



HAL
open science

Inventaire et cartographie des communautés microbiennes des sols de la zone OPE ANDRA

Samuel Dequiedt, Nicolas Chemidlin Prévost-Bouré, Lionel Ranjard

► **To cite this version:**

Samuel Dequiedt, Nicolas Chemidlin Prévost-Bouré, Lionel Ranjard. Inventaire et cartographie des communautés microbiennes des sols de la zone OPE ANDRA. Journée scientifique de l'Observatoire pérenne de l'environnement (OPE), Observatoire Pérenne de l'Environnement (OPE). FRA., Nov 2016, Paris, France. hal-02740777

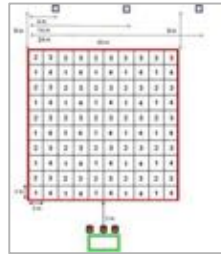
HAL Id: hal-02740777

<https://hal.inrae.fr/hal-02740777>

Submitted on 2 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Inventaire et cartographie des communautés microbiennes des sols de la zone OPE ANDRA

- Samuel Dequiedt, Nicolas Chemidlin Prevost-Bourré, Lionel Ranjard -
INRA de Dijon - UMR Agroécologie

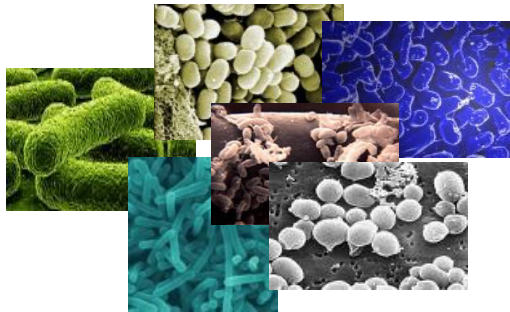


Le sol

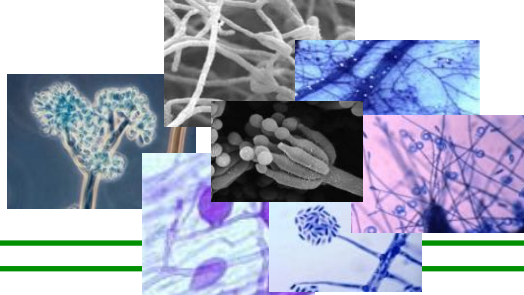
= le réservoir de diversité microbienne de notre planète
= un patrimoine naturel

Les microorganismes du sol sont abondants et avec une forte diversité !!

Bactéries



Champignons



1 million à 1 milliard d'individus
Mille à 1 million d'espèces

Mille à 1 million d'individus
Mille à 100 milles espèces

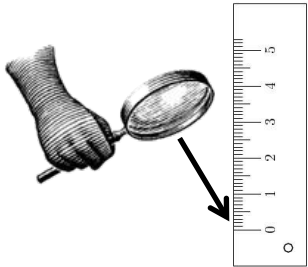


2 500 kg C

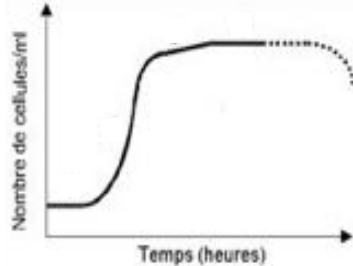
3 500 kg C



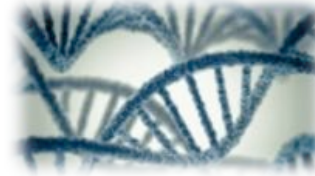
Capacités d'adaptation énormes



Petite taille



Temps de génération court

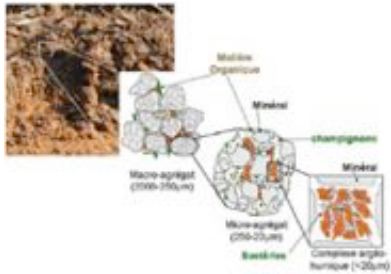


Plasticité du génome

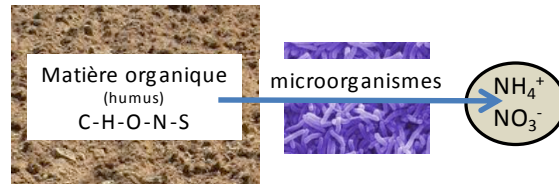


Réponse rapide aux modifications environnementales

Implications dans de nombreuses fonctions = les ingénieurs chimiques du sol



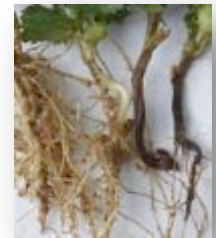
Structuration du sol



Minéralisation matière organique, recyclage carbone, nutriments



Dépollution du sol

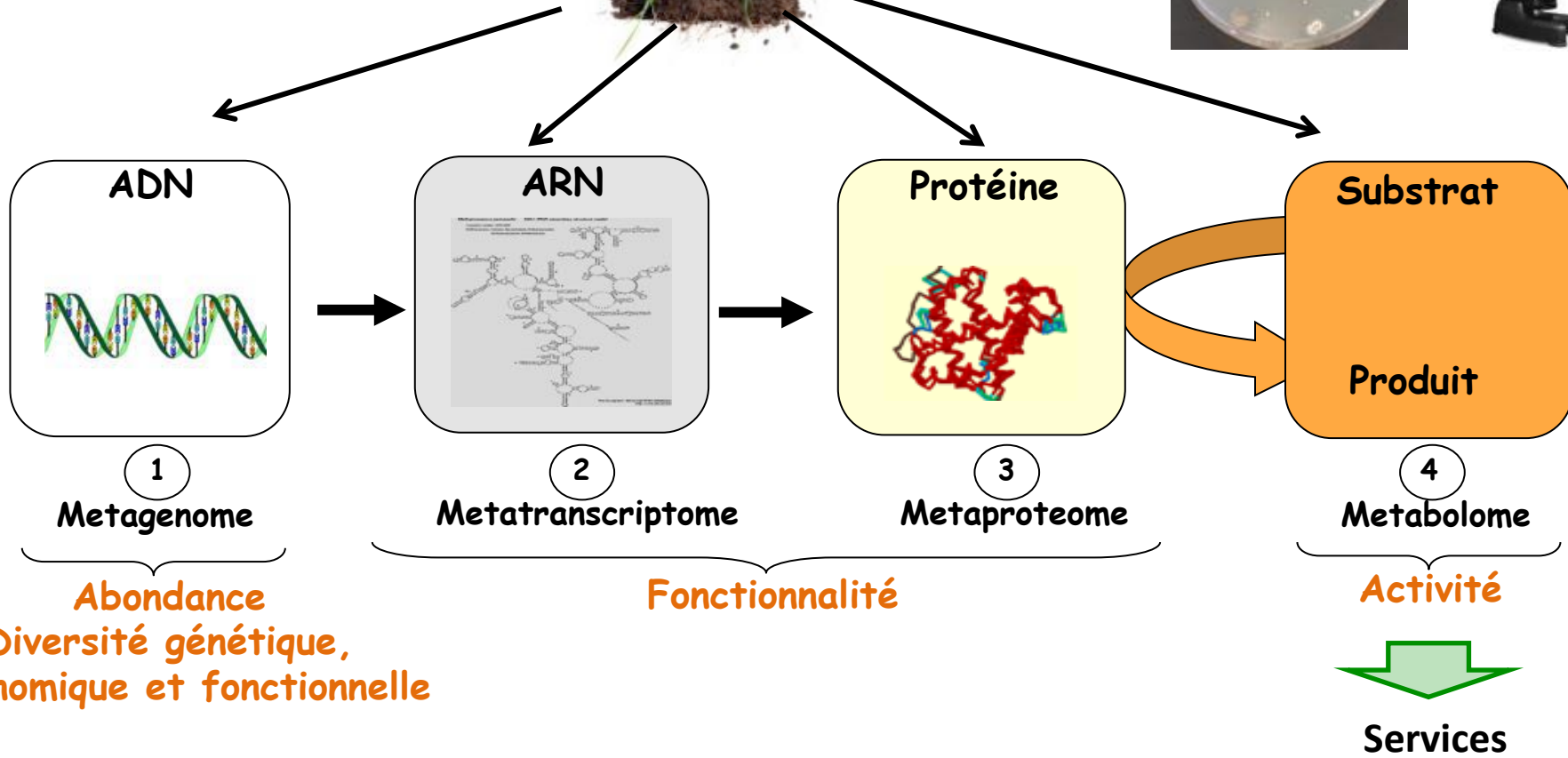
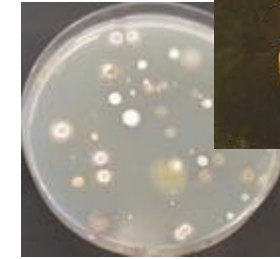


Lutte contre pathogènes



BiIndicateurs pertinents d'évaluation de la qualité biologique des sols et de l'impact des pratiques

Sol



D'un point de vue technique :

- Établir une base de données de l'abondance et structure génétique microbienne des sols de l'OPE

D'un point de vue opérationnel :

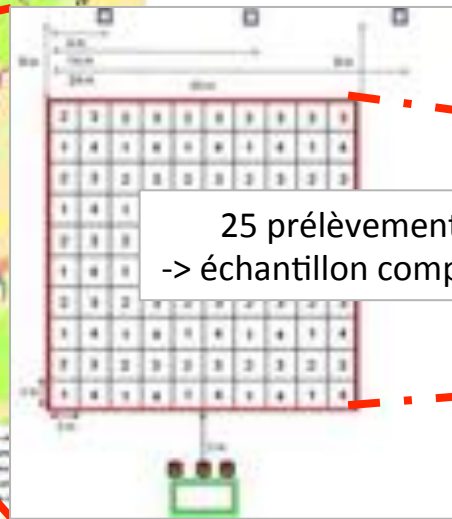
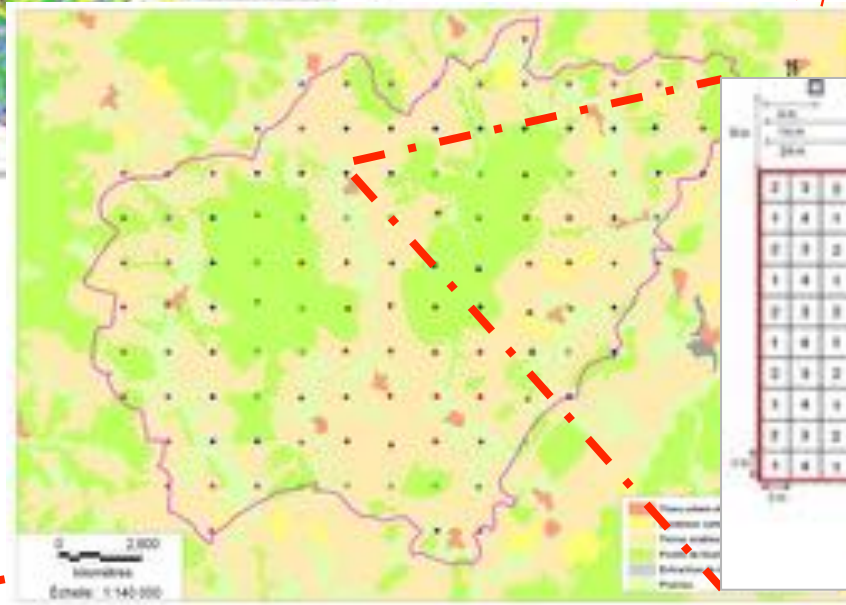
- Etablir une banque de conservation à long terme d'échantillons de sol de référence
- Elaborer des cartes de distribution de l'abondance et diversité
- Quantifier l'impact des activités anthropiques

D'un point de vue fondamental :

- Évaluer l'abondance et la structure génétique des communautés microbiennes
- Définir la distribution spatiale des communautés microbiennes
- Hiérarchiser les filtres environnementaux

Réseau de surveillance des sols de l'OPE

= 146 sites mis en place par l'Unité InfoSol – INRA d'Orléans



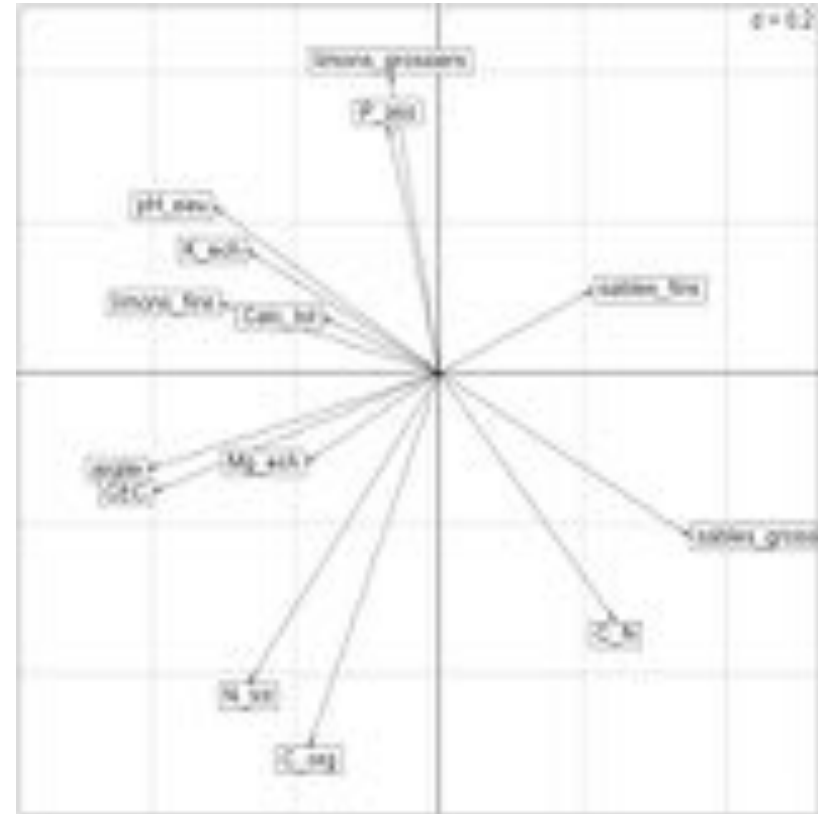
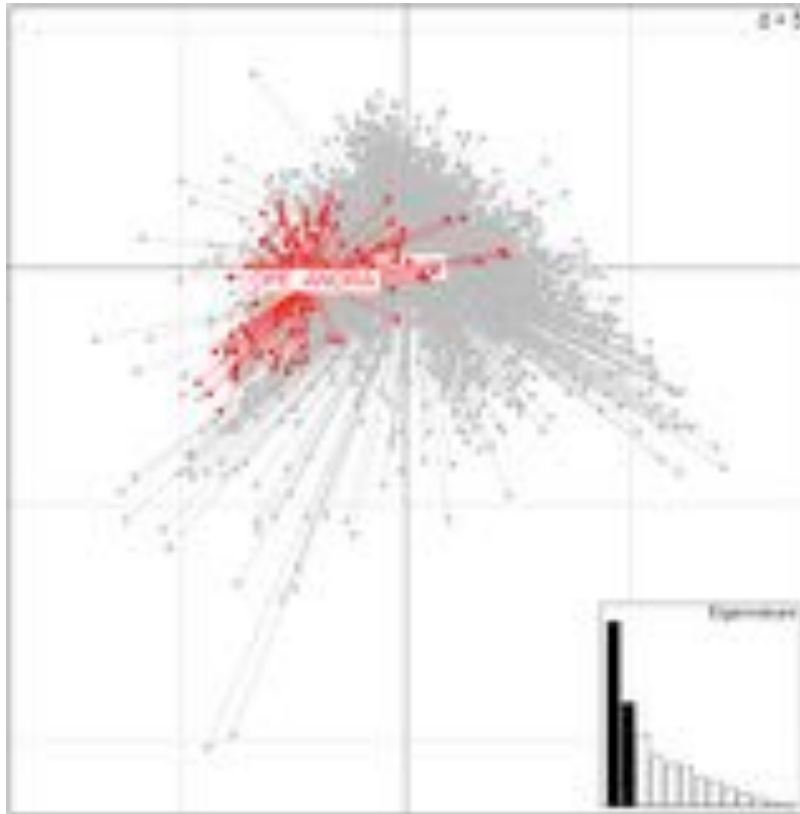
25 prélèvements
-> échantillon composite



- **Grille systématique** selon une maille carrée de 1,5 km de côté (117 points – campagnes 2009 à 2012)
- **Sites supplémentaires** (13 – campagne 2013)
- **Sites aléatoires** (16 – campagne 2013)

Conservatoire des Ressources
Génétiques Microbiennes





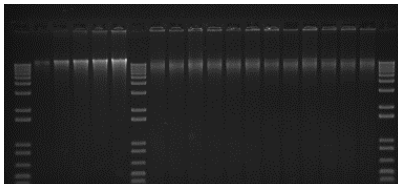
➔ Variabilité importante des types de sol
Sols principalement à textures fines riches en matières organiques

Sol



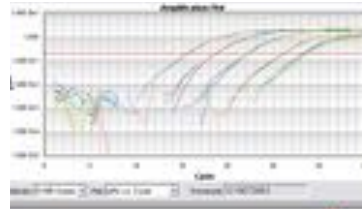
Métagénome
microbien

Quantité ADN sol



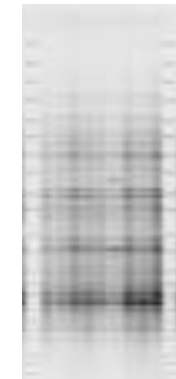
Biomasse Moléculaire
Microbienne

qPCR 16S/18S ADNr



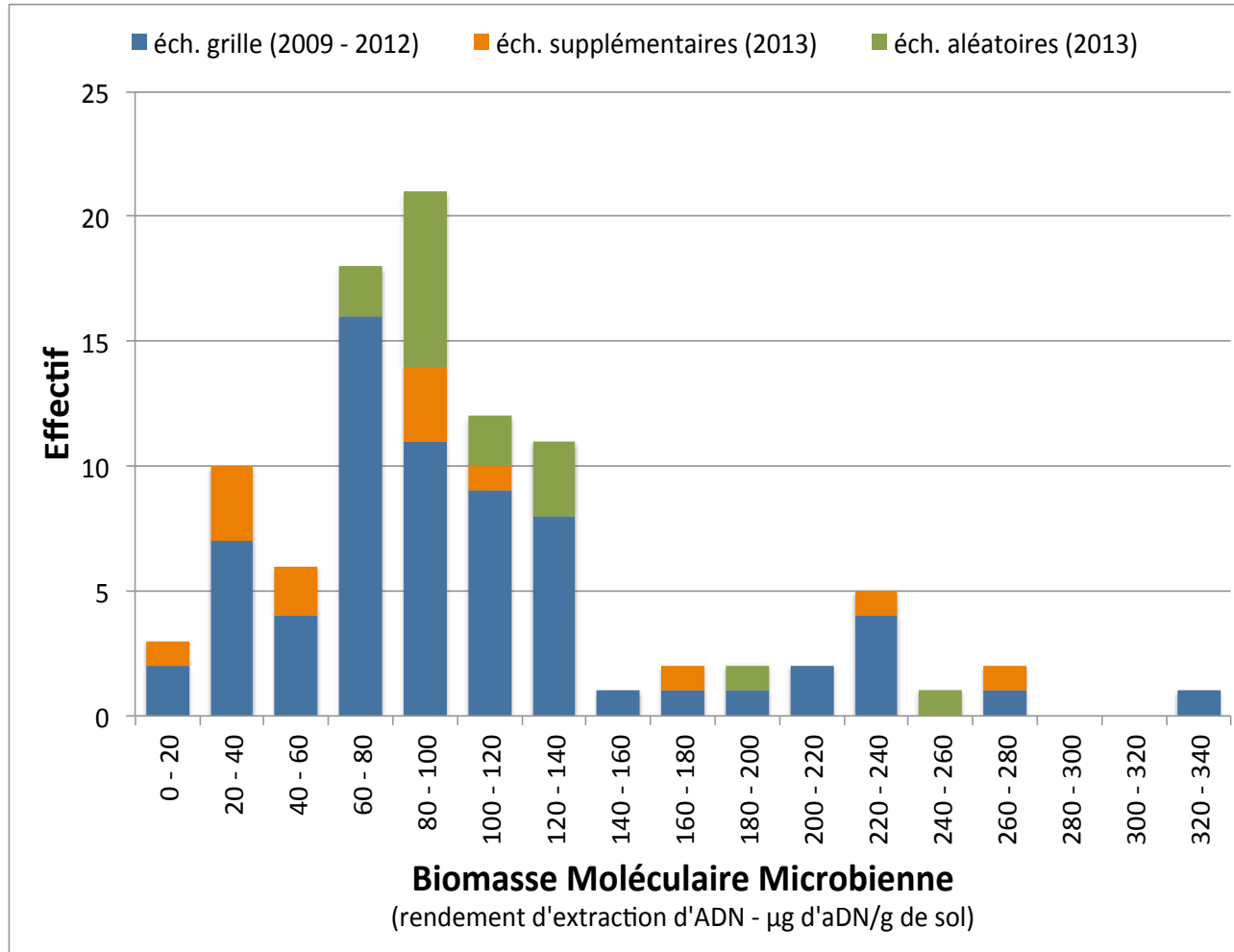
Densité bactéries
Densité champignons
Rapport Champ./Bactéries

Génotypage - ARISA

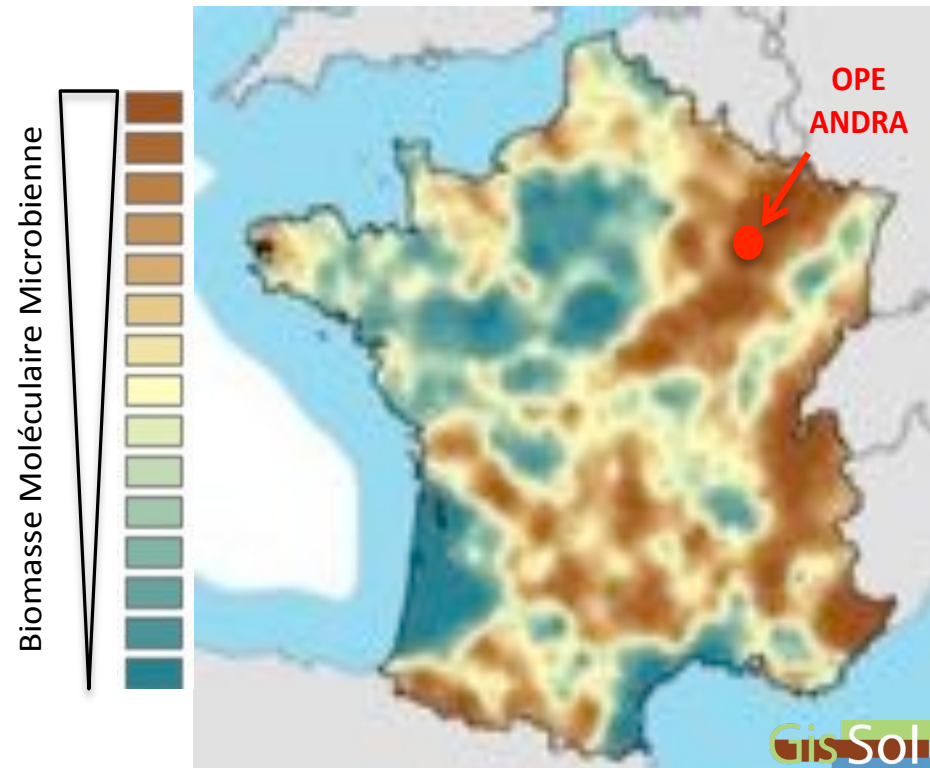
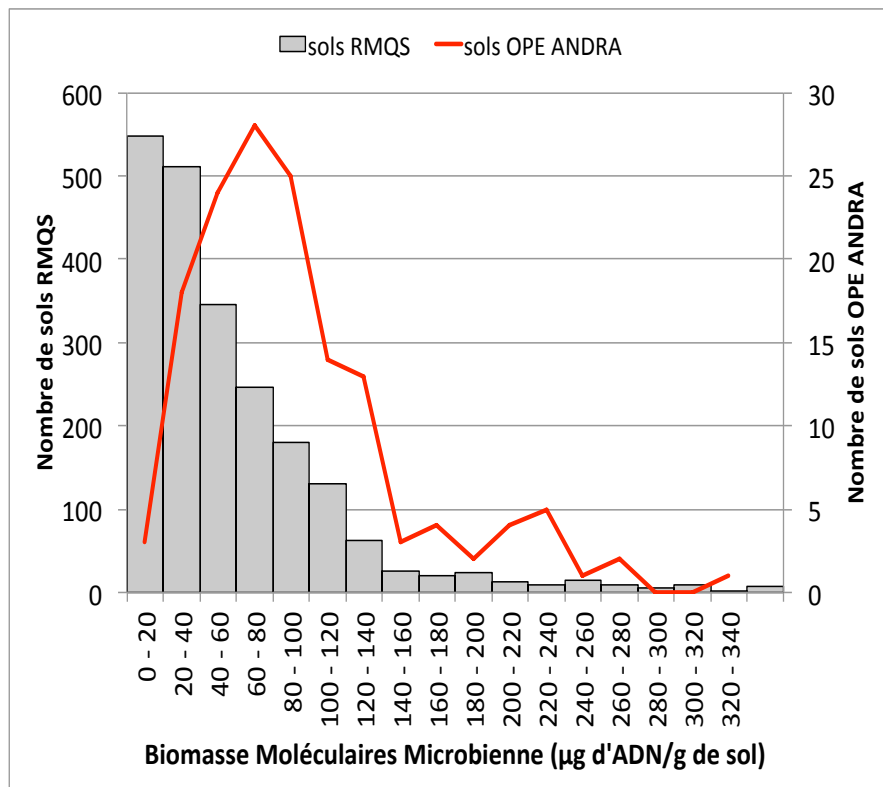


Structure Génétique
des communautés
microbiennes

Abondance microbienne



Amélioration de la représentativité avec les échantillons de la campagne 2013



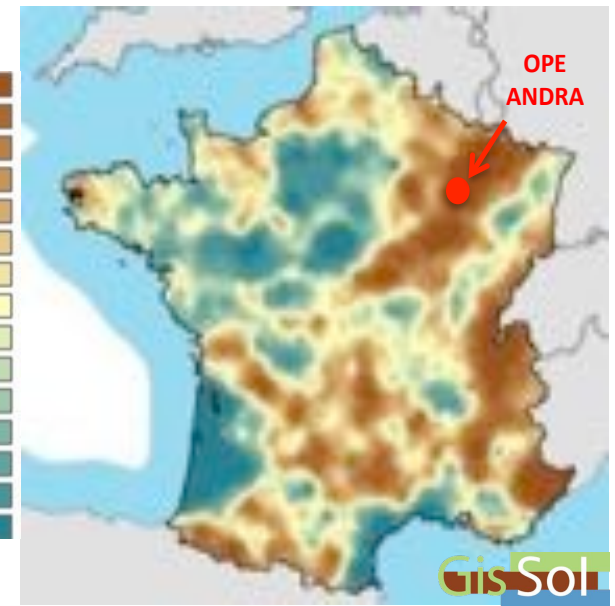
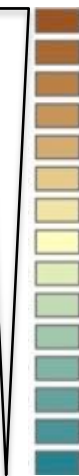
Dans la gamme de variation nationale
Valeurs plus hautes en moyenne



Légende

- | Site | Profil |
|------|-------------|
| ● | 100% - 100% |
| ● | 100% - 100% |
| ● | 100% - 100% |
| ● | 100% - 100% |
| ● | 100% - 100% |
| ● | 100% - 100% |

Biomasse Moléculaire Microbienne

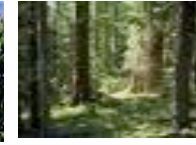


Répartition spatiale structurée (peu robuste statistiquement)

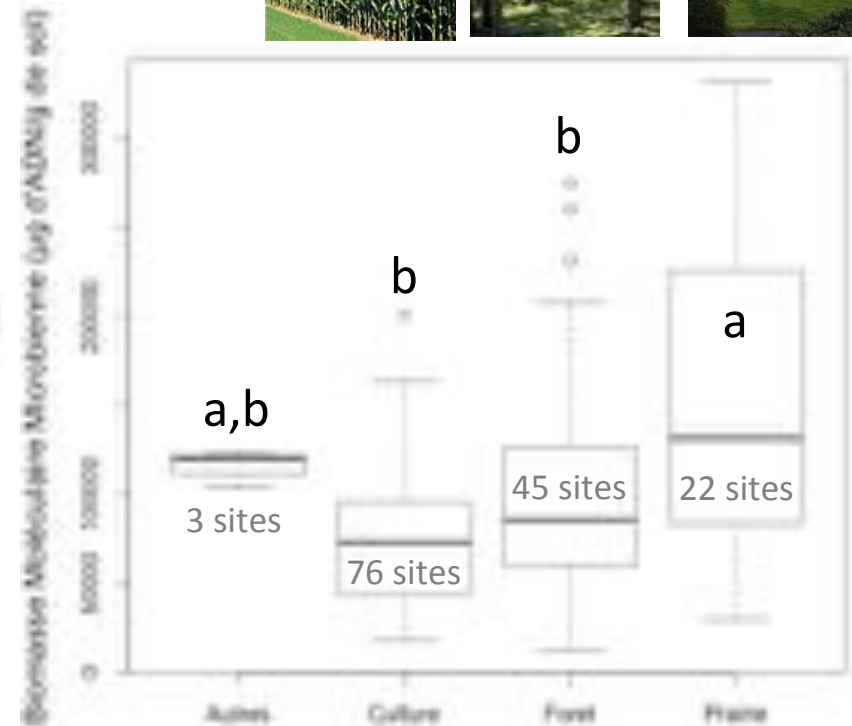
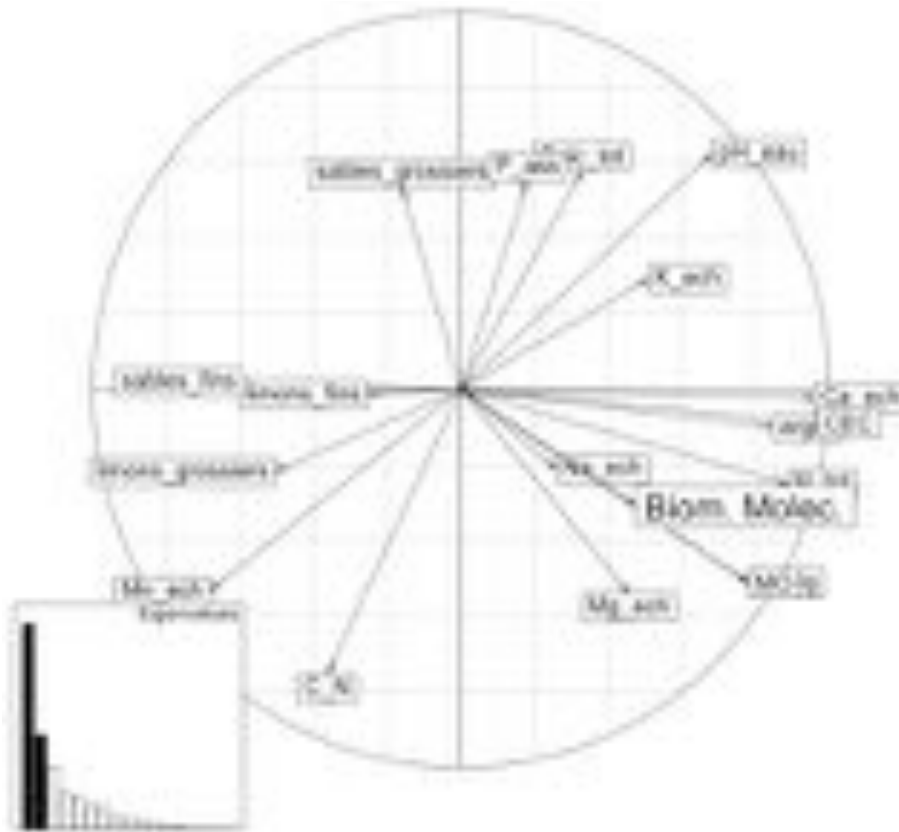
Cultures



Forêt

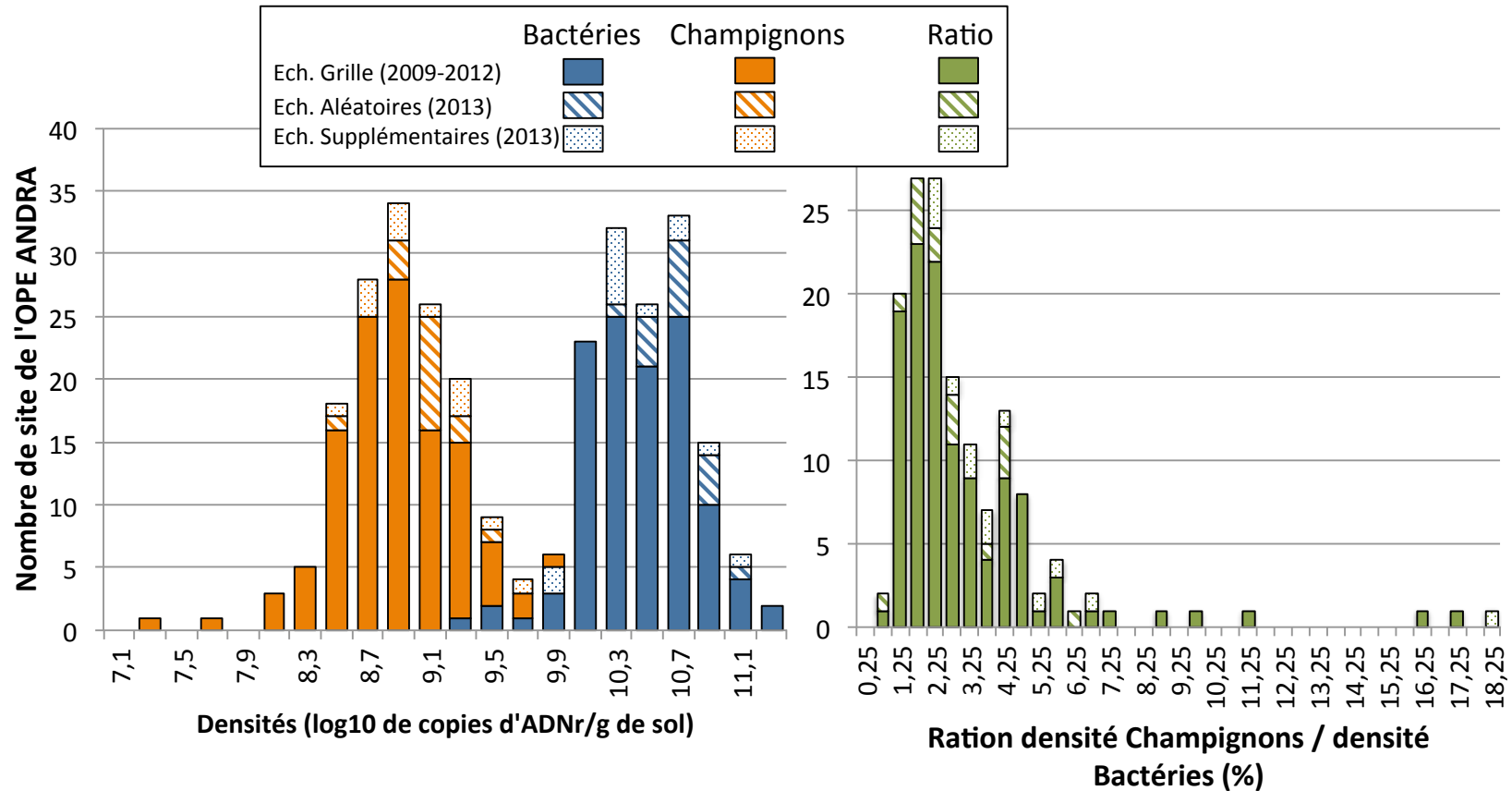


Prairies



Influence de la texture du sol, du pH et du taux de matière organique

Biomasse microbienne:
Prairies > Forêt > Culture
(idem national (cf RMQS))



Densités de bactéries et de champignons dans la gamme de ce qui est observé à l'échelle nationale

Ratio équilibré (1 – 5%) dans la majorité des sites

Bactéries



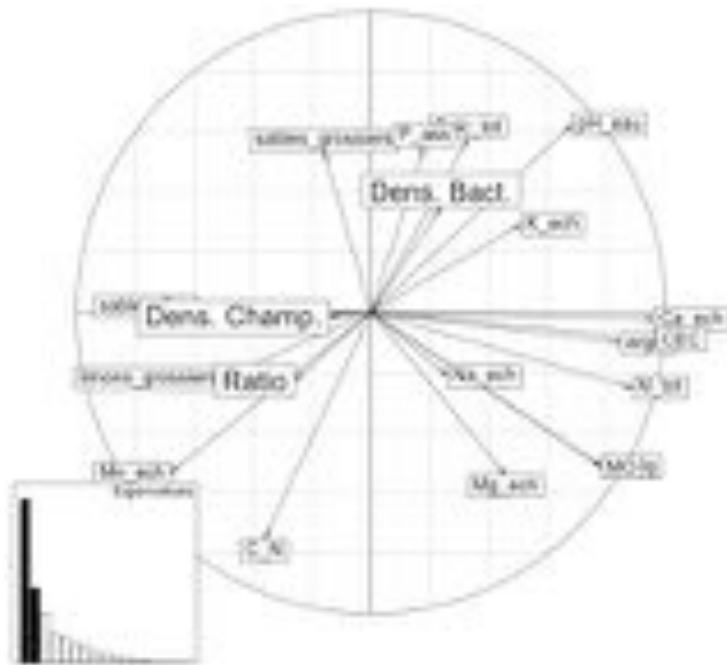
Champignons



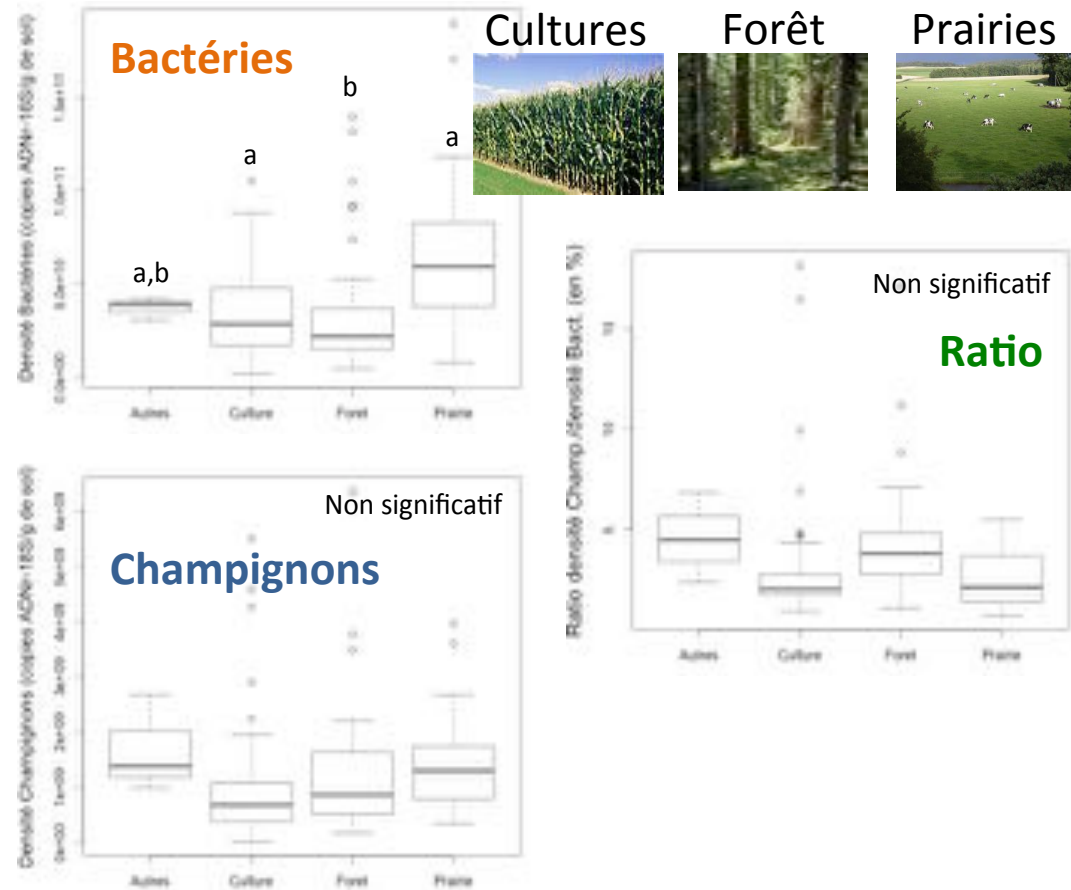
Ratio



Distribution spatiale propre des bactéries et champignons
(peu robuste statistiquement)



Bactéries : argiles, pH et C/N
 Champignons : sables
 Ratio : C/N



Bactéries : Prairies > Cultures > Forêt
 Champignons : non significatif
 Ratio : Forêt > Cultures = Prairies (non significatif)
 -> typicité des forêts de l'OPE

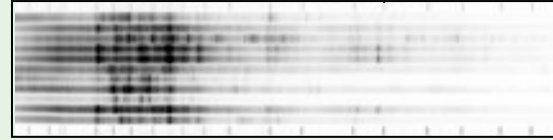
Technique :



Sol
(Infosol Orléans)



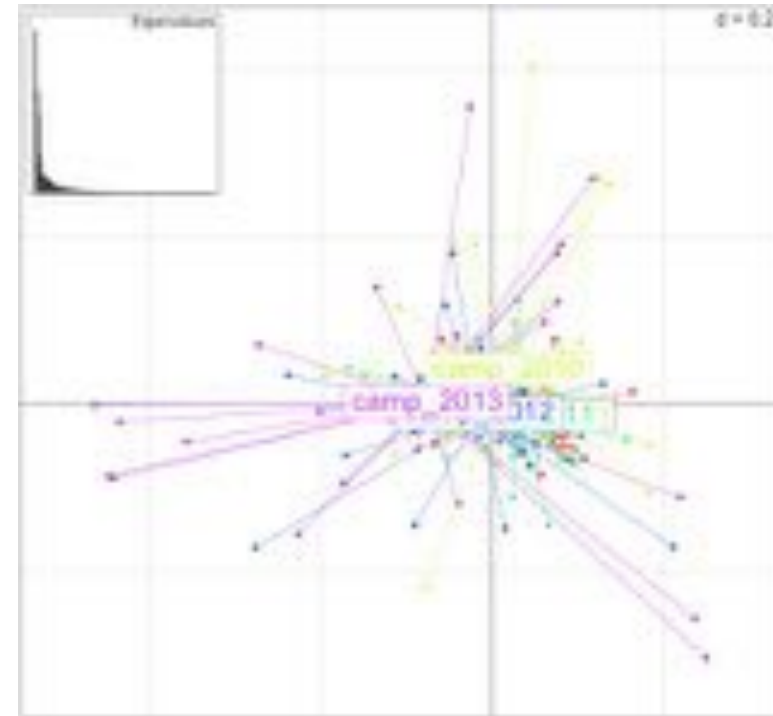
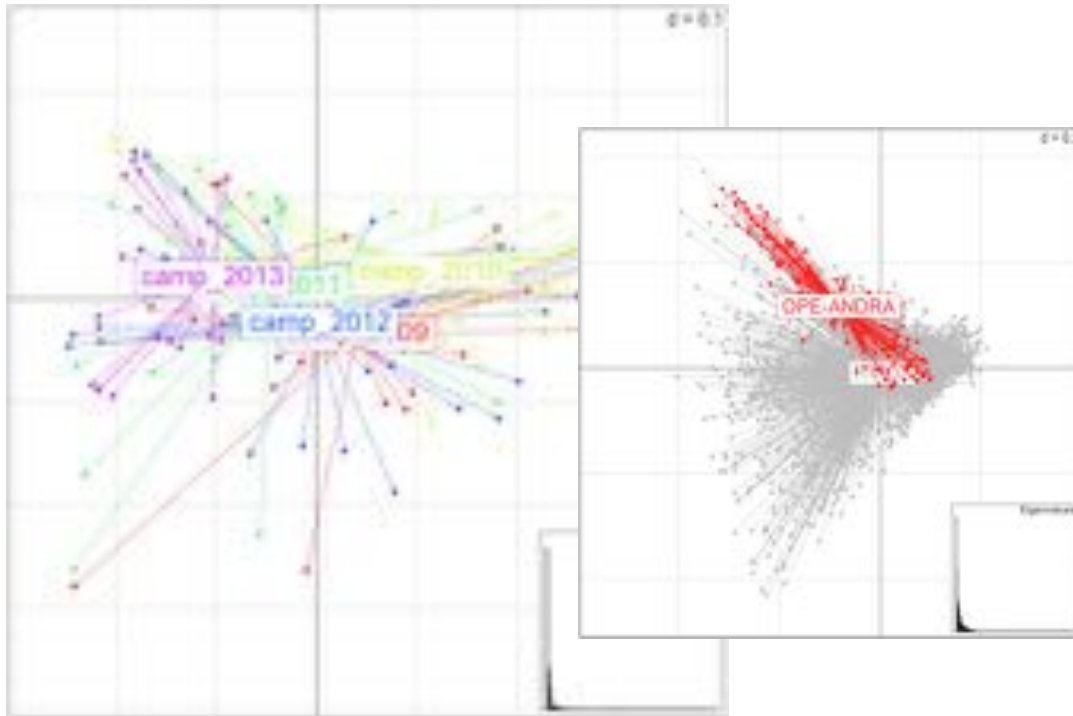
ADN



Génotypage (B/F-ARISA)
= composition de la communauté

Bactéries

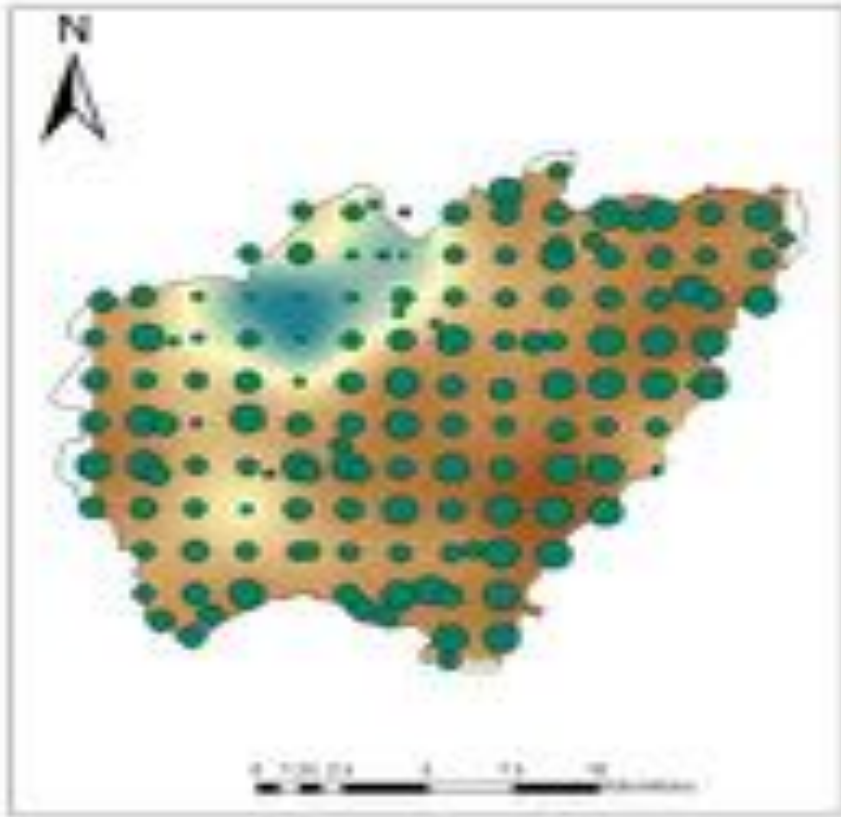
Champignons



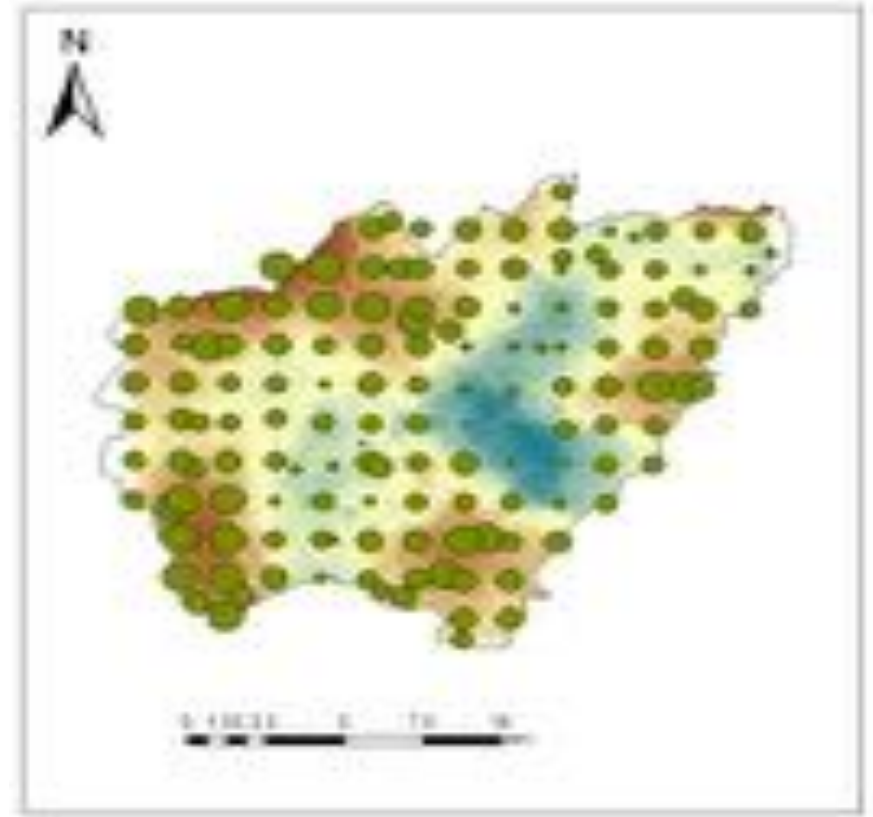
Bonne complémentarité des campagnes de prélèvement

Bactéries : dans la gamme nationale, bonne variabilité

Bactéries

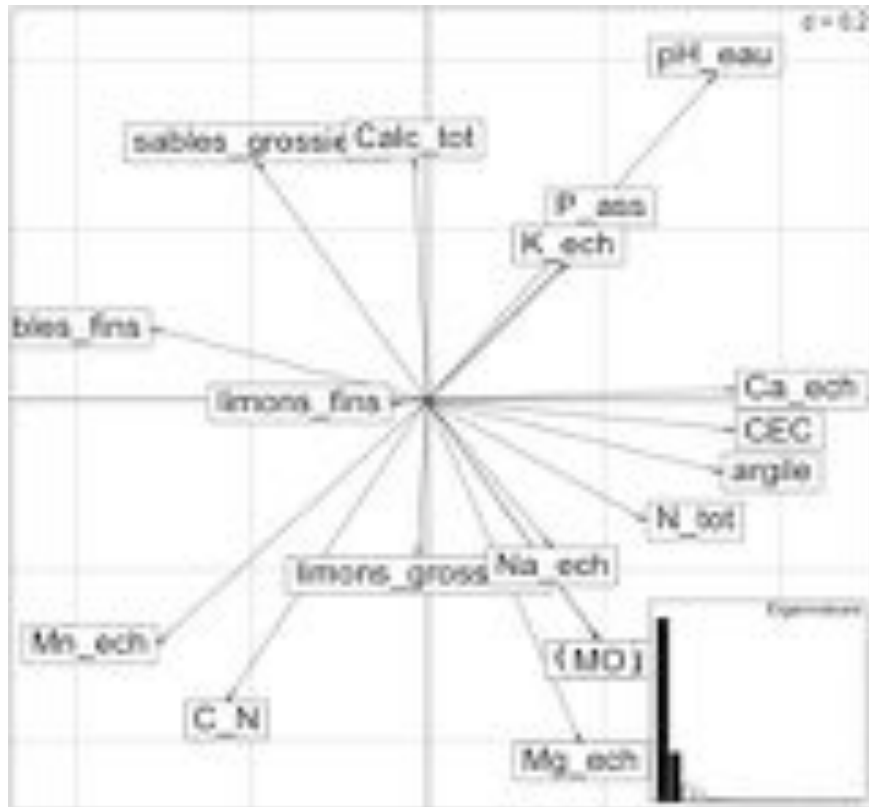


Champignons



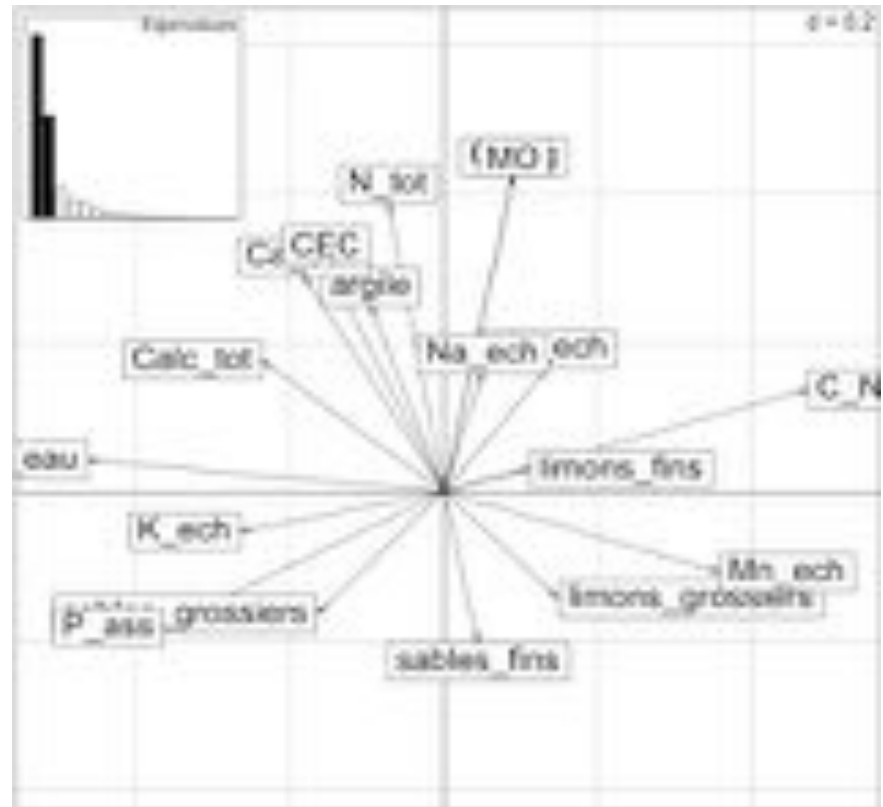
➔ Attributs écologiques propres des bactéries et champignons
Patches de 3 à 6km (280km à l'échelle de la France) -> existence de facteurs proximaux qui structurent les communautés

Bactéries



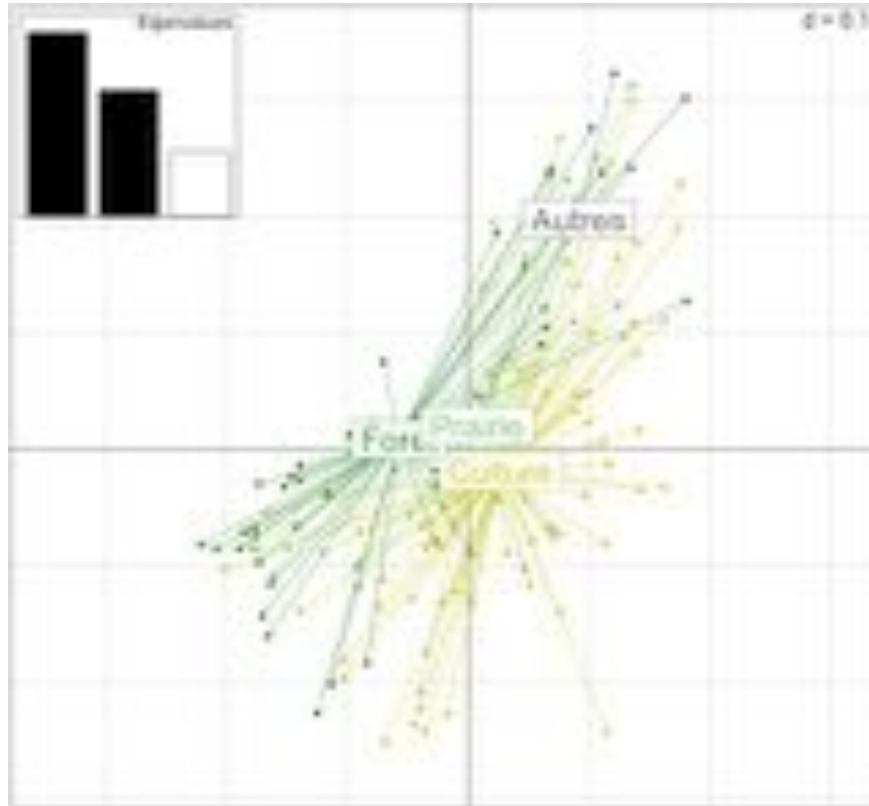
Bactéries structurées par pH, textures fines, C/N

Champignons



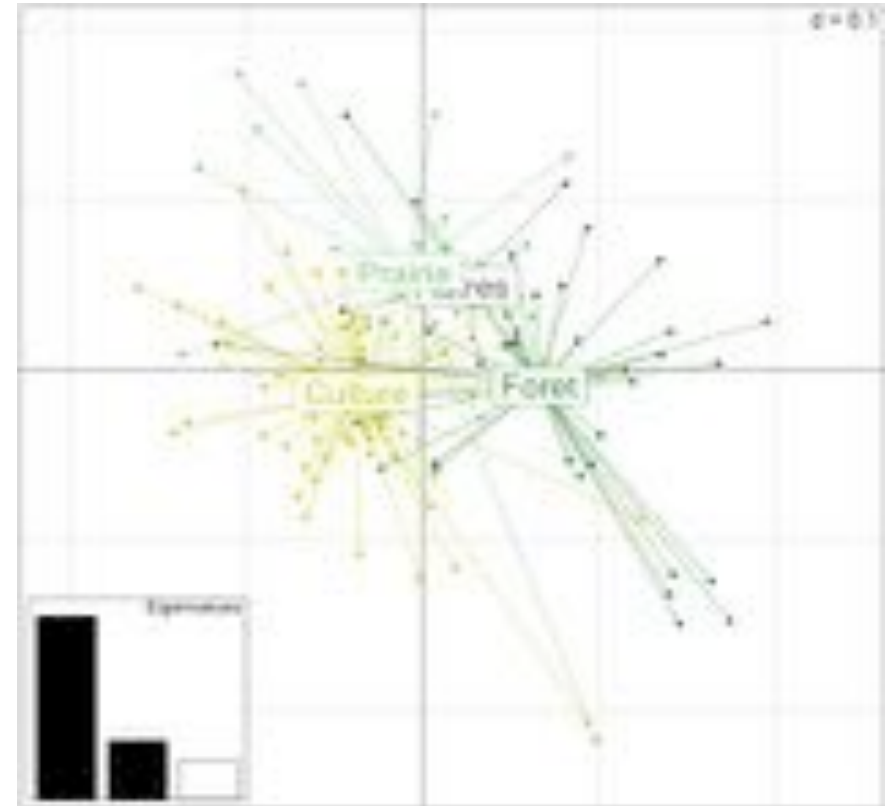
Champignons structurés par C/N, pH, matières organiques

Bactéries



Gradient Forêts – Prairies - Cultures

Champignons



Cultures \neq Prairies \neq Forêts



Constitution de la banque de sols

- **Point de référence** pour initier le suivi dynamique des indicateurs microbiens
- **Complémentarité des échantillons** (grille, aléatoires, supplémentaires)
-> bonne représentativité du dispositif
- **Conservation des ressources génétiques à long terme** permettant de suivre l'évolution des questionnements et les avancées technologiques

« Hier »

Aujourd'hui

~~Génotypage
= structure
génétique~~

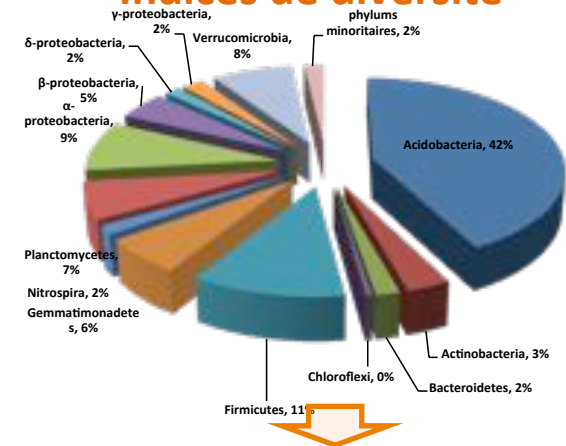
Métagénome
microbien

Séquençage haut débit



Inventaires taxonomiques
et fonctionnels

Indices de diversité



Etat écologique
Potentialités fonctionnelles



Intérêt d'un tel réseau de surveillance à cette échelle « régionale »

- Complémentarité avec le réseau national (RMQS)
- Structures spatiales et filtres environnementaux propres
- Intégration dans des problématiques de changement d'échelle



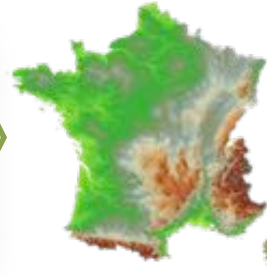
μ-habitat



Parcelle
(ORE, PIC, ADEME,...)



Paysage
(Zone Atelier Fenay,
OPE ANDRA, IGCS
Massif Central, ...)



Territoire
national
(RMQS)



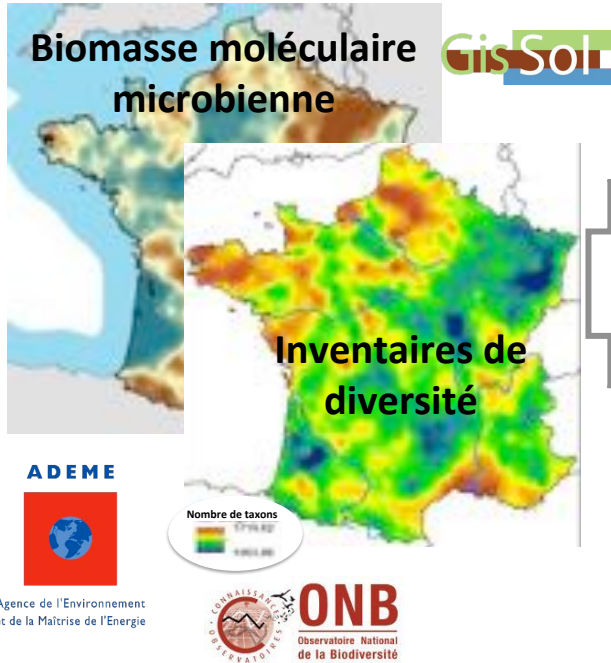
Continent
(LTO Ecofinders)

- Aborder des notions de fonctionnement (turnover MO – cycle C)



Initier le diagnostic de la qualité des sols et évaluer les pratiques

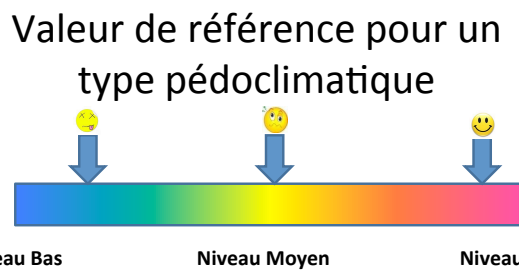
Elaboration des Référentiels : Modèles prédictifs de l'abondance et de la diversité



Modèle prédictif :

$$y = \beta_0 + \sum_{j=1}^K (\beta_j x_j + \beta_j x_j^2) + \sum_{j=1}^k \sum_{k=j+1}^K (\beta_{jk} x_j x_k) + \varepsilon$$

$$\hat{\theta} = (X'X)^{-1} X'Y$$



Selon chaque pédo-climat

-> Diagnostic de l'état biologique : Assurance écologique, durabilité écosystème, évaluation des pratiques



Nécessité d'un référentiel adapté au contexte local en vue du suivi et de l'étude d'impact (ex : initiative Chambre d'Agriculture de Saône-et-Loire)

Obtenir les données de diversité taxonomique bactéries et champignons dans les sols de l'OPE
Elaborer les modèles prédictifs spécifiques de l'OPE

MERCI DE VOTRE ATTENTION