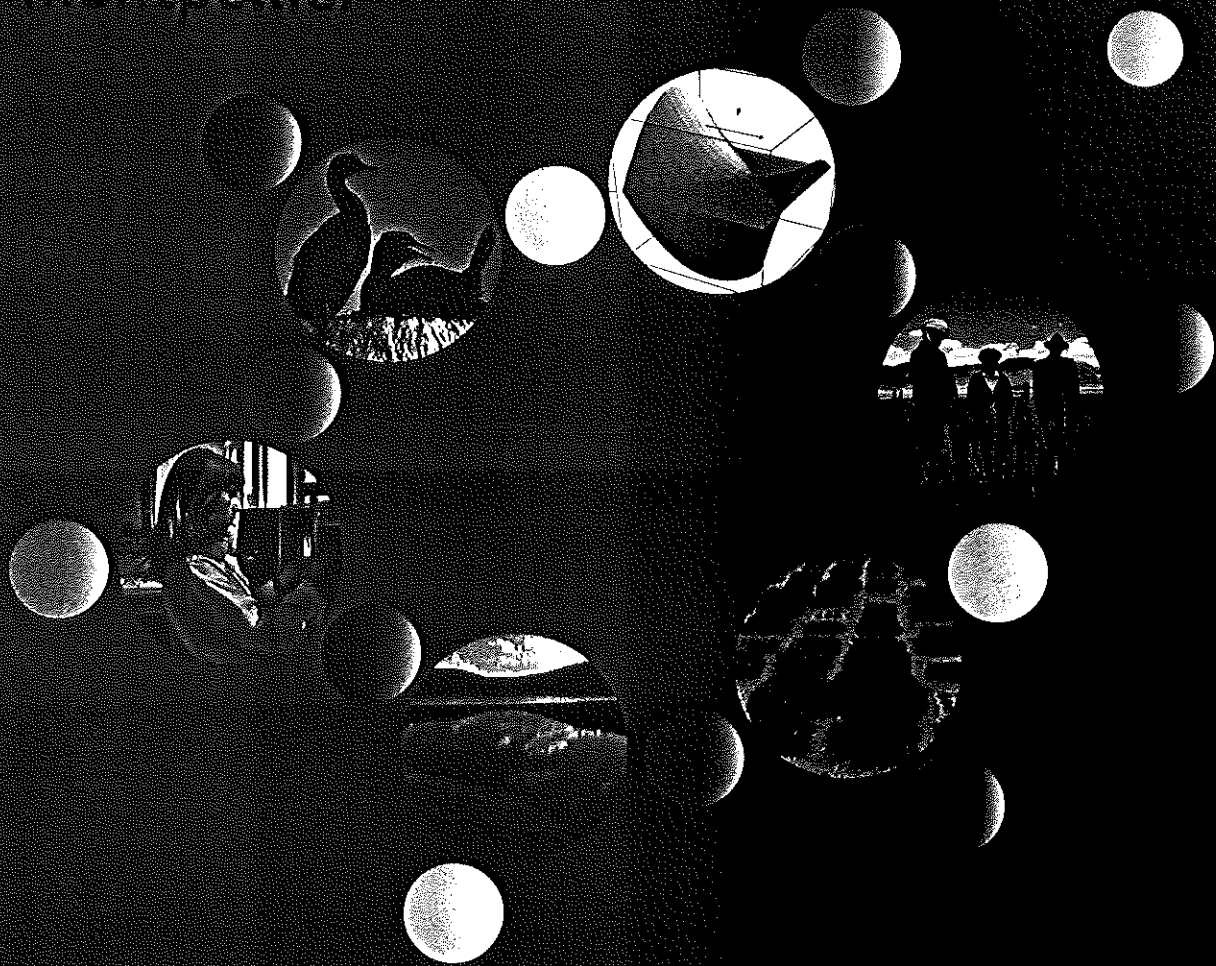


2010

Colloque national d'écologie scientifique

2-3-4 Septembre 2010

Montpellier



Commissariat

Posters

P24/03 Titre : Determinants of the distribution of nitrogen-cycling microbial communities at the landscape-scale

David Bru - Alban Ramette - N.p.a. Saby - Samuel Dequiedt - Lionel Ranjard - Claudy Jolivet - Dominique Arrouays - Laurent Philippot

Little information is available regarding the landscape-scale distribution of microbial communities and its environmental determinants. However, a landscape perspective is needed to understand the relative importance of local and regional factors and land management for the microbial communities and the ecosystem services they provide. In the most comprehensive analysis of spatial patterns of microbial communities to date, we investigated the distribution of functional microbial communities involved in N-cycling and of the total bacterial and crenarchaeal communities over 107 sites using a grid with a 16 km lag distance within Burgundy, a 31 500 km² region in France. At each sampling site, the abundance of total bacteria, crenarchaea, nitrate-reducers, denitrifiers and ammonia-oxidizers was estimated by quantitative PCR and 42 soil physico-chemical properties were measured. The relative contributions of land use, spatial distance, climatic conditions, time and soil physico-chemical properties to the spatial distribution of the different communities were analyzed by canonical variation partitioning. Although many environmental variables were significant predictors, only a few accounted to a large amount of the total variance in the distribution of the studied microbial guilds. Altogether we could explain up to 85 % of the spatial variation in community abundances with soil chemical properties as the main driver. We found spatial correlation up to 140 km and geostatistical modelling was used to generate predictive maps of the distribution of microbial communities across the 31 500 km² Burgundy region. The present study highlights the potential of spatially-explicit approaches for microbial ecology to identify the overarching factors driving the spatial heterogeneity of microbial communities even at the landscape scale. It also provides the first maps of the distribution of microbial guilds at a scale which is of relevance for policy makers and stakeholders for ecosystem management.

David Bru - INRA, UMR soil and Environmental Microbiology - Dijon : david.bru@dijon.inra.fr

P24/04 Titre : Suivi in situ et à long terme de l'abondance et de la diversité fongiques dans un sol multipollué aux HAP et métaux lourds, dans un contexte d'atténuation naturelle phyto-assistée

Cécile Caupert - Aurélie Cébron - Thierry Beguiristain - Corinne Leyval

L'évolution au long terme des communautés fongiques dans les environnements pollués est très mal connue. La présente étude s'est intéressée à l'abondance et à la diversité de la microflore fongique in situ d'un sol historiquement pollué aux hydrocarbures aromatiques polycycliques (HAP) et métaux lourds dans le cadre d'une expérience d'atténuation naturelle phyto-assistée. Des parcelles lysimétriques contenant un sol contaminé issu de friche industrielle (ancienne cokerie de Neuves-Maisons, Lorraine) ont été installées en 2005 sur le site expérimental du Groupement d'Intérêt Scientifique sur les Friches Industrielles (www.gisfi.fr). Afin d'évaluer l'influence du couvert végétal, différentes parcelles ont été mises en place: terre nue, luzerne (*Medicago sativa*) mycorhizée ou non (*Glomus mosseae* et intraradices), végétation spontanée. La moitié des parcelles plantées avec la luzerne mycorhizée contiennent le même sol ayant subi un traitement par désorption thermique et présentant des concentrations en HAP très inférieures au sol non traité. Les gènes codant l'ARNr 18S fongique ont été quantifiés par PCR en temps réel et la structure des communautés appréhendée par TTGE (Temporal Temperature Gradient Electrophoresis) dans les échantillons de terre des parcelles prélevés deux fois par an depuis 4 ans. Le nombre de copies de gènes 18S a augmenté au cours du temps, tous traitements de végétation confondus et était plus élevé dans les parcelles contenant le sol thermodésorbé planté avec la luzerne. L'analyse TTGE a révélé une diminution de l'indice de diversité de Shannon (H'), sensible aux espèces rares, notamment dans les parcelles de terre nue et à végétation spontanée. Les espèces majoritaires ont pu être identifiées par séquençage de bandes TTGE. Excepté dans les parcelles thermodésorbées où un basidiomycète du genre *Clitopilus* était souvent majoritaire, les 2 phylla les plus abondants appartenaient aux genres *Geomyces* et *Phoma*, ascomycètes dont des représentants ont souvent été retrouvés dans des environnements extrêmes (contaminés aux HAP ou aux métaux lourds, notamment). Les communautés fongiques diffèrent par leur abondance et/ou leur diversité, et se discriminent en trois groupes correspondant au sol nu, au sol planté et au sol planté traité par thermodésorption, le premier et le dernier étant les plus divergents. Ceci concorde avec les autres données biologiques recueillies sur ce site (microflore bactérienne, micro- et mésofaune notamment ; programme ANR MULTIPOLSITE), soulignant l'impact du niveau de pollution et de la couverture végétale.

Cécile Caupert - LIMOS UMR CNRS-UHP 7137 - Nancy - cecile.caupert@limos.uhp-nancy.fr