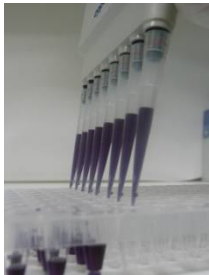
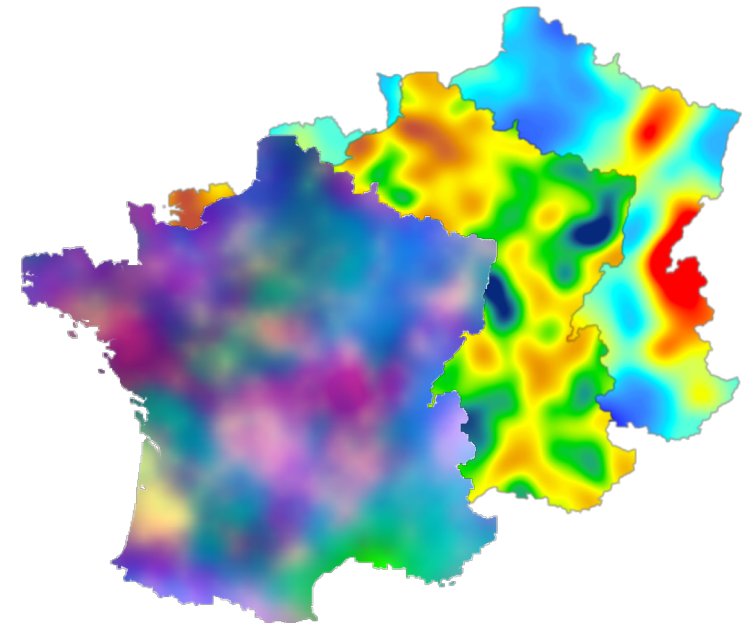
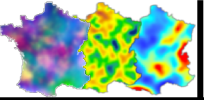


# Biogéographie des microorganismes des sols à l'échelle de la France



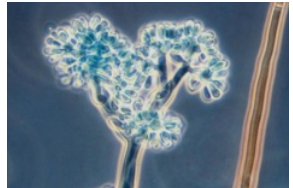


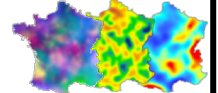
*Terrat Sébastien*  
*UMR 1347 Agroécologie*  
*BIOCOM Team*





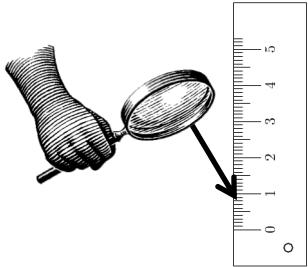
## ◆ Communautés microbiennes : riches et diverses

1 g de sol	<i>Bacteria</i> 	$10^6 - 10^9$ cellules	$10^3 - 10^6$ espèces
	<i>Fungi</i> 	$10^3 - 10^6$ cellules	Variable

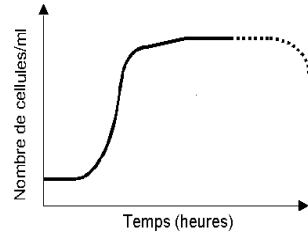


# Microorganismes des sols : acteurs essentiels

## Fortes capacités d'adaptation



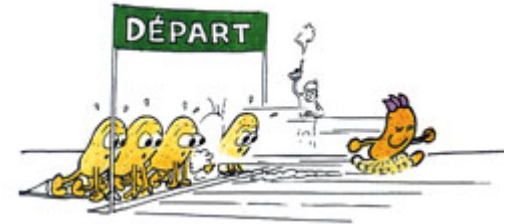
Petite taille



Temps génération court

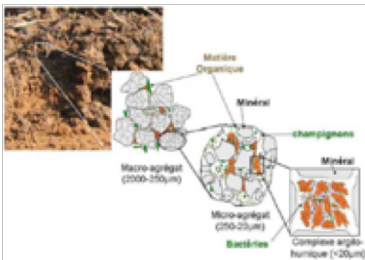


Plasticité génome

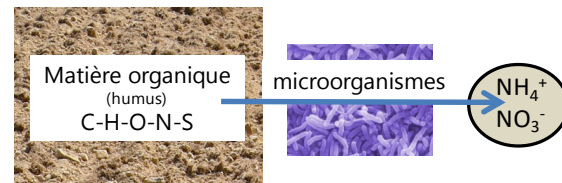


Adaptation aux changements environnementaux

## Fonctions des sols



Structure



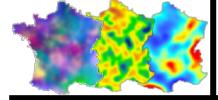
Turnover MO



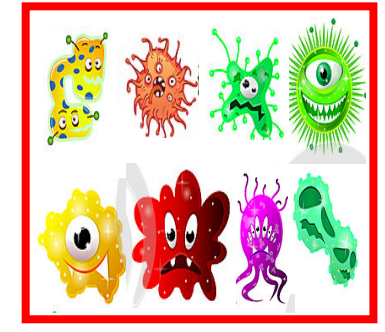
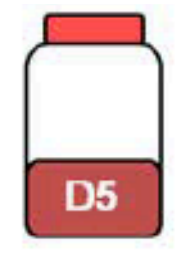
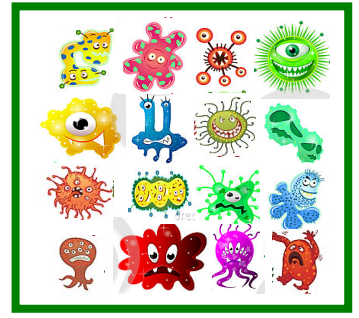
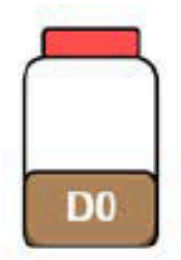
Dépollution



Barrière aux pathogènes



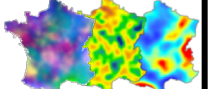
# Structure et stabilité des sols en lien avec la diversité



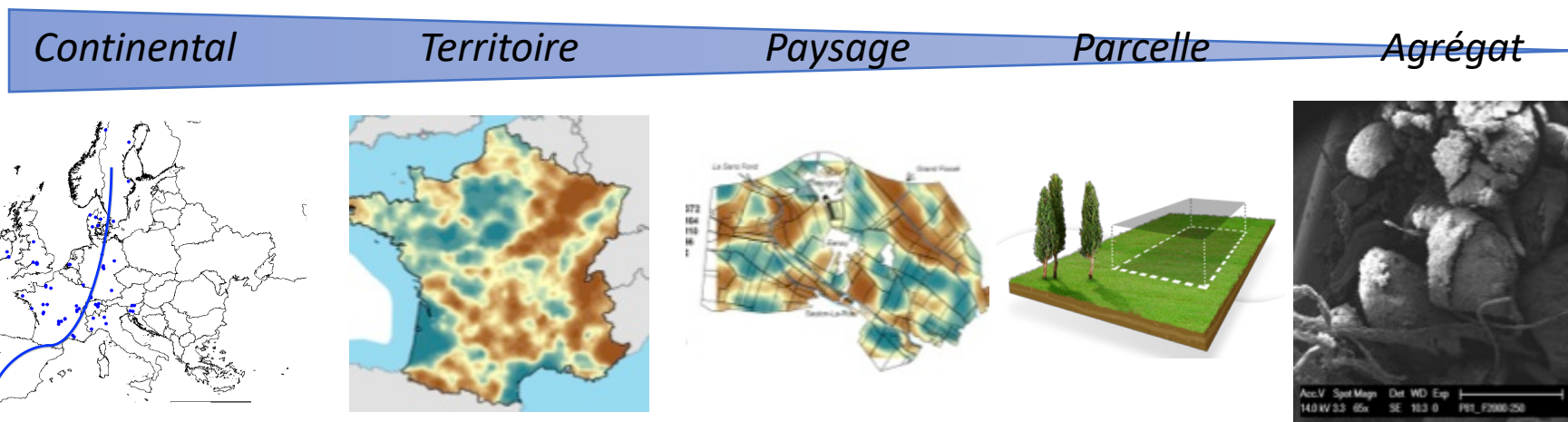
## Slake-test





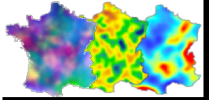


◆ Etudes basées sur les variations de la diversité microbiennes des sols à différentes échelles spatiales



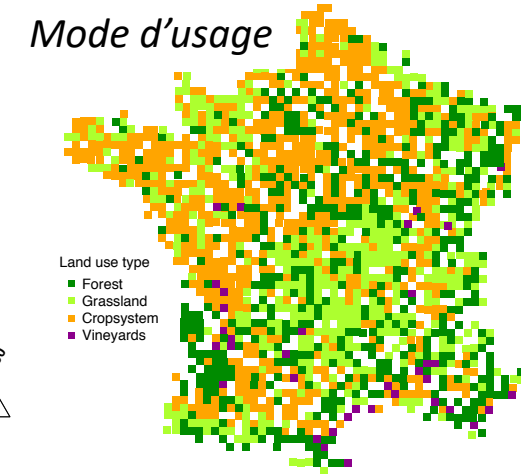
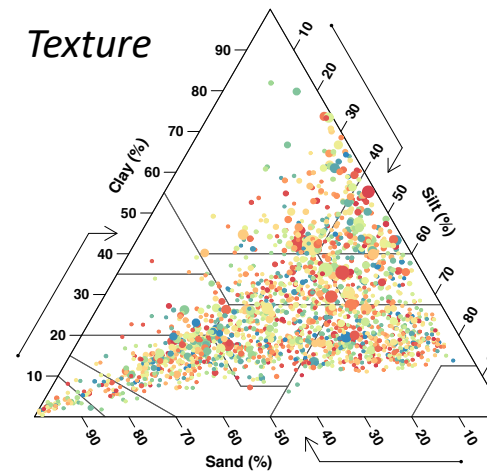
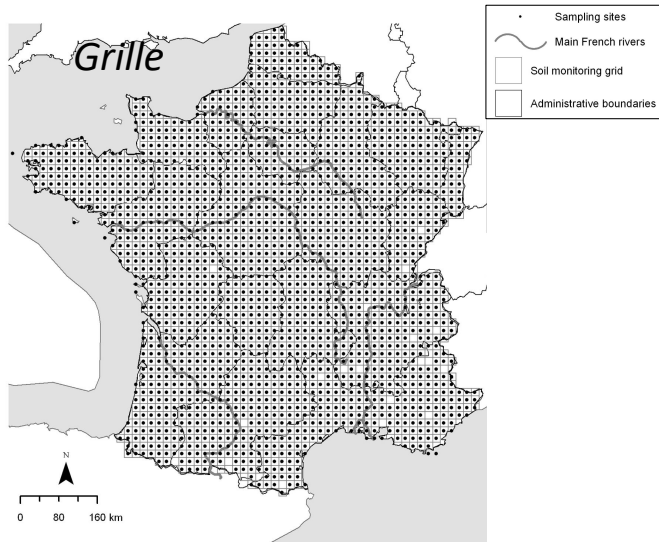
## Problèmes :

Discrimination des communautés **augmentée** par les écosystèmes étudiés  
Peu d'études sans **a priori** et **basées sur les taxons**



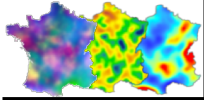
# RMQS : Réseau de Mesures de la Qualité des Sols

◆ Echantillonnage : 16 km x 16 km sur territoire de la France ⇒ **2,200 sites**

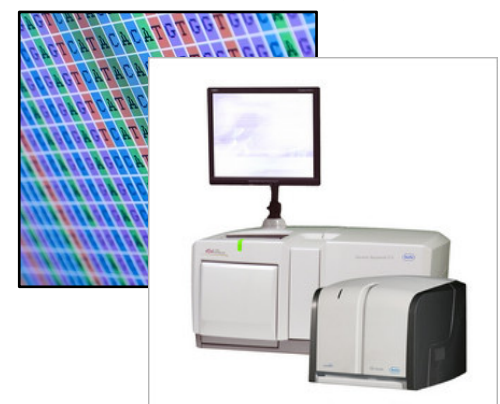
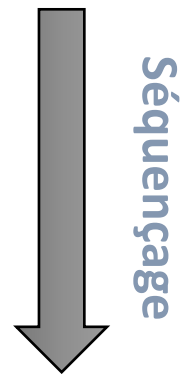
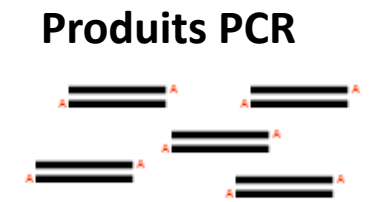
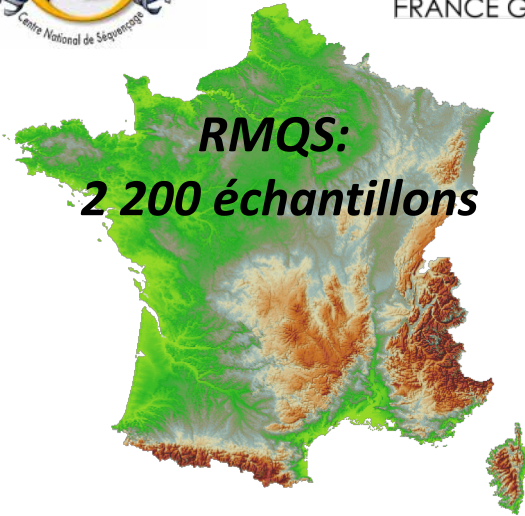


Forte variabilité des modes d'usage et des caractéristiques

Cartographie de la **qualité des sols seulement basée** sur les paramètres physico-chimiques

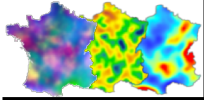


# Le projet MetaTAXOMIC-RMQS

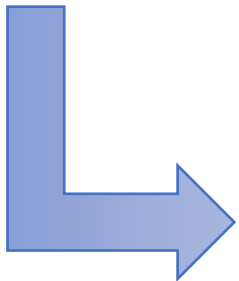
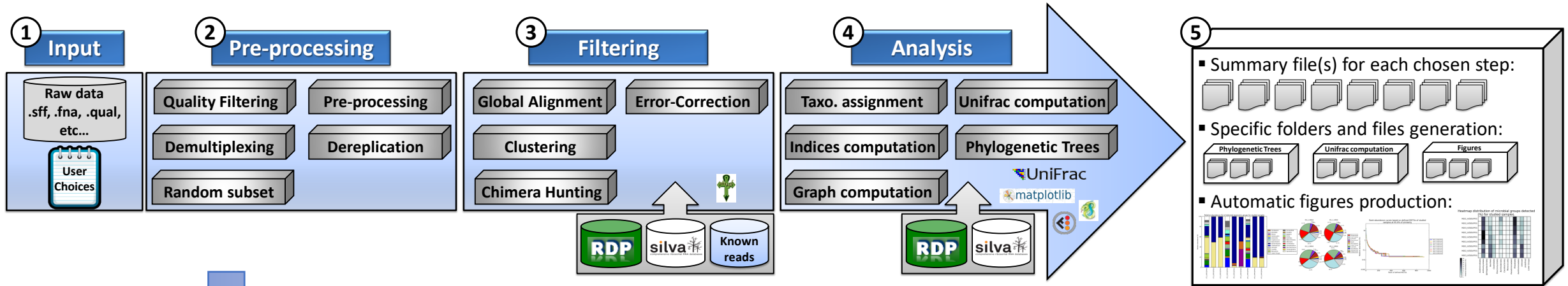


Environ 75 Millions de lectures





## GnS-PIPE

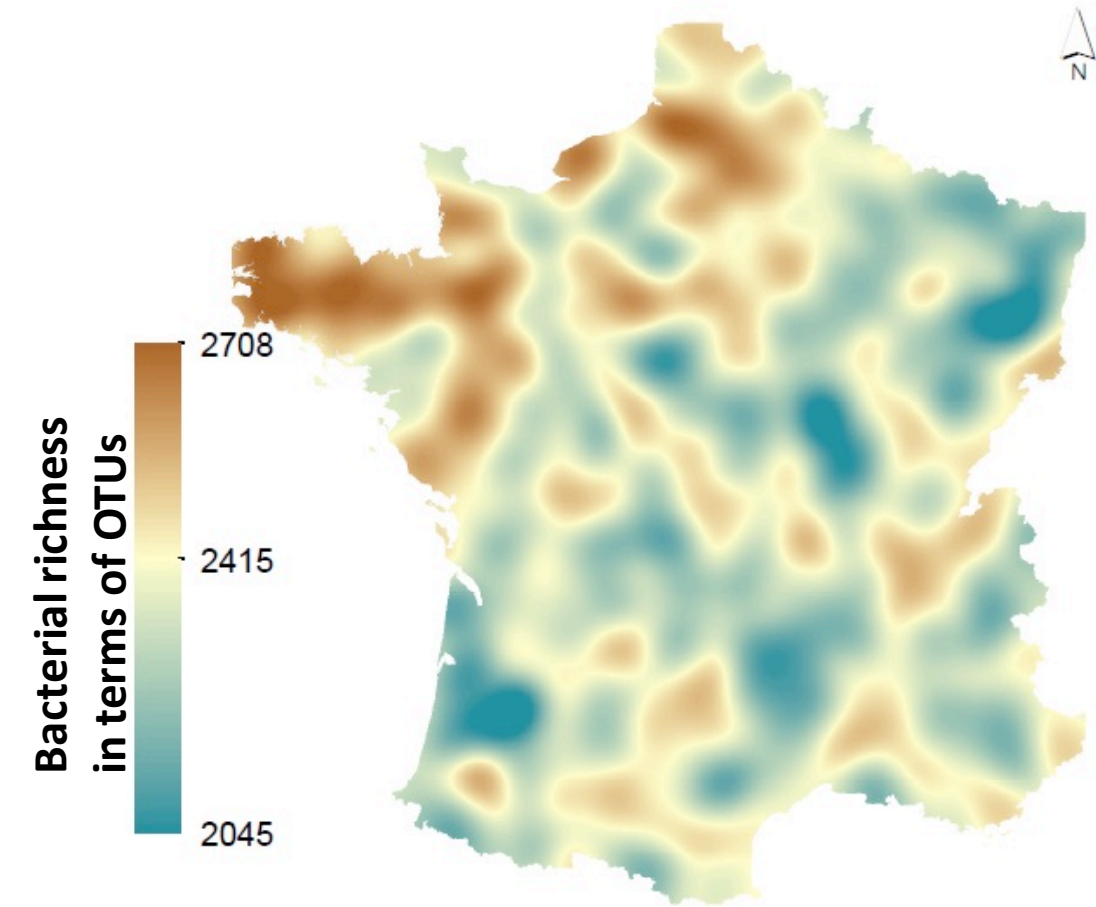


**Temps de calcul : 2 088 heures (24 coeurs).  
 Obtention de 33 788 879 lectures propres pour  
 1 842 sols.**



**Clustering: 188 030 OTUs (95% de similarité)**

# Richesse bactérienne sols



pH	++
Sand	+
C/N	--
Clay	--

pH, Texture et C:N, principaux filtres



Distribution hétérogène et non-aléatoire

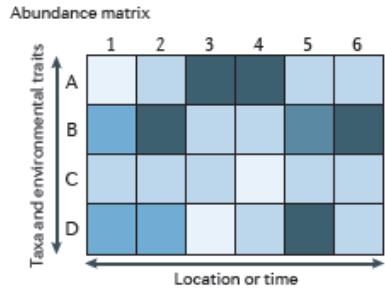
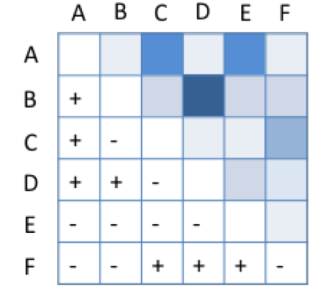
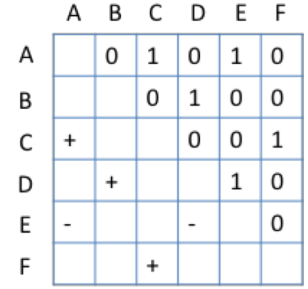


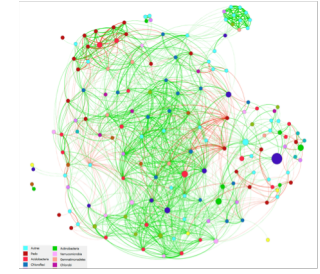
Table de contingence :  
abondance des *taxa* dans les sites



Matrice de similarité  
entre *taxa*



Matrice de liens  
- présence/absence  
- direction  
- force



Représentation réseaux  
Calcul métriques

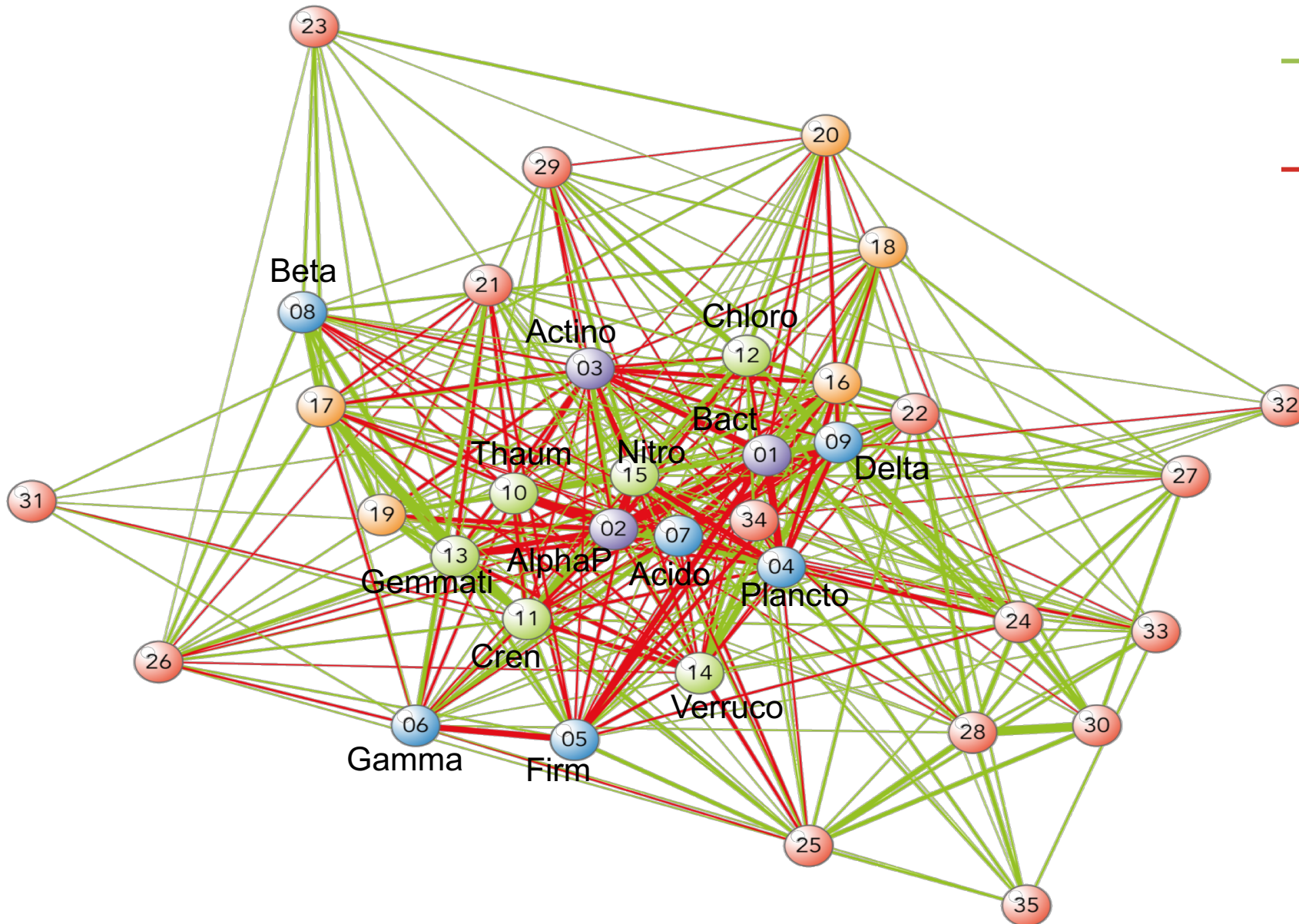


R (Sna; statnet), Gephi, Cytoscape



### Éliminer liens artefactuels ?

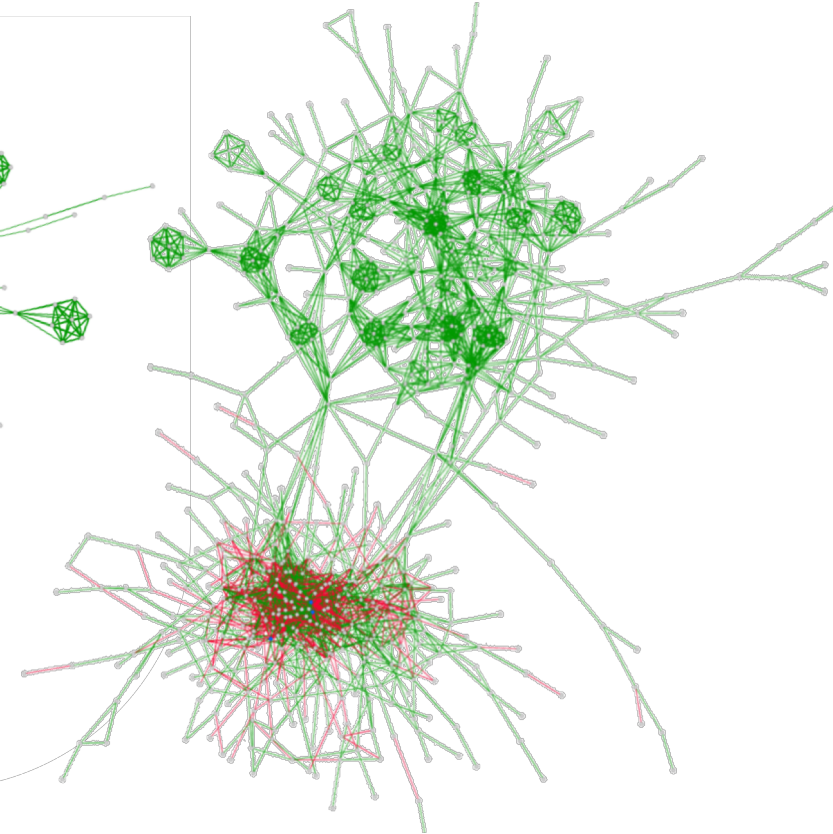
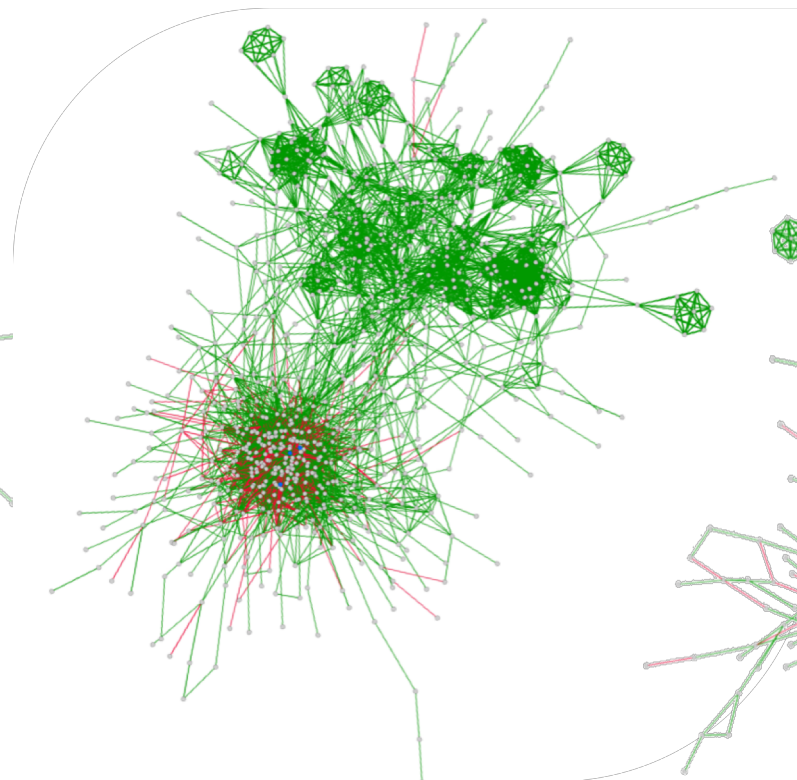
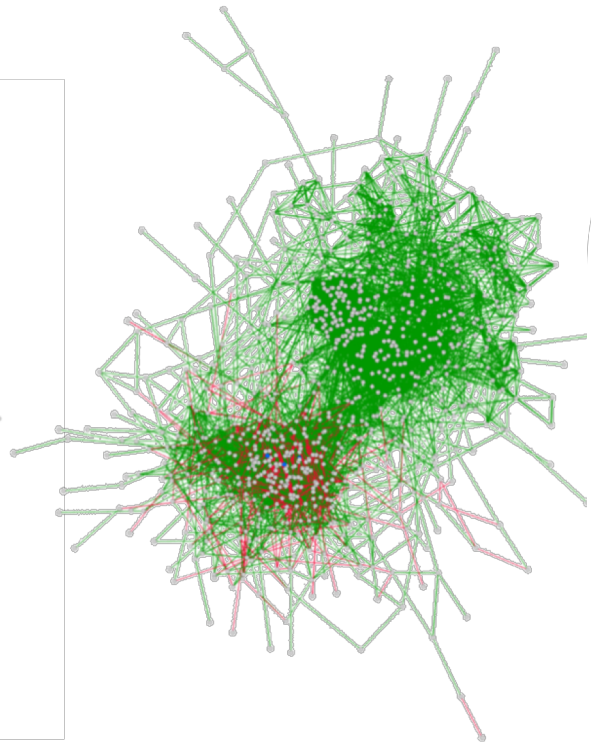
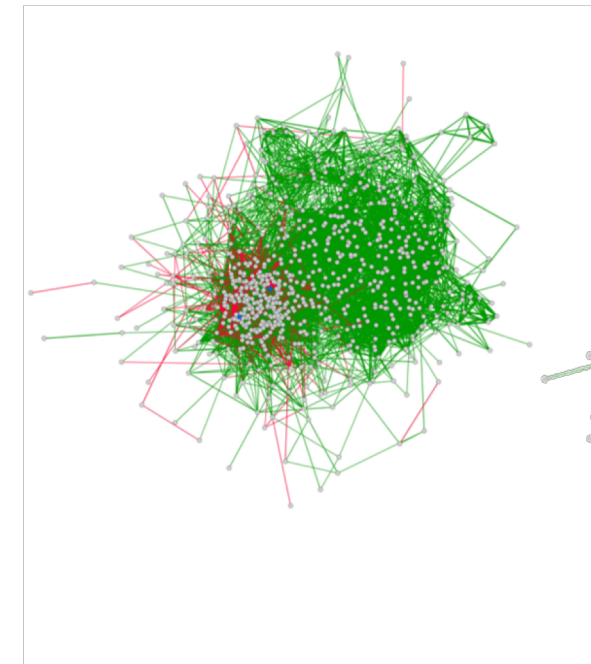
- Comparaisons modèles nuls
  - Reproductibilité entre différentes métriques
- Pearson, Spearman, CoNet, SparCC, SPIEC-EASI, PNL ...

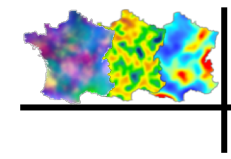


- Interactions positives (p.ex. coopération)
- Interactions négatives (p.ex. antagonisme)



# Bactériologie : impact du mode d'usage



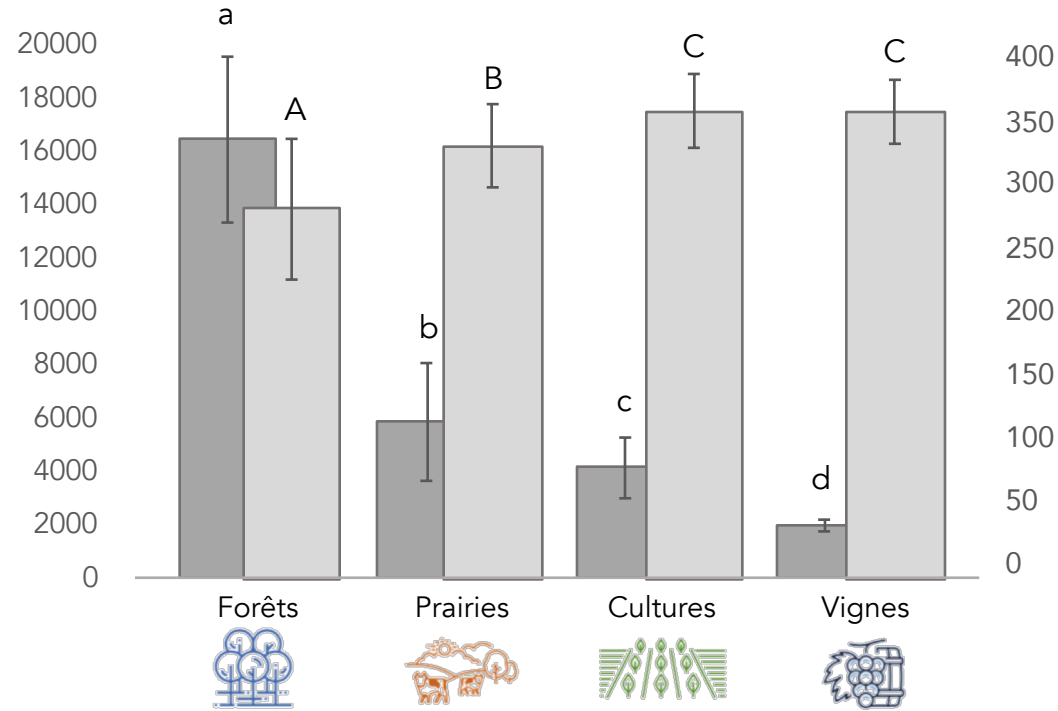


# Bactériociologie : impact du mode d'usage



Nombre de liens

Richesse en genres



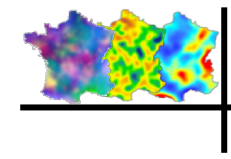
Complexité du réseau

+26%

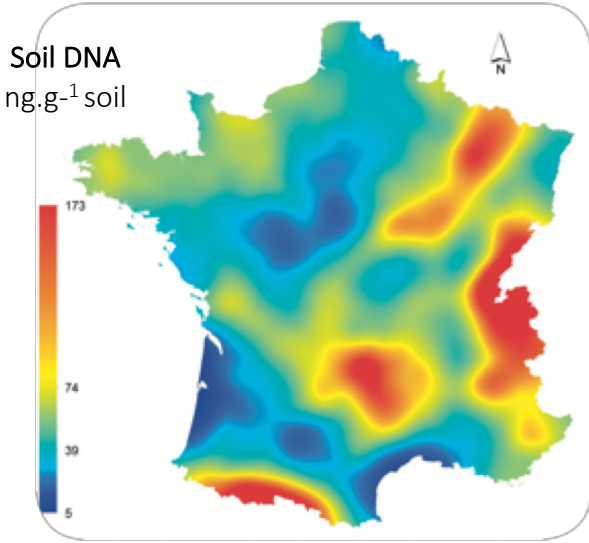
Diversité taxonomique

-87%





# Modèle prédictif de la biomasse moléculaire microbienne



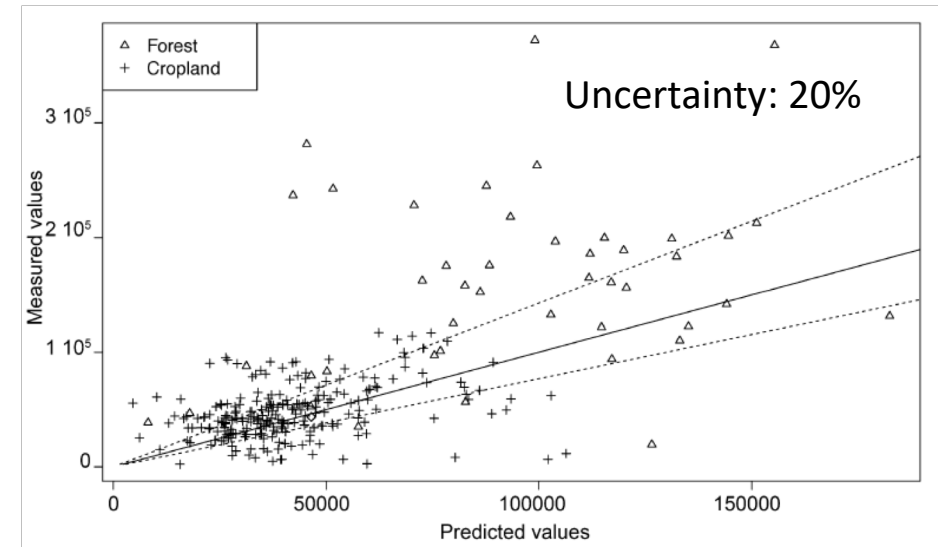
## Modèle polynomial degré 3

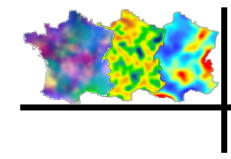


$R^2_{adj} = 0.6738$  - BIC = -1788

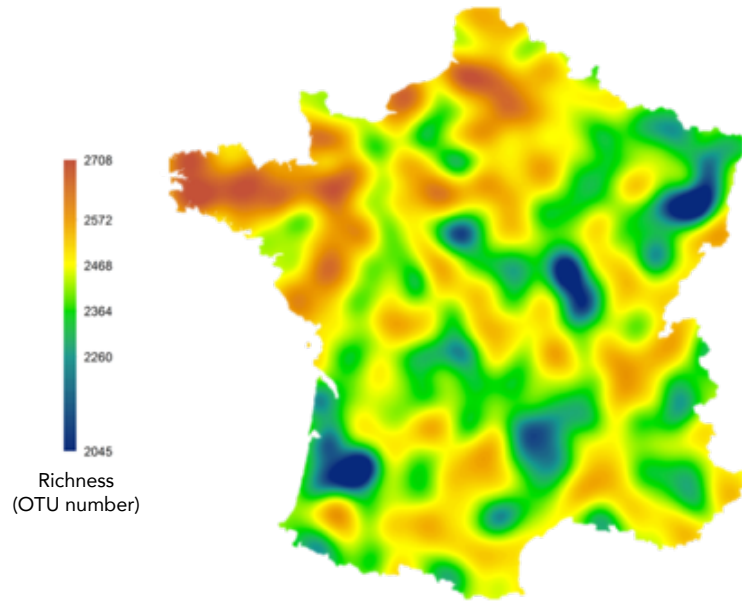
$$\begin{aligned}
 Y = & \beta_0 + \sum_{i=1}^4 \beta_i X_i + \sum_{i=1}^4 \beta_{ii} X_i^2 + \sum_{i=1}^4 \beta_{iii} X_i^3 + \sum_{i=1}^2 \sum_{j=i+1}^3 \sum_{k=i+1}^4 \beta_{ijk} X_j^i X_k \\
 & + \sum_{i=1}^3 \sum_{j=i+1}^4 \beta_{ij} X_i X_j^2 + \sum_{i=1}^3 \sum_{j=i+1}^4 \sum_{k=i+j}^4 \beta_{ijj} X_i X_j X_k + \varepsilon
 \end{aligned}
 \tag{1}$$

## Validation jeu données externe

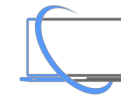




# Modèle prédictif de la Richesse Bactérienne des sols (OTUs)



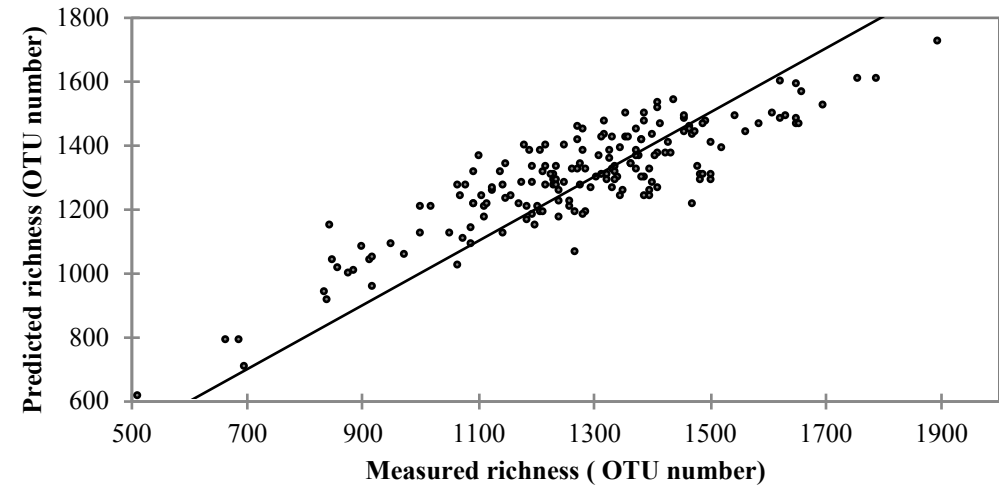
## Modèle polynomial degré 4



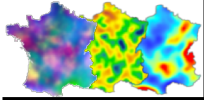
$R^2_{adj} = 0.58$  - BIC = -700

$$Richness = 1044 + 3.305 * pH^4 - 0.0457 * Clay^2 + 0.0597 + 0.00298 * Clay^2 * C$$
$$: N - 1.54 * 10^{-6} * Clay^3 * C : N + 2.336 * 10^{-5} * (C : N)^2 * X.$$

## Validation externe



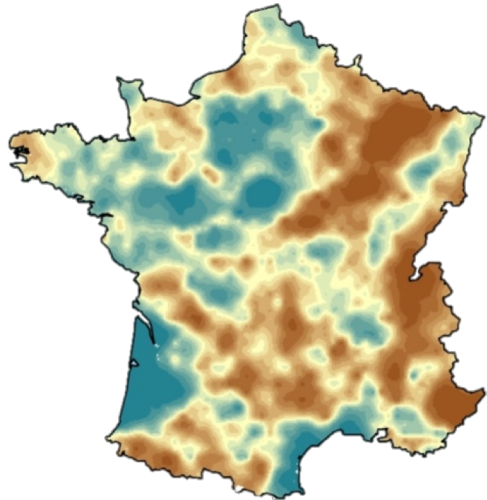




# Vers des Indicateurs Nationaux de la qualité des sols



## Biomasse Moléculaire Microbienne



« Indicateur National Sols »

*Dequiedt et al., 2011*

## RMQS

Forte influence des paramètres des sols  
Faible influence du climat  
Impact notable du mode d'usage



Modèles Prédicatifs statistiques :

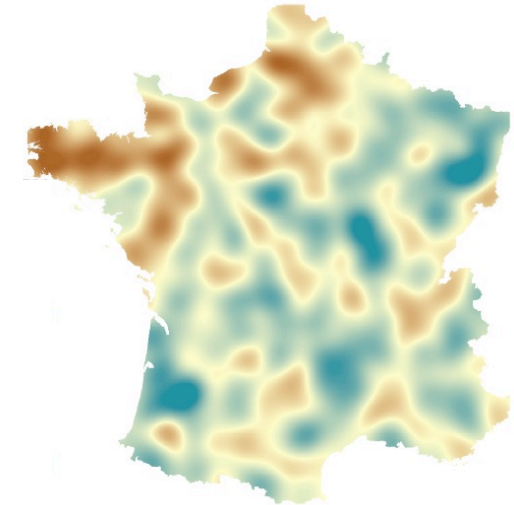
$$Y = \beta_0 + \sum (\beta_j X_j + \beta_j X_j^2) + \sum \sum \beta_{jk} X_j X_k + \epsilon$$

Valeur de référence écologique pour un type de sol  
**Diagnostic de l'état biologique du sol**

*Horrigue et al., 2016*

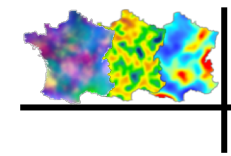
*Terrat et al., 2017*

## Diversité bactérienne

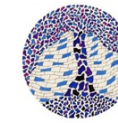


« Indicateur National Sols »

*Ranjard et al., 2013*



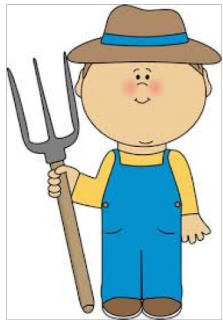
# Exemple d'application : le projet AgrInnov



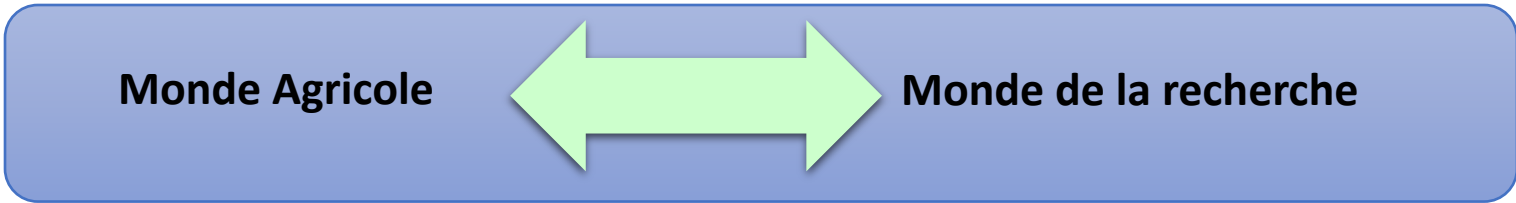
OFSV  
Observatoire Français des Sols Vivants



Agroécologie  
Dijon  
Unité de Recherche



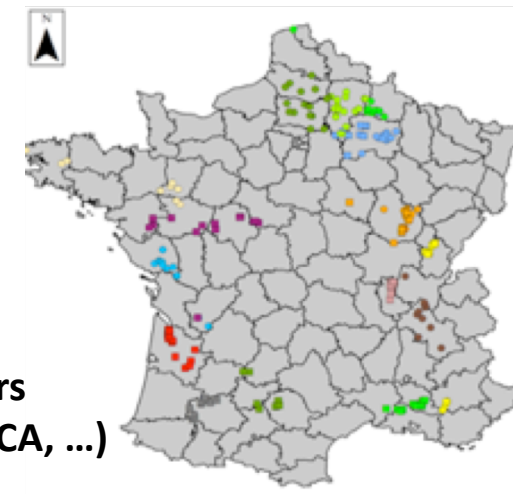
CASDAR (2011-2015)

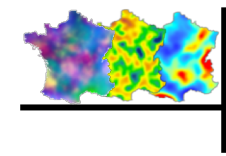


Valider des outils **opérationnels de type bioindicateurs**  
pour équiper les agriculteurs afin qu'ils puissent évaluer

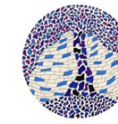
**l'impact de leurs pratiques** sur la  
biologie de leur sol

Mise en place un **Réseau** d'agriculteurs  
(250 fermes, 300 agriculteurs, technicien CA, ...)





# Exemple d'application : le projet AgrInnov, bilan



OFSV  
Observatoire Français des Sols Vivants

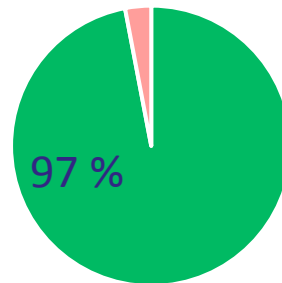


Agroécologie  
Dijon  
Unité de Recherche

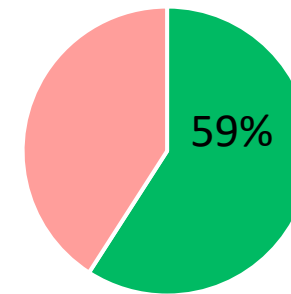
97% !



Intégration de la biologie du sol  
dans leur questionnaire



Changement dans les  
pratiques



Qu'avez-vous modifié dans vos pratiques ?

La gestion des couverts  
végétaux

(56 %)



Les techniques de  
travail du sol

(28 %)



La réduction d'intrants

(23 %)



La rotation des cultures

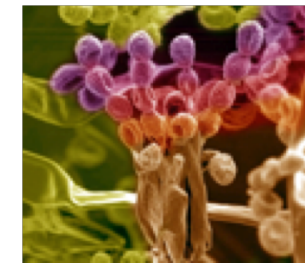
(13 %)

Diffuser nos travaux à un public plus large à travers la rédaction d'un Atlas : [ATLAS FRANCAIS DES BACTERIES DU SOL](#)

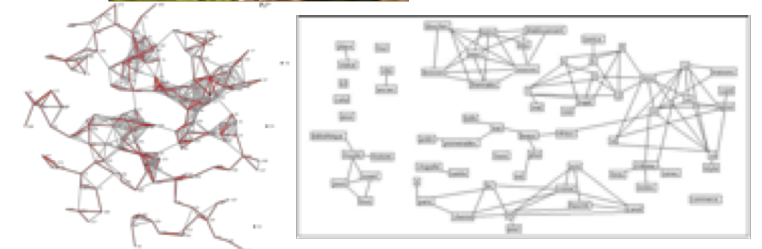


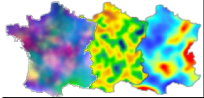
Prendre en compte une autre part de la diversité des sols :

[La diversité fongique \(en cours\)](#)



Analyse de réseaux de co-occurrence : [Relations](#) (synergie, antagonisme) à différentes échelles de temps et d'espace.





# L'équipe BIOCUM



**Samuel  
Dequiedt**



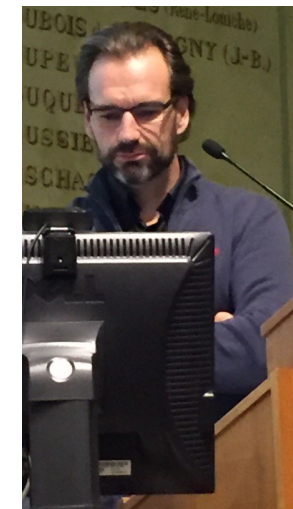
**Virginie Nowak**



**Mélanie  
Lelievre**



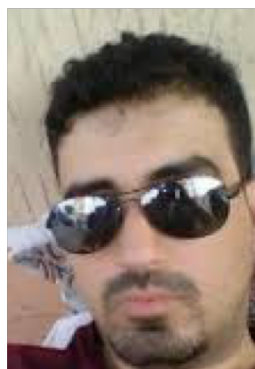
**Nicolas  
Chemidlin PB**



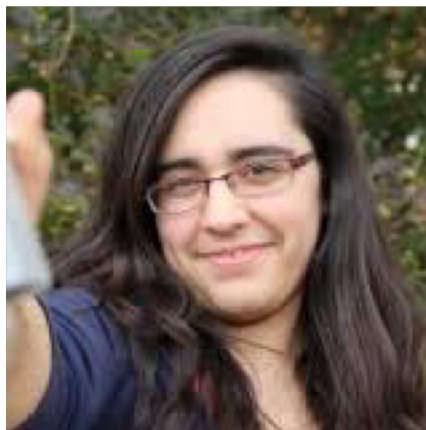
**Lionel Ranjard**



**Fabien  
Morin**



**Walid Horrigue**



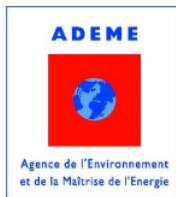
**Battle Karimi**



**Christophe Djemiel**



**Pierre-Alain Maron**



***Merci pour votre attention***

