

Distribution spatiale et déterminisme de la diversité microbienne des sols à l'échelle du territoire nationale.



N Chemidlin, S Dequiedt, S Terrat, L Ranjard
UMR Agroécologie,
INRA – AgroSup Dijon-Université de Bourgogne, Dijon



Ecologie des communautés microbiennes du sol

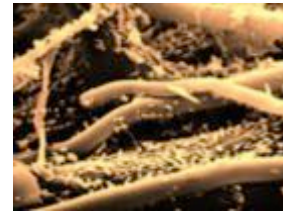
- Sols

- ✓ Composante essentielle de notre environnement
- ✓ Non renouvelable à notre échelle de temps → patrimoine
- ✓ Rôle central dans les services rendus de l'agro-écosystème (agronomiques & environnementaux)



- Communautés Microbiennes telluriques

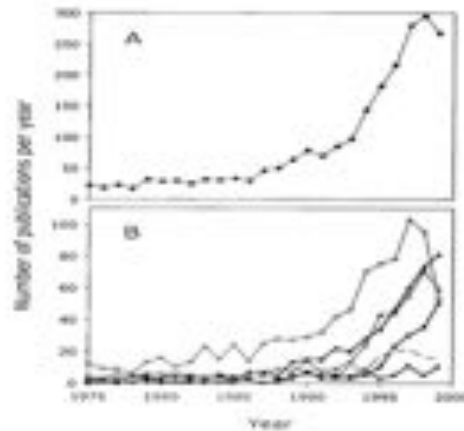
- ✓ Forte densité et diversité
 - ↳ ressources génétiques → patrimoine
 - ↳ activités variées
- participation aux cycles biogéochimiques (C, N, P, S, Fe, ETM,...)
- contribution à croissance et à la santé des plantes



Services écosystémiques
(approvisionnement, régulation)

Fronts de recherche : Caractériser la biodiversité taxonomique des sols, Inventaire, Distribution et Régulation

➔ Augmentation exponentielle des études sur la biodiversité microbienne des environnements naturels



Morris et al., 2002

➔ Constat : plupart des études sont **sites spécifiques** (échelle spatiale et de temps)

➔ Manque de **généricité** des résultats

➔ Etudes à **plus grande échelle** - Manque crucial de connaissance sur la distribution de la diversité à grande échelle



Biogéographie microbienne



La biogéographie

Compréhension des mécanismes qui génèrent et maintiennent les patrons de distribution de la biodiversité

Sélection

Spéciation

Extinction

Dispersion

Interactions entre espèces

18^{ème}

19^{ème}

20^{ème}

Outils d'écologie moléculaire

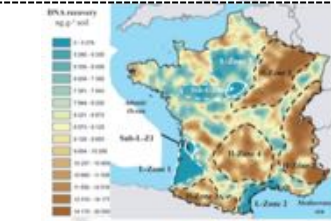
21^{ème}



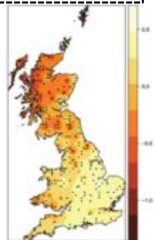
Naissance de la biogéographie
chez les macroorganismes
Carl Linnaeus et le Comte de Buffon

Baas Becking, 1934
biogeographie microbienne
« *everything is everywhere, but, the environment selects* »

Biogéographie des communautés microbiennes



Dequiedt et al., 2011



Griffiths et al., 2011



Les concepts et les objectifs

Concepts

↳ « *Are microbial communities a black box with no spatial structure or, like macroorganisms do they exhibit a particular distribution from local to regional scales?* »

Horner-Devine et al., 2004, Nature

↳ « *Identify the environmental factors (edaphic, climatic, anthropogenic...) which exert the strongest influence on microbial communities in nature* » *Martiny et al., 2006 Nature Review*



**Meilleure connaissance et gestion de la biodiversité
Protection des Sols**



Les processus écologiques

Le postulat de Baas Becking, toujours débattu:

« *Everything is everywhere*, but, *the environment selects* »

Taux de dispersion infini
Faible taux d'extinction

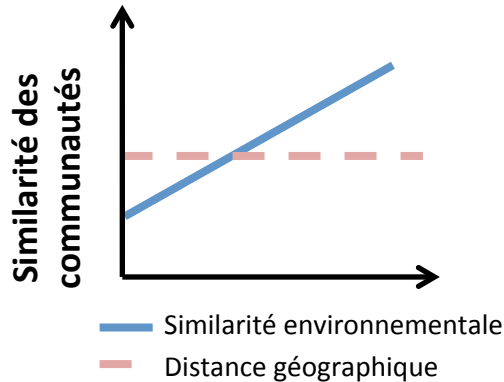


Seules les *conditions environnementales contemporaines* déterminent les patrons de distribution de la diversité microbienne

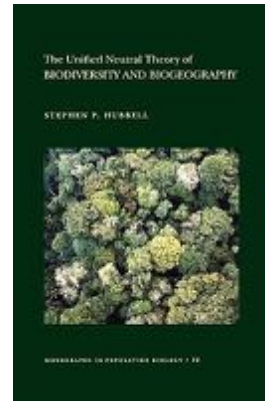
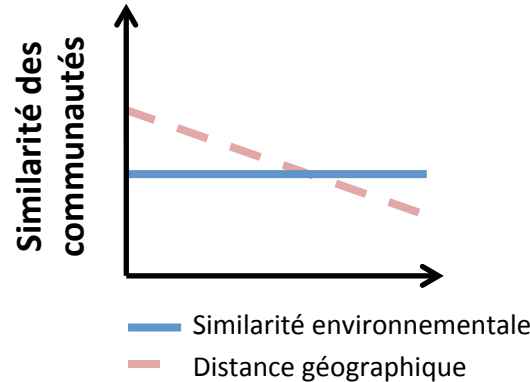


L. Baas Becking

Théorie déterministe
Sélection environnementale



Théorie Neutre
Dispersion



La théorie Neutre de Hubbell



Quelle est l'influence relative des processus **déterministes** et **neutres** dans la distribution des microorganismes?

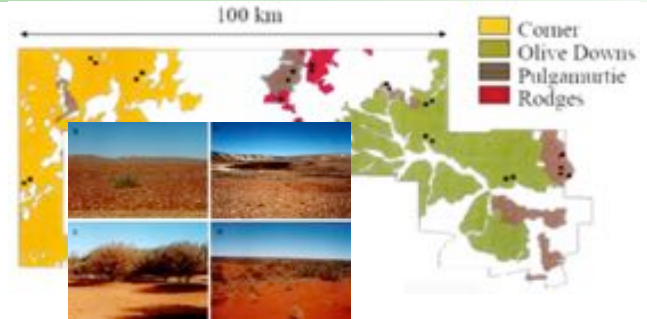
Les premières études à grande échelle...

Echelle continentale ou régionale :

• Green et al (Nature, 2004) :

Champignons

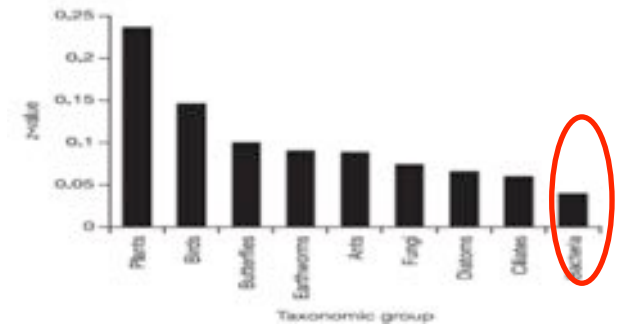
→ Patterns biogéographiques des communautés champignons et relation aire-espèce



• Horner-Devine et al (Nature, 2004)

Bactéries

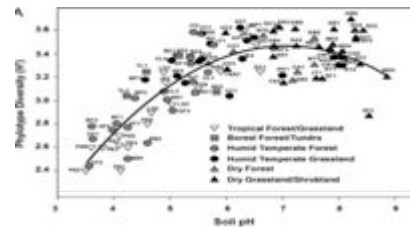
→ Mise en évidence d'une relation aire-espèce pour les bactéries / macroorganismes



• Fierer & Jackson (PNAS, 2006) :

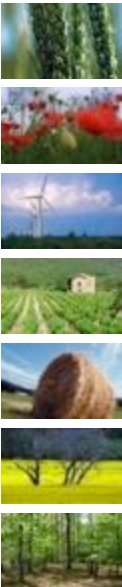
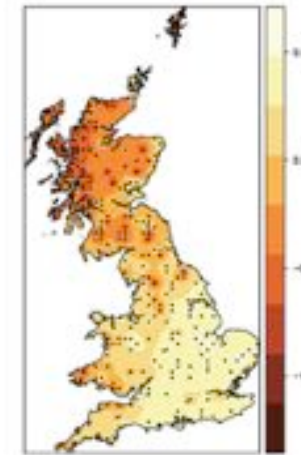
Bactéries

→ lien étroit entre diversité et filtres environnementaux (particulièrement le pH)



• Griffiths et al., EMiR 2011.

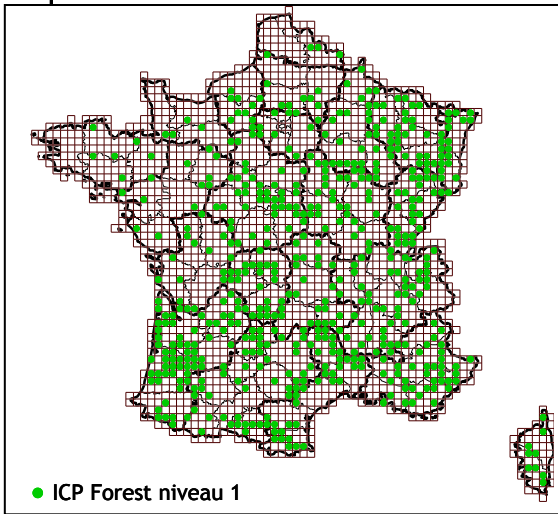
Lien étroit diversité microbienne, pH et couvert végétal



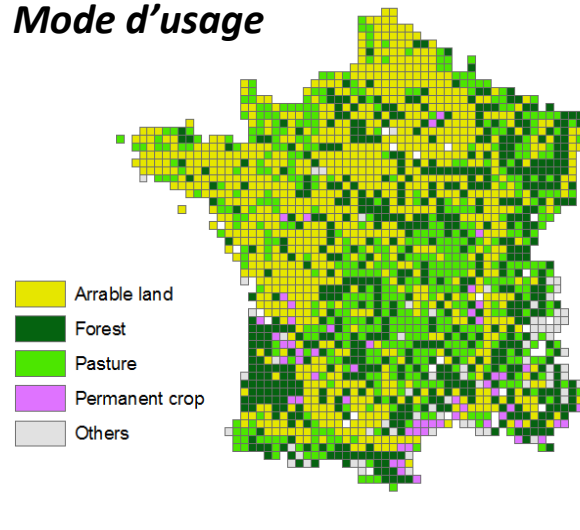
Application des approches biogéographiques aux microorganismes du sol

Une initiative française : ECOMIC-RMQS

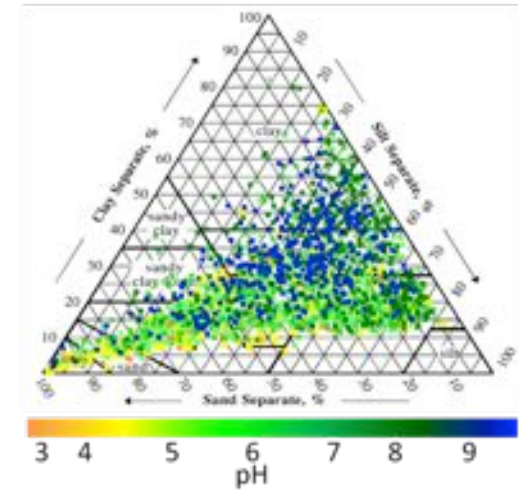
RMQS : Réseau de **M**esure de la **Q**ualité des **S**ols, mis en place en 2002 (INRA INFOSOL, Orléans, partenaire 2), grille d'échantillonnage des sols français : 16 kmx16km sur toute la France ⇒ 2200 sites



Mode d'usage



Classe texturale



Grande variabilité de mode d'usage et de types de sols

Cartographie de la qualité des sols basée uniquement sur les paramètres physico-chimiques :

- texture, pH, Corg tot, Norg, Ca, Na, Mg, ETM, ...
- relevés floristiques précis, géo-référencement des sols, description du paysage, enquête sur l'occupation des sols...



ECOMIC-RMQS

Prise en compte de la composante microbienne (abondance et diversité)

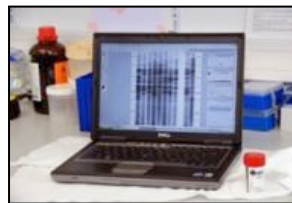
Une logistique Pharaonique...!



Echantillonnage
(Infosol + partenaires locaux)



Conservatoire National des Sols (Infosol – INRA Orléans)



Caractérisations moléculaires

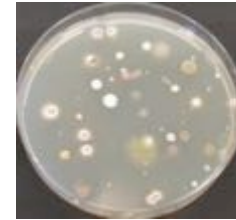


DNA-thèque
(Plateforme GenoSol – INRA Dijon)

Comment aborder la diversité microbienne ?

Une nouvelle voie : l'écologie moléculaire microbienne

Sol




ADN



Métagénome

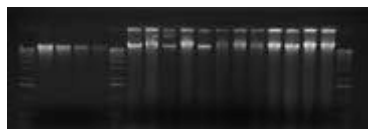
Abondance
Diversité génétique/taxonomique/
fonctionnelle

Les outils disponibles

Sol 

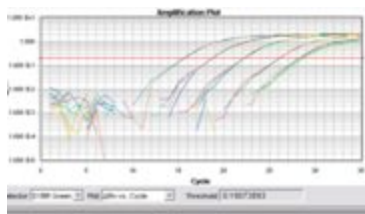
ADN sol 

Quantité ADN sol



Biomasse moléculaire microbienne

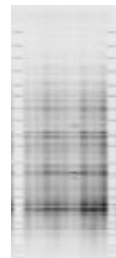
qPCR 16S/18 rDNA



Densité bactérie
Densité champignons
Rapport champ./Bactéries


Abondance microbienne

DNA fingerprint 



Genotypage

Structure génétique
Indice de diversité
Composition taxonomique

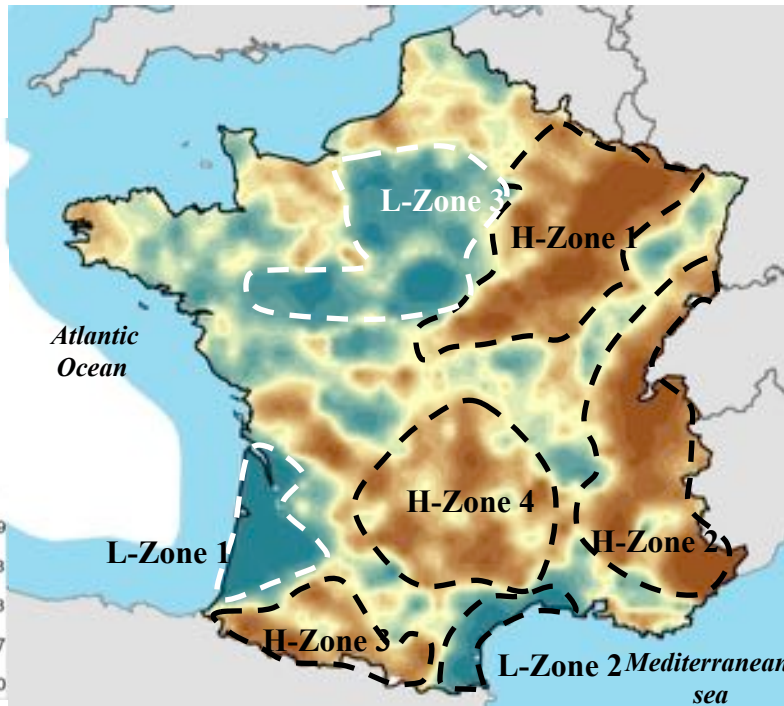
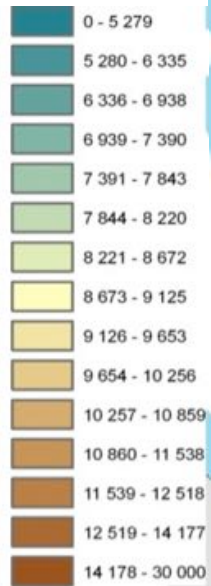
Inventaire
Taxonomique
Séquençage massif 



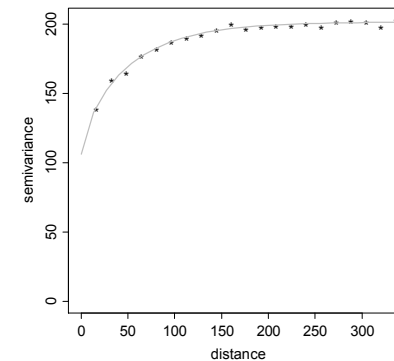
Cartographie nationale de la biomasse moléculaire des sols

➔ Distribution hétérogène de la biomasse, structurée en profils biogéographiques

DNA yield
ng.g⁻¹ soil



Hot-spot de biomasse
Low-spot de biomasse

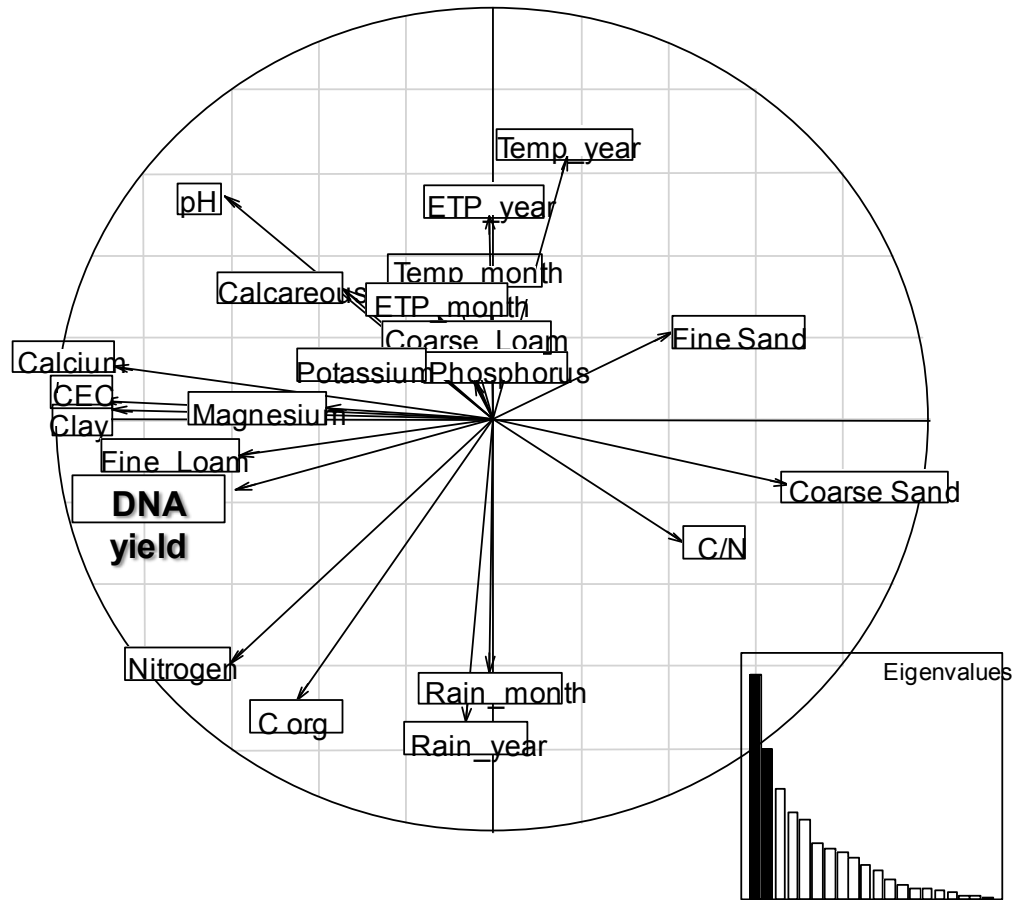


➔ Auto corrélation 160 km (patch de 100^{aine} km)

➔ Échelle de variation des grands ensembles pédologiques – mode d'usage



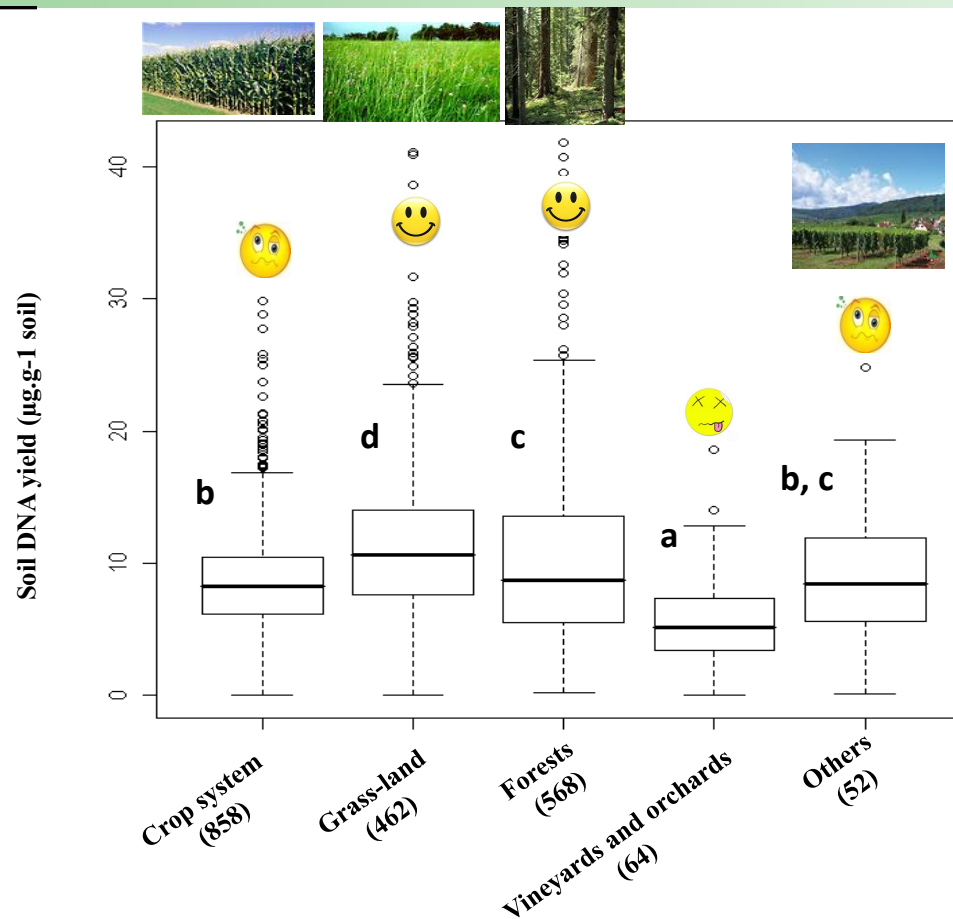
Influence des caractéristiques pédo-climatiques des sols



Texture, CEC > Corg, N, pH, C/N >>> paramètres climatiques



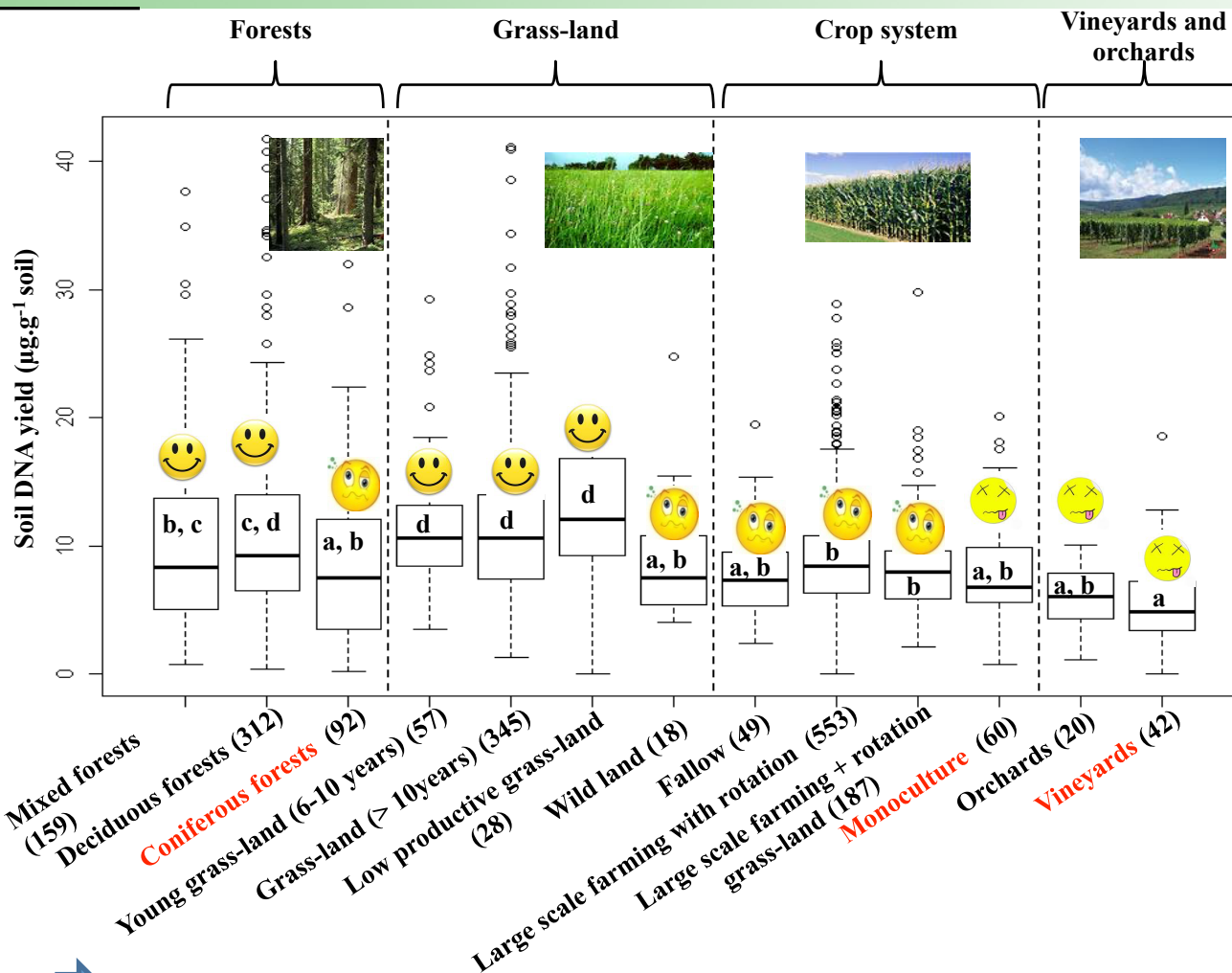
Influence du mode d'usage des sols (niveau 1)



Prairie > Forêts > grande culture >> Vignes/vergers



Influence du mode d'usage des sols (niveau 3)



➡ Sylvicultures : mixer les essences forestières

➡ Gde culture : rotation

➡ Vignes / vergers = pb environnemental

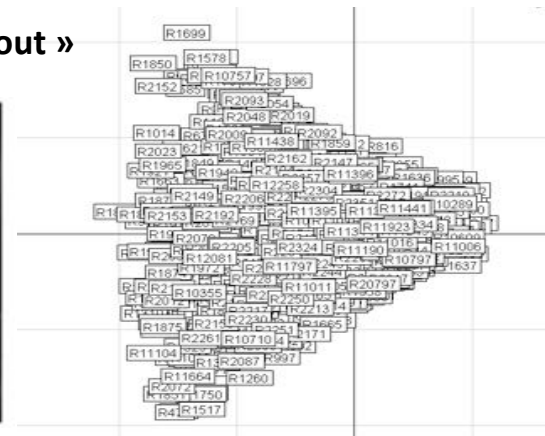
Structure génétique des communautés bactériennes

Technique :



« Tout n'est pas partout »

Analyses sous contraintes spatiales (MSCA – relation de voisinage au pas de la reine)



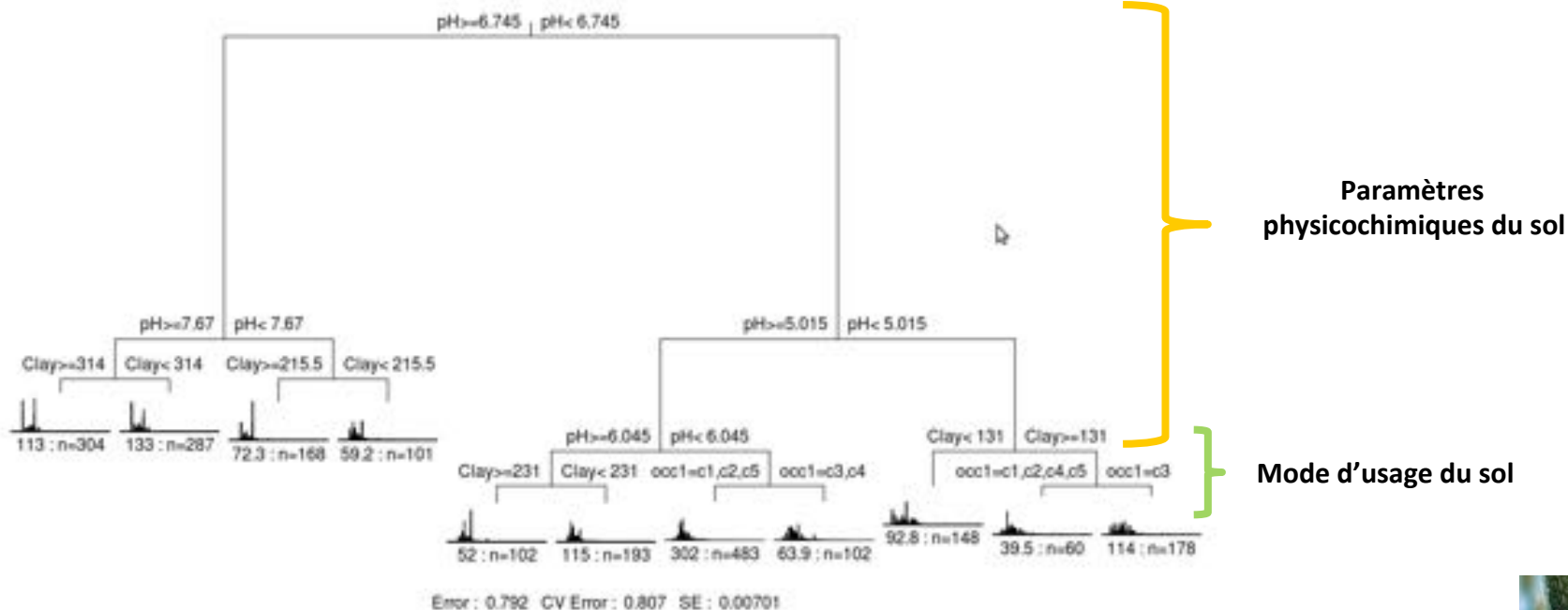
✓ **Communautés bactériennes structurées spatialement** (≈ 140 km de rayon)

✓ **Régions écologiques** de plus ou moins grandes variabilités (« diversification »)

✓ **Opposition entre régions**

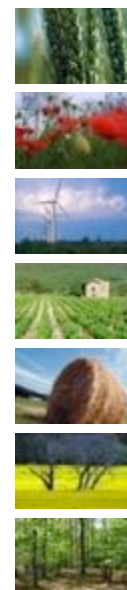


Hiérarchie des filtres environnementaux : arbre de décision

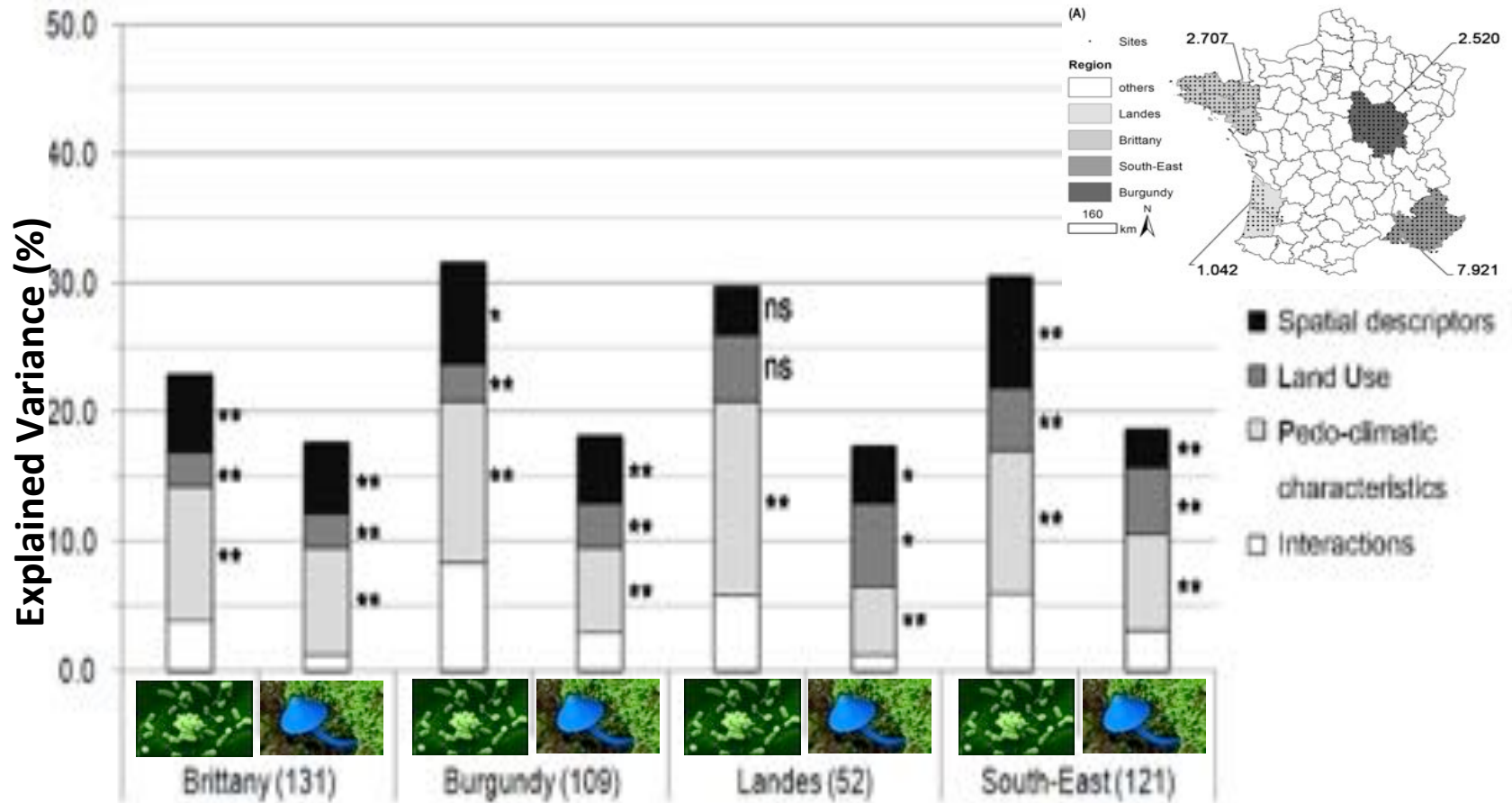


Importance du type de sol et du mode d'usage des sols

Paramètres locaux (notamment pH) > paramètres globaux (climat, reliefs,...)











Importance relative des processus écologiques



Soil > Space > Land Use for both bacteria and fungi
→ Environmental Selection > Dispersal limitations

Ranking the filters

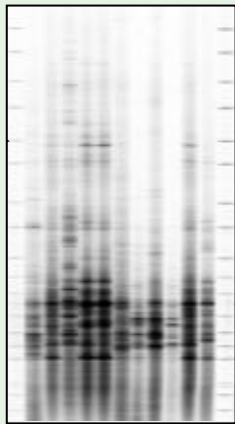
	Brittany		Burgundy		Landes		South-East	
								
Environnemental variables	pH	pH	pH	pH	C:N	C:N	pH	pH
	N	C _{org}	N	C:N			Clay	Clay
	Clay	N	C _{org}				K	K
	Silt	C:N	C:N					N
	CaCO ₃	Clay	Mg					
	Mg	K	Clay					
		P	Rainfall					
Land U.	Land U.	Land U.	Land U.	Land U.	Land U.	Land U.	Land U.	Land U.

✓ The **filters** and their hierarchy depend on the region / organism but **environmental selection** is mainly based on pH, trophic resources (C, N, C:N ratio), texture and land use

Test de la relation aire-espèce

- ✓ **Loi fondamentale en écologie** sur la diversification des communautés à grande échelle
- ✓ **Hypothèse de base** : le nombre d'espèces détectées augmente avec l'aire d'échantillonnage

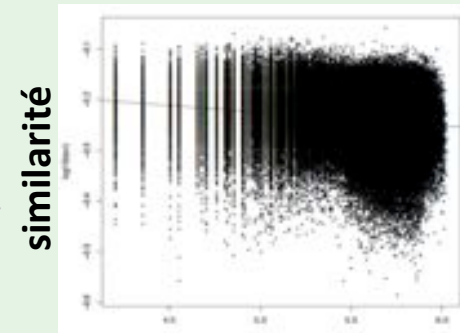
Application aux microorganismes :



Profils B-ARISA
(OTU)



Calcul de l'indice de
Sorensen
(J.Thioulouse, CNRS Lyon)



distance

Décroissance du taux de
similarité avec la distance
(= aire)

$$\text{Similarité} = \text{constante} * d^{-2z}$$

La diversification des communautés bactériennes du sol est-elle fonction de celle de leur habitat ?

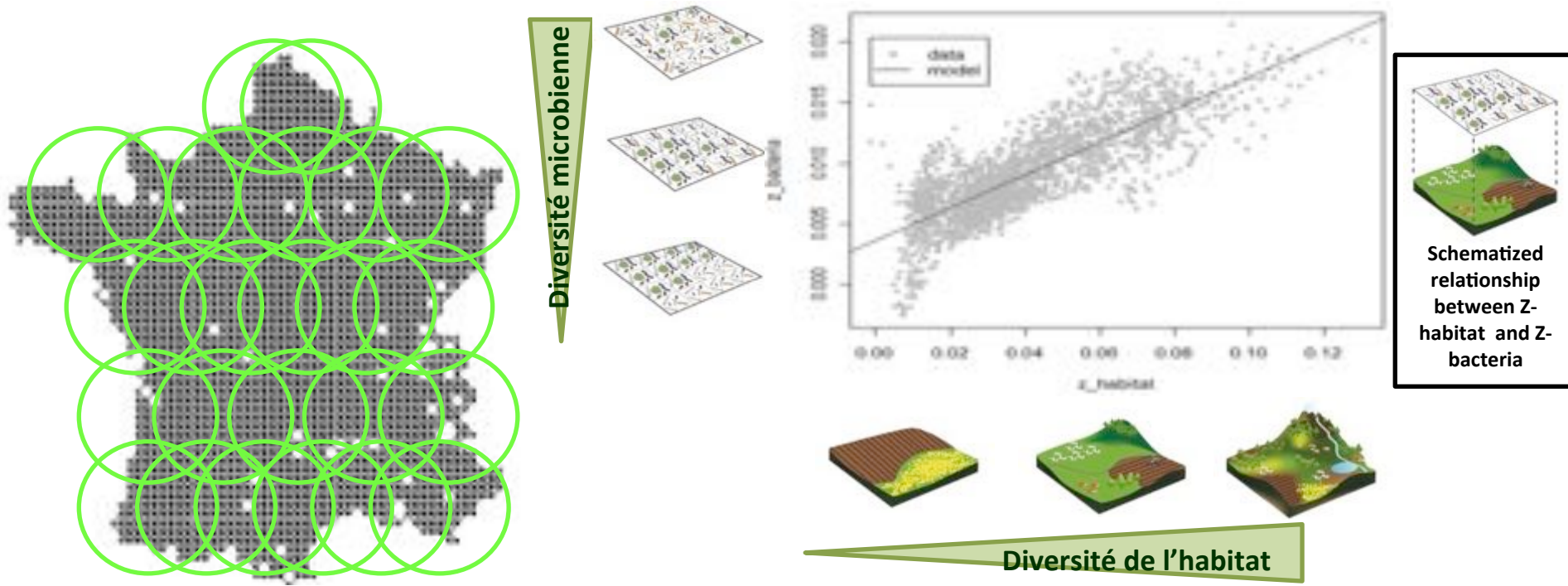
- ✓ **Transposition du concept de relation aire-espèces à l'habitat** : prise en compte des paramètres pédologiques, climatiques, géomorphologiques et de mode d'usage ainsi que de leur **organisation dans l'espace** (fragmentation)



Test de la relation aire-espèce

- ✓ Mise en relation de la relation aire-espèces avec la relation aire-habitat
- ✓ Approche par une fenêtre glissante (optimisée à 140 km) : augmentation de la puissance de l'échantillonnage et de la robustesse de la conclusion

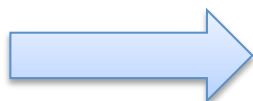
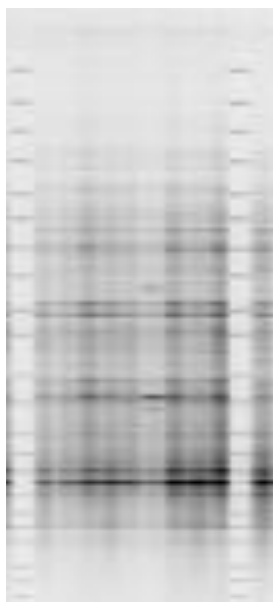
Ranjard et al. 2013 Nature Comm.



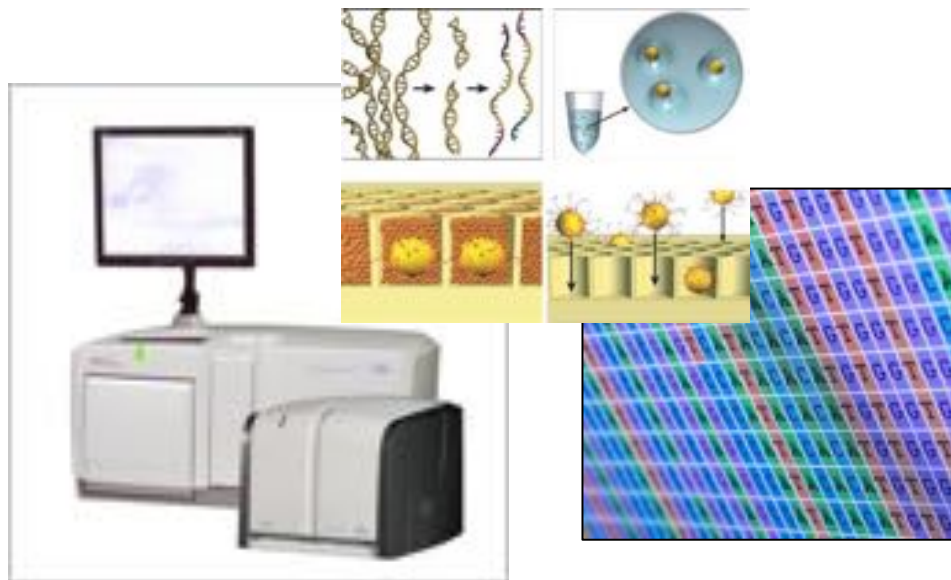
- Importance de la diversité et structuration spatiale de l'habitat à grande échelle sur la diversification des communautés bactériennes du sol

Du génotypage au séquençage haut-débit

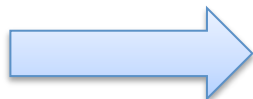
Profil de génotypage



Séquençage haut débit - Pyroséquençage



Structure génétique



Inventaire taxonomique

(plusieurs 10^{aines} de milliers esp / sols)



Vraie estimation de la diversité

Identification de populations d'intérêts agro-écologique
(pathogènes, impliqués dans fertilisation...)



Le projet MetaTAXOMIC-RMQS : jeu de données

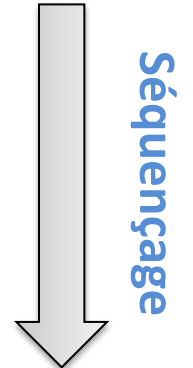


FRANCE GÉNOMIQUE

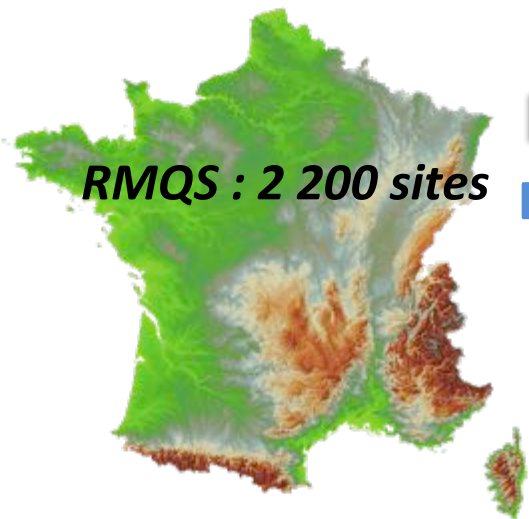
ADN



Amplicons

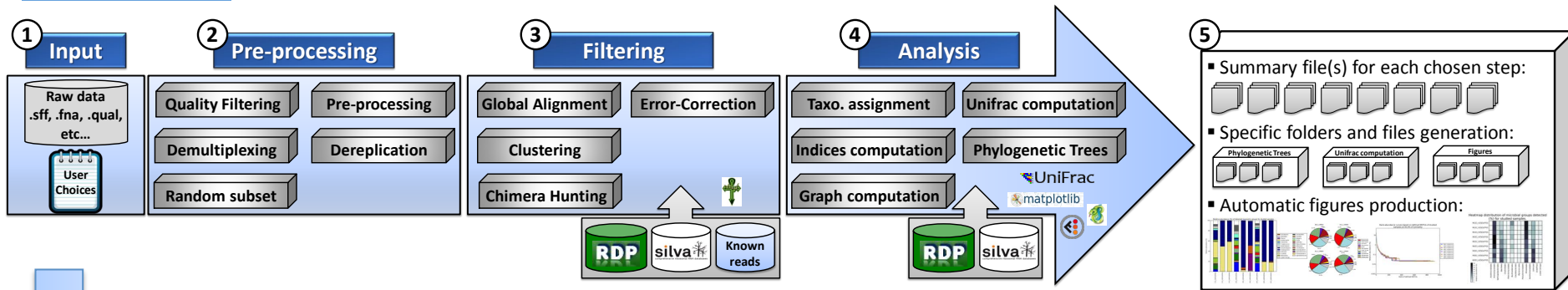


Environ 75 Millions de reads bruts



MetaTAXOMIC-RMQS et GnS-PIPE

GnS-PIPE

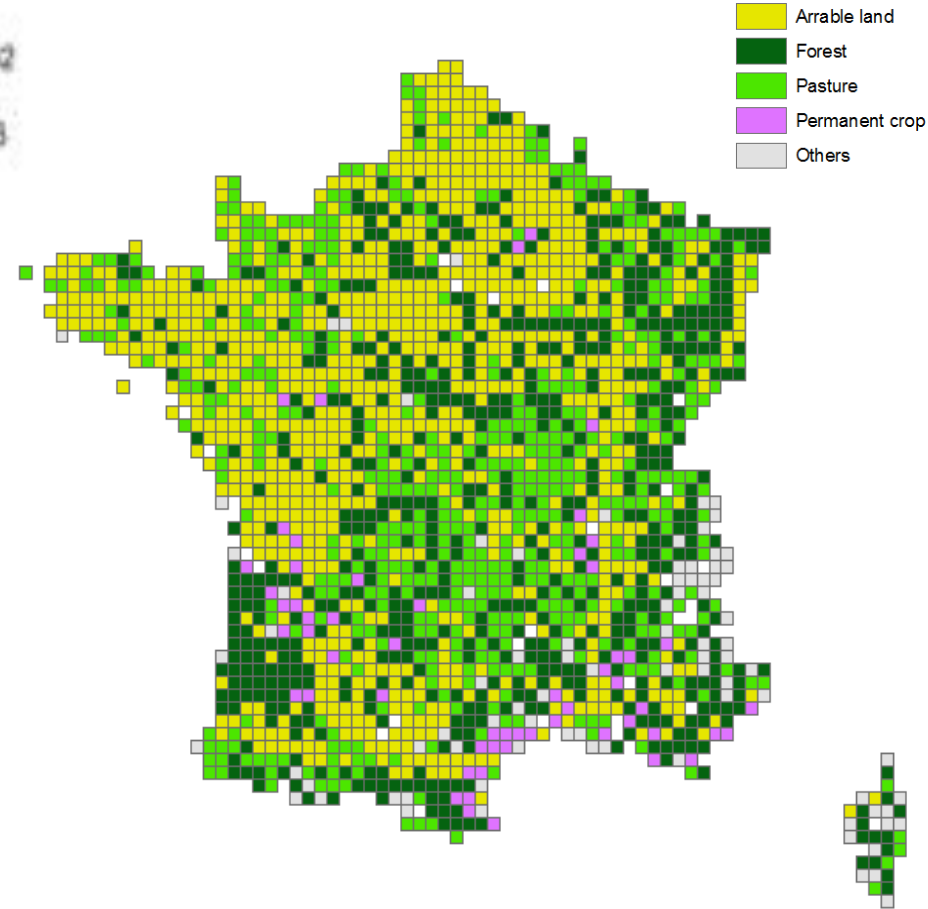
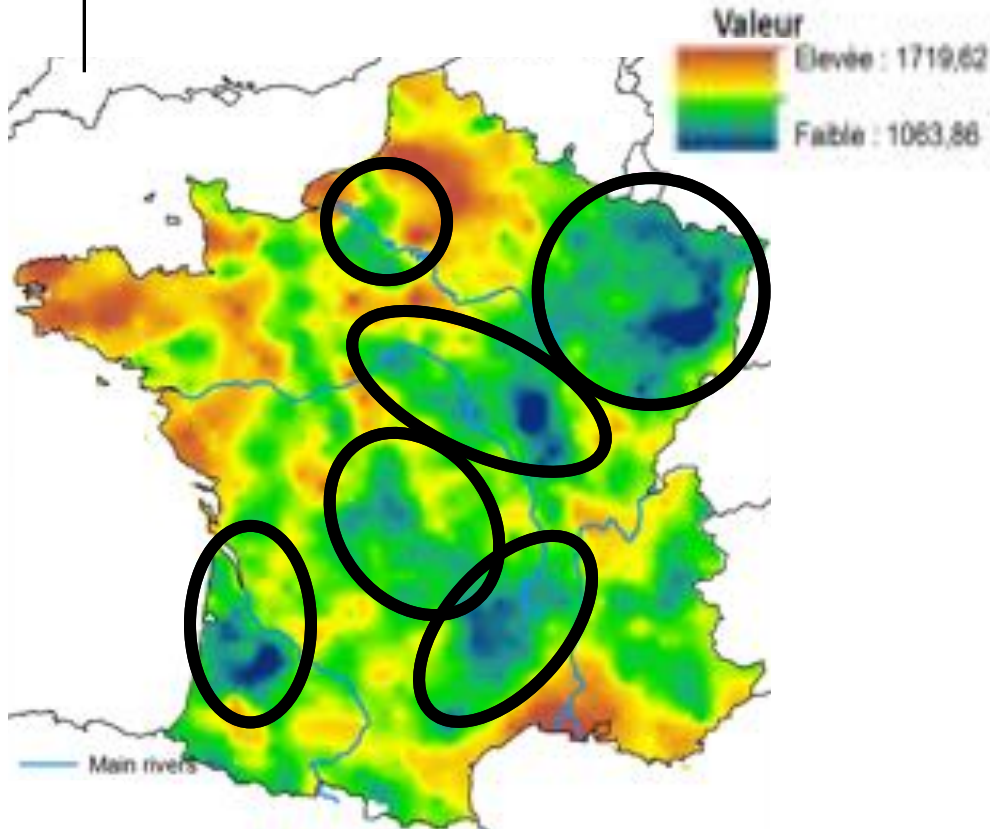


Temps de calcul : 2 088 heures (24 cœurs).
Obtention de 33 788 879 reads pour 1 842 sols.

Données de Clustering : nombre d'OTUs

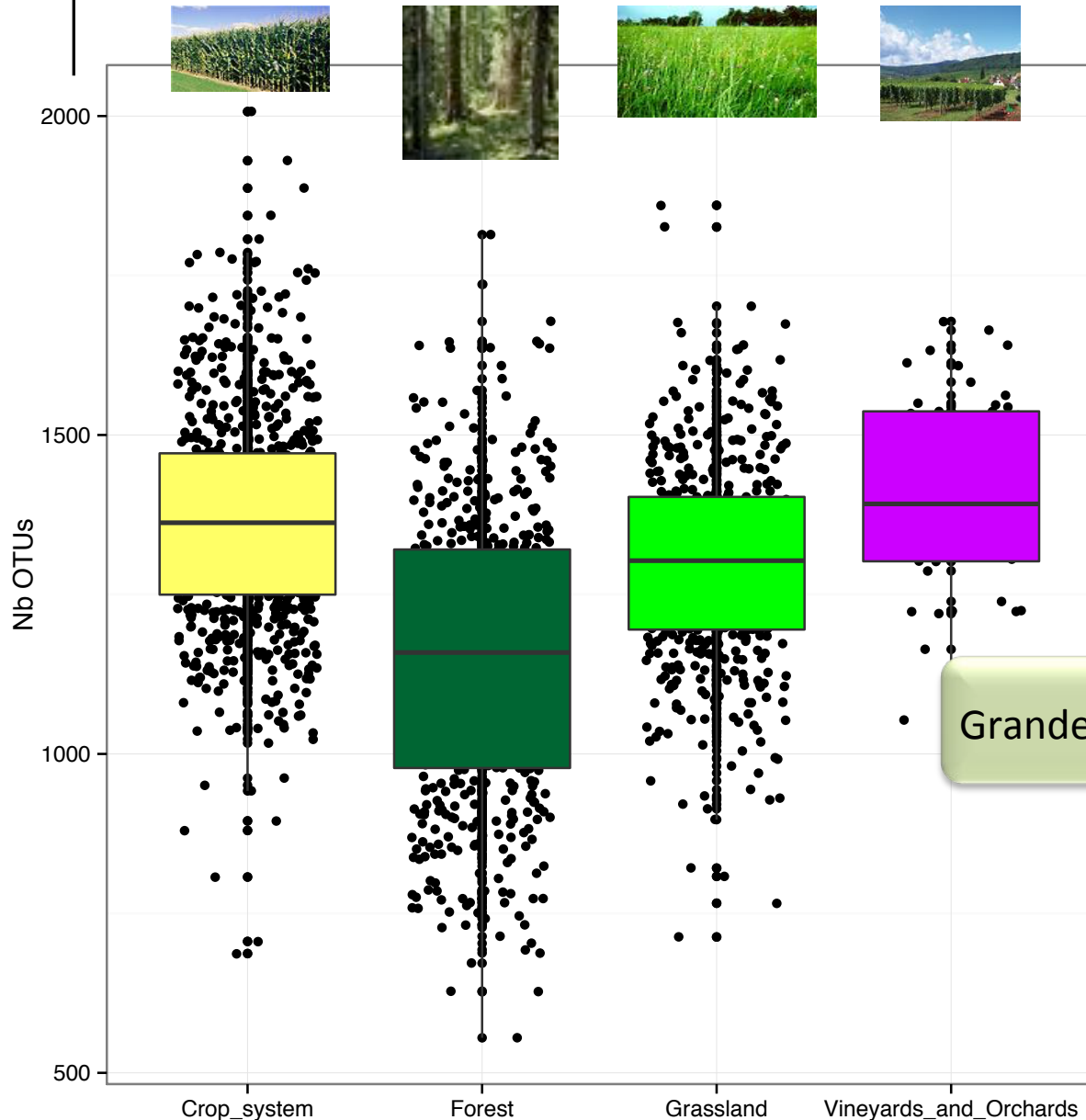


Cartographie de la richesse bactérienne à l'échelle de la France



- **Différences** régionales nettes en terme **de richesse bactérienne**.
- **Structures spatiales visibles** → **La richesse bactérienne semble corrélée au mode d'usage des sols !**

Relation entre richesse bactérienne et mode d'usage



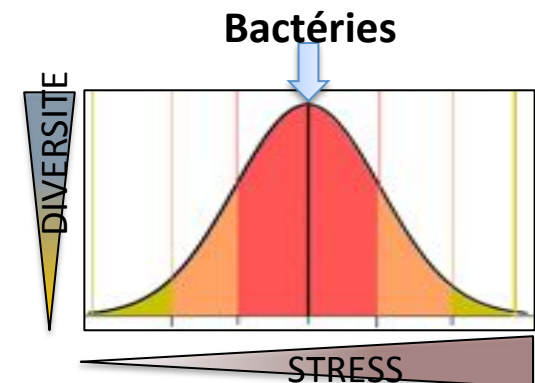
Cultures et vignes

possèdent une richesse bactérienne comparable.

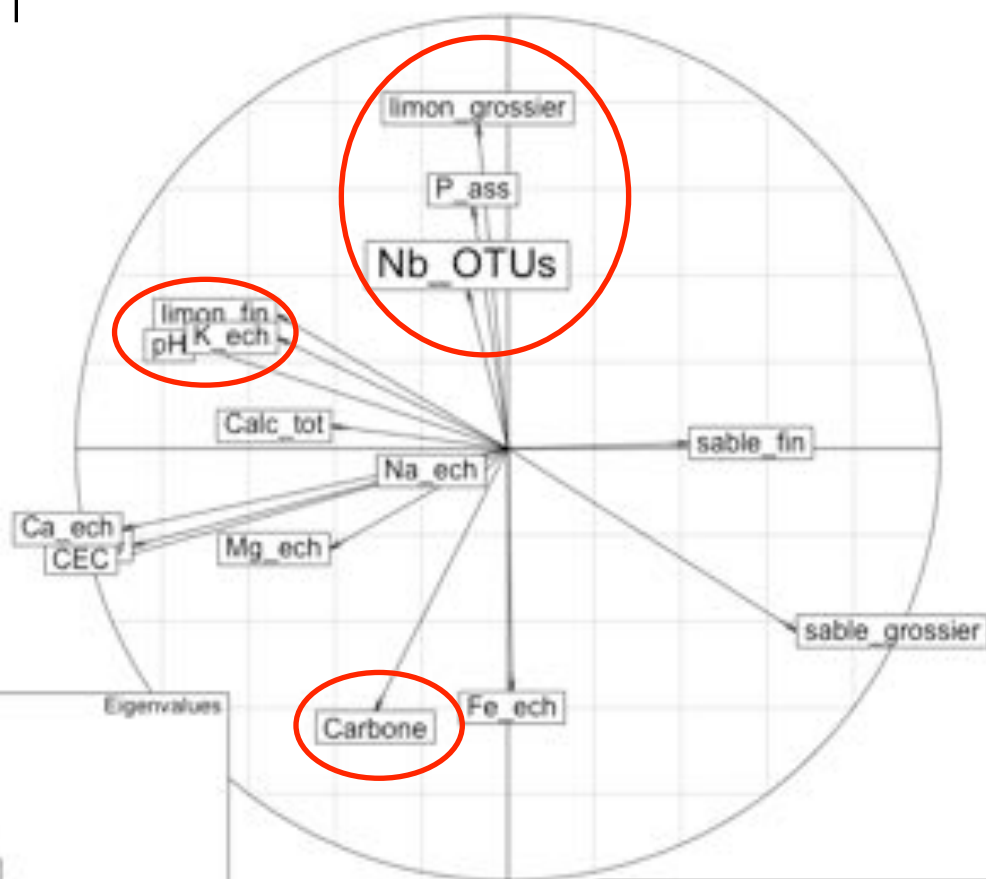
Forêts et prairies

présentent un plus faible nombre d'OTUs que les sites cultivés.

Grande culture = Vignes > Prairie > Forêts



Corrélation entre caractéristiques des sols et richesse bactérienne

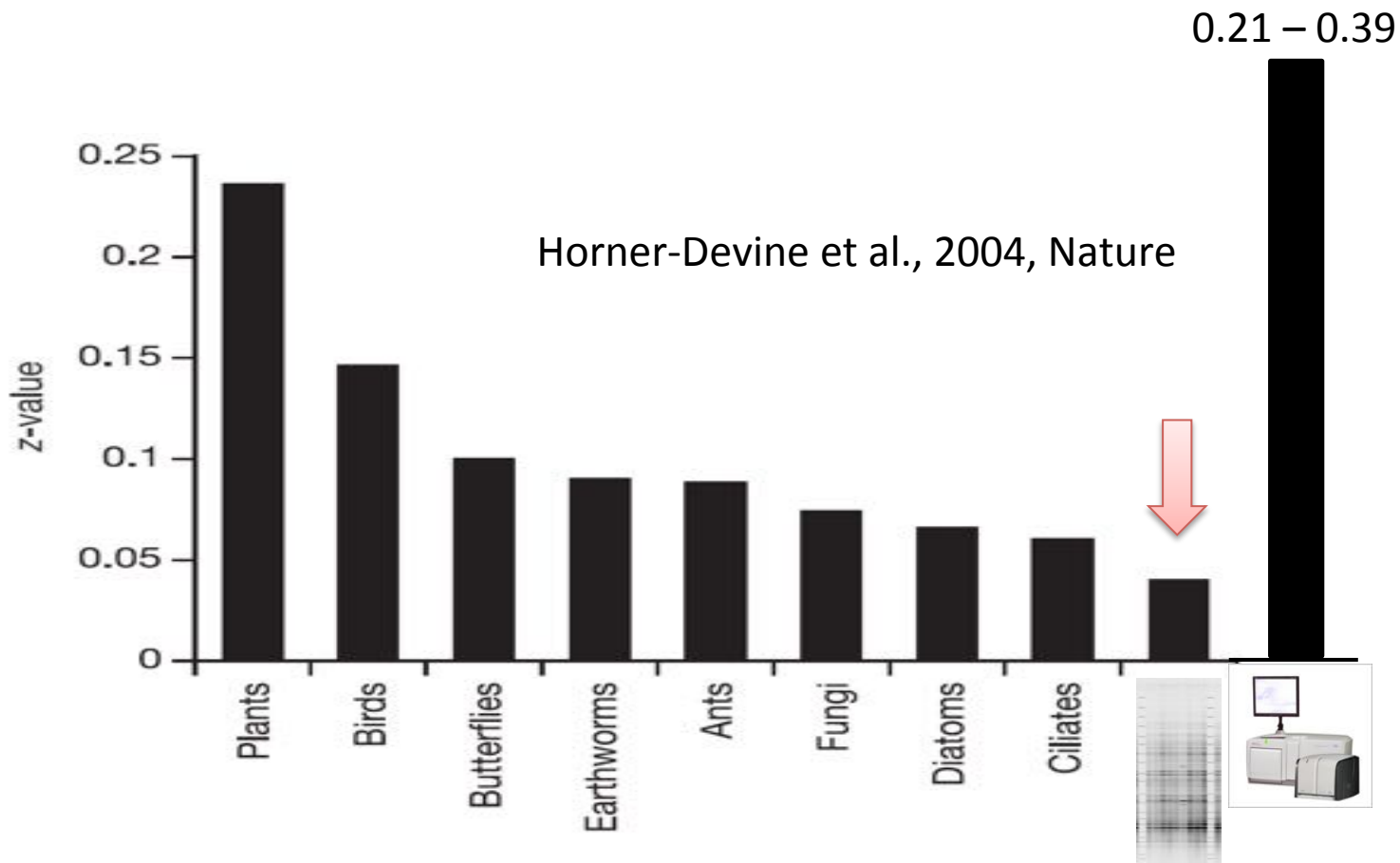


Texture , C et P sont les paramètres les plus structurants
pH semble ne pas être le 1^{er} driver

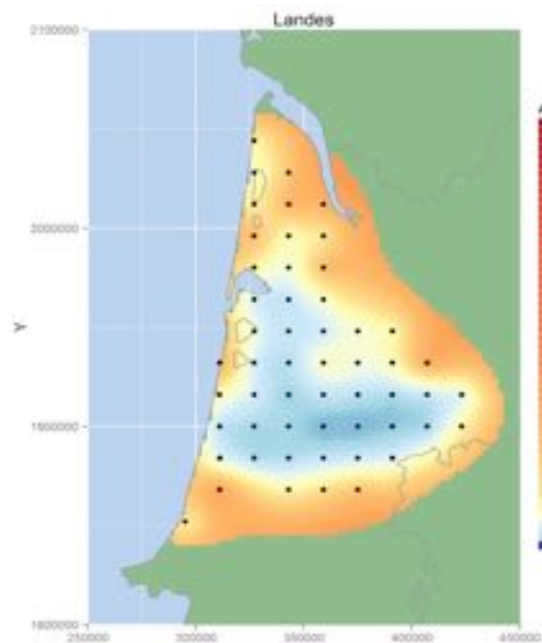


MetaTAXOMIC-RMQS : Evaluation de la relation aire-espèce

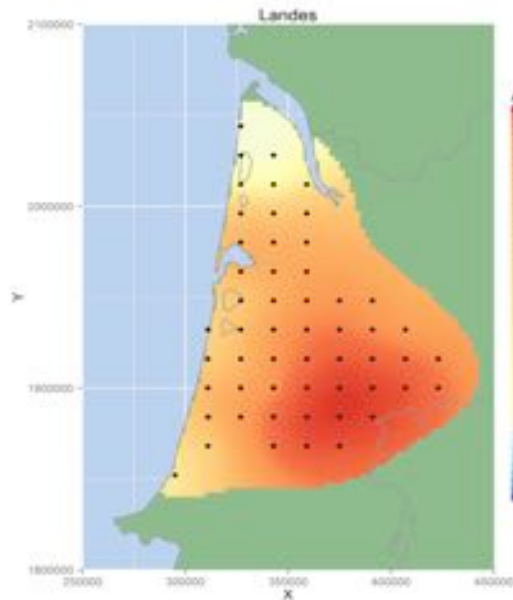
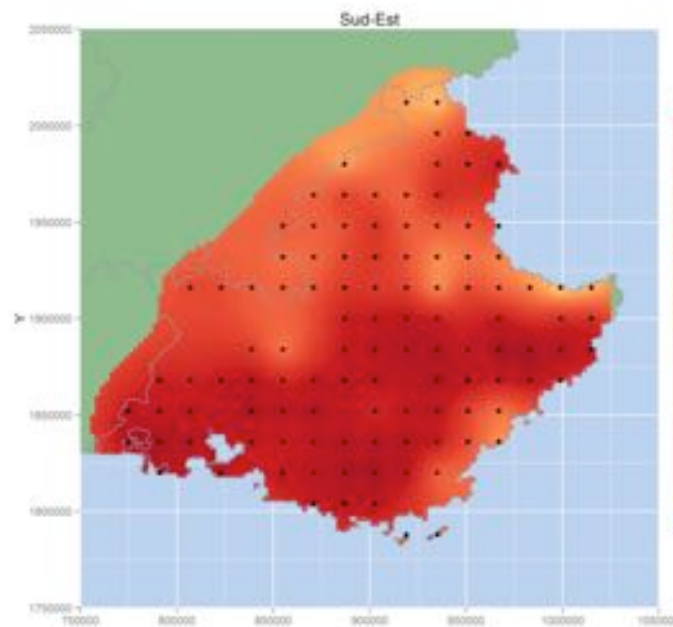
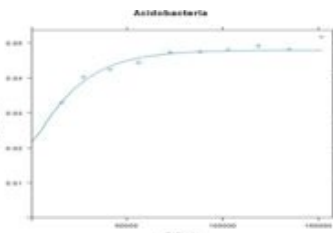
- Le **turnover (z)** mesure la diversification des communautés
- Historiquement on a démontré que le « z » bactérien était parmi les plus faibles du règne vivant
- Mais jusqu'à aujourd'hui, la valeur de z pour les bactéries est sous-estimé (Woodcock et al., 2006; Terrat et al., 2014)



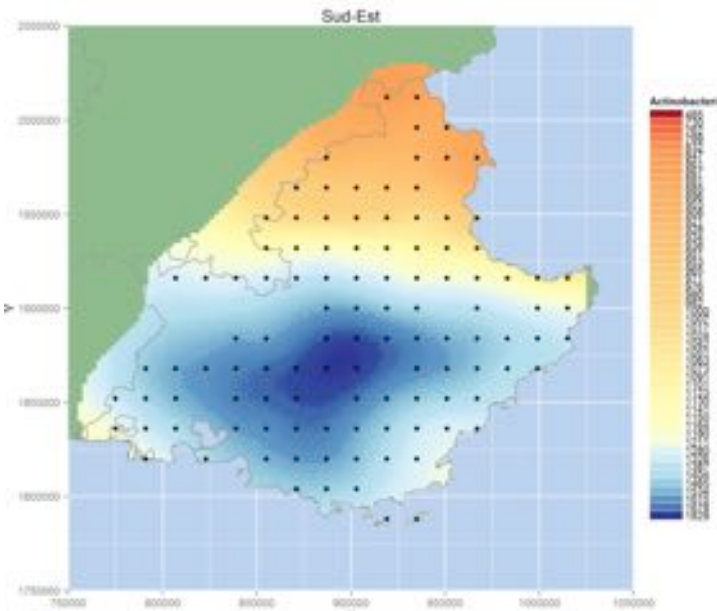
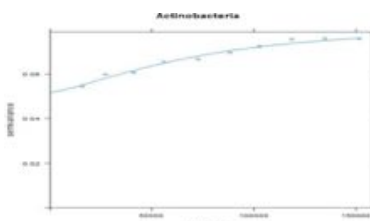
Cartographie des taxons



Acidobacteria



Actinobacteria



Référentiel – Mise au point de modèles prédictifs sur la biomasse et la biodiversité des sols



Biomasse moléculaire

mesurée

Biomasse moléculaire

Modèle polynomial non linéaire

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

Biodiversité (modèle en cours)

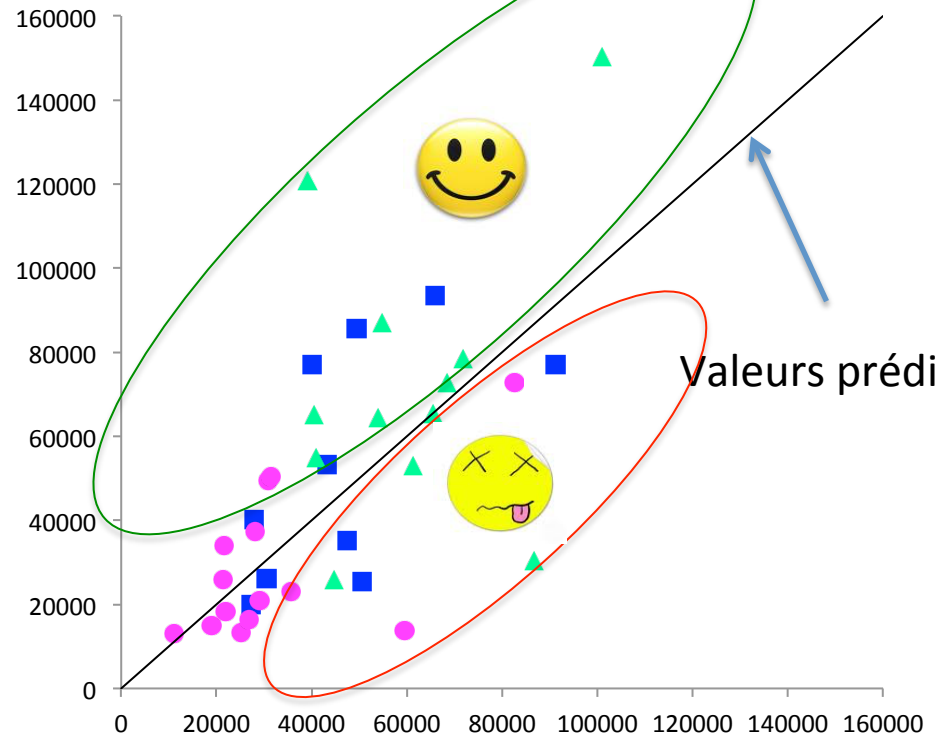
Diagnostic



Niveau Bas

Niveau Moyen

Niveau Haut



Biomasse moléculaire prédite

Valeurs prédites



CASDAR AgrInnov

Développement de bioindicateurs de la qualité biologique des sols - Pour les exploitants agricoles (CASDAR Agrinov)



Formations théoriques à la biologie du sol
Formations pratiques à l'utilisation des Bio-Indicateurs



Equiper les agriculteurs de savoir et d'outils pour
évaluer leurs pratiques *via* la biologie de leurs sols

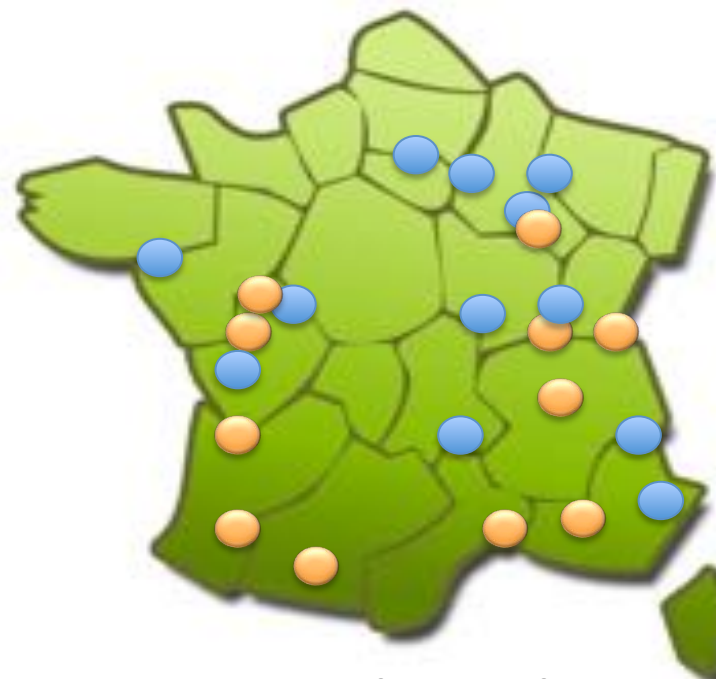


Viticulture



OFSV
Observatoire Français des Sols-Vivants

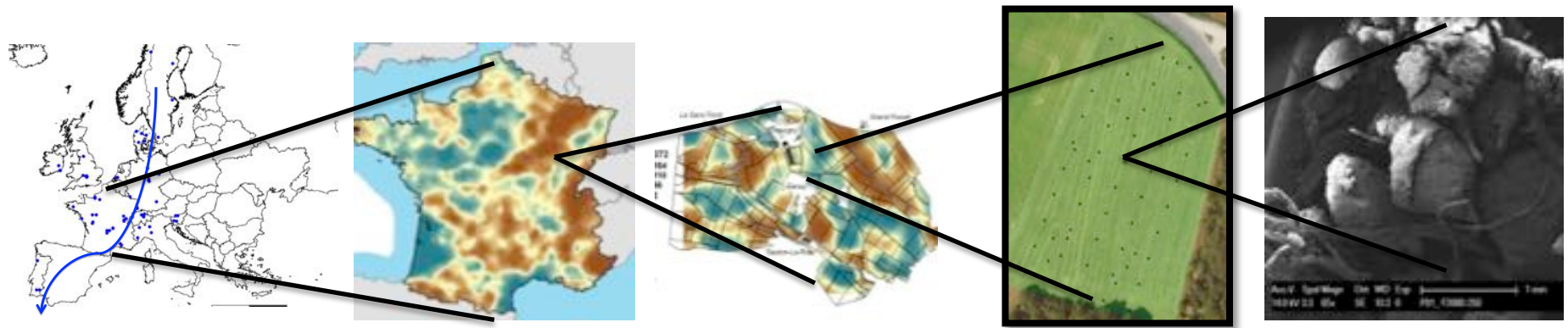
Gde culture



250 sols agricoles

Quels filtres et quels processus à quelle échelle?

Emboîtement d'échelle



Continent
(transect 150 sites / Europe)
Projet EcoFinders (EU FP7)

>>

Territoire
(2200 sites)

>>

Projet ECOMIC-RMQS
ANR ADEME
MetaTaxomic RMQS
(ADEME, France génomique)

Paysage
(300 sites sur 12km²)
(ANR MOSAIC,
ANR ADVHERB)

>>

Parcelle
(40 sites / ha)
ANR ADVHERB

>>

Agrégat
(5 fractions / 1 site)
ANR ADVHERB

Processus **déterministes** (sélection) **VS** Processus **neutres**

Echelle paysage

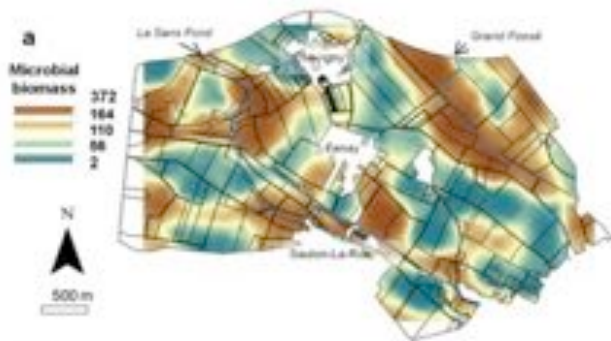


Paysage agricole Féney

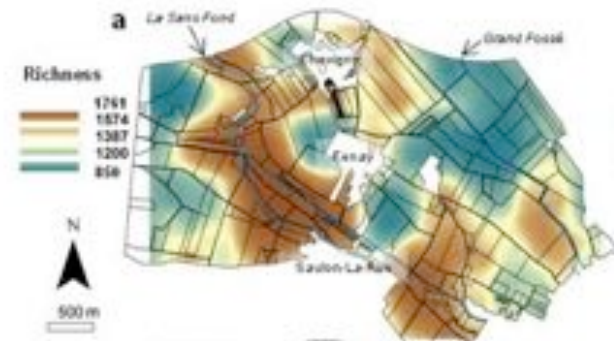
Paysage (12km², 80% surface en gde culture
270 sols échantillonnés selon une grille 250mx250m)



Biomasse microbienne



Diversité bactérienne



≠

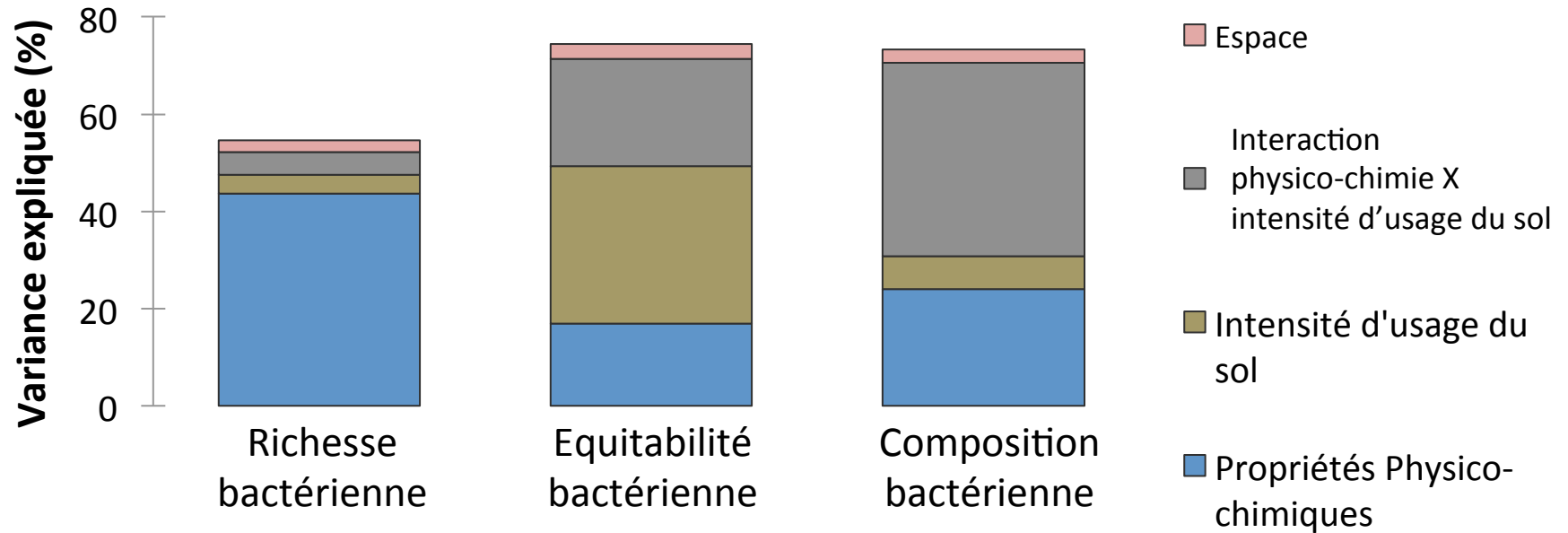
Physico-chimie du sol > mode d'usage agricole

Physico-chimie du sol = mode d'usage agricole

Sols Forêts > Sols gde culture

**Sols gde culture > Sols forêts
(impact positif du labour)**

Processus écologiques

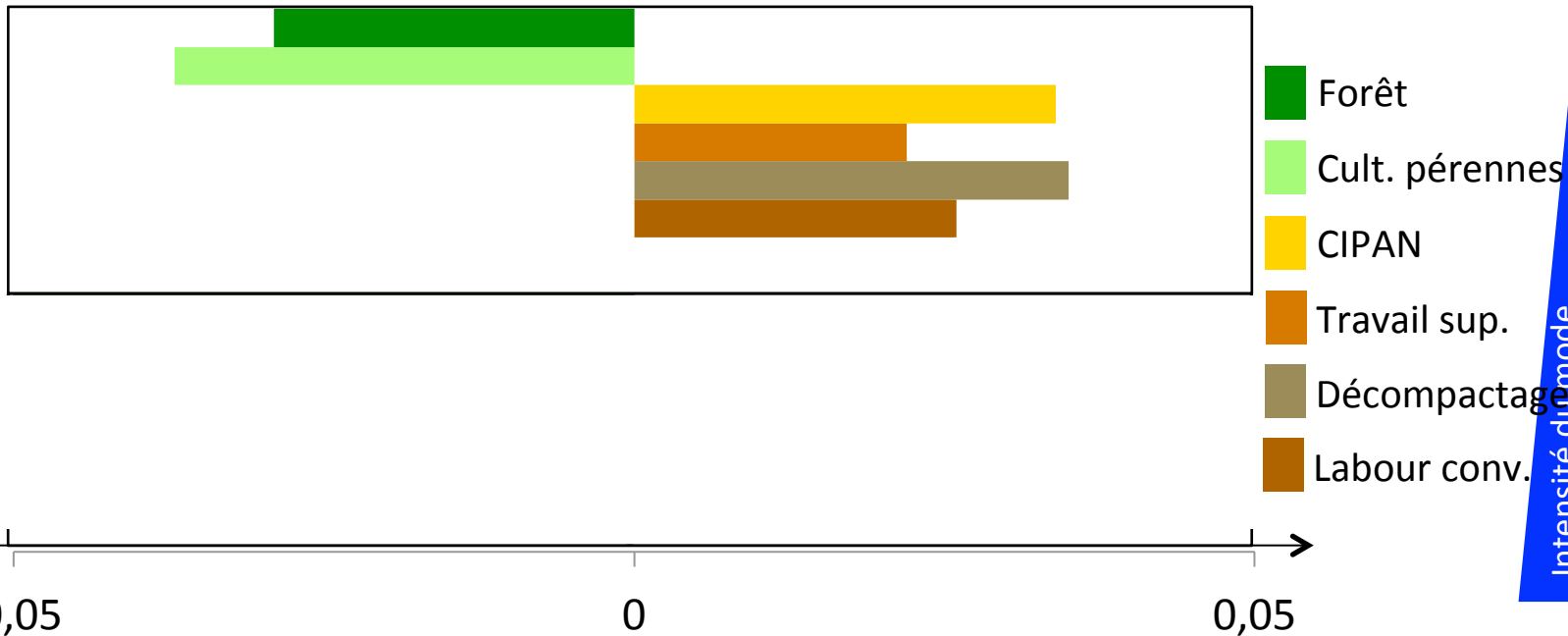


Processus déterministes (sélection sol et mode d'usage) > Processus neutres



Evaluation de l'influence de l'intensité du mode d'usage du sol

Richesse
bactérienne



Intensité du mode d'usage du sol



- Forêt et cultures pérennes : **effet négatif** sur la diversité bactérienne
- Système en grande culture : **effet positif** sur la diversité bactérienne
- Tendance similaire pour l'équitabilité bactérienne

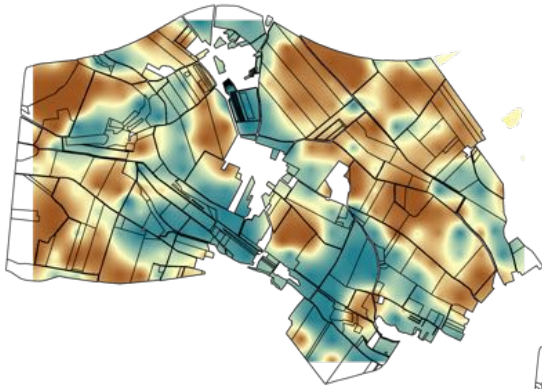


Impact positif de l'intensité du mode d'usage agricole du sol sur la diversité bactérienne

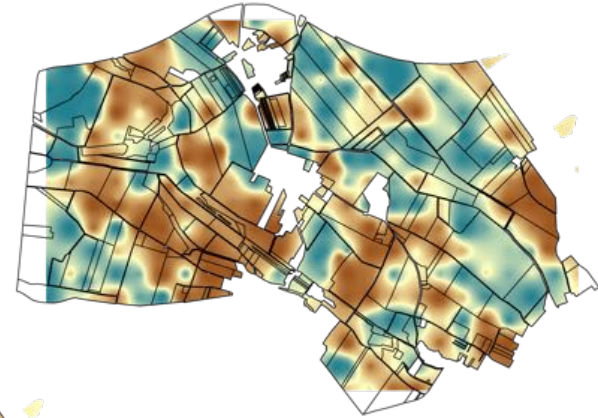
Cartographie des taxons



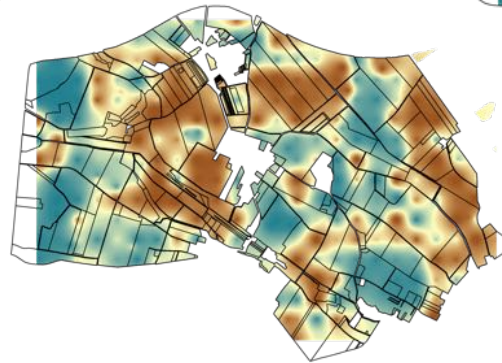
Alpha-proteobacteria



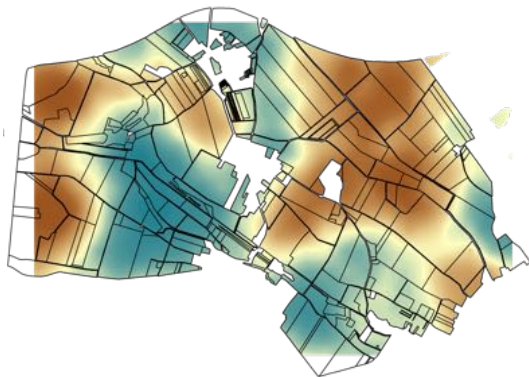
Bacteroidetes



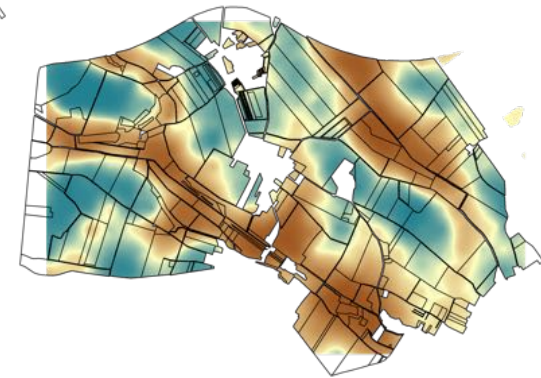
Nitrospira



Verrucomicrobia

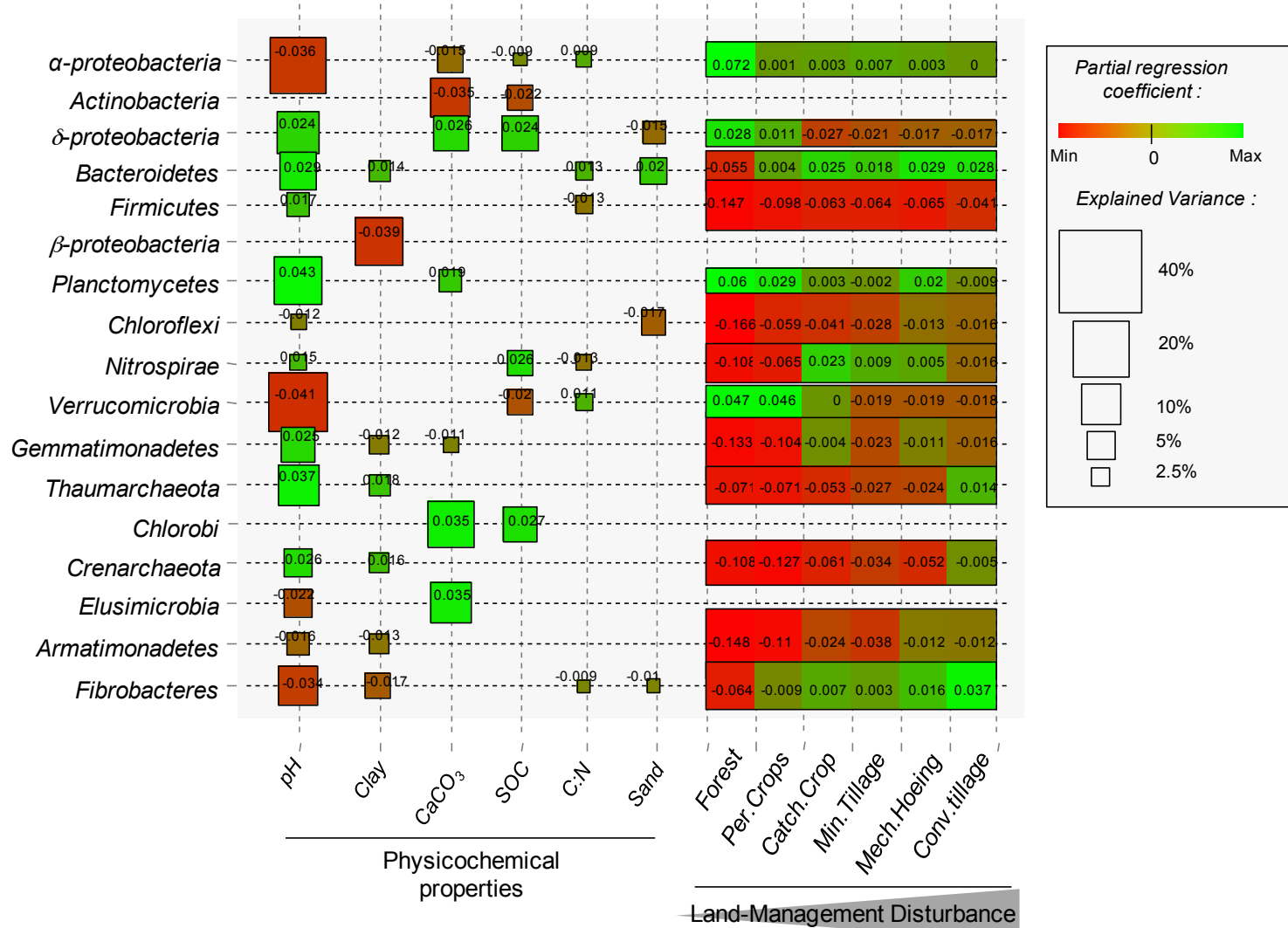


delta-proteobacteria



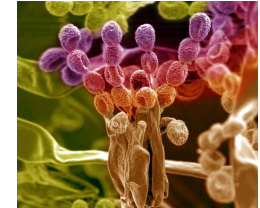
**Taille de patch variable (300-800m), et distribution différente
Mise en évidence des attributs écologiques**

Attributs écologiques

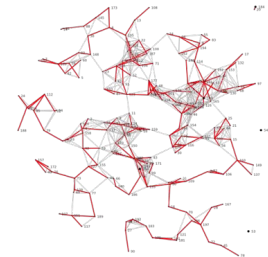
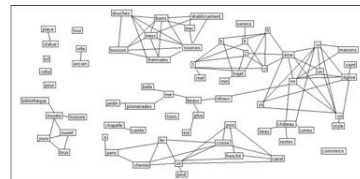


Perspectives

- Prendre en considération les champignons



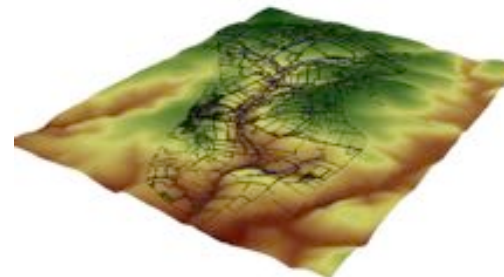
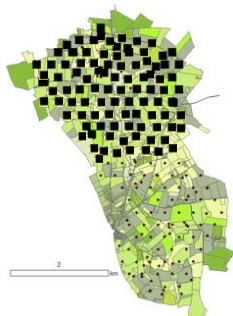
- Développer les analyses de réseau de co-occurrence et de réseau d'interactions (MetaTAXOMIC-RMQS)



- Elaborer une flore microbienne de France (MEDDE-ONB, ADEME)



- Faire le lien avec les fonctions (ANR MOSAIC)





Merci de votre attention ...

Microéchelle - Agrégats

Sol tamisé



Dispersion



Tamisage



Sédimentation



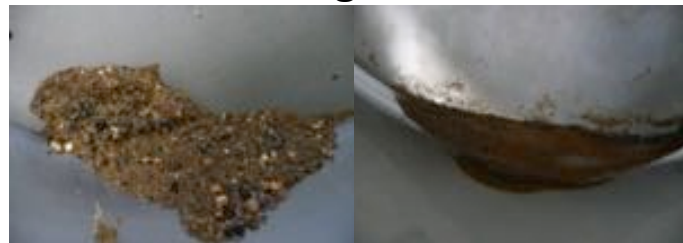
Centrifugation

Fractions grossières

Fraction intermédiaire

Fraction fine

Argiles libres



2000-250 μm

250-63 μm



63-20 μm



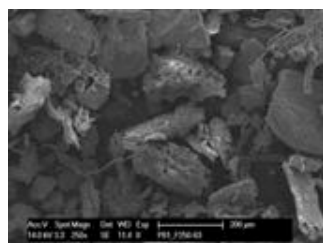
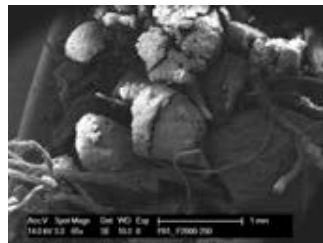
20-2 μm



<2 μm

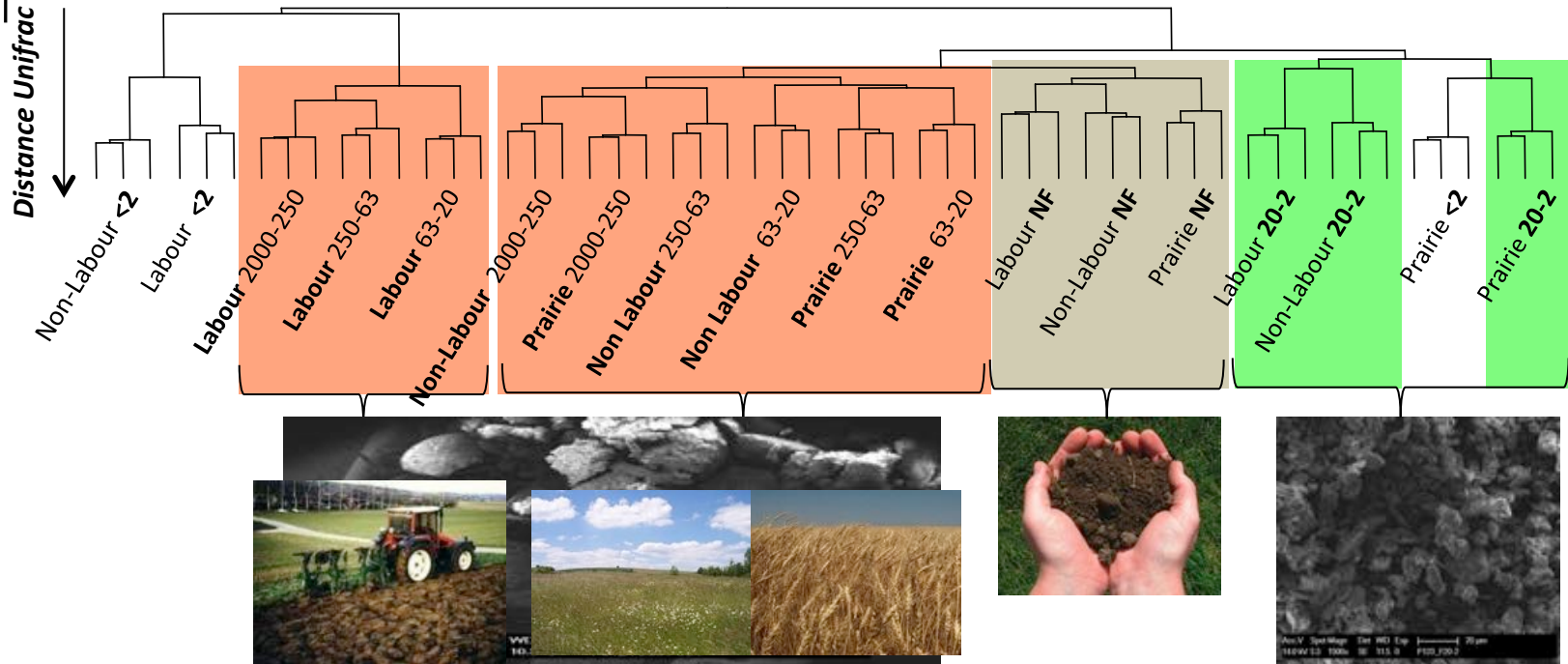
Macroagrégats

Microagrégats



Distribution de la composition bactérienne

Constancias et al. 2014. Agron Sustain Dev.



- ➔ • **Fractions grossières (2000-20μm)** : communautés bactériennes sont plus influencées par le **mode d'usage** avec une fort impact du labour
- **Fractions fines (20-2μm)** : communautés bactériennes sont plus influencées par la **taille de l'habitat** (par le sol)



Processus de sélection i) par le sol dans microagrégats, et ii) mode d'usage dans macroagrégats
Poids de l'histoire vs poids de l'actuel