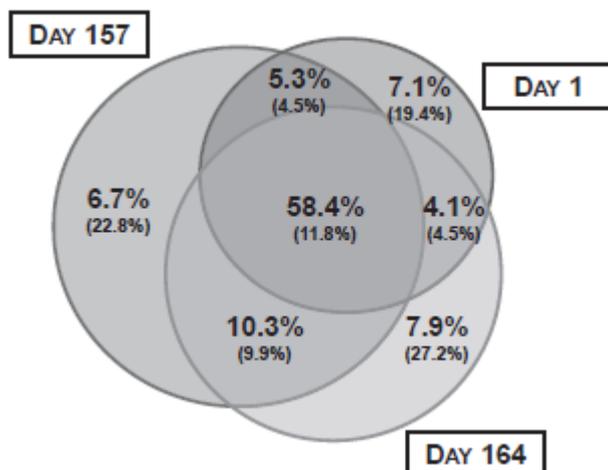


Figure 4 : Comparaison de la diversité entre trois prélèvements du microbiome de l'air intérieur du musée du Louvre. En gras : en % de phylotype, entre parenthèse : en abondances des phylotypes.

4.3. La contribution des diverses sources (le biotope d'origine des espèces)

En comparant les phylotypes identifiés avec leurs homologues dans les bases de données, on peut connaître le biotope de ces phylotypes. Ainsi pour les phylotypes identifiés dans le microbiome de l'air intérieur du musée du Louvre : 20 % sont clairement d'origine humaine et environ 12% respectivement d'origine 'eau' et 'sol'. Le reste est : soit d'origine inconnue, soit peut-être indirectement d'origine humaine (poussière, déchets) (fig 5).

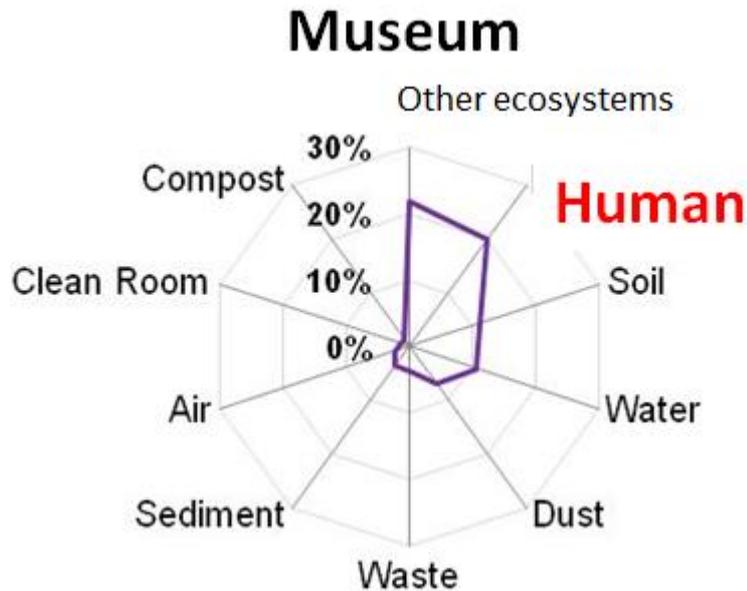


Figure 5 : Radar représentant l'origine des différents phylotypes 'musée du Louvre'.

4.4. Et les pathogènes ?

Toutes les microbes d'origine humaine ne sont pas pathogènes, la grande majorité sont des commensaux. Néanmoins certains sont des pathogènes opportunistes. L'identification par l'ADNr 16S ne permet pas d'affirmer la pathogénicité d'une espèce présente, seule une proximité phylogénétique est observée. Pour l'ensemble des trois microbiomes : 43 genres bactériens qui comprennent des pathogènes connus ont été identifiés. Ces genres représentent en moyenne 7% des séquences analysées. Parmi ces séquences, 32 phylotypes sont proches d'espèces pathogènes connues (Gaüzère, Godon, et al. 2014).

5. CONCLUSION

L'homme est une source importante de microbes aéroportés. Sa contribution dans la microbiologie de l'air intérieur est comparable en ordre de grandeur à celle de de l'air extérieur. La forte contribution humaine au microbiome air intérieur le rend plus stable spatialement et temporellement, il constitue une moyenne de la grande diversité des microbiomes humains. A l'inverse, le partage de l'air intérieur par une population pourrait jouer un rôle d'homogénéisation des différents microbiomes humains au sein de cette population.

6. CONCLUSION A L'USAGE DES SALLES PROPRES

Historiquement, l'homme a d'abord modifié son environnement (agriculture) puis l'a contrôlé (élimination des prédateurs, désherbage). Pour l'air la même évolution est en cours, modification de l'environnement (air intérieur) puis contrôle (salles propres). Les microbiomes humains (oral, cutané et digestif) alimentent constamment le microbiome air intérieur par de nombreux microbes, le microbiome de cet air est fortement anthropisé et temporellement assez stable.

7. REFERENCES

- Amann, Rudolf I., Wolfgang Ludwig, and Karl-Heinz Schleifer. 1995. "Phylogenetic Identification and in Situ Detection of Individual Microbial Cells without Cultivation." *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* 59(1):143–69.
- Bouchez, Théodore et al. 2015. "La Microbiologie Moléculaire Au Service Du Diagnostic Environnemental. Synthèse de Recherche. Contrat N° 1406C0050. Projet de Recherche Coordonné Par:" Observatoire Des Sols Vivants".
- Byrd, Allyson L., Yasmine Belkaid, and Julia A. Segre. 2018. "The Human Skin Microbiome." *Nature Reviews Microbiology* 16(3):143.
- Gaüzère, Carole, Jean-Jacques Godon, et al. 2014. "Core Species' in Three Sources of Indoor Air Belonging to the Human Micro-Environment to the Exclusion of Outdoor Air." *Science of The Total Environment* 485:508–17.
- Gaüzère, Carole, Marina Moletta-Denat, et al. 2014. "Stability of Airborne Microbes in the L Ouvre M Useum over Time." *Indoor Air* 24(1):29–40.
- Leung, Marcus H. Y. and Patrick K. H. Lee. 2016. "The Roles of the Outdoors and Occupants in Contributing to a Potential Pan-Microbiome of the Built Environment: A Review." *MICROBIOME* 4.
- Qin, Junjie et al. 2010. "A Human Gut Microbial Gene Catalogue Established by Metagenomic Sequencing." *Nature* 464(7285):59.
- Ranjard, Lionel, Franck Poly, and Sylvie Nazaret. 2000. "Monitoring Complex Bacterial Communities Using Culture-Independent Molecular Techniques: Application to Soil Environment." *Research in Microbiology* 151(3):167–77.