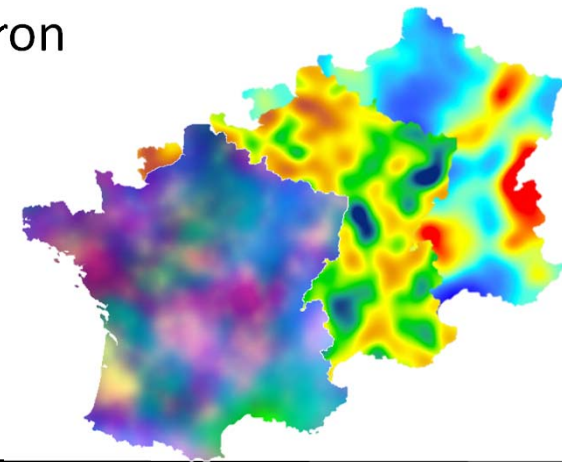


Lien entre la diversité microbienne caractérisée par métagénomique *sans a priori* et turnover des matières organiques dans les sols agricoles

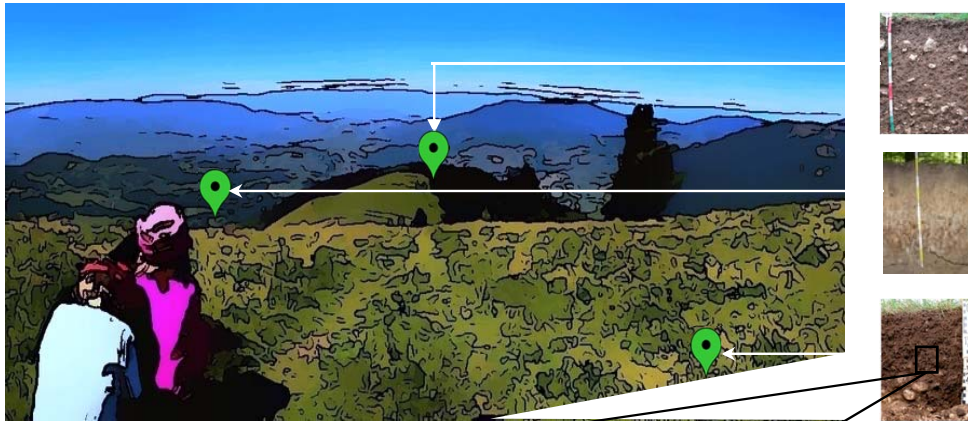
Sébastien Terrat, Alphonse Birane Thiaw, Olivier Rué, Valentin Loux,
Samuel Dequiedt, Aurélien Cottin, Pierre-Alain Maron

UMR 1347 Agroécologie – Plateforme Migale

Dijon, France



Ecosystèmes sols: diversité microbienne importante



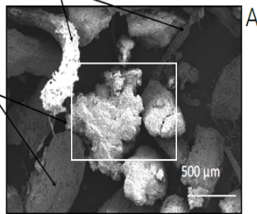
10^9 bactéries - 10^6 espèces



1g de sol

10^6 champignons – 10^3 to 10^4 espèces

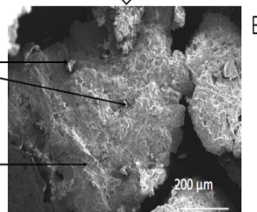
Fragment organique



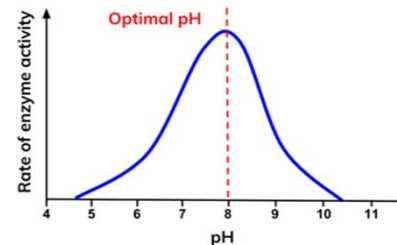
Macro-agrégat

Micro-agrégat

Macro-agrégat

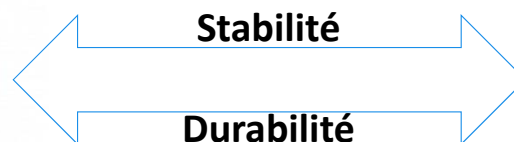


Niches écologiques



Forte diversité et abondance

Sols : support de nombreux services écosystémiques



Pression sur les sols



➔ **Nécessité d'une meilleure compréhension de l'écologie microbienne des sols (distribution, régulation, fonctions)**

Impact du mode d'usage des sols



Impact mode d'usage sols

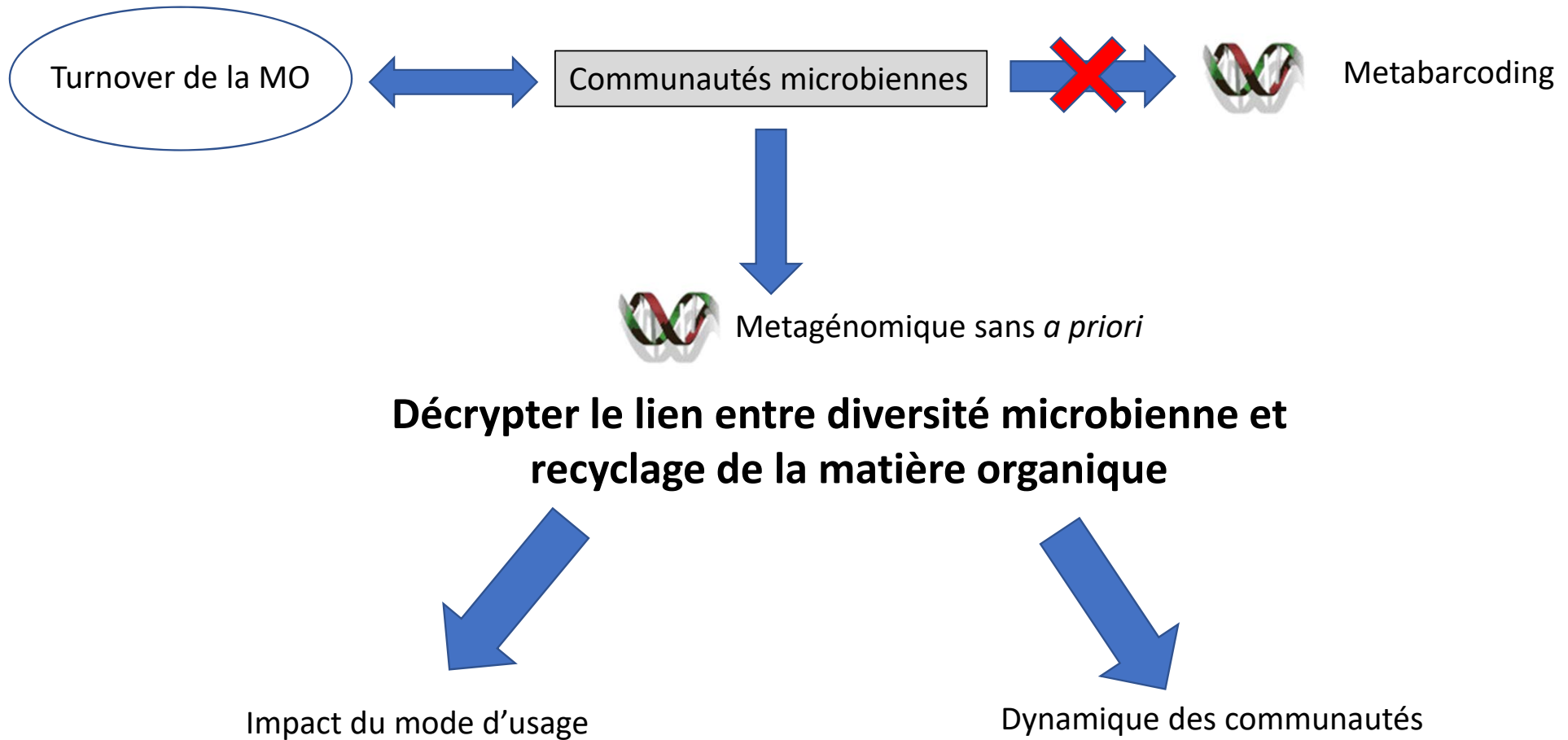
- Communautés microbiennes sensibles à différentes modifications (biomasse, densité, etc.)
- Modification des fonctions des sols

- Altération biomasse microbienne
- Impact sur la structure des communautés microbiennes
- Quelle influence sur la fonctionnalité ?

Objectifs

Mieux comprendre la diversité fonctionnelle des communautés microbiennes impliquées dans la dégradation de la matière organique (MO) en lien avec les pratiques agricoles

Objectifs



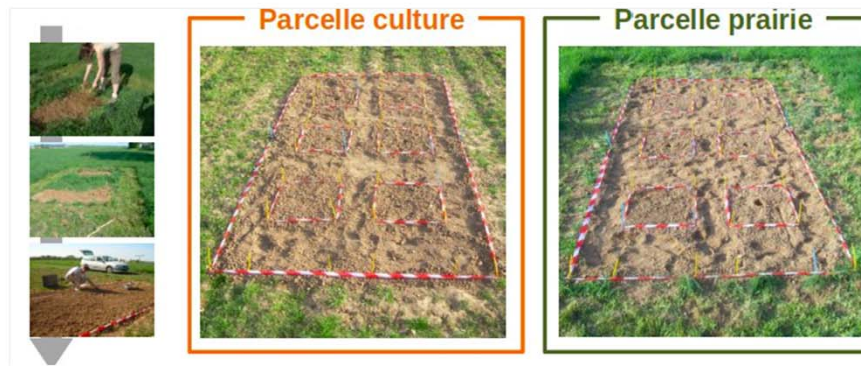
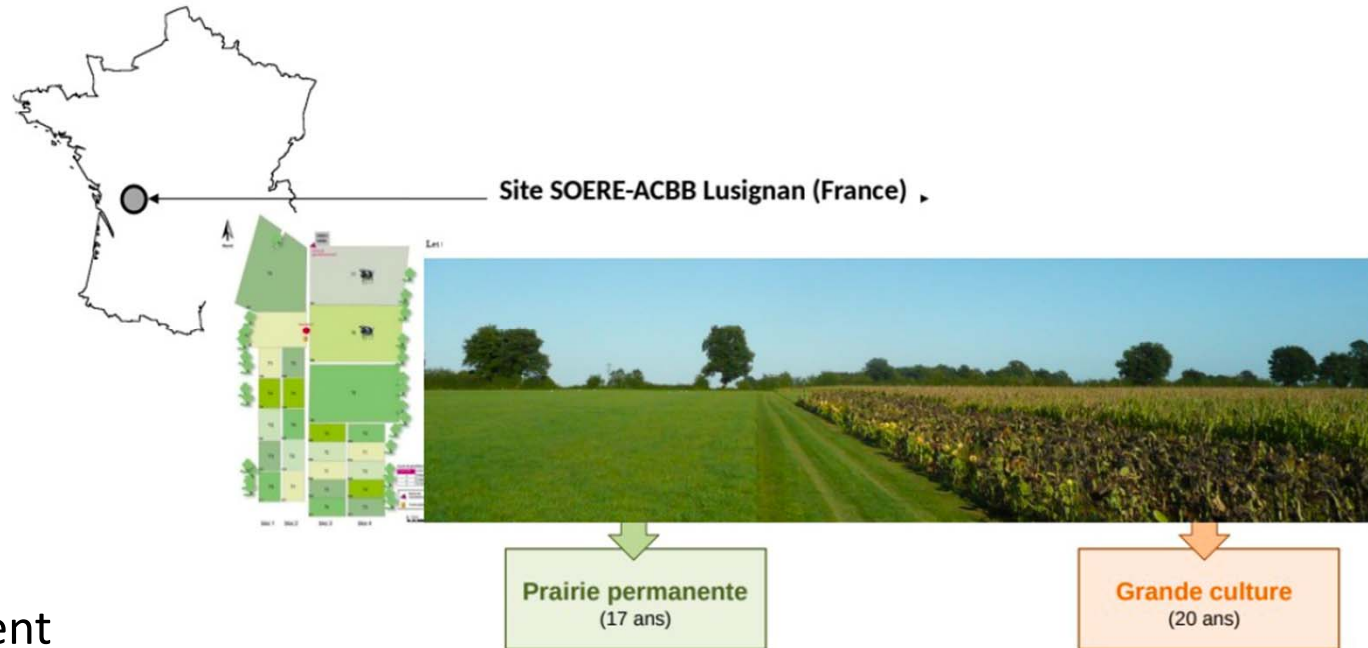
Plan expérimental

Site expérimental : LUSIGNAN

Deux modes d'usage : Culture, Prairie

Deux conditions : Contrôle, Amendement

Triplicat biologiques



2 parcelles □ 6 placettes :
(3 contrôles + 3 amendés)

Texture du sol : Prairie = Culture

Propriétés chimiques du sol :

(pH, carbone organique, ratio C/N)

Prairie ≠ Culture

Plan expérimental

Suivi

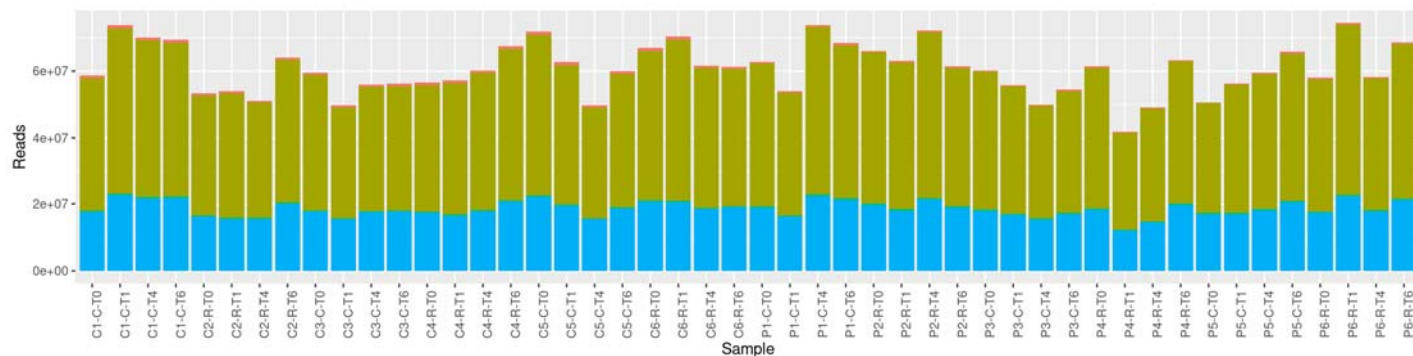


Prélèvements

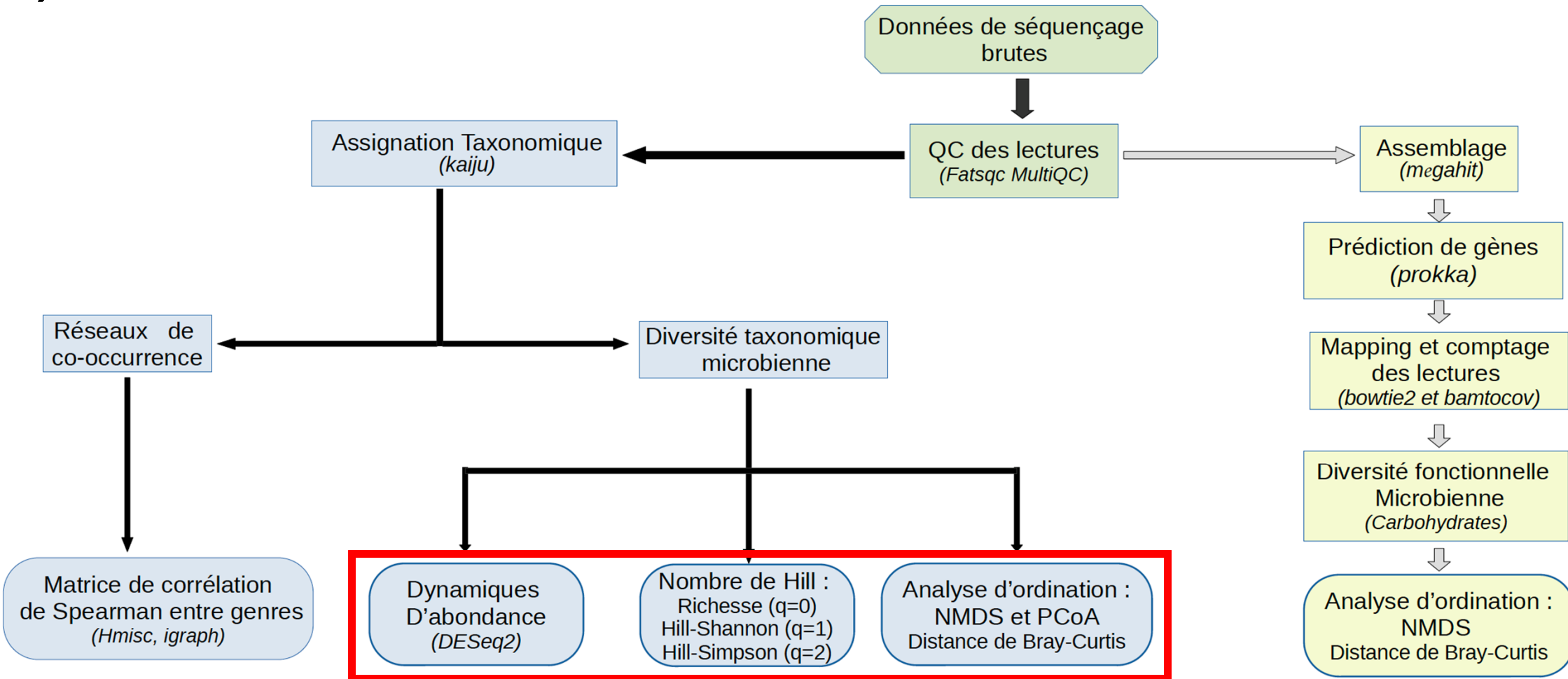


TOTAL : 48 échantillons.

Séquençage : Shotgun 2x150pb (NovaSeq 6000 – Illumina) => 2 911 335 560 lectures

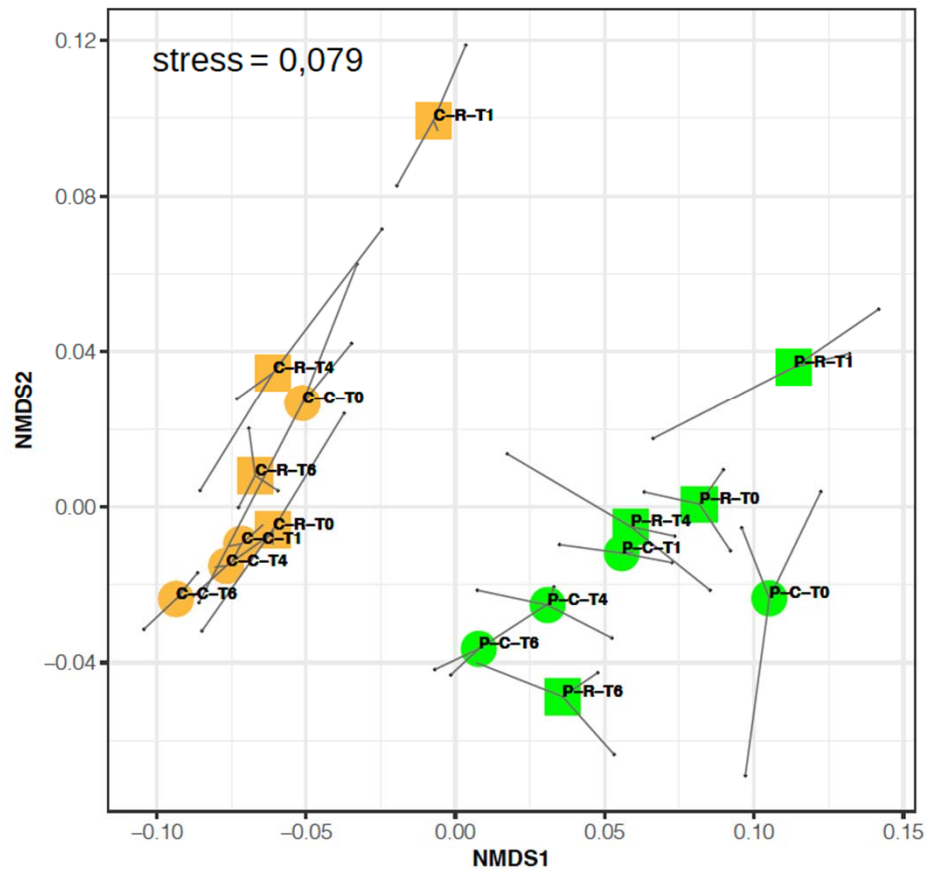


Analyses bioinformatiques : workflow

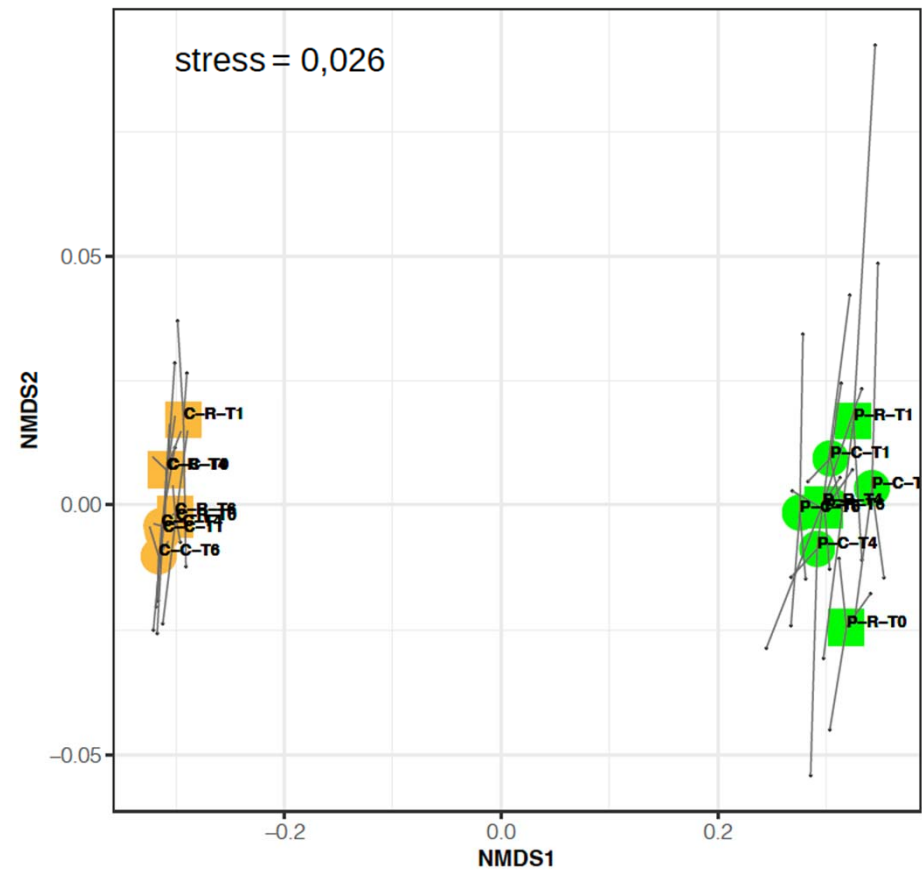


Résultats (influence mode d'usage)

Diversité taxonomique



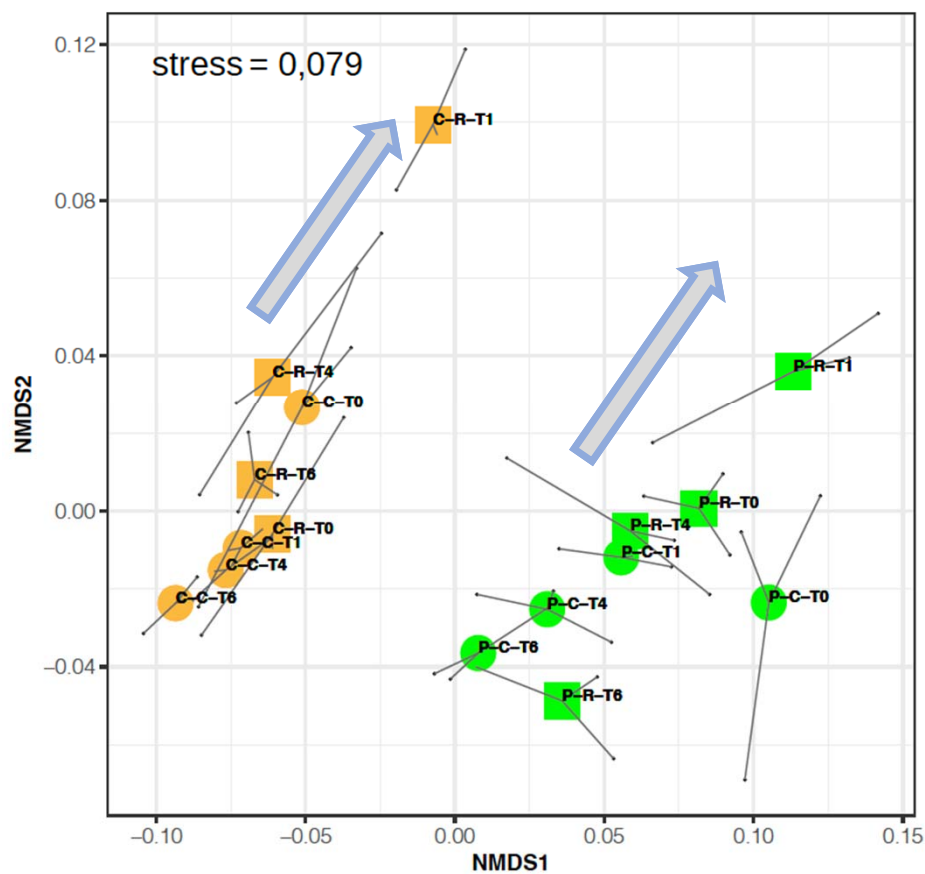
Diversité fonctionnelle (carbohydrates)



➤ Impact de l'historique culturel sur la structuration des communautés (taxonomique ou fonctionnel)

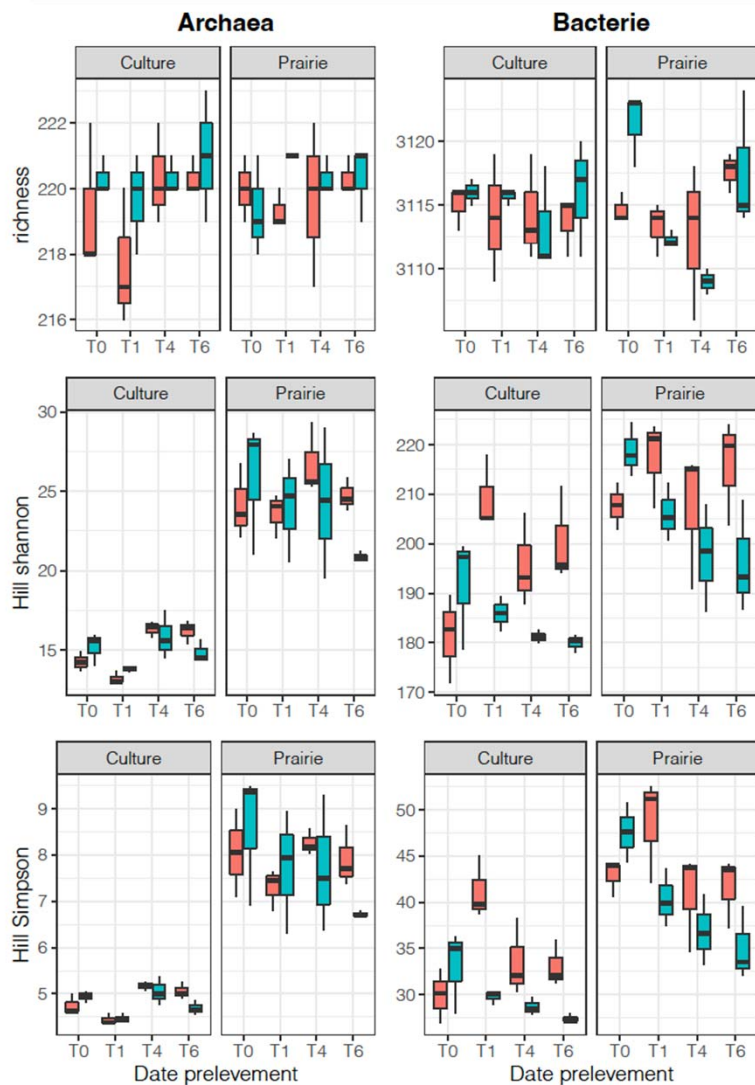
Résultats (dynamique communautés)

Diversité taxonomique



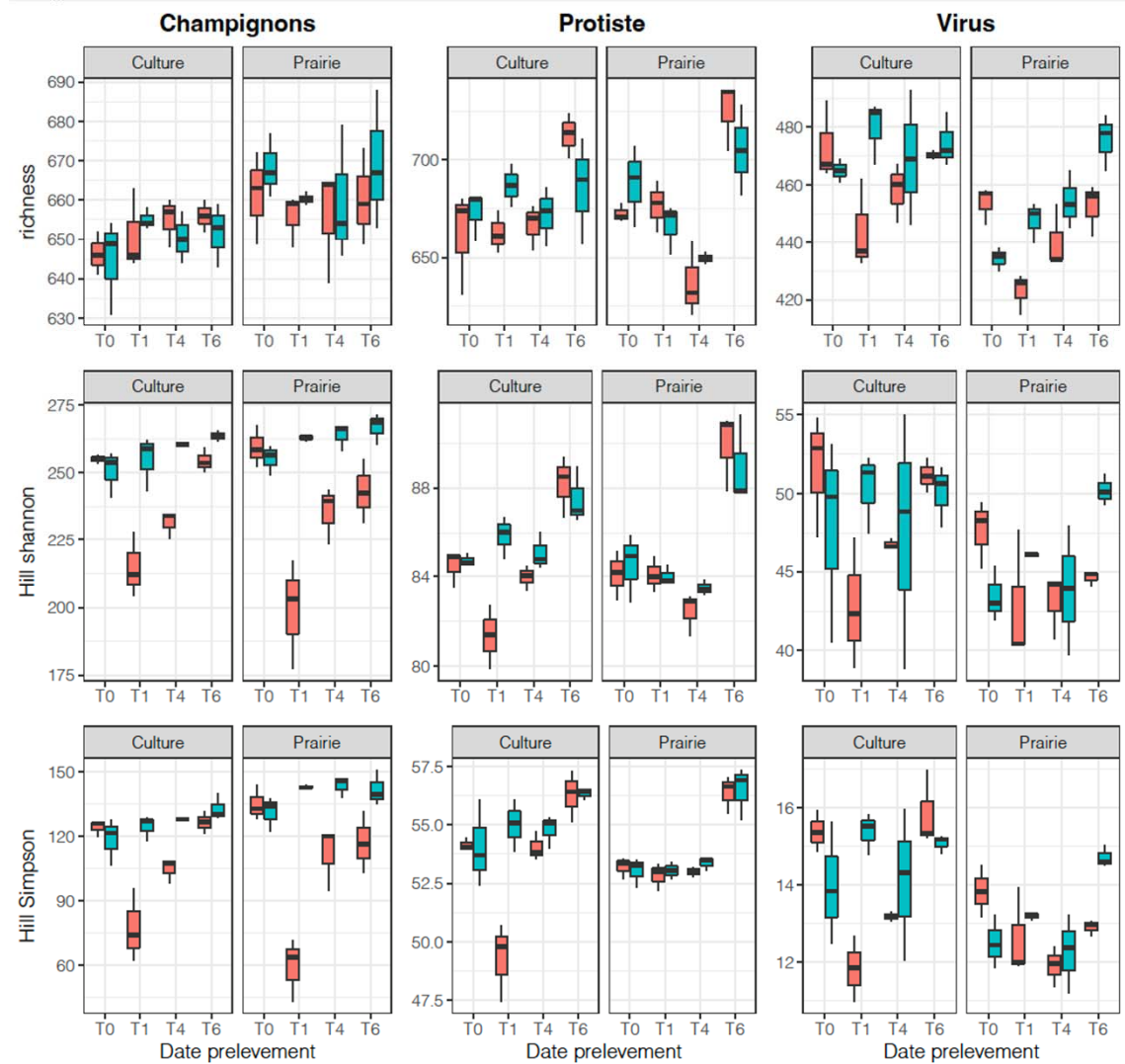
➤ Résultats comparables à l'étude précédente par metabarcoding (Tardy et al., 2015)

Résultats (dynamique communautés)

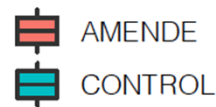


- Peu de variabilité de la richesse mesurée
- Impact de l'apport de résidus de blé sur les indices de Shannon et de 1/Simpson (bactéries)
- Variations au cours du temps des contrôles (influence paramètres climatiques, humidité, etc).

Résultats (dynamique communautés)



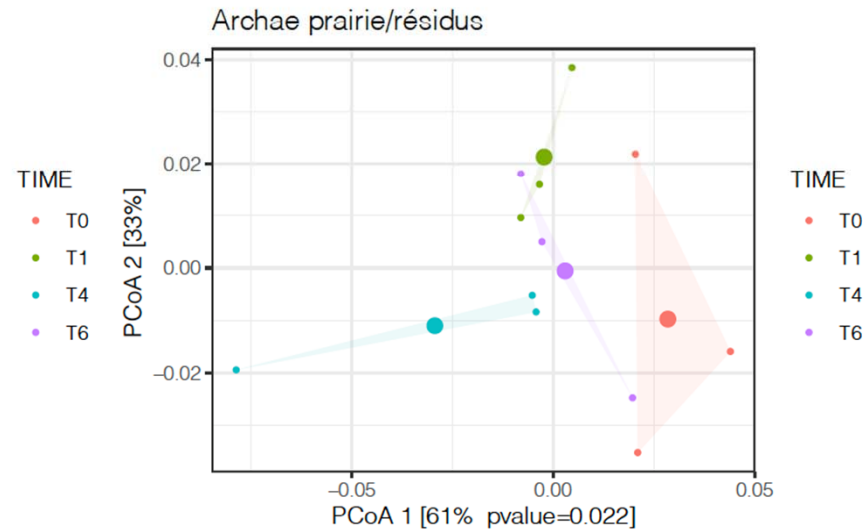
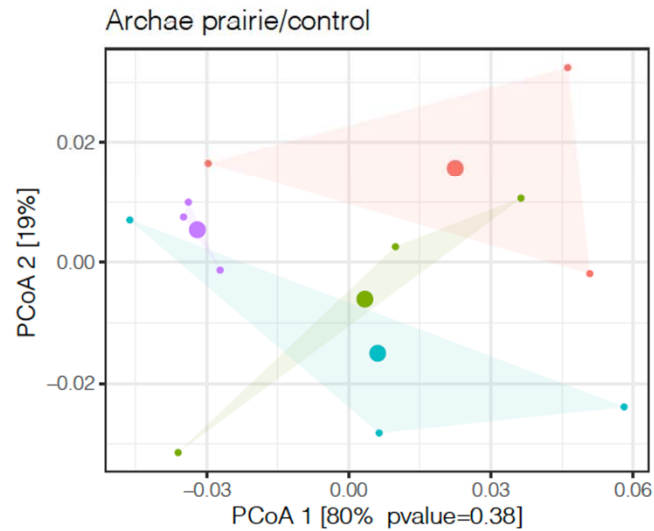
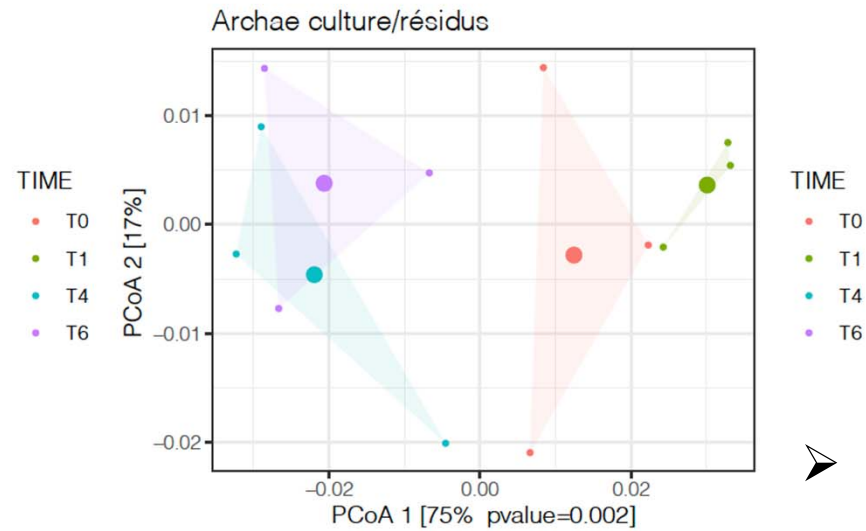
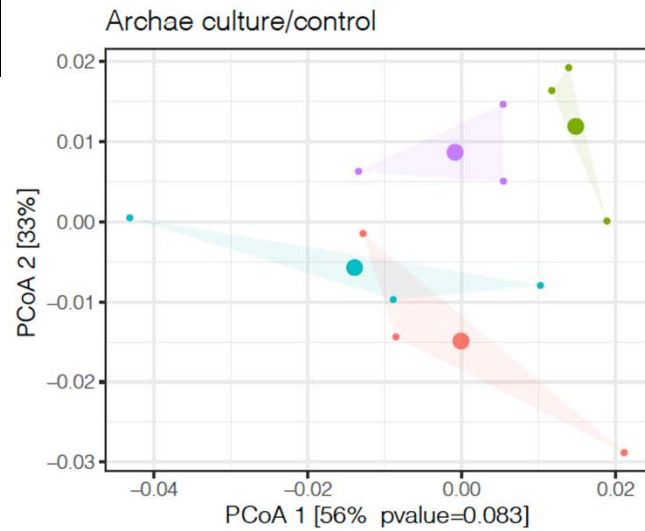
➤ Forte variabilité des champignons, protistes et virus, notamment au temps T1 (tous les indices).



Résultats (structuration communautés)

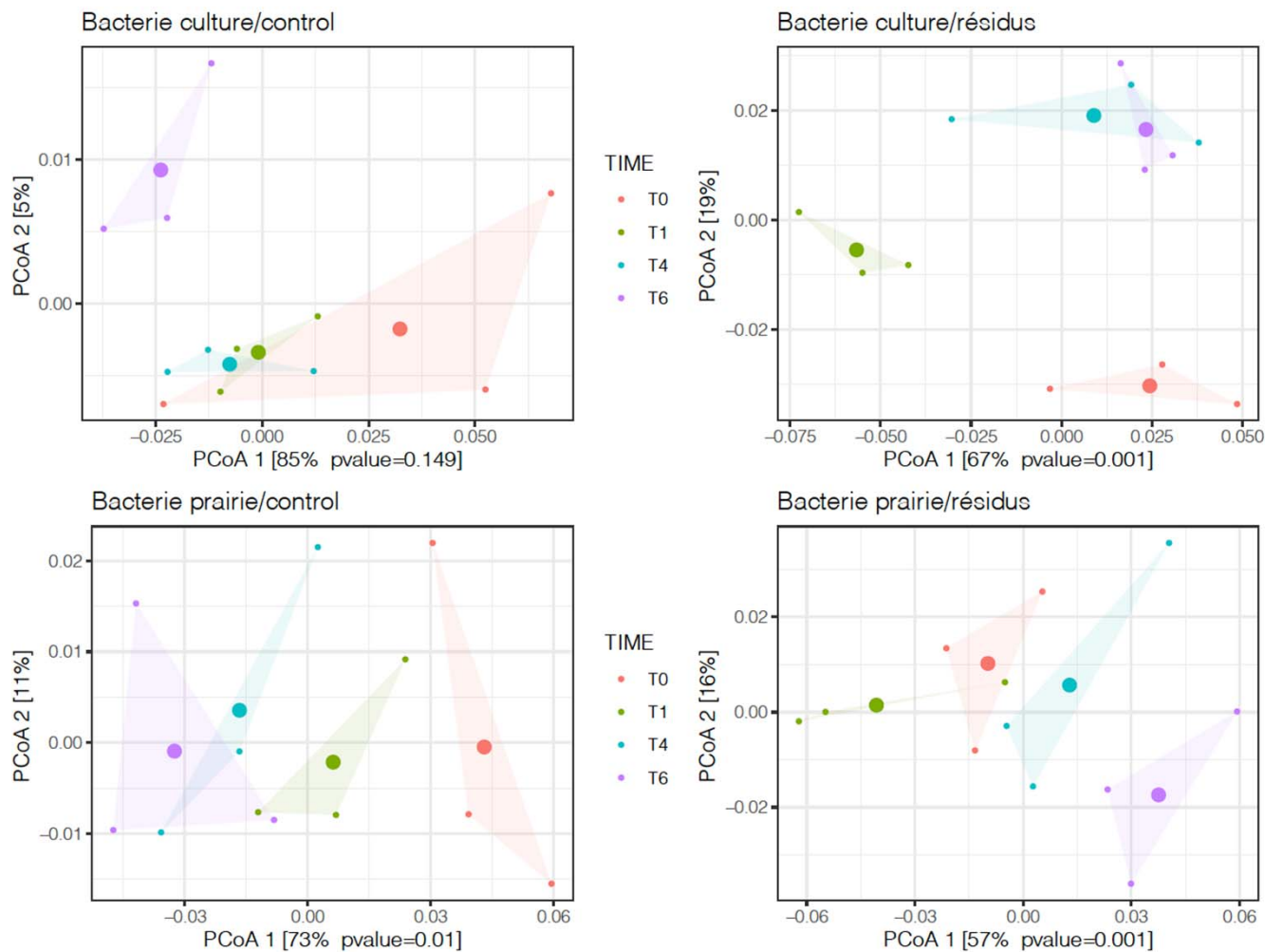
- PCoA sur chaque sous ensembles de données (culture/contrôle, culture/résidus, prairie/contrôle, prairie/résidus) de chaque groupe taxonomique (Archaea, Bactérie, Champignons, Protiste et Virus)
- Mettre en évidence la structuration de chaque groupe de communauté dans le temps (PERMANOVA).

Résultats (structuration communautés)



➤ Pas d'impact de l'apport de résidus sur les Archaea.

Résultats (structuration communautés)



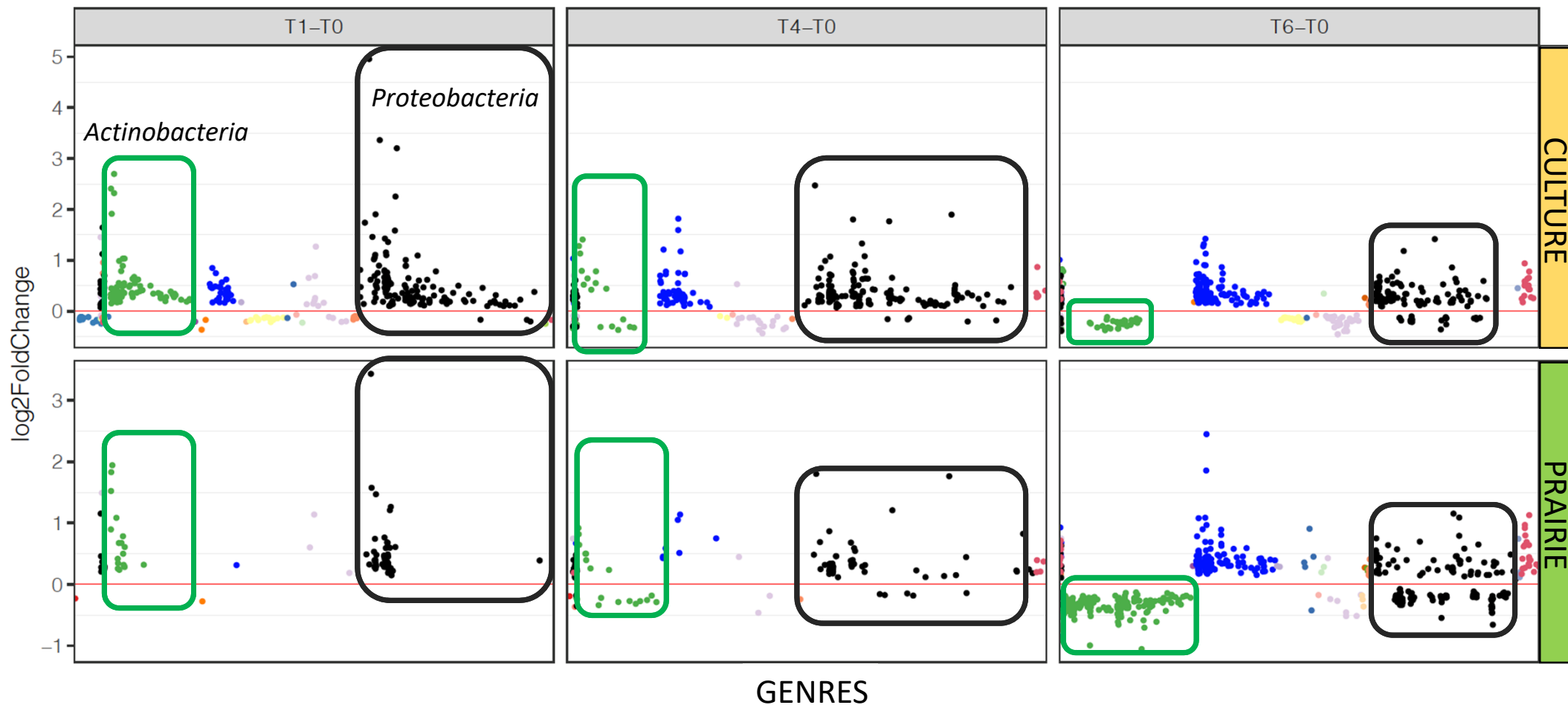
➤ Impact du mode d'usage sur la dynamique des communautés bactériennes

➤ Autres groupes impactés par l'apport

Résultats (structuration communautés)

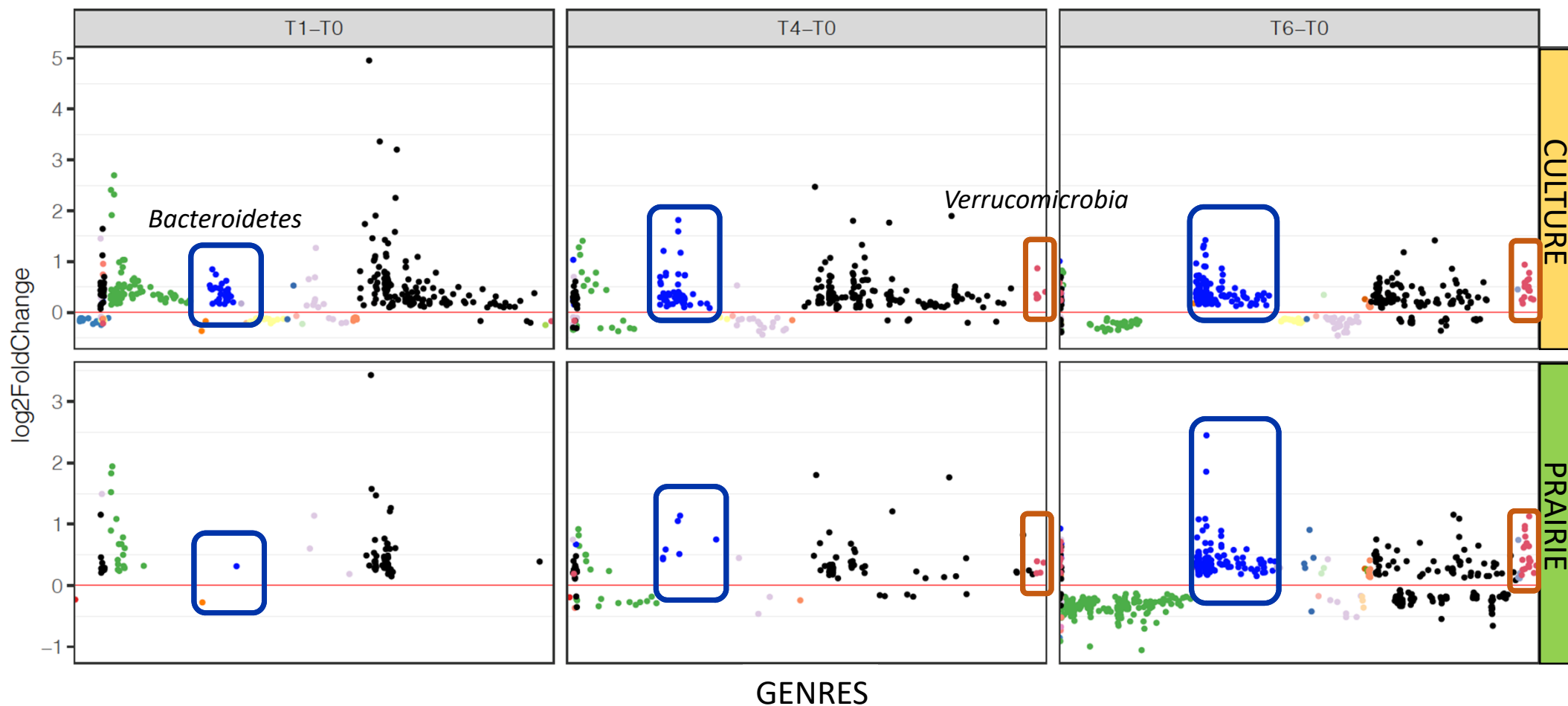
- Package DESeq2 permet la normalisation, la visualisation et l'analyse différentielle des données de comptage de grande dimension.
- Etudier la dynamique de l'abondance et de la structuration des communautés suite à l'apport de résidus dans le temps.
- Ne considère que les temps T0-T1, T0-T4 et T0-T6. Seuil de significativité défini à 5%.

Résultats (structuration communautés, bactéries)



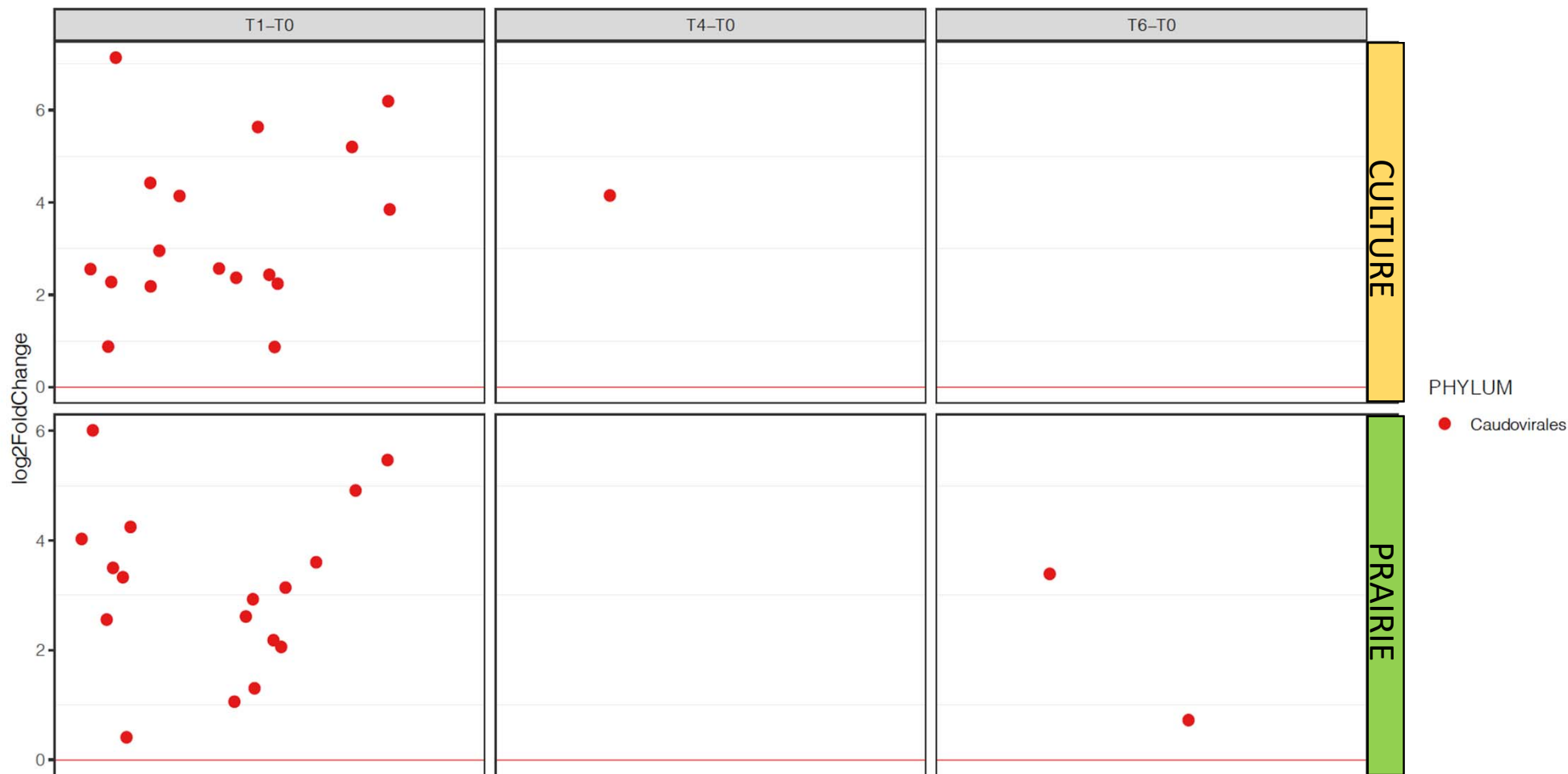
Succession communautés au cours du temps (copiotrophes, oligotrophes)

Résultats (structuration communautés, bactéries)



- Succession communautés au cours du temps selon dégradation de la MO (copiotrophes, oligotrophes)

Résultats (structuration communautés, virus)



➤ Virus dominés par les Caudovirales durant les phases initiales de la dégradation de la MO

Conclusions, Perspectives

- Impact de l'historique du mode d'usage sur les communautés microbiennes (richesse, structuration, dynamique de réponse)
- Successions de population microbiennes au cours de la dégradation de la MO
- Régulations des communautés bactériennes par des particules virales ? (à analyser plus finement)
 - Phénomène de régulation (Ansaldi et al., 2018 - Chevallereau et al., 2022)
 - Passage d'un état lysogénique à lytique (modification de populations)
- Analyses des données fonctionnelles en cours
- Réseaux de co-occurrences



Merci pour votre attention

Des questions ?

