



HAL
open science

Vers une optimisation de la procédure d'extraction d'ADN des sols pour caractériser la diversité microbienne tellurique par le pyroséquençage des gènes ribosomiques

Pierre Plassart, Sébastien Terrat, Mélanie M. Lelievre, Tiffanie Regnier,
Samuel S. Dequiedt, Bruce Thomson, Robert Griffiths, Mark Bailey,
Christophe Mougel, Philippe P. Lemanceau, et al.

► To cite this version:

Pierre Plassart, Sébastien Terrat, Mélanie M. Lelievre, Tiffanie Regnier, Samuel S. Dequiedt, et al..
Vers une optimisation de la procédure d'extraction d'ADN des sols pour caractériser la diversité
microbienne tellurique par le pyroséquençage des gènes ribosomiques. 5ième colloque de l'Association
Francophone Ecologie Microbienne (AFEM), Ville service., Nov 2011, Hammamet, Tunisie. 1 p. hal-
01231285

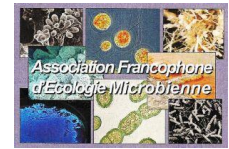
HAL Id: hal-01231285

<https://hal.science/hal-01231285>

Submitted on 19 Nov 2015

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.



Affiche Communication orale

Résumé

Session :

Vers une optimisation de la procédure d'extraction d'ADN des sols pour caractériser la diversité microbienne tellurique par le pyroséquençage des gènes ribosomiques.

Pierre PLASSART⁽¹⁾, Sébastien TERRAT⁽¹⁾, Mélanie LELIEVRE⁽¹⁾, Tiffanie REGNIER⁽¹⁾, Samuel DEQUIEDT⁽¹⁾, Bruce THOMSON⁽²⁾, Rob I. GRIFFITHS⁽²⁾, Mark BAILEY⁽²⁾, Christophe MOUGEL⁽¹⁾, Philippe LEMANCEAU⁽¹⁾, Lionel RANJARD⁽¹⁾.

⁽¹⁾ UMR 1347 Agroécologie, INRA, BP 86510, 21065 Dijon cedex France

⁽²⁾ CEH, Maclean Building, Benson Lane, Crowmarsh Gifford, Wallingford, Oxfordshire, OX10 8BB, UK

Depuis plusieurs années, les communautés microbiennes du sol sont étudiées au travers de leur ADN. Le mode d'extraction de l'ADN du sol revêt donc une importance capitale pour décrire la biodiversité microbienne. A ce jour, de nombreuses procédures d'extraction d'ADN des sols sont disponibles et certaines sont mêmes standardisées (norme ISO 11063). Ces différentes techniques sont généralement basées sur une étape de lyse physique et de lyse chimique et sont surtout adaptées aux outils moléculaires de type qPCR et empreintes moléculaires. Le développement récent des techniques de séquençage massif parallèle (pyroséquençage 454), qui permettent d'aborder des inventaires taxonomiques précis et représentatifs, nous conduit à revisiter les biais associés à ces procédures d'extraction d'ADN. L'objectif de cette étude est de définir le protocole d'extraction d'ADN du sol le plus approprié pour accéder au maximum de diversité microbienne tellurique. Dans ce contexte, différentes procédures sont testées (dont la norme ISO) sur 5 sols différents de par leurs propriétés physicochimiques et leur mode d'usage. La qualité des ADN extraits selon ces différents protocoles est évaluée en termes de rendement d'extraction, d'abondance (biomasse moléculaire par qPCR) et de diversité (pyroséquençage 454 des gènes ribosomiques) des communautés bactériennes et fongiques. L'analyse des différents résultats permet de définir le protocole le mieux adapté pour accéder à la meilleure représentativité de la diversité des communautés microbiennes telluriques.

Mots clés : ISO, extraction, ADN, bactéries, fungi, archaea, biomasse microbienne, structure génétique.