

## Rapport 2015 (10 pages)

<b>Acronyme</b>	IMU-MIC		
<b>Titre du projet</b>	Intelligence des mondes urbains et risques sanitaires : cas des expositions aux agents infectieux véhiculés par l'eau de pluie		
<b>Coordinateur scientifique</b>	Nom	Prénom	Fonction
	Cournoyer	Benoit	DR CNRS
	Laboratoire	Téléphone	Mail
	LEM - BPOE	06 70 12 51 66	benoit.cournoyer@univ-lyon1.fr
<b>Liste Partenaires</b>	N°	Laboratoire / Equipe	Correspondant scientifique
<b>Partenaires académiques</b>	1	LGCIE	S. Barraud / G. Lipeme-Kouyi
	2	EVS	S. Vareilles / J. Y. Toussaint
<b>Partenaires académiques</b>	3	LEHNA	Y. Perrodin / T. Winiarski
	4	LEM	B. Cournoyer / D. Blaha
	5	GAMA	A. Aussem
<b>Partenaires praticiens</b>	6	Direction de l'Eau du Grand Lyon	R. Visiedo

### I. Rappel des objectifs

1. Mise en place d'un groupe de travail multidisciplinaire regroupant des expertises sur les pratiques sociales à l'encontre des objets urbains, sur la gestion des eaux pluviales, les expositions environnementales aux agents infectieux, et les approches informatiques de «data mining».
2. A partir d'un « modèle » de bassin-versant industriel urbain :
  - étudier l'incidence des technologies de gestion des eaux pluviales sur la concentration et la diversité de micro-organismes pathogènes, et déduire leur importance dans l'exposition des populations humaines à ces micro-organismes

### II. Avancées scientifiques

Quatre hypothèses ont structuré ce travail:

1. les activités urbaines sur une zone industrielle pourraient favoriser la dissémination de bactéries pathogènes
2. Un bassin de rétention pourrait concentrer et sélectionner certaines espèces et clones microbiens

3. Les dynamiques spatio-temporelles des bactéries retrouvées dans un bassin de rétention pourraient être modélisées en s'appuyant sur les modèles hydrodynamiques de mouvement de particules.

Ces hypothèses cachent une grande complexité. Il a donc été nécessaire de structurer le travail en plusieurs étapes. Pour la première hypothèse, en nous appuyant sur la littérature, nous avons choisi d'étudier la prévalence de certaines espèces pathogènes ayant une forte plasticité génomique ou présentant des traces d'un passage dans l'environnement. Ces analyses ont permis de démontrer la présence de formes pathogènes (clones retrouvés en milieu clinique) de *Pseudomonas aeruginosa* dans un bassin de rétention. Nous avons également pu observer des espèces telles qu'*Aeromonas caviae* et *Nocardia cyriacigeorgica* pouvant provoquer des infections humaines. Le manque de données sur les propriétés de virulence de ces deux dernières espèces rend cependant difficile l'appréciation de leur caractère « dangereux ». Pour préciser ces aspects, des travaux ont été initiés pour permettre de comparer les isolats du bassin de retenue avec ceux de nos collections d'isolats cliniques. Nous avons également développé un nouveau test de virulence permettant d'évaluer la dangerosité des métabolites excrétés par les *Nocardia*. Ce test a permis d'observer la neurotoxicité de métabolites excrétés par ces bactéries, et a montré une production de ces métabolites dépendante de la souche testée.

Pour tester la 2<sup>e</sup> hypothèse, nous avons développé deux stratégies d'analyse des modifications du microbiote du bassin de retenue (BR) : (1) la méta-taxogénomique *rrs* et *tpm* permettant de classer et quantifier les traces d'ADN de taxons présents dans le BR, et (2) la culture et le dénombrement d'espèces bactériennes ciblées. Ces analyses ont permis d'observer des biais dans l'occurrence des traces d'ADN *rrs* et de bactéries cultivables en fonction des saisons, des paramètres hydrologiques, physico-chimiques mais également en fonction des points de prélèvement. Pour illustrer, nous avons pu montrer qu'une fosse de décantation pouvait favoriser le développement de bactéries d'origine fécale. Par contre, des dépérissements des populations d'*Escherichia coli* et entérocoques intestinaux ont été observés au niveau des sédiments. Les BR accumulent donc les bactéries mais les forces en jeu favorisent certaines espèces (*Nocardia* spp.) et provoquent le déclin d'autres espèces (*E. coli*). Les raisons du succès de certaines espèces demeurent inconnues mais probablement liées à des capacités métaboliques particulières permettant l'utilisation des formes chimiques présentes comme substrats pour leur croissance. Ceci est probablement le cas des *Nocardia* spp. ayant déjà été décrites comme métabolisant les hydrocarbures. Des tests de l'écotoxicité des sédiments du BR sur les bactéries pathogènes seront réalisés pour définir l'incidence de ce substrat sur la viabilité de lignées cliniques et environnementales. Ceci permettra de tester l'hypothèse d'une sélection de certains clones par le BR. Les données métagénomiques seront également utilisées pour préciser cet effet en réalisant des comparaisons de richesse à l'échelle infra-spécifique. Cette approche a nécessité le développement de nouvelles méthodologies. Ces méthodes ont été validées et sont en cours d'application sur les jeux de séquences *tpm* qui ont été produits dans cette étude.

La troisième hypothèse nécessitait d'accumuler de nombreux jeux de données tant sur la microbiologie des bassins que sur leur fonctionnement en incluant des analyses de l'hydrodynamisme du BR et de son incidence sur les mouvements de particules. Ces données ont été

produites et analysées par les experts du projet. Nous sommes désormais à l'étape du croisement des jeux de données. Une thèse (sous la direction de G. Lipeme-Kouyi, LGCIE, INSA Lyon) démarrant en octobre 2015 devrait permettre d'aborder, en partie, cette problématique où des compétences fortes en modélisation sont requises. Nous espérons obtenir les premiers résultats de ces confrontations de données avant la fin du projet IMU-MIC (mars 2016).

### III. Interactions entre les disciplines impliquées et la valeur ajoutée par cette pluridisciplinarité

Le labex IMU a permis des rapprochements entre sciences humaines et sociales, sciences de l'ingénieur, mathématiques et sciences biologiques dont l'écologie de bactéries pathogènes. Le projet IMU-MIC a, entre autre, mis en réseau des experts de ces différents domaines pour permettre la naissance d'autres projets interdisciplinaires couvrant le thème des expositions aux agents pathogènes depuis les aspects de diversité génétique et d'écologie microbienne jusqu'au comportement humain en milieu urbain (e. g. deux projets IMU 2013 - Rivière et PRATIC ; projet patho-air 2015). Ce groupe de travail a été élargi à d'autres chercheurs des équipes partenaires et autres équipes du labex e. g. Centre Camille Jourdan pour les aspects « modélisation » de données.

Un livrable pour ce projet était la rédaction d'un ouvrage sur le thème « les microbes dans la ville ». Cet essai, rédigé par J. Freney et collaborateurs, sera publié dans le cadre d'un travail collectif réalisé sous le couvert du thème 2 « Résilience, risque, sécurité, vulnérabilité, santé » du labex IMU (coordination de T. Coanus).

Ce projet a généré de nombreuses interactions avec les acteurs des thèmes 2 et 5 mais également de l'ATELIER 2 : Environnements, territoires, sociétés, et l'ATELIER 3 : Mondes possibles, écotecnologies, mutations sociales et économiques.

En ce qui concerne l'évaluation des risques infectieux liés à la gestion des eaux pluviales en milieu urbain (ce projet), les plus-values sont importantes notamment sur la façon de formuler et résoudre les problèmes. La microbiologie qui est au cœur d'IMU-MIC se focalise sur des moyens d'analyses et sur l'étude de la présence et de la virulence des pathogènes au sein des systèmes de rétention. Le fonctionnement hydrologique des bassins versants et des ouvrages de gestion des eaux pluviales permet notamment de localiser les zones à risque sur lesquels l'effort de mesure doit porter. L'association des compétences multiples (y compris opérationnelles) questionne également les types de risques (e.g. risque de contamination des ouvrages vs risque de contamination des dispositifs à l'aval), ce qui conduit à élargir le champ des expérimentations et qui permet de traiter de manière plus réaliste la notion de risque microbiologique lié à l'accumulation de sédiments.

L'étude microbiologique et le couplage avec les sources anthropiques potentielles permettent également de rétroagir sur les technologies elles-mêmes. Par exemple, nous avons pu identifier que certains dispositifs de traitement présents au sein d'un bassin de retenue (fosse de décantation) étaient contre productifs vis-à-vis de la microbiologie et de l'écotoxicité des effluents. Une réflexion doit désormais être menée sur la notion / définition des « risques acceptables » en fonction des contraintes économiques et exigences sociétales.

#### IV. Résultats obtenus, publications, valorisation et exploitation des résultats

##### Contexte:

Les collectivités et acteurs économiques ont renforcé la mise en place de stratégies de gestion des eaux pluviales, en particulier le développement de techniques de traitement de ces eaux. Le déploiement des techniques dites alternatives apparues depuis plus de trente ans à une échelle centralisée (bassins par exemple) et plus récemment à des échelles plus diffuses (toits stockant, chaussées réservoirs, noues) est un moyen de gérer les flux hydrauliques et polluants.

L'une de ces techniques, largement répandue, consiste à stocker l'eau de pluie pendant un certain temps afin de : i) réduire les pics de débits et protéger les secteurs aval contre les inondations, ii) permettre une dépollution de ces eaux grâce à la séparation solide-liquide par décantation et iii) permettre la réduction des impacts de ces eaux sur les milieux récepteurs aquatiques superficiels (rivières) ou souterrains (nappe, en cas de migration à travers un bassin d'infiltration connecté au bassin de retenue). Les dépôts constitués au sein de ces ouvrages représentent des zones de contamination importantes (McCuen, 1980 ; Randall, 1983 ; Jocopin et al. 1999 ; Torres, 2008). Il est donc indispensable de caractériser les agents chimiques et microbiologiques pouvant y être retrouvés, et avoir une incidence sur la santé humaine.

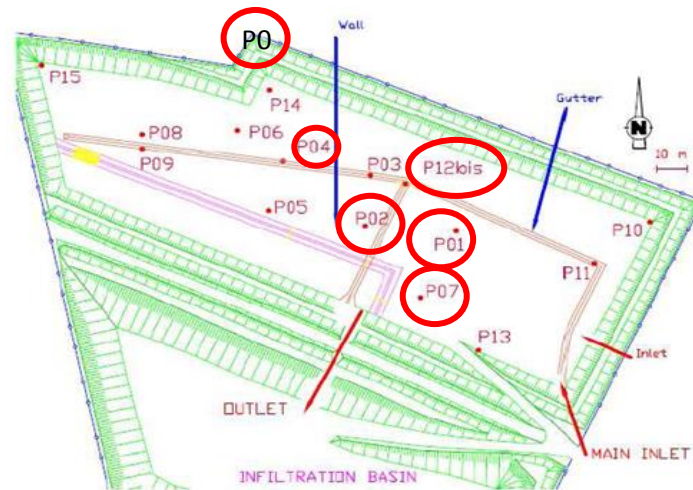
##### **Echantillonnage – Site Django (Fig. 1)**

Le site d'étude est le bassin de retenue Django Reinhardt recueillant les eaux drainées par un bassin versant industriel de 185 ha imperméabilisé à 75 % et géré par la Direction de l'Eau du Grand Lyon. Ce bassin a une superficie au sol de 1 ha environ et un volume maximal de 32000 m<sup>3</sup>. C'est un bassin à ciel ouvert sec entre deux événements pluvieux. Les paramètres suivants sont mesurés en entrée/sortie et au sein du bassin : débit, turbidité, température, conductivité, pH, hauteurs d'eau en 2 points du bassin, MES (Matière En Suspension), DCO (Demande Chimique en Oxygène), métaux et HAP; granulométrie et vitesses de chute des particules décantées (utilisation des pièges à sédiments). La Fig. 1 montre le bassin de retenue-décantation après un événement pluvial ainsi que sa configuration technique.

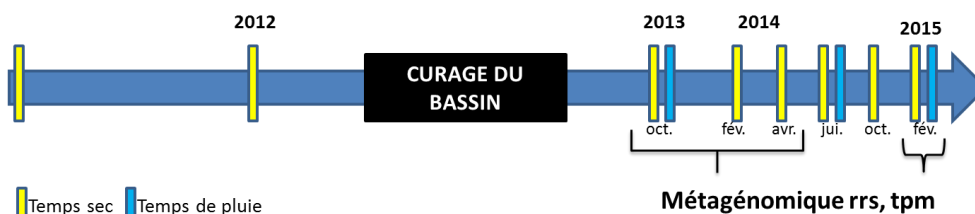


**Fig. 1. Bassin de retenue-décantation Django Reinhardt – Chassieu (Est Lyon) – (a) Bassin en eau lors d'une pluie, (b) configuration globale du bassin (la partie étudiée est le compartiment de rétention)**

Au cours de l'étude, 5 points ont été prélevés dans le bassin de rétention : un point témoin (P0) et un point extérieur à l'enceinte du bassin P0bis (Fig. 2). La Fig. 3 présente le calendrier des campagnes de terrain. Ces cinq points ont été sélectionnés en fonction d'une étude préliminaire de l'hydrodynamisme du bassin (Yan et al., 2011)<sup>1</sup> qui se poursuit à l'heure actuelle. Ces points représentent des zones de dépôts préférentiels des particules.



**Fig. 2. Points de prélèvements définis dans le bassin de rétention du site Django Reinhardt**  
En rouge = points moyens



**Fig. 3. Campagnes de prélèvements réalisées lors du projet.**

## Résultats

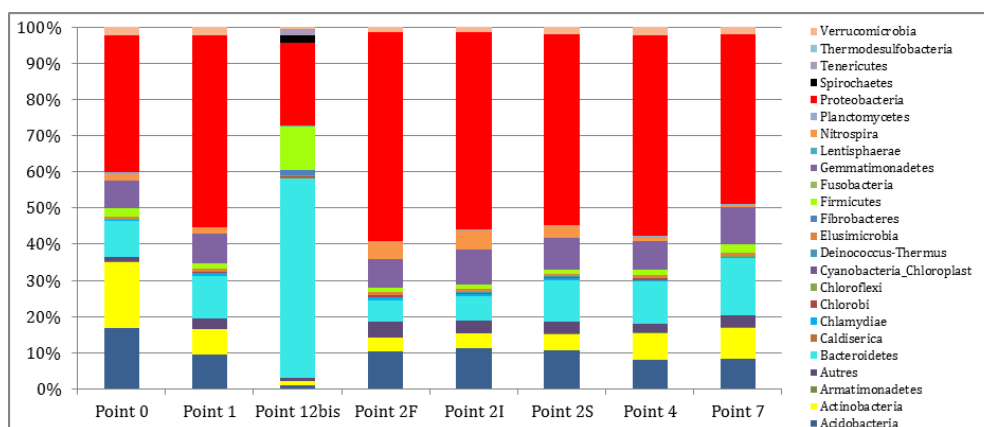
### 1. Le microbiote d'un bassin de retenue

Des profilages taxonomiques des espèces bactériennes présentes dans le bassin de rétention ont été effectués par analyse méta-taxogénomique « rrs » (gène de l'ARNr 16S, marqueur génétique permettant une classification des taxons bactériens jusqu'au niveau genre) sur sédiments collectés

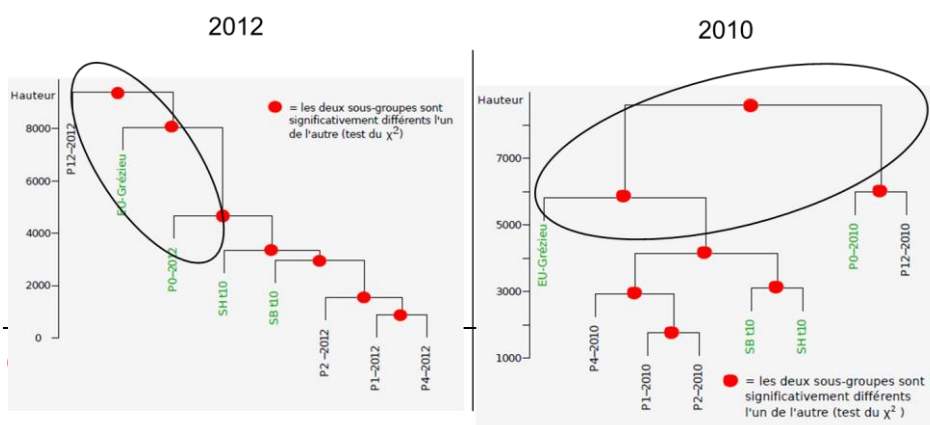
<sup>1</sup> Yan H., Lipeme Kouyi, J. G., Bertrand-Krajewski J-L. (2011) 3D modeling of flow, solid transport and settling processes in a large stormwater detention basin. 12<sup>th</sup> ICUD, Porto Alegre/Brazil, 11-16 September 2011

en 2010 et 2012, avant le curage du bassin de rétention qui a eu lieu au printemps 2013, et puis à partir de 2013 selon les indications sur la Fig. 2. Ces analyses permettent de résoudre la diversité observée jusqu'au niveau « genre » bactérien. Ces analyses permettent d'inférer des relations entre richesse taxonomique et certains paramètres que ce soient des activités/pratiques sociales ou des paramètres physico-chimiques ou variables hydrologiques (intensité des pluies, force hydrauliques). Ces données (2 millions de séquences *rrs*) sont en cours d'analyse. Elles ont été complétées par l'analyse d'un marqueur moléculaire, *tpm*, permettant une résolution de la diversité au niveau de l'espèce. Ce nouveau marqueur, développé dans le cadre de ce projet IMU-MIC, a été validé et a permis d'affiner les inférences effectuées à partir des dénombrements de formes cultivables de bactéries dont des agents pathogènes (e. g. cas de *P. aeruginosa* et *A. caviae*). Plus de 500 000 séquences *tpm* ont été produites pour ce projet.

La Fig. 4 indique les principaux phyla de bactéries qui ont pu être observés. Ces données suggèrent un effet « bassin » sur la diversité bactérienne. Une classification ascendante hiérarchique (CAH) des données a permis d'appuyer cette observation (Fig. 5). Le point témoin (P0) montre une forte divergence avec les points du bassin (P1, P2, P4, P7). Le point P12 (fosse de décantation du bassin) se différencie également des autres points. Ce point est dominé par les Bacteroidetes alors que les autres points du bassin étaient dominés par des protéobactéries. Une comparaison de la diversité du point 12 avec la diversité bactérienne des eaux usées a permis d'inférer une convergence entre ces environnements. Ceci a été confirmé par la suite par une détection de plusieurs espèces d'origine fécale au sein de ce point 12 (section suivante). Cette analyse suggère des contaminations fécales humaines des eaux de ruissellement de la zone industrielle alimentant le bassin de rétention. Les analyses de corrélation entre les paramètres physico-chimiques, descripteurs du fonctionnement hydraulique, polluants chimiques et la diversité des séquences *rrs* sont en cours d'analyse.

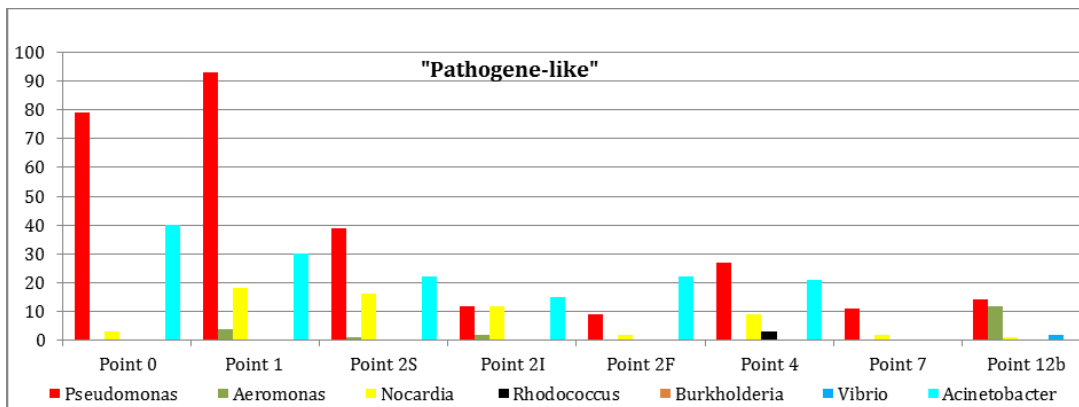


**Fig. 4. Analyse méta-taxogénomique *rrs* (ADNr 16S) avec inférences au niveau phyla bactériens**



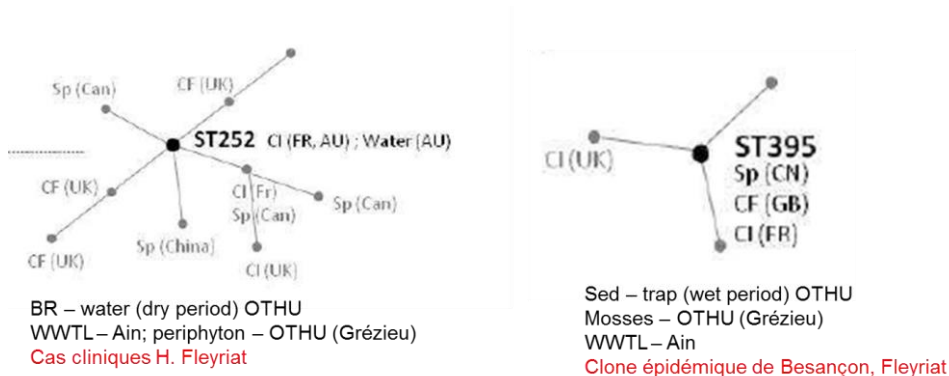
**Fig. 5. Classification ascendante hiérarchique des phyla bactériens inférés par analyse des séquences *rrs*.**





**Fig. 6. Illustration de la diversité des genres bactériens observée au sein du bassin de retenue. Ces genres regroupent des espèces présentant des préoccupations sanitaires dont *P. aeruginosa* et *A. caviae*.**

Les données « méta-taxogénomiques » *rrs* ont permis de dresser une liste des genres dominants nécessitant un suivi approfondi dans le temps et l'espace. Les représentants suivants de ces genres ont été sélectionnés : *E. coli* et entérocoques intestinaux (indicateurs d'une contamination fécale) et les espèces *Pseudomonas aeruginosa*, *Aeromonas caviae* puis le genre *Nocardia* (Fig. 6) avec un focus par approche moléculaire (PCR quantitative) sur les espèces *N. cyriacigeorgica* et *N. farcinica*. Les analyses « méta-taxogénomiques » *tpm* ne sont pas présentées dans ce document mais ont permis de confirmer la présence d'une grande diversité d' *Aeromonas caviae* et autres *Aeromonas* dans la zone de l'étude ainsi que la présence de trois espèces de *Pseudomonas* pathogènes opportunistes de l'homme, *P. aeruginosa*, *P. pseudoalcaligenes*, et *P. stutzeri*. La Fig. 7 présente deux clones épidémiques de *P. aeruginosa* représentant une préoccupation sanitaire majeure et qui ont été retrouvés dans le bassin.



**Fig. 7. Identification de clones de *P. aeruginosa* au sein du BR ; ST = « sequence type » tel que défini par l'approche d'épidémiologie moléculaire nommée MLST ([www.pubmlst.org/](http://www.pubmlst.org/)). CF= souche isolée d'un patient atteint de mucoviscidose, Sp=isolée d'une expectoration, CI=d'une infection autre que pulmonaire. Le pays d'origine des prélèvements est indiqué.**

## 2. Dynamiques spatio-temporelles d'espèces bactériennes dominantes et potentiellement pathogènes.

### a) Résultat des campagnes de prélèvement par temps sec

Pour ce bilan, seules les données après curage sont présentées. La Figure 8 montre que dès les premières semaines de mise en route du BR après curage, les formes cultivables des bactéries sélectionnées pour cette étude sont détectées dans les sédiments (données regroupées par espèce). Ceci suggère des émissions récurrentes de ces bactéries sur la zone industrielle. Les concentrations en *A. caviae*, *E. coli*, et entérocoques sont similaires. Les courbes montrent cependant des tendances différentes : (1) les *E. coli* et les entérocoques montrent une baisse d'effectifs (un dépérissement) sur les 18 mois de l'étude ; (2) les *A. caviae* ont oscillé de façon très importante suggérant des phases de dépérissement et de multiplication ; (3) les *P. aeruginosa* ont augmenté sur la période estivale. En ce qui concerne le genre *Nocardia*, les augmentations observées suggèrent une multiplication. Les premiers tests de corrélation ont montré que les concentrations en *A. caviae* étaient corrélées positivement avec la température moyenne de l'air. Une corrélation positive entre les *Nocardia* et l'hydrologie du bassin (durée de temps sec avant la campagne, débits d'eau entrant et intensité moyenne des pluies) a été observée.

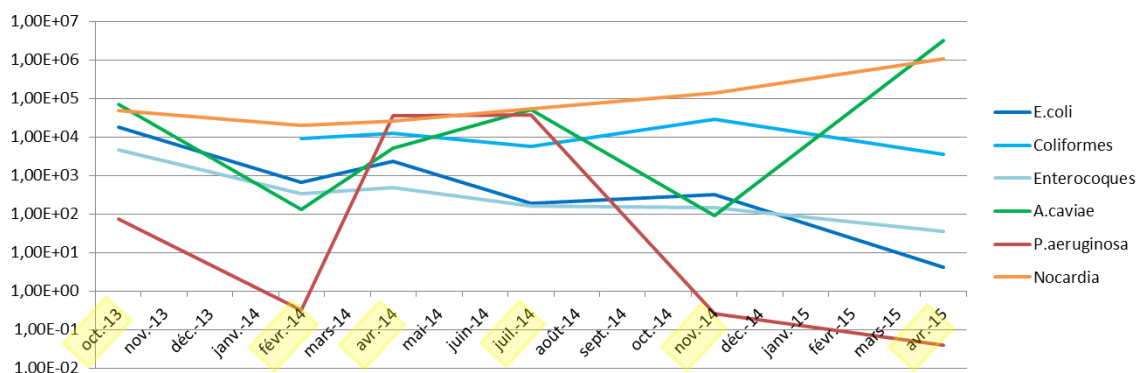


Fig. 8. Dénombrements des bactéries (CFU par g) dans les sédiments du bassin durant la période post curage. En orange = prélèvement analysé

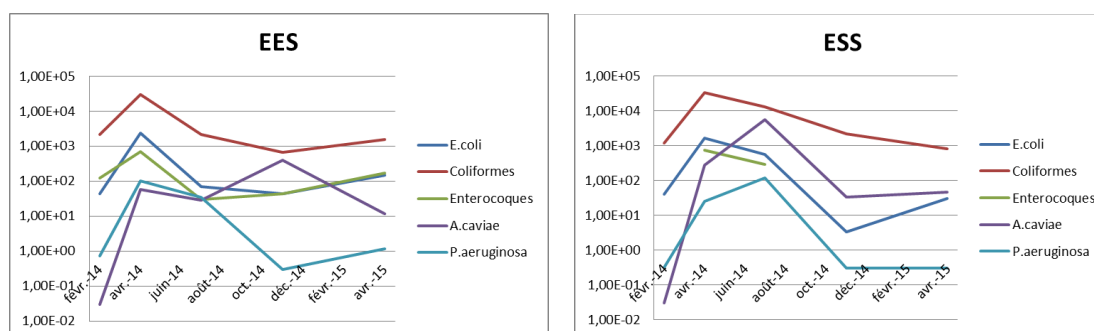


Fig. 9. Dénombrements des bactéries dans les eaux d'entrée (EES) et en eau de sortie (ESS) (par mL)



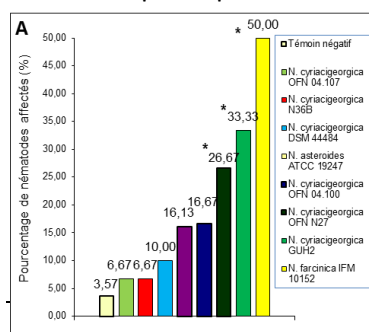
En accord avec la Fig. 8, les dénombrements de *P. aeruginosa* dans les eaux d'entrée étaient plus élevés en période estivale. Les concentrations en *E. coli* et entérocoques étaient plutôt stables, et celles d'*A. caviae* plutôt variables. Les concentrations les plus faibles ont été observées en hiver. Lors d'un évènement de pluie, les concentrations en sortie de bassin étaient similaires à celles de l'entrée. Les changements de concentrations bactériennes observés dans les sédiments et dans la fosse de décantation semblent donc liés aux phénomènes de sédimentation et colonisation/multiplication.

- analyse comparative en fonction des points de prélèvement

Des tests statistiques non-paramétriques ont indiqué des accumulations/concentrations différentes des bactéries étudiées en fonction des points de prélèvement du BR. Les concentrations en *Nocardia* étaient significativement plus élevées aux points P1 et P2 alors que les *E. coli*, entérocoques, *A. caviae*, et *P. aeruginosa* étaient plus concentrées au point P12. Les analyses en composante principale ont suggéré une relation positive entre les concentrations en *Nocardia* et les HAP légers (première campagne) ainsi qu'une relation positive entre *Nocardia* et les HAP lourds (sur les 3 campagnes). Plusieurs autres tests de corrélation sont en cours, et seront présentés dans le bilan de fin de thèse de l'étudiante financée par IMU-MIC. Ces premières analyses suggèrent une relation étroite entre contaminations chimiques et microbiennes des dépôts sédimentaires.

### 3. Dangerosité des *Nocardia*.

Afin d'évaluer la dangerosité des souches de *Nocardia* isolées du BR, des tests de virulence ont été développés en utilisant un hôte alternatif, le nématode *Caenorhabditis elegans* (en partenariat avec la plateforme "Biologie de *Caenorhabditis elegans*", UMS3421, UCB Lyon1). Ce test permet d'évaluer la neurotoxicité des métabolites sécrétés par les *Nocardia*. Une exposition de 10 jours des nématodes aux métabolites excrétés par *N. cyriacigeorgica* GUH-2, *N. farcinica* IFM 10152 (origine clinique) et la souche *N. cyriacigeorgica* OFN N27 (sol contaminé aux hydrocarbures), en milieu riche, ont ainsi permis d'observer une dégénérescence des neurones dopaminergiques de *C. elegans* ( $p < 0,05$ ). Les métabolites excrétés en milieu pauvre n'ont cependant pas eu d'effet significatif sur les neurones. La capacité à induire une neuro-dégénérescence a montré une certaine variabilité entre les souches de *Nocardia* (Fig. 10). Des études au niveau génomique et génétique semblent nécessaires pour préciser les propriétés de virulence des *Nocardia* et permettre le suivi des gènes impliqués au sein des populations environnementales (comme celle du bassin de retenue). Quatre isolats de *N. cyriacigeorgica* du bassin de retenue seront soumis au test « nématode » avant la fin du projet. Il est à noter, cependant, que, comme indiqué en Fig. 7, le BR permet la dissémination d'autres espèces présentant une préoccupation sanitaire bien démontrée e. g. *P. aeruginosa*.



**Fig. 10. Effet des métabolites excrétés par *Nocardia* sur les neurones dopaminergiques de *C. elegans*.** Les pourcentages de nématodes *C. elegans* affectés correspondent aux nombres de nématodes possédant au moins un neurone dopaminergique altéré parmi 30 vers observés par microscopie. Chaque condition a été comparée avec le témoin négatif en réalisant le test exact de Fisher (\* $p < 0,05$ ).

### **Publications:**

1. Sebastian, C., S. Barraud, S. Ribun, A. Zoropogui, D. Blaha, C. Becouze-Lareure, G. Lipeme Kouyi, B. Cournoyer. 2014. Accumulated sediments in a detention basin: chemical and microbial hazards assessment linked to hydrological processes. *Env. Sc. Poll. Res.* 21:5367-53782.
2. Lipeme Kouyi, G., C. Cren-Olivé, B. Cournoyer. 2014. Chemical, microbiological, and spatial characteristics and impacts of contaminants from urban catchments. *Env. Sc. Poll. Res.* 21:5263-52663.
3. Voisin, J., B. Cournoyer, and F. Mermillod-Blondin. 2015. Utilisation de billes de verre comme substrats artificiels pour la caractérisation des communautés microbiennes dans les nappes phréatiques : mise au point méthodologique. *La Houille Blanche*, 4 : 52-57

+ trois articles en cours de rédaction :

1. Article sur un test de la virulence des formes environnementales de *Nocardia* (soumission prévue en octobre)
2. Article sur les corrélations entre les données de chimie/hydrologie et Microbiologie (soumission prévue pour fin décembre)
3. Article sur le microbiote du BR (soumission prévue pour fin 2015)

### **Communications orales**

1. Marti, R., J. Michallon, S. Ribun, L. Marjolet, A. Gleizal, J-Y Toussaint, S. Vareilles B. Cournoyer. Évaluation de la diversité des espèces du genre *Pseudomonas* par meta-taxogénomique : Contexte d'un bassin versant industriel. GDR *Pseudomonas*, Bourgogne 2015.
2. Bernardin C., Bécouze C., Gonzalez-Merchan C. Barraud S., Blaha D., Cournoyer B. (2014). Caractérisation microbiologique et risques sanitaires associés aux dépôts sédimentaires dans le Bassin de rétention de Django-Reinhardt (Chassieu, Rhône)- Journées doctorales de l'Hydrologie Urbaine Juillet 2014.
3. Boukerb A., S. Ribun, Navratil O., Lejot J., P. Breil, A. Rousset, C. Prigent-Combaret, A. Imberty, S. Vidal, B. Cournoyer. 2014. *Pseudomonas aeruginosa* en milieu aquatique: sources, diversité et colonisation des macrophytes. GDR *Pseudomonas*, Marseille. Novembre 2014.
4. Voisin, J., B. Cournoyer, and F. Mermillod-Blondin. 2015. Utilisation de substrats artificiels pour la caractérisation des communautés microbiennes dans les nappes phréatiques  
- Journées doctorales de l'Hydrologie Urbaine. 1-3 juillet 2014  
- Séminaire doctorant ZABR : 2 mars 2015

5. Voisin, J., B. Cournoyer, and F. Mermillod-Blondin. 2015. Influence des techniques alternatives de gestion des eaux pluviales sur le transfert de la matière organique et des micro-organismes dans les nappes phréatiques.

- Séminaire doctorant : ARC environnement - Axe Ecotechnologies : 8 juin 2015
- Séminaire OTHU : 10 juillet 2015
- Journée scientifique de l'ARC environnement : 1er octobre 2015

#### **V. Perspectives**

Ce travail ouvre de nombreuses perspectives sur la compréhension des relations entre pratiques urbaines / socio-géographie et la microbiologie des écosystèmes urbains. Une thèse (Claire Mondon, ED 483) à démarrer en octobre 2015 sur les relations entre activités sociales et microbiologie urbaine. Les objectifs sont de produire des idéotypes urbains permettant d'inférer la prévalence de certaines bactéries en milieu urbain. D'autres actions sont en cours pour améliorer les connaissances des vecteurs de la dissémination de bactéries en ville dont les phénomènes liés aux variations climatiques pouvant induire des mouvements des grandes masses d'air et favoriser l'aérosolisation et les transferts de bactéries sur de grandes distances. Le projet IMU PATHO-AIR s'inscrit dans cette dynamique.