



HAL
open science

La caractérisation des communautés microbiennes du sol à l'échelle de la France pour évaluer l'effet de l'usage des sols

Sébastien Terrat, Battle Karimi, Samuel Dequiedt, Nicolas Chemidlin Prévost-Bouré, Walid Horrigue, Christophe Djemiel, Lionel Ranjard

► To cite this version:

Sébastien Terrat, Battle Karimi, Samuel Dequiedt, Nicolas Chemidlin Prévost-Bouré, Walid Horrigue, et al.. La caractérisation des communautés microbiennes du sol à l'échelle de la France pour évaluer l'effet de l'usage des sols. *Innovations Agronomiques*, 2018, 69, pp.27-37. 10.15454/IO3VXY . hal-02002766

HAL Id: hal-02002766

<https://hal.science/hal-02002766>

Submitted on 31 Jan 2019

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.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0 International License

La caractérisation des communautés microbiennes du sol à l'échelle de la France pour évaluer l'effet de l'usage des sols

Terrat S.¹, Karimi B.¹, Dequiedt S.¹, Chemidlin N.¹, Horrigue W.¹, Djemiel C.¹, Ranjard L.¹

¹ UMR INRA, AgroSup Dijon, UBFC Agro écologie - Centre INRA Dijon - 17 rue de Sully, F-21065 Dijon Cedex

Correspondance : lionel.ranjard@inra.fr

Résumé

Les microorganismes du sol sont les acteurs clés de nombreuses fonctions et services qui sont à la base de la qualité du sol et de son rôle dans la qualité de l'environnement mais aussi dans sa capacité à supporter une production végétale. Malgré ce rôle clé, nos connaissances sur la diversité et la composition des communautés microbiennes ainsi que l'impact des modes d'usages des sols sur ces communautés restent encore très incomplète. Une approche pour palier à ce manque de connaissances est d'étudier ces communautés microbiennes à grande échelle sur un grand nombre de sols et ceci grâce aux développements récents d'outils moléculaires qui permettent l'analyse en haut débit de la diversité microbienne. En France, une étude de ce type a été menée sur les sols du Réseau de Mesures de Qualité des Sols (RMQS) ce qui a permis d'améliorer significativement nos connaissances sur les processus impliqués dans la régulation de la diversité des communautés microbiennes et de mieux évaluer l'effet du mode d'usage des sols. De plus, cela a aussi permis d'élaborer le premier référentiel sur la diversité microbienne des sols français avec pour application le développement d'un diagnostic sur la qualité microbiologique des sols.

Mots-clés : Sol ; Diversité microbienne ; Biogéographie ; Mode d'usage ; Bioindicateurs ; RMQS

Abstract: Characterization of soil microbial community at the scale of France to evaluate land use effect

Soil microorganisms are key players of the numerous functions and services provided by soil and more globally of the environment quality and plant productivity. Despite their pivotal role, our knowledge about the diversity and composition of soil microbial communities is relatively poor as well as the impact of land use on these communities. One of the promising strategy to fill this gap of knowledge aims at assessing soil microbial community on a large set of soils by using the recently developed molecular tools allowing the high throughput characterization of microbial diversity. In France, such an initiative has been conducted on the French Soil Quality Monitoring Network (Réseau de Mesures de la Qualité des Sols, RMQS in French), which has allowed the significant improvement of our understanding about the ecological processes regulating soil microbial diversity and about the impact of the different land uses.

Keywords: Soil ; Microbial diversity ; Biogeography ; Land use ; Bioindicators ; RMQS

Introduction

Bien que les microorganismes représentent les organismes vivants les plus abondants et les plus diversifiés de notre planète, nos connaissances sur leur diversité ainsi que sur les processus de régulation associés sont limitées à ce jour. Ceci peut s'expliquer par les particularités des

microorganismes comme i) leur petite taille ii) leur faible accessibilité dans une matrice hétérogène et structurée comme le sol, et iii) leur forte densité (pour exemple 109 bactéries et 106 champignons par g de sol) et diversité (106 espèces bactériennes et 104 espèces de champignons par g de sol). Ce manque de connaissances est d'autant plus dommageable pour une matrice comme le sol car les microorganismes y sont fortement impliqués dans de nombreuses fonctions d'intérêts : dynamique des matières organiques et cycles du carbone et de l'azote, biodisponibilité des éléments nutritifs, dégradation de polluants organiques, rétention de polluants métalliques, action sur la structure des sols, etc (Maron et al., 2011). Par conséquent, ce manque de connaissances explique aujourd'hui notre incapacité à prédire l'impact des perturbations environnementales sur la qualité et le fonctionnement biologique du sol.

Ces 20 dernières années, l'écologie microbienne du sol a subi une véritable révolution technologique dans sa façon de caractériser les communautés de microorganismes grâce à l'avènement des outils de biologie moléculaire (Ranjard et al., 2017). Ces récentes avancées techniques sont basées sur l'extraction directe de l'information génétique (ADN) du sol et la caractérisation des séquences bactériennes et fongiques directement à partir de cette matrice d'acides nucléiques. Ces approches présentent l'avantage de s'affranchir des biais liés à la culture des microorganismes telluriques, dont on estime souvent que seulement 0,1 à 1 % d'entre eux sont cultivables sur des milieux synthétiques. Ces récentes avancées techniques offrent ainsi de nouvelles perspectives en termes de résolution et de compréhension de la distribution de la diversité dans le sol et de son rôle dans le fonctionnement biologique des écosystèmes. De plus, ces outils moléculaires sont faciles à standardiser et leurs coûts baissent de façon régulière depuis une dizaine d'années. Ces avantages permettent donc de travailler en moyen débit, rendant aujourd'hui possible la caractérisation des communautés microbiennes sur des grands jeux d'échantillons (plusieurs centaines à plusieurs milliers) qui intègrent de grandes échelles spatiales ou temporelles.

Dans la plupart des pays européens il existe des réseaux de surveillance des sols qui consistent en une détermination systématique des caractéristiques des sols et de leurs variations temporelle et spatiale à grande échelle (Gardi et al., 2009). Toutefois, la plupart de ces réseaux de surveillance ne prennent souvent en considération que les paramètres pédoclimatiques des sols sans aucune intégration de paramètres biologiques et encore moins de la diversité des organismes indigènes. Si on recadre l'intérêt de ces réseaux dans une dynamique de caractérisation à grande échelle de la diversité biologique des sols, ils deviennent des supports d'étude très pertinents.

En France, une initiative similaire a été initiée en 2001 par le Groupement d'Intérêt Scientifique (GIS) Sol avec la mise en place du Réseau de Mesures de la Qualité des Sols (RMQS) qui constitue un cadre national pour l'observation de l'évolution de la qualité des sols et qui répond au besoin de disposer de données quantitatives sur l'état des sols en France (Jolivet et al., 2006 ; Ratié et al., 2010). Ce réseau systématique de mesures et de suivi des paramètres des sols 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. En 2006, le programme ANR/ADEME ECOMIC-RMQS a été initié pour caractériser l'abondance et la diversité des communautés microbiennes des sols au sein de ce réseau, et a été suivi par d'autres projets (TAXOMIC-RMQS et plus récemment MetaOMIC-RMQS financés par France génomique-ADEME). Ces programmes ont permis de répondre à des questions fondamentales en termes de distribution spatiale de la diversité microbienne à l'échelle de la France (biogéographie microbienne) mais aussi plus finalisées en termes d'impact des activités humaines sur ces communautés à l'échelle nationale. Dans cet article nous proposons de synthétiser l'ensemble des résultats obtenus sur la diversité bactérienne des sols du RMQS par ces programmes afin de mieux décrire et comprendre les variations de ces microorganismes à l'échelle nationale en fonction des paramètres environnementaux et de l'action de l'homme.

1. Distribution spatiale de la diversité bactérienne à l'échelle de la France

Le RMQS est constitué de 2200 sites de monitoring répartis de manière systématique sur le territoire français suivant la grille d'échantillonnage présentée en Figure 1. Au centre de chaque cellule, un site d'échantillonnage est positionné. Ce dernier est organisé en une zone de prélèvement de 20m x 20m et une zone d'implantation d'une fosse pédologique. Sur le terrain, le sol échantillonné à chaque site est caractérisé par une description du profil observé au niveau de la fosse pédologique et par le type d'occupation en surface (selon le Corine Land Cover). De plus, une caractérisation physico-chimique est menée sur tous les échantillons de sol suivant des méthodes normalisées (ISO ou NF). Cette caractérisation concerne la granulométrie, le pH, la teneur en carbone, en azote et en phosphore, les concentrations en cations échangeables, en éléments majeurs et en éléments traces. Les paramètres climatiques (T°C, pluviométrie et Evapotranspiration) ainsi que les paramètres géomorphologiques (altitude, présence de barrières naturelles) sont aussi référencés pour chacun des sites. La variation de ces paramètres environnementaux servira à expliquer les variations d'abondance et de diversité des communautés microbiennes à l'échelle du territoire national.

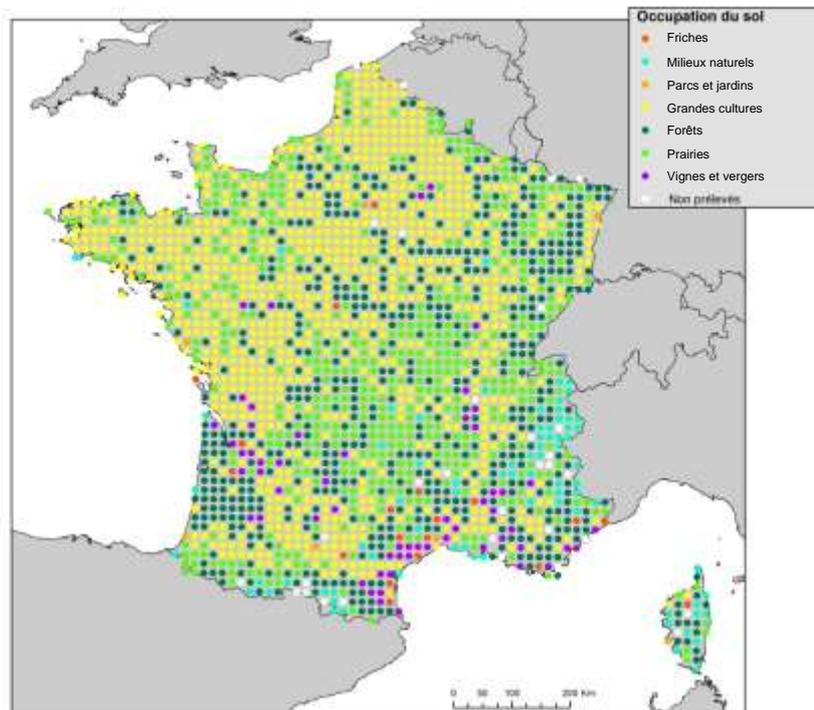


Figure 1 : Grille d'échantillonnage du réseau de Mesures de la Qualité des Sols et variabilité du mode d'usage des sols.

L'étude de la diversité des bactéries sur les sols du RMQS s'est faite par l'extraction de l'ADN du sol et la caractérisation des gènes permettant d'identifier les différents taxons bactériens (ADNr 16S) par des techniques de séquençage massif (Bouchez et al., 2016). Il est ainsi possible d'obtenir environ 10 000 séquences de gènes taxonomiques par sol et ces séquences ont été comparées les unes aux autres afin de regrouper ensemble celles qui ont une similarité supérieure à 95%. Ces groupes de séquences sont appelés des unités taxonomiques opérationnelles (UTO) ou taxons. Le nombre de taxons dans un sol permet de définir la diversité en termes de richesse taxonomique. Ce paramètre est très important car il est directement relié aux fonctions que peut porter la communauté microbienne et à son aptitude à résister aux perturbations environnementales. Pour exemple, une perte de 30% de la richesse

taxonomique d'une communauté microbienne du sol entraîne une baisse significative de ces capacités de minéralisation du carbone et de l'azote (Bauman et al., 2013 ; Philippot et al., 2013).

La valeur de richesse bactérienne moyenne obtenues sur tous les sols français est 2079 taxa avec une forte variation allant de 870 à 3074 taxons (ou UTO) ce qui démontre une forte variabilité de cette diversité à l'échelle du territoire national. L'analyse de la carte nationale obtenue avec ces valeurs de diversité montre une distribution spatiale hétérogène et une structuration en grands profils géographiques d'environ 110 km de rayon. Il est possible d'observer des zones géographiques jaunes avec des fortes diversités bactériennes et d'autres bleues avec des diversités bactériennes plus faibles (Figure 2). Les sols les moins riches en diversité bactérienne se trouvent dans le Sud-Ouest (Landes de Gascogne), le Centre et le Nord-Est, alors que les sols les plus riches sont situés en Bretagne, dans le Nord et sur le pourtour méditerranéen.

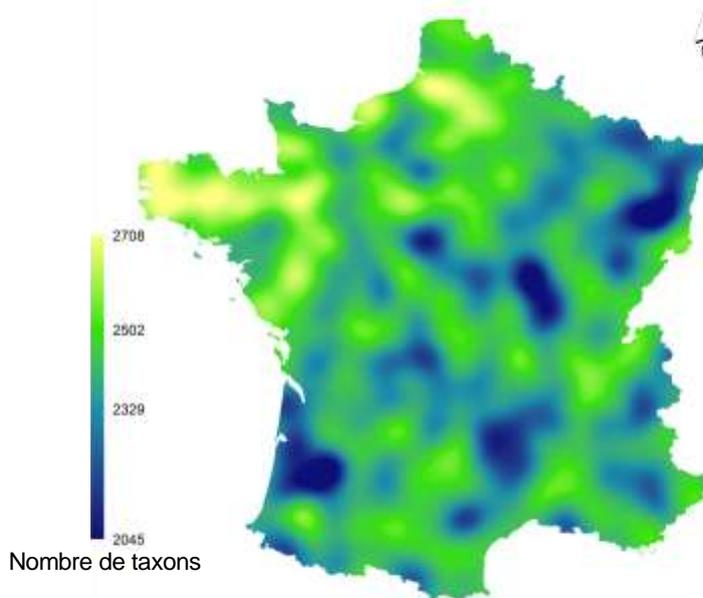


Figure 2 : Carte nationale de la diversité bactérienne (en termes de nombre de taxons) des sols de France. Les zones géographiques jaunes sont les plus riches en diversité bactérienne alors que les zones géographiques bleues sont les plus faibles. L'échelle de variation correspond à la modélisation du nombre de taxons bactériens à l'échelle de la France, ce qui implique le lissage des valeurs extrêmes uniques.

A cette échelle aucune influence du climat ni de la géomorphologie (présence de montagnes, de rivières, de bord de mer) n'est démontrée mais il est plutôt observé une distribution selon les grands types pédologiques et de mode d'usage des sols. Des études statistiques plus poussées ont permis de hiérarchiser ces paramètres environnementaux quant à leur influence sur la richesse bactérienne selon la séquence suivante : **Type de sol > Mode d'usage >> Climat > Géomorphologie**.

Plus précisément, il est aussi possible de hiérarchiser au sein des caractéristiques physico-chimiques des sols celles qui ont le plus d'influence sur la diversité bactérienne selon la séquence suivante : **pH > Texture > rapport C/N**.

La diversité bactérienne semble donc plus influencée par le pH du sol, sa texture et la qualité du carbone organique présent dans le sol. En d'autres termes, les sols alcalins, de texture grossière et avec un faible C/N représentent les sols les plus à même de fournir une grande diversité d'habitats pouvant héberger une grande diversité de taxons bactériens ; alors que, les sols à texture fine, riche en carbone organique et aussi alcalin sont les plus à même de fournir un grand nombre d'habitats (mais peu diversifiés) et donc d'héberger le plus de microorganismes sans pour autant représenter une grande diversité taxonomique.

2. Impact des modes d'usage sur la diversité bactérienne

La diversité bactérienne est aussi fortement influencée par le mode d'usage du sol puisque les sols sous prairies et forêts présentent les niveaux de diversité les plus bas (2103 et 1897 taxons,

respectivement) par rapport aux sols agricoles ou viticoles (2181 et 2215 taxons, respectivement ; Figure 3). Ces tendances sont à l'inverse de celles observées pour la biomasse moléculaire microbienne où les sols cultivés avaient un effet délétère sur la quantité de microorganismes (Dequiedt et al., 2011).

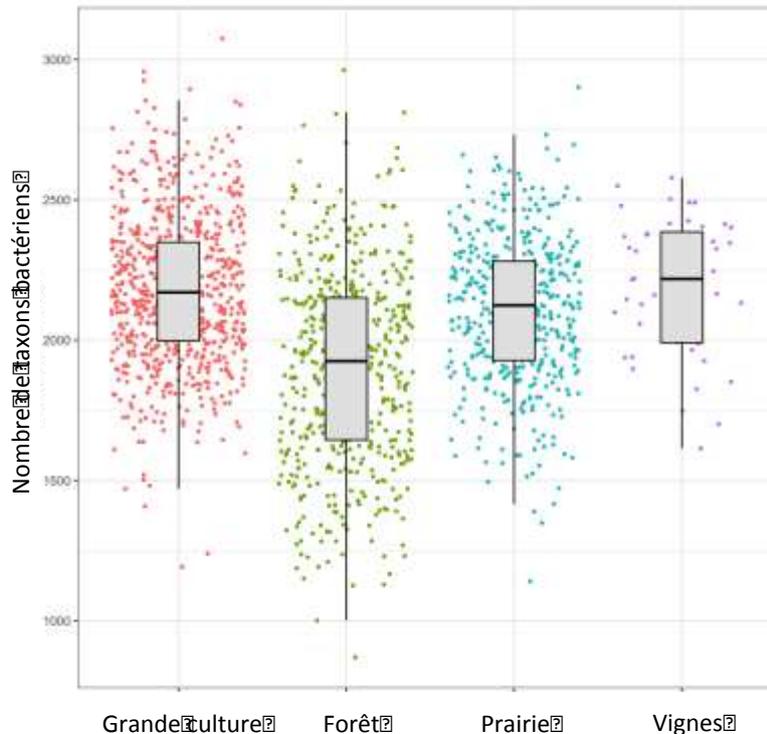


Figure 3 : Nombre de taxons bactériens dans les sols français en fonction du mode d'usage des sols.

Cette observation peut s'expliquer tout d'abord par le fait que certains modes d'usage sont associés historiquement à certains types des sols mais aussi parce qu'ils peuvent influencer certains paramètres du sol comme le pH, la teneur et la qualité de la matière organique. Pour exemple, les sols de forêts sont à l'origine plutôt acides et le fait de mettre une forêt peut accentuer l'acidité du sol. Comme le pH est un paramètre positivement corrélé à la diversité bactérienne, la faible diversité en sol de forêts peut s'expliquer partiellement par cet effet indirect du mode d'usage. Toutefois, des analyses statistiques poussées, comme la partition de variance, permettent de découpler l'effet indirect et direct du mode d'usage et démontre un effet direct significatif du mode d'usage des sols. La plus faible diversité observée en sol de forêts et de prairie peut s'expliquer par le concept écologique de la « perturbation intermédiaire » qui fait le postulat que la biodiversité au sein d'un écosystème est maximale lorsque ce dernier subit une perturbation intermédiaire (ni trop forte et ni trop faible) et minimale lorsqu'il subit une perturbation faible (phénomène d'exclusion compétitive des espèces et dominance des espèces opportunistes) ou forte (sélection des espèces). Ainsi, les sols sous forêts et prairies qui représentent des écosystèmes naturels ou semi-naturels subissant des perturbations faibles par la quasi absence de l'action de l'homme renferment donc une diversité faible de bactéries. A l'inverse, les sols agricoles et viticoles qui subissent généralement une multitude d'interventions et correspondent à des systèmes plus perturbés (mais pas trop) présentent donc une diversité bactérienne plus élevée. Toutefois, ce niveau de diversité ne renseigne pas sur la qualité de cette diversité et notamment sur la présence de populations bactériennes bénéfiques ou au contraire néfastes pour son fonctionnement. Il a ainsi été démontré que les sols agricoles, bien que plus diversifiés, possèdent aussi plus de populations néfastes pour les productions agricoles comme des bactéries pathogènes ou des bactéries impliquées dans une dégradation trop rapide de la matière organique du sol (Lienhard et al., 2014).

3. Distribution spatiale des grands taxons bactériens à l'échelle de la France

Le séquençage des gènes taxonomiques sur tous les sols du RMQS a permis de définir 114 252 taxons bactériens différents à l'échelle de la France qui se répartissent dans environ 1355 genres eux même répartis en 35 phylums de bactéries et d'archées. Parmi ces phylums, 20 ont une abondance relative variant de 14% à 0,01% et se retrouvent dans plus de 50% des sols du RMQS. Il est intéressant de constater que les phylums bactériens les plus abondants sont aussi les plus cosmopolites parmi les sols du RMQS et donc les plus ubiquistes à l'échelle de la France (Figure 4 ; Karimi et al., 2018).

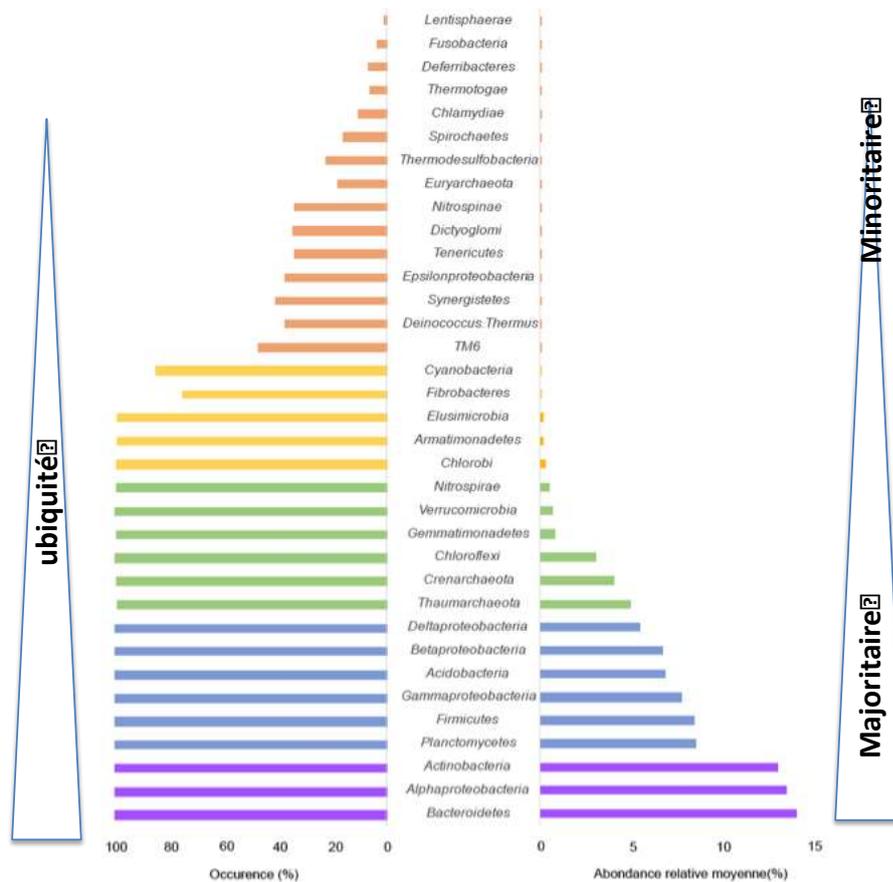


Figure 4 : Ubiquité et abondance relative des phylums bactériens dans les sols français.

Les phylums *Alphaproteobacteria*, *Actinobacteria*, *Planctomycetes*, *Firmicutes*, *Gammaproteobacteria*, *Acidobacteria*, *Betaproteobacteria* et *Deltaproteobacteria* ont été identifiés comme majoritaires dans d'autres études sur les sols (Constancias et al., 2015) ou aussi dans d'autres environnements comme les sédiments marins, les océans et les tractus digestifs de mammifères. Leur fort caractère cosmopolite peut s'expliquer par leur grande capacité de dispersion mais aussi par leur grande capacité à coloniser différents types d'environnements.

L'analyse de leurs variations à l'échelle de la France nous a permis de générer des cartes nationales de leur distribution spatiale. L'analyse de ces cartes met en évidence des profils de distribution géographique différents en fonction des phylums. Pour exemple, les *Actinobacteria* présentent des grands profils géographiques de taille supérieure à 200 km de rayon, alors que les *Bacteroidetes* présentent des profils de taille moyenne (entre 100 et 200 km de rayon), et les *Chloroflexi* des profils de petites tailles (<100 km) (Figure 5).

L'analyse de l'influence des paramètres de l'environnement (sols, mode d'usage et climat) sur la distribution de ces taxons nous a permis de mieux comprendre leurs attributs écologiques et les habitats au sein desquels nous pourrions préférentiellement trouver ces phylums. Il est ainsi possible de faire une fiche d'identité écologique par phylum regroupant l'ensemble de ces informations (Figure 5). L'ensemble de ces données sur tous les phylums et genres bactériens est compilé dans un ouvrage intitulé « Atlas français des bactéries du sol » (Karimi et al.) qui sera publié fin 2018 (éditions Biotope).

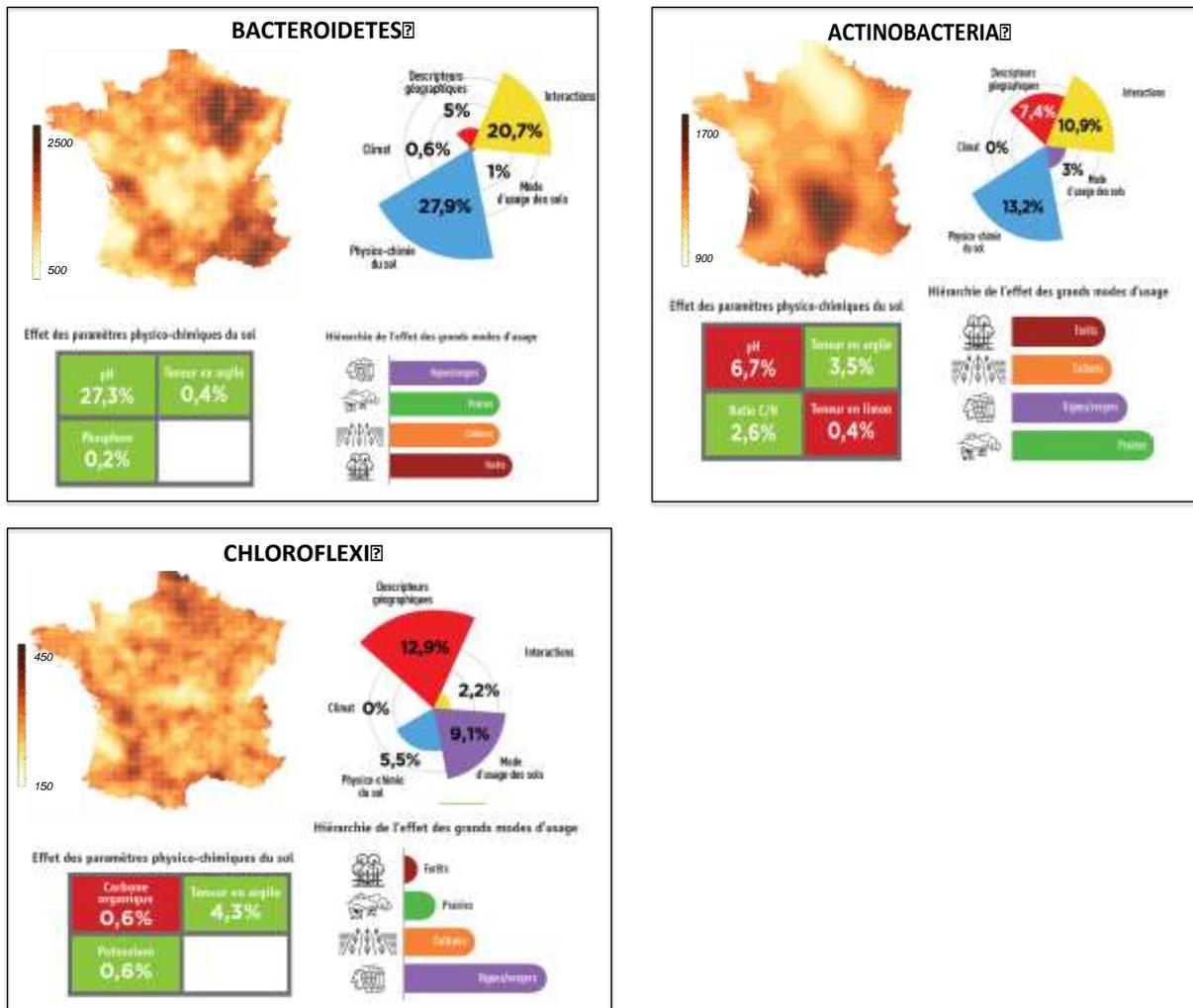


Figure 5 : Exemples de fiches d'identité de phylums bactériens dans les sols français.

4. Réseaux d'interactions biotiques

Au-delà de la simple description des inventaires taxonomiques microbiens à l'échelle de la France nous avons aussi développé de nouvelles méthodologies pour appliquer les concepts dédiés aux réseaux d'interactions biotiques entre les populations microbiennes. Notre approche est basée sur la construction de réseaux de cooccurrence (Karimi et al., 2017). Ces réseaux, à l'image des réseaux sociaux, renseignent sur la capacité des microorganismes à coopérer ou à être en compétition pour remplir certaines fonctions d'importance pour le sol (minéralisation de la matière organique, dégradation de polluants etc...). Plus globalement, ils permettent de rendre compte de la complexité des interactions entre les populations et potentiellement de la stabilité et du fonctionnement de ces communautés en fonction des modes d'usages des sols.

Une première analyse des réseaux d'interactions bactériens au sein des sols du RMQS montre ainsi un réseau plus complexe (plus d'interactions positives (en vert) et négatives (en rouge)) pour les sols de forêts en comparaison de ceux obtenus pour les sols de vignes (Figure 6 ; Karimi et al., 2018). Par conséquent, si les pratiques agricoles semblent stimuler la diversité bactérienne elles semblent aussi réduire les interactions entre les taxons bactériens. Les hypothèses sous-jacentes sont que la dégradation de la structure des sols agricoles peut engendrer un isolement physique des taxons bactériens, mais aussi que les pratiques agricoles peuvent stimuler des taxons plus aptes à fonctionner de façon autonome sans nécessité de coopération. Cette dernière hypothèse est supportée par le nombre plus important de bactéries opportunistes qui se développent dans les sols agricoles ou viticoles (Lienhard et al., 2014). D'un point de vue écologique, un réseau plus complexe indique un fonctionnement biologique de la communauté plus important et aussi une meilleure résistance de cette communauté aux perturbations environnementales.

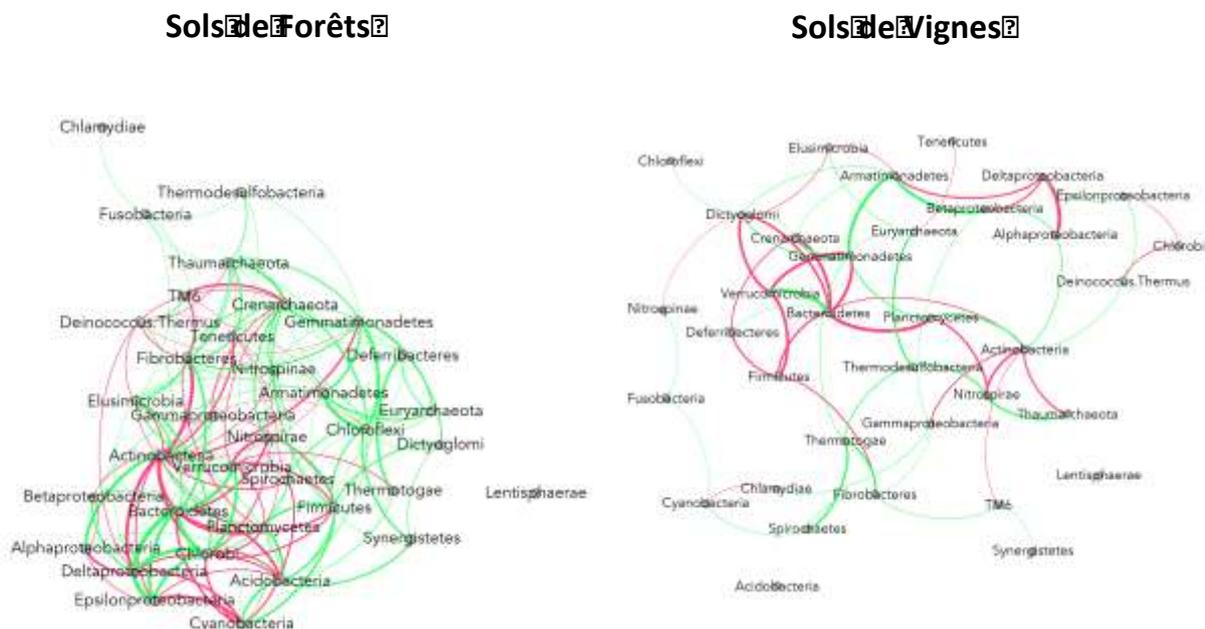


Figure 6 : Réseaux d'interactions entre les taxons bactériens des sols de forêts et de vignes au sein du RMQS. Les liens verts représentent des interactions positives entre les taxons (coopération) et les liens rouges des interactions négatives (compétition). (Karimi et al., 2018 en révision).

A la vue de ces premiers résultats prometteurs, nous affinerons par la suite l'étude des réseaux sur des paysages agricoles afin d'évaluer l'impact des systèmes de production et des pratiques agricoles. Le lien avec le fonctionnement biologique (minéralisation de la MO) et la stabilité de la communauté sera aussi entrepris par des études plus expérimentales.

5. Les communautés microbiennes comme bioindicateur de la qualité des sols

L'ensemble des données générées dans ce projet a alimenté le premier référentiel national de la biodiversité microbienne des sols (MicroSol database ©, Morin et al., 2013) qui doit permettre, à terme, de développer un diagnostic de la qualité microbiologique des sols basés sur les outils de génomique environnementale.

La standardisation méthodologique de ces outils moléculaires et leur application sur la grande variabilité des sols du RMQS a permis de faire valider la « diversité bactérienne » (en termes de nombre de taxons) comme un des indicateurs parmi les « Indicateurs nationaux sols » par l'Observatoire National

de la Biodiversité (Ministère de l'Environnement)¹ De plus, sur la base de ces jeux de données accumulés nous avons pu élaborer des modèles statistiques prédictifs de type polynomial dont la forme est la suivante (pour la diversité bactérienne) (Terrat et al., 2017) :

$$\text{Diversité bactérienne} = 1044 + 3.305 \times \text{pH}^4 - 0,0457 \times \text{Argiles}^2 + 0.0597 + 0.00298 \times \text{Argiles}^2 \times \text{C/N} - 1.54 \times 10^{-6} \times \text{Argiles}^3 \times \text{C/N} + 2.336 \times 10^{-5} \times \text{C:N}^2 \times \text{Longitude}.$$

Ces modèles nous permettent aujourd'hui de prédire des valeurs de référence de la diversité bactérienne des sols selon leurs caractéristiques pédoclimatiques. Cette valeur de référence permet alors de s'affranchir du contexte pédoclimatique afin de réaliser un diagnostic d'impact du mode d'usage d'un sol. Pour exemple, l'effet d'une pratique agricole est positif si la valeur mesurée est supérieure à la valeur de référence et négatif dans le cas contraire.

Ces indicateurs et le diagnostic associé ont été appliqués dans de nombreuses situations agricoles en viticulture et en grande culture à l'échelle nationale (Cannavaccioulo et al., 2017). L'analyse compilée de ces diagnostics montrent qu'environ 35% des parcelles agricoles sont dans un état microbiologique de bonne qualité, 50% dans un état non critique mais à surveiller et environ 10-15% dans un état microbiologique très critique. Il est donc possible de conclure que les sols agricoles français ne sont pas morts d'autant plus que la qualité microbiologique d'un sol dégradé peut être restaurée assez rapidement par des techniques agricoles simples et vertueuses (amendements organiques, bonne couverture végétale ...). Il est aussi intéressant de noter que la qualité microbiologique des sols agricoles n'est pas forcément meilleure en système de production mené en Agriculture Biologique. Ceci peut s'expliquer par la récurrence et l'intensité du travail du sol en AB qui est une pratique assez délétère pour les organismes vivants du sol.

A ce jour, ces bioindicateurs doivent être testés et validés pour d'autres systèmes de production comme le maraîchage, l'arboriculture, l'horticulture mais aussi sur d'autres modes d'usage comme ceux associés aux sols urbains qui sont soumis à d'autres contraintes (toits végétalisés, pollution, îlots de chaleur, imperméabilisation, agriculture urbaine, Guiland et al., 2018).

A ce jour, ces indicateurs de microbiologie du sol sont en cours de transfert à des laboratoires de prestation analytique afin qu'ils soient rendus disponibles pour les utilisateurs des sols (Projet AgroEcoSol (2017-2020) piloté par Auréa AgroSciences : www.ademe.fr/agro-eco-sol).

Conclusion

L'ensemble des études menées à l'échelle de la France sur la distribution spatiale des microorganismes du sol permet de montrer une distribution hétérogène à grande échelle. Les profils de distribution géographique des microorganismes sont, comme pour les macroorganismes, significativement gouvernés par l'hétérogénéité environnementale et les paramètres environnementaux ayant le plus d'influence sur cette distribution sont liés au sol et au mode d'usage. Les nouvelles connaissances accumulées sur les attributs écologiques des différents phylums microbiens vont faire l'objet prochainement d'un nouvel ouvrage (Atlas français des bactéries du sol à paraître fin 2018).

D'un point de vue finalisé, notre approche a permis de mieux évaluer l'impact des modes d'usage des sols sur les microorganismes. De plus, la génération d'un grand nombre de données sur l'abondance et la diversité des communautés microbiennes a permis de créer les premiers référentiels sur les communautés microbiennes des sols ce qui permet de valider les outils moléculaires utilisés comme des « indicateurs nationaux » de la qualité biologique des sols français. A ce jour, ces indicateurs sont utilisés pour élaborer un diagnostic de la qualité microbiologique des sols agricoles directement avec les

¹<http://indicateurs-biodiversite.naturefrance.fr/indicateurs/evolution-de-la-biodiversite-bacterienne-des-sols>

acteurs du développement et devraient, à terme, déboucher sur l'élaboration d'un nouveau type de conseil agronomique adapté à la transition agro-écologique. Leur transposition aux systèmes urbains dans le cadre d'un diagnostic de l'impact des aménagements urbains sur la biodiversité des sols est une étape à développer à court terme dans un contexte de « retour de la nature en ville » et de développement de l'agriculture urbaine.

Références bibliographiques

- Baumann K., Dignac M.F., Rumpel C., Bardoux G., Sarr A., Steffens M., Maron P.A., 2012. Soil microbial diversity affects soil organic matter decomposition in a silty grassland soil. *Biogeochemistry* 114, 201-2012.
- Cannavacciuolo M., Cassagne N., Riou V., Mulliez P., Chemidlin N., Dequiedt S., Villenave C., Cérémonie H., Cluzeau D., Cylly D., Vian J.-F., Peigné J., Gontier L., Fourrié L., Maron P.-A., D'oiron Verame E., Ranjard L., 2017. Validation d'un tableau de bord d'indicateurs sur un réseau national de fermes en grande culture et en viticulture pour diagnostiquer la qualité biologique des sols agricoles. *Innovations Agronomiques*. 55 :41-54.
- Constancias F., Saby N.P.A., Terrat S., Dequiedt S., Horrigue W., Nowak V., Guillemain J.P., Biju-Duval L., Chemidlin Prévost-Bouré N., Ranjard L., 2015. Contrasting Spatial Patterns and Ecological Attributes of Soil Bacterial Taxa Across a Landscape. *MicrobiologyOpen*, 4, 518-531.
- Dequiedt S., Saby N.P.A., Lelievre M., Jolivet C., Thioulouse J., Toutain B., Arrouays D., Bispo A., Lemanceau P., Ranjard L., 2011. Biogeographical Patterns of Soil Molecular Microbial Biomass as Influenced by Soil Characteristics and Management. *Global Ecology and Biogeography* 20, 641-652.
- Gardi C., Montanarella L., Arrouays D., Bispo A., Lemanceau P., Mulder C., Ranjard L., Rombke L., Rutger M., Menta C., 2009. Soil Biodiversity monitoring in Europe: ongoing activities and challenges. *European Journal of Soil Science*, 60, 807-819.
- Guilland C., Maron P.A., Damas O., Ranjard L., 2018. Biodiversity of urban soils for sustainable cities. *Environ Chem Lett*. doi.org/10.1007/s10311-018-0751-6
- Horrigue W., Dequiedt S., Chemidlin Prévost-Bouré N., Jolivet C., Saby N.P.A., Arrouays D., Bispo A., Maron P.A., Ranjard L., 2016. Predictive Model of Soil Molecular Microbial Biomass. *Ecological Indicators*. 64:203-211.
- Jolivet C., Arrouays D., Boulonne L., Ratié C., Saby N.P.A., 2006. Le réseau de mesures de la qualité des sols de France. *Etude et Gestion des Sols*, 13, 149-164.
- Karimi B., Maron P.A., Chemidlin Prévost-Bouré N., Bernard N., Gilbert D., Ranjard L., 2017. Microbial diversity and ecological networks as indicators of environmental quality, *Environ Chemistry Letters* 15, 265-281
- Karimi B., Terrat S., Dequiedt S., Saby N.P.A., Horrigue W., Lelievre M., Nowak V., Jolivet C., Arrouays D., Wincker P., Cruaud C., Bispo A., Maron P.A., Chemidlin-Prévost-Bouré N., Ranjard L., 2018. Spatial Distribution and Environmental Drivers of Soil Bacterial and Archaeal Phyla across France. *Science Advances*, Vol. 4, no. 7, eaat1808, DOI: 10.1126/sciadv.aat1808
- Karimi B., Terrat S., Dequiedt S., Jolivet C., Arrouays D., Wincker P., Cruaud C., Bispo A., Chemidlin-Prévost-Bouré N., Ranjard L., 2018. Biogeography of Soil Bacterial Networks Driven by Land Use. *Soil Biol Biochem*, in revision.
- Karimi B., Terrat S., Dequiedt S., Chemidlin N., L Ranjard., 2018. Atlas Français des bactéries du sol, à paraître (édition Biotope), Décembre 2018
- Lienhard P., Terrat S., Chemidlin Prévost-Bouré N., Nowak V., Régnier T., Sayphoummie S., Panyasiri K., Tivet F., Mathieu O., Levêque J., Maron P.A., Ranjard L., 2014. Pyrosequencing evidences the impact of cropping on soil bacterial and fungal diversity in Laos tropical grassland. *Agronomy for Sustainable Development*, 34, 525-533. (DOI 10.1007/s13593-013-0162-9)
- Maron P.A., Mougel C., Ranjard L., 2011. Soil microbial diversity: spatial overview, driving factors and functional interest. *CRAS Biology II*, 334 403-411.

Morin F., Dequiedt S., Koyao-Darinet V., Toutain B., Terrat S., Lelièvre M., Nowak V., Faivre-Primot C., Lemanceau P., Maron P.A., Ranjard L., 2013. MicroSol database, le Premier Système d'Information Environnemental sur la Microbiologie des Sols. *Etude et Gestion des Sols*, 20, 27-38

Philippot L., Spor A., Hénault C., Bru D., Bizouard F., Jones C.M., Sarr A., Maron P.A., 2013. Loss in microbial diversity affects nitrogen cycling in soil. *The ISME Journal* 7, 1609-1619

Ranjard L., Maron P.A., Cuny P., 2017. La microbiologie moléculaire au service du diagnostic environnemental. Edition ADEME, 235p.

Ratié C., Richer de Forges A., Berché P., Boulonne L., Toutain B., Saby N., Chenu J.-P., Laloua D., Ortolland B., Tientcheu Nguenkam M.-E., Soler-Dominguez N., Jolivet C., Arrouays D., 2010. Le Conservatoire des Sols : la mémoire des sols de France. *Étude et Gestion des Sols*, 17 (3), 263-273.

Terrat S., Dequiedt S., Saby N., Horrigue W., Lelièvre M., Nowak V., Tripied J., Regnier T., Jolivet C., Arrouays D., Wincker P., Cruaud C., Karimi B., Bispo A., Maron P.A., Chemidlin Prévost-Bouré N., Ranjard L., 2017. Mapping and Predictive Variations of Soil Bacterial Richness across French National Territory. *PlosOne* 12(10): e0186766

Cet article est publié sous la licence Creative Commons (CC BY-NC-ND 3.0).



<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/3.0/fr/>

Pour la citation et la reproduction de cet article, mentionner obligatoirement le titre de l'article, le nom de tous les auteurs, la mention de sa publication dans la revue « Innovations Agronomiques », la date de sa publication, et son URL ou DOI).