



HAL
open science

Diversité des communautés microbiennes telluriques à l'échelle du territoire national

Samuel S. Dequiedt, Mélanie M. Lelievre, Claudy C. Jolivet, Manuel Martin, Nicolas Saby, Dominique Arrouays, Jerome Harmand, Patrice Loisel, Jean Thioulouse, Philippe P. Lemanceau, et al.

► **To cite this version:**

Samuel S. Dequiedt, Mélanie M. Lelievre, Claudy C. Jolivet, Manuel Martin, Nicolas Saby, et al.. Diversité des communautés microbiennes telluriques à l'échelle du territoire national. Journées d'Etude des Sols, May 2009, Strasbourg, France. pp.151-152. hal-01019730

HAL Id: hal-01019730

<https://hal.science/hal-01019730v1>

Submitted on 3 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.

DIVERSITE DES COMMUNUATES MICROBIENNES TELLURIQUES A L'ECHELLE DU TERRITOIRE NATIONAL

S DEQUIEDT¹, M LELIEVRE¹, C JOLIVET², M MARTIN², N SABY², D
ARROUAYS², J HARMAND³, P LOISEL⁴, J THIOULOUSE⁵, P LEMANCEAU¹, L
RANJARD¹

¹ UMR INRA UB Microbiologie du Sol et de l'Environnement, INRA Dijon

² INRA Orléans - Unité INFOSOL, 45166 Olivet

³ Equipe d'ingénierie des Procédés, LBE-INRA, Narbonne, France

⁴ UMR INRA Analyse des systèmes et Biométrie, Montpellier

⁵ Université de Lyon ; université Lyon 1 ; CNRS ; UMR 5558, Laboratoire
de Biométrie et Biologie Evolutive, Villeurbanne
contact : ranjard@dijon.inra.fr

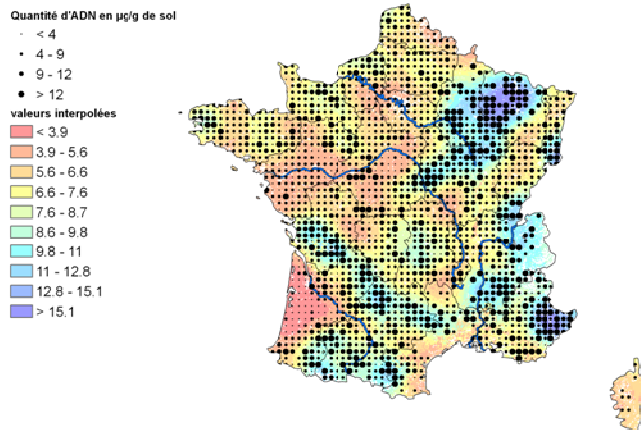
Un des enjeux de l'écologie microbienne moderne est de mieux définir et comprendre les processus qui génèrent et maintiennent la biodiversité microbienne des sols, notamment par une meilleure estimation et caractérisation de la diversité « beta » de ces communautés (changement de composition de la communauté à l'échelle du paysage). Pour cela, il faut s'appuyer sur des outils puissants et robustes de caractérisation de la biodiversité microbienne et les appliquer sur des échantillonnages de grande envergure tant sur les plans spatiaux que temporels. Dans ce contexte, le projet ECOMIC-RMQS a été mis en place pour caractériser l'abondance et la diversité des communautés bactériennes indigènes de tous les sols du RMQS (Réseau de Mesure de la Qualité des Sols). Le réseau de mesure de la qualité des sols (RMQS) mis en place depuis 2002 par le GISSOL, comprend 2200 sols répartis sur l'ensemble du territoire français selon une grille systématique. Il constitue donc un cadre national pour l'observation de l'évolution de la qualité des sols. Ce réseau systématique de mesures et de suivi des paramètres pédologiques, géré par l'unité INFOSOL (INRA Orléans), a pour objectif de détecter de façon précoce l'apparition et les tendances de la dégradation de l'état des sols en mesurant dans un premier temps un certain nombre de paramètres physiques et chimiques. Pour chacun des prélèvements de sols, les caractéristiques physico-chimiques, le spectre proche infra-rouge de la matière organique (NIRS), les paramètres climatiques environnants, les compositions floristiques, l'utilisation des terres et les pratiques agricoles seront répertoriés. Dans le programme ECOMIC-RMQS, la densité et la diversité/structure génétique des communautés bactériennes ont été caractérisées grâce à l'utilisation d'outils de PCR quantitatives et d'empreintes moléculaires type ARISA, directement sur l'ADN extrait des sols du RMQS. En parallèle, des outils statistiques ont été développés afin i) de caractériser les profils biogéographiques de la diversité bactérienne des sols de France, ii) d'évaluer la contribution relative des paramètres pédo-climatiques et d'utilisation des terres sur la diversité des communautés, iii) de calibrer l'information spectrale avec les paramètres chimiques et bactériens et iv) d'identifier des bio-indicateurs bactériens d'environnements et d'activités anthropiques spécifiques.

Les principaux résultats significatifs obtenus dans le cadre de ce programme seront présentés dans cette communication orale et seront d'ordre :

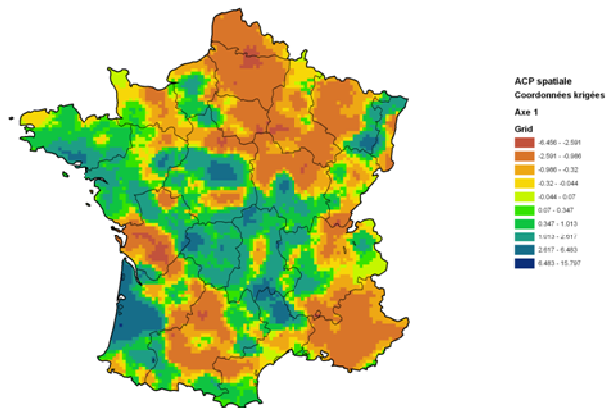
- scientifiques :

- cartographie de la biomasse microbienne et de la densité bactérienne des sols à l'échelle de la France (cf figure ci-dessous).
- cartographie des structures génétiques des communautés bactériennes à l'échelle de la France (cf figure ci-dessous)
- mise en évidence de profils biogéographiques de distribution de la densité et diversité bactérienne des sols à l'échelle du territoire et meilleure compréhension de l'assemblage des communautés à grande échelle.

- hiérarchie de l'influence des paramètres environnementaux (type de sol, mode d'usage, climat, ...) sur la densité et structure génétique des communautés bactériennes des sols.
- première démonstration d'une relation aire – espèce significative pour les communautés bactériennes du sol à l'échelle du territoire
- description et hiérarchie de pools régionaux de diversité microbienne
- lien entre la diversité végétale des sites étudiées et la diversité microbienne des sols correspondants.
- méthodologiques et logistiques :
 - création de la plateforme GenoSol (http://www.dijon.inra.fr/plateforme_genosol) pour améliorer les capacités techniques et logistiques des partenaires du programme.
 - mise en place de la base de données microbiologie et du « pipeline » d'analyses des données
 - mise en place de la DNA-thèque des sols français au sein de la plateforme GenoSol
- opérationnels :
 - mise en place d'un référentiel d'interprétation de l'abondance et de la diversité des communautés microbiennes des sols
 - mise en évidence de l'influence de certains modes d'usages.



Cartographie de la biomasse des sols français



Cartographie de la structure génétique des communautés bactérienne des sols français