



HAL
open science

Processus de diversification des communautés bactériennes du sol à grande échelle

Lionel Ranjard, Gérard G. Simonin

► **To cite this version:**

Lionel Ranjard, Gérard G. Simonin. Processus de diversification des communautés bactériennes du sol à grande échelle. 1er CRU Journal d'information du Centre INRA de Dijon, 2014, avril (9), 1p. hal-01006346

HAL Id: hal-01006346

<https://hal.science/hal-01006346>

Submitted on 15 Jun 2014

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.

Imprimer

Fermer la fenêtre

Zone de texte éditable et éditée

Processus de diversification des communautés bactériennes du sol à grande échelle



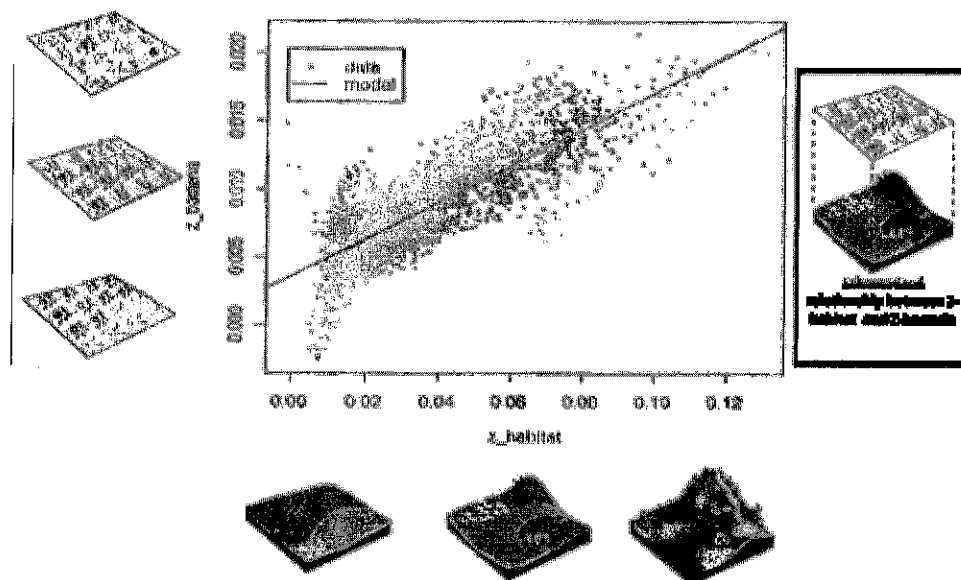
La distribution spatiale des communautés microbiennes du sol et les processus impliqués dans cette distribution sont encore largement méconnus à grande échelle (paysage, région, territoire). Nous avons montré pour la première fois que la relation aire-espèce était significative à grande échelle dans le cas des communautés bactériennes et qu'elle était corrélée positivement à la diversité et l'hétérogénéité des habitats du sol.

Un des objectifs de l'écologie microbienne moderne est de mieux définir et comprendre les processus qui génèrent et maintiennent la biodiversité microbienne des sols. Pour répondre à cet objectif, nous nous sommes appuyés sur le RMQS (Réseau de Mesure de la Qualité des Sols) pour caractériser les communautés bactériennes indigènes de sols échantillonnés à l'échelle de la France (2200 sols échantillonnés selon une grille systématique). A cette échelle, nous avons calculé la relation aire-espèce, une loi écologique robuste qui permet d'estimer la diversification des communautés d'organismes vivants en fonction de l'aire d'échantillonnage, et de relier cette diversification avec les paramètres environnementaux.

Une telle relation n'avait jamais été démontrée pour les bactéries du sol et son application permet de mieux identifier et hiérarchiser les processus de diversification des communautés microbiennes du sol à grande échelle.

Résultats : Dans notre étude nous avons adapté des analyses mathématiques pour calculer la relation aire-espèce pour les communautés bactériennes en se basant sur des données de génotypage de communautés. En parallèle nous avons aussi développé une technique innovante de calcul de la diversité et de l'hétérogénéité de l'habitat que nous avons reliées à la relation aire-espèce bactérienne. Nous avons ainsi démontré que :

- la relation aire-espèce est significative pour les communautés bactériennes à l'échelle de la France et à l'échelle de régions géographiques françaises,
- que la relation aire-espèce est significativement et positivement corrélée à la diversité et à l'hétérogénéité des habitats,
- que les processus de sélection (filtres environnementaux) et de dispersion des espèces sont impliqués dans la diversification des communautés bactériennes du sol à grande échelle.



Contact :

Lionel Ranjard,

lionel.ranjard@dijon.inra.fr

UMR Agroécologie,

Rédaction : gs, lr

Date de création : 28 Avril 2014

Mise à jour : 29 Avril 2014

© INRA 2013