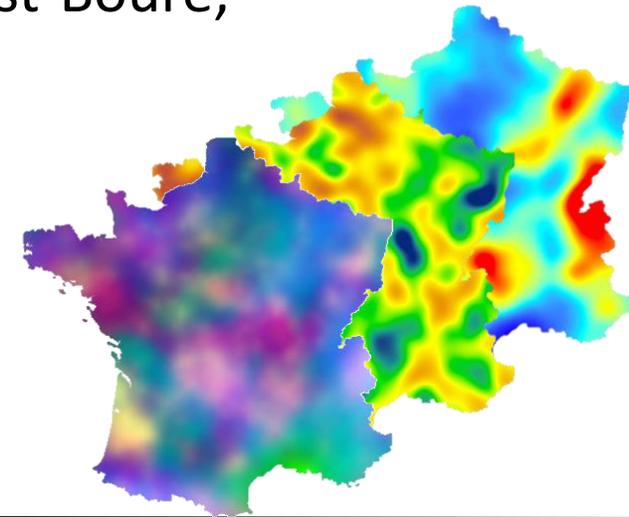


Les traits écologiques et fonctionnels des microorganismes comme indicateurs de fonctionnement du sol

Sébastien Terrat, Samuel Dequiedt, Christophe Djemiel, Battle Karimi, Aurélien Cottin, Walid Horrigue, Nicolas Chemidlin Prévost-Bouré, Pierre-Alain Maron, Lionel Ranjard,

UMR 1347 Agroécologie

Dijon, France



Agroécologie
Dijon
Unité de Recherche

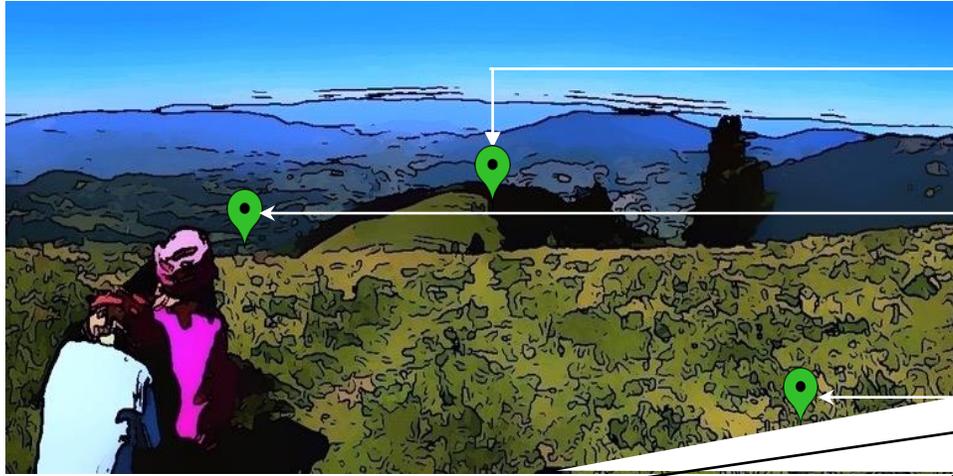


INRAE
la science pour la vie, l'humain, la terre



UNIVERSITÉ
BOURGOGNE
EUROPE

Les sols, un écosystème diversifié et essentiel



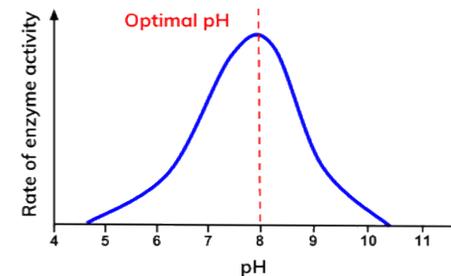
10^9 bactéries - 10^6 espèces



1g de sol

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

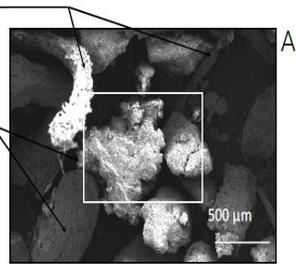
Niches écologiques



Forte abondance et diversité

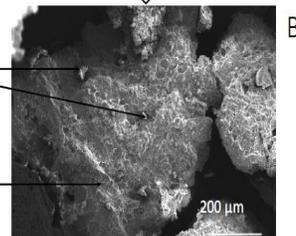
Organic fragment

Macro-agregate

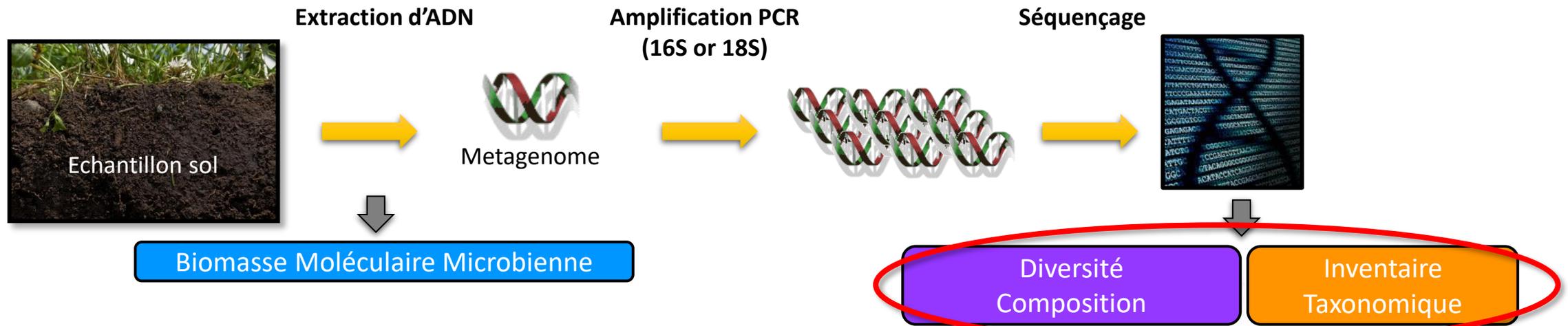


Micro-agregate

Macro-agregate



Caractérisation des communautés microbiennes des sols

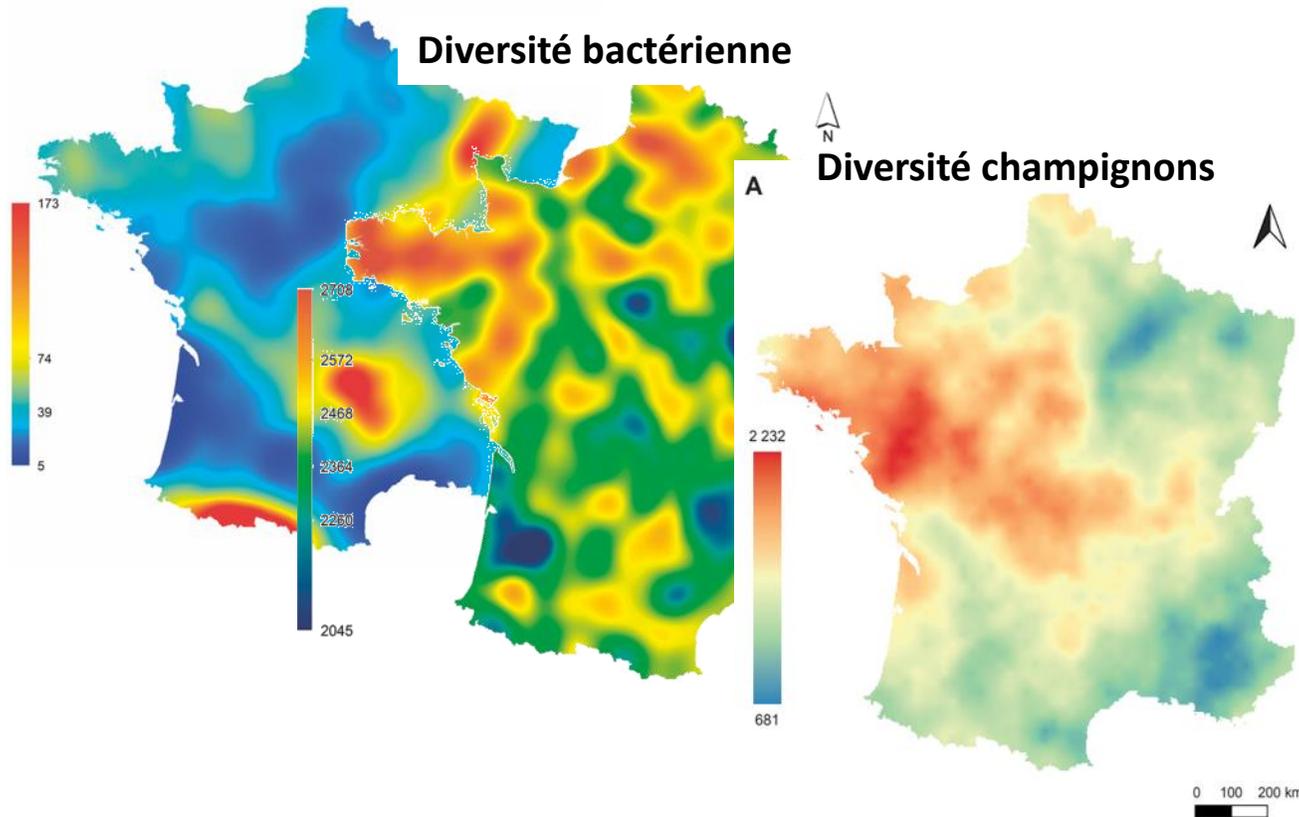


Analyse de données



Qualité microbiologique des sols français

Biomasse moléculaire microbienne



Indicateurs du patrimoine microbiologique des sols



Fonctions/activité microorganismes des sols ?

Besoin de nouveaux indicateurs du fonctionnement microbiologique des sols

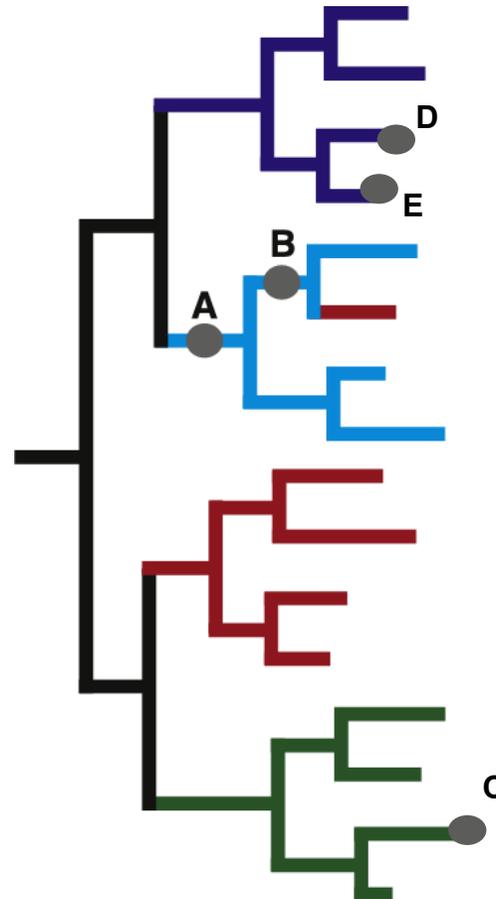
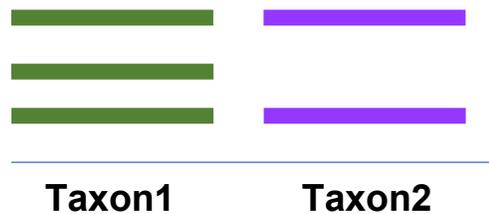


Inférence fonctionnelle

Inférence fonctionnelle

Nombreux outils existent : PiCrust2, Piphillin, Tax4Fun, etc.

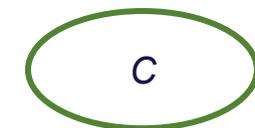
Permet de prédire des **gènes / fonctions biologiques** à partir des données amplicons et des **génomés connus**



Aligné au milieu des branches des taxons D et E => Taxon2 est prédit comme ayant le génomé combiné des organismes D et E



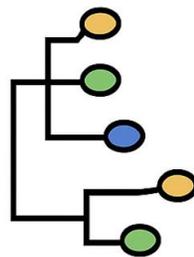
Proche du génome C => Taxon1 est prédit comme ayant les fonctions du génomé du taxon C



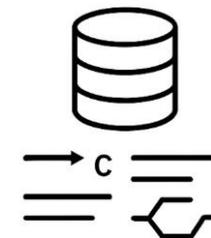
Inférence fonctionnelle (PiCrust2)

PiCrust2 données entrée

Séquences cœurs OTUs	
> OTU1	ACGTGTGACTAGACGA
> OTU2	ACGTGTGATTTACGA
...	



1. Positionnement des séquences au sein de l'arbre phylogénétique des organismes connus (HMMER)



2. Inférence des fonctions et gènes pour chaque OTU (CASTOR)



PiCrust2 données sortie

Abondance fonctions/gènes			
	Sp1	Sp2	...
Gène1			
Gène2			
...			

3. Prise en compte des abondances des OTUs au sein de chaque échantillon



PiCrust2 données entrée

Tableau abondance OTUs			
	Sp1	Sp2	...
OTU1			
OTU2			
...			



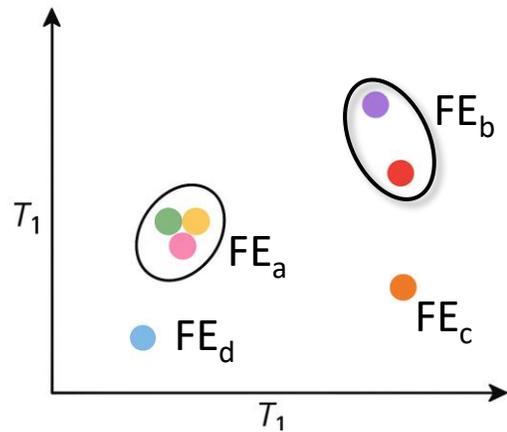
Données temporaires

Tableau fonctions OTUs			
	OTU1	OTU2	...
Fct1			
Fct2			
...			

Indices basés sur l'inférence fonctionnelle

Entités fonctionnelles (FEs)

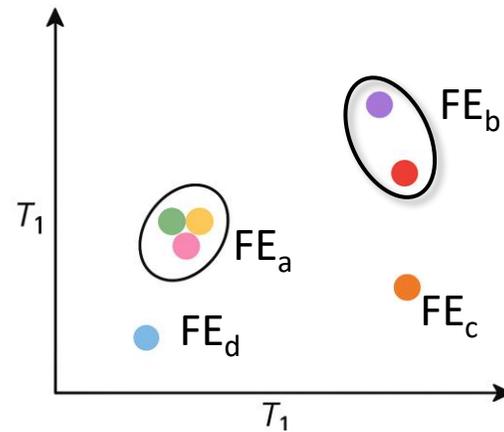
Entité fonctionnelle : espèces (ici des taxons) ayant les mêmes fonctions.



4 FEs

Redondance Fonctionnelle (Fred)

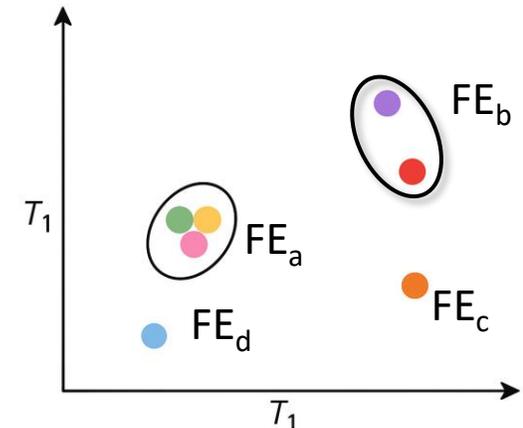
Renseigne sur la redondance fonctionnelle de l'échantillon, ou le nombre moyen de taxons par FE.



Fred : 7 taxons / 4 FEs

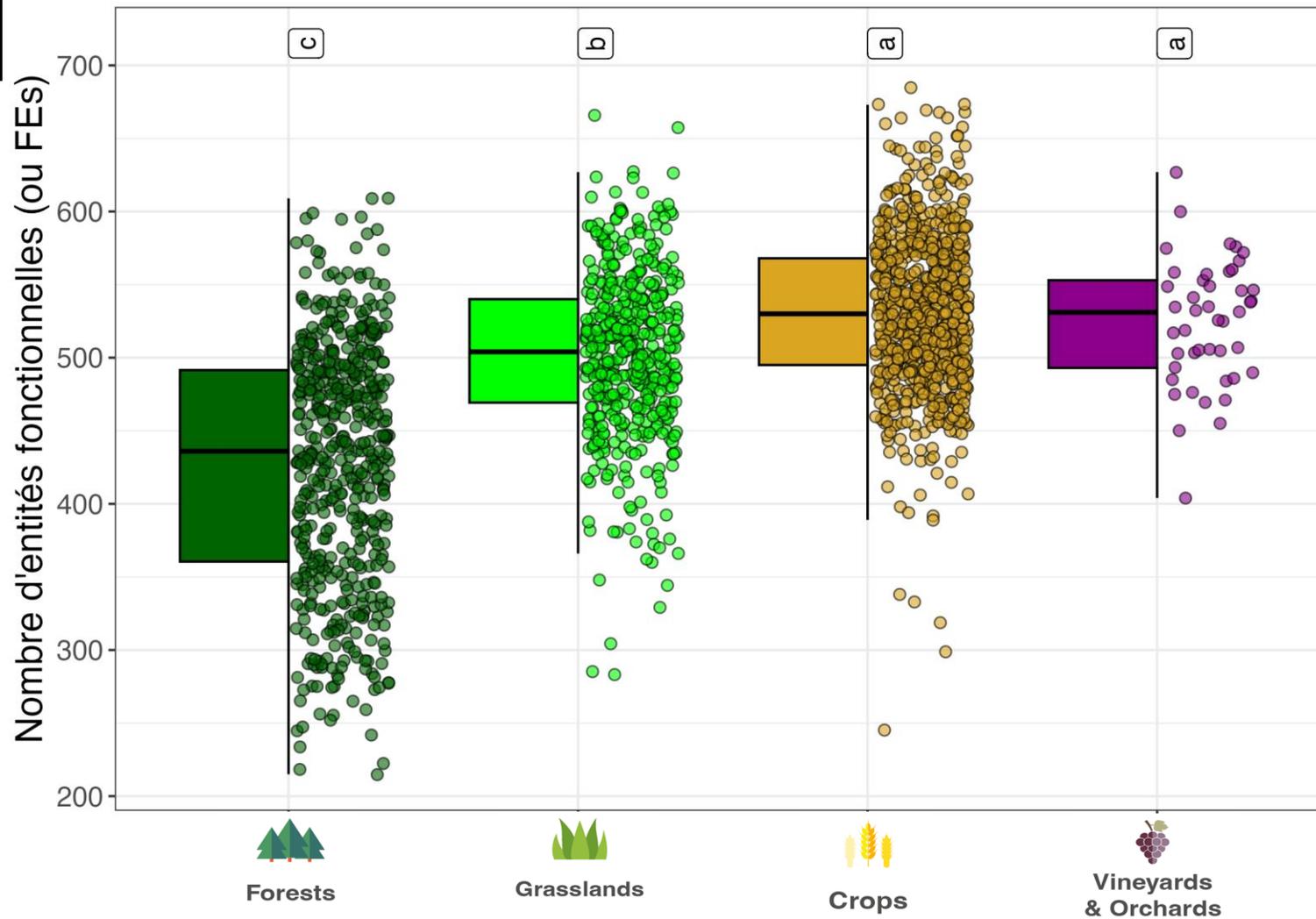
Vulnérabilité fonctionnelle (FVuIn)

Mesure la vulnérabilité des fonctions basé sur le nombre d'entités fonctionnelles représentées par un seul taxon.

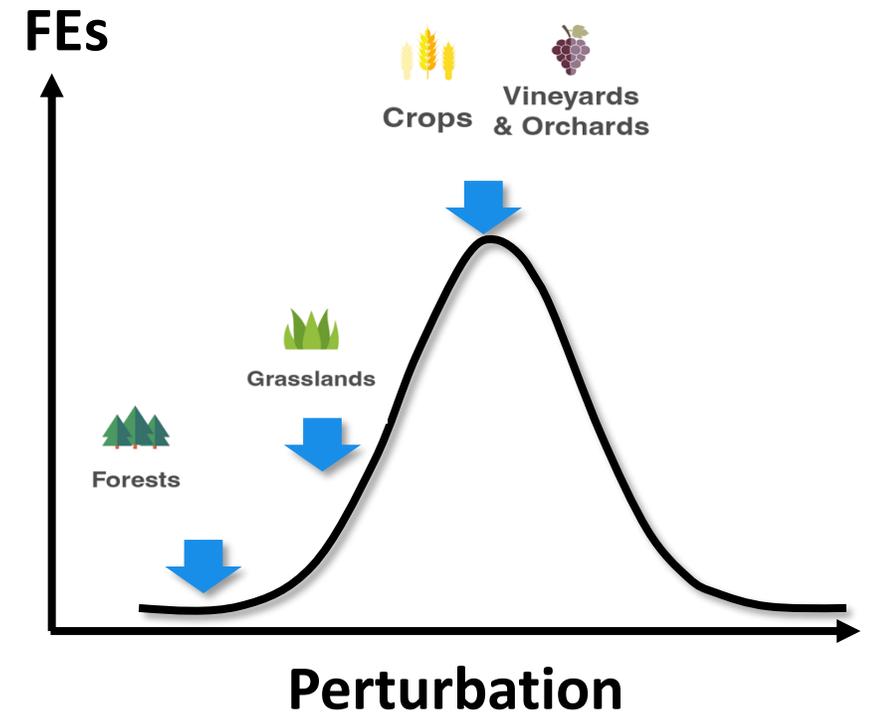


FVuIn : 2 FE à 1 taxon

Entités fonctionnelles à l'échelle du RMQS

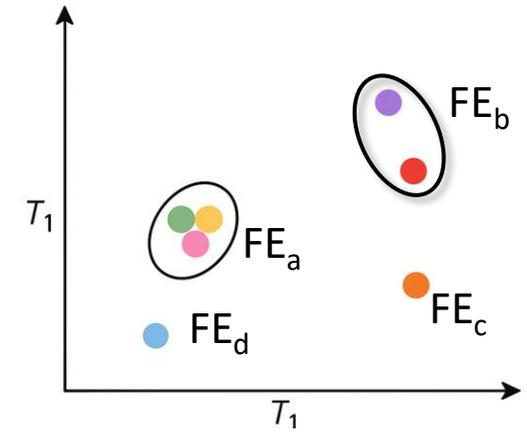
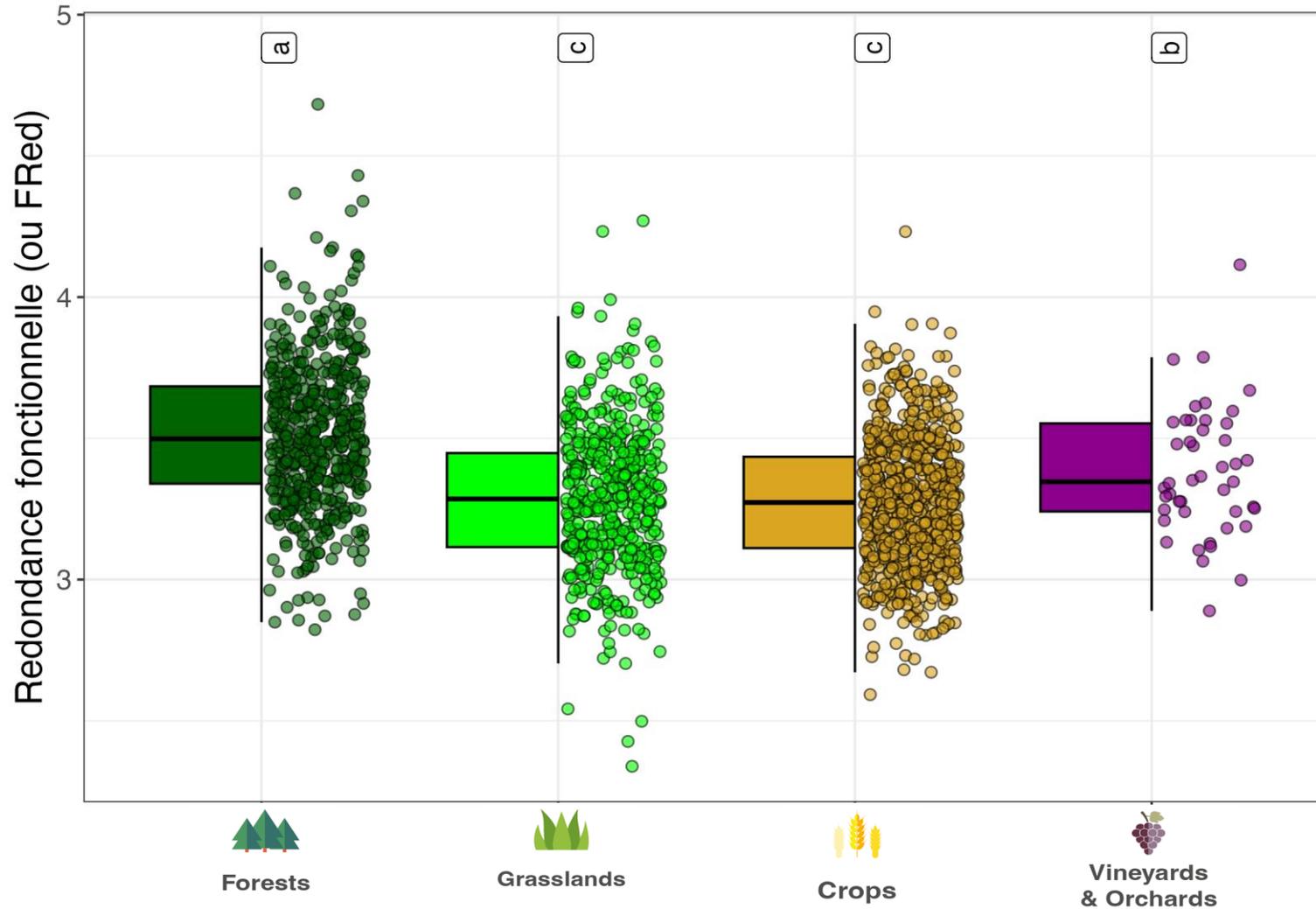


Perturbation intermédiaire semble stimuler la richesse en FEs bactérienne.



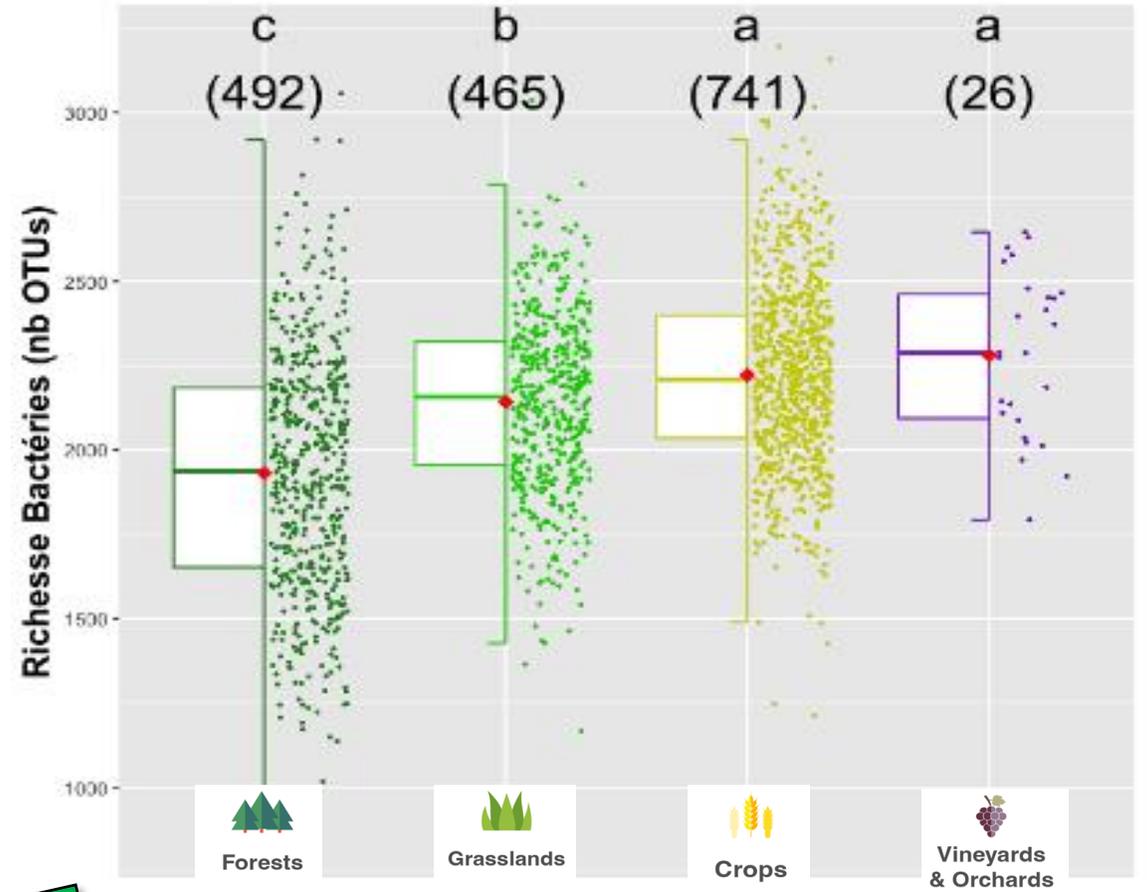
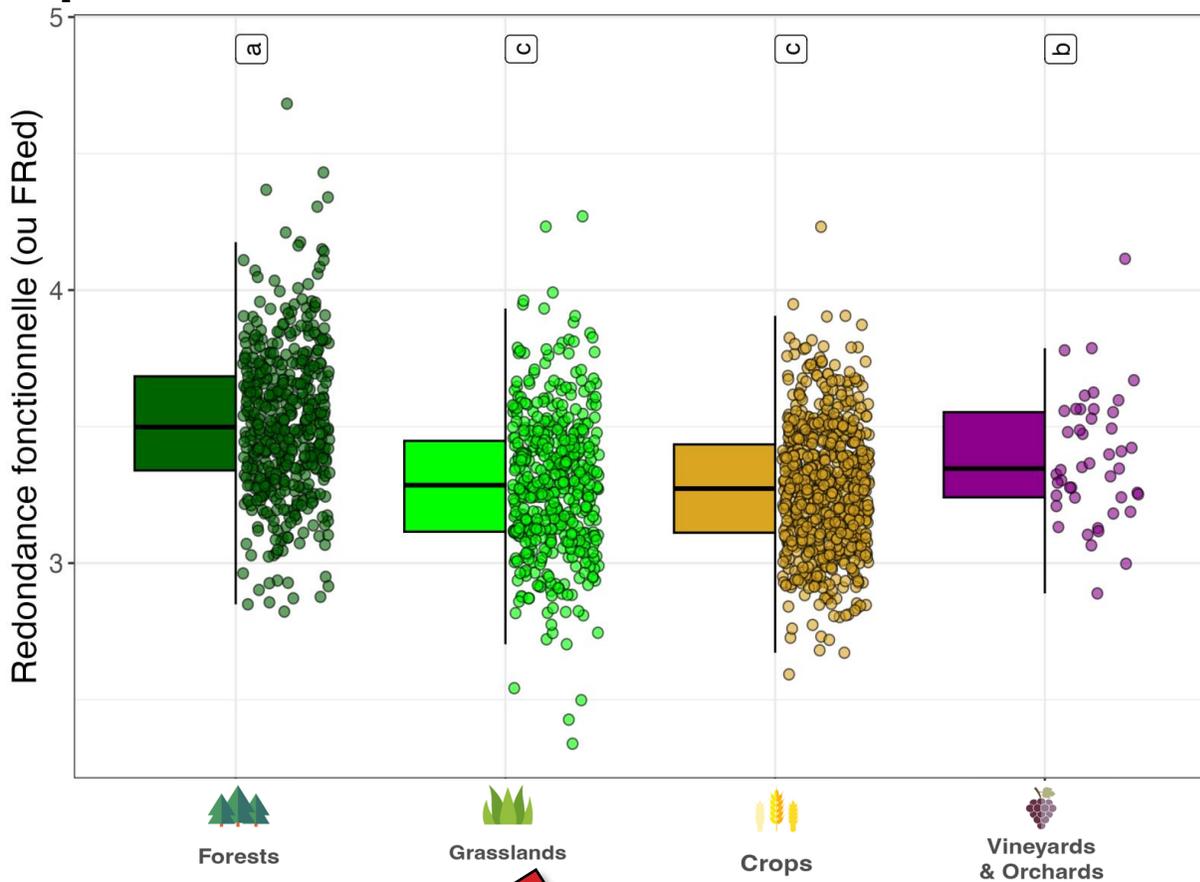
La richesse en FEs suit la richesse bactérienne déjà observée.

Redondance fonctionnelle à l'échelle du RMQS



Redondance fonctionnelle : Forêts > Vignes > Prairies = Cultures

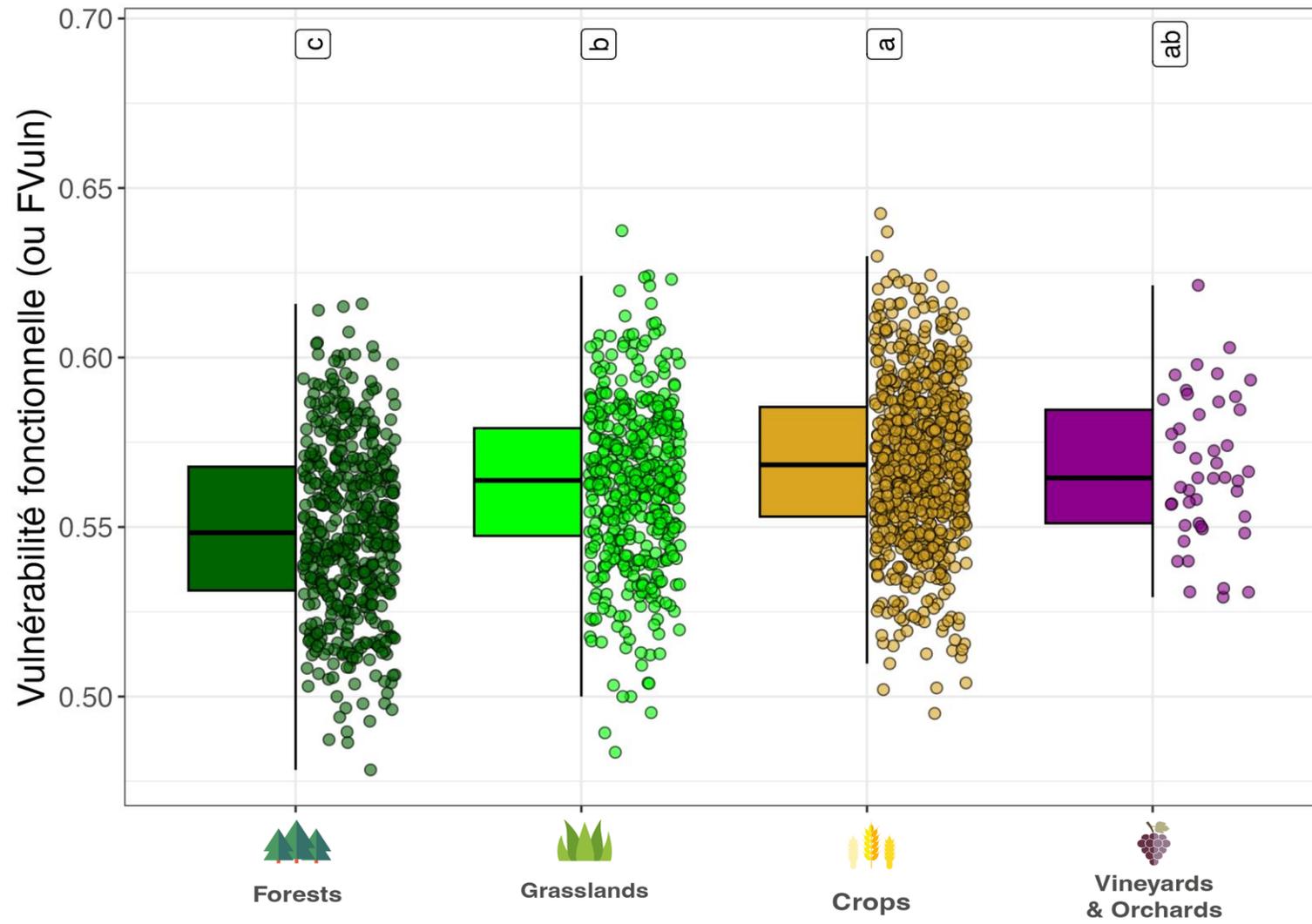
Redondance fonctionnelle à l'échelle du RMQS



Forêts : richesse  redondance fonctionnelle 
Fonctions identiques portées par de nombreux microorganismes

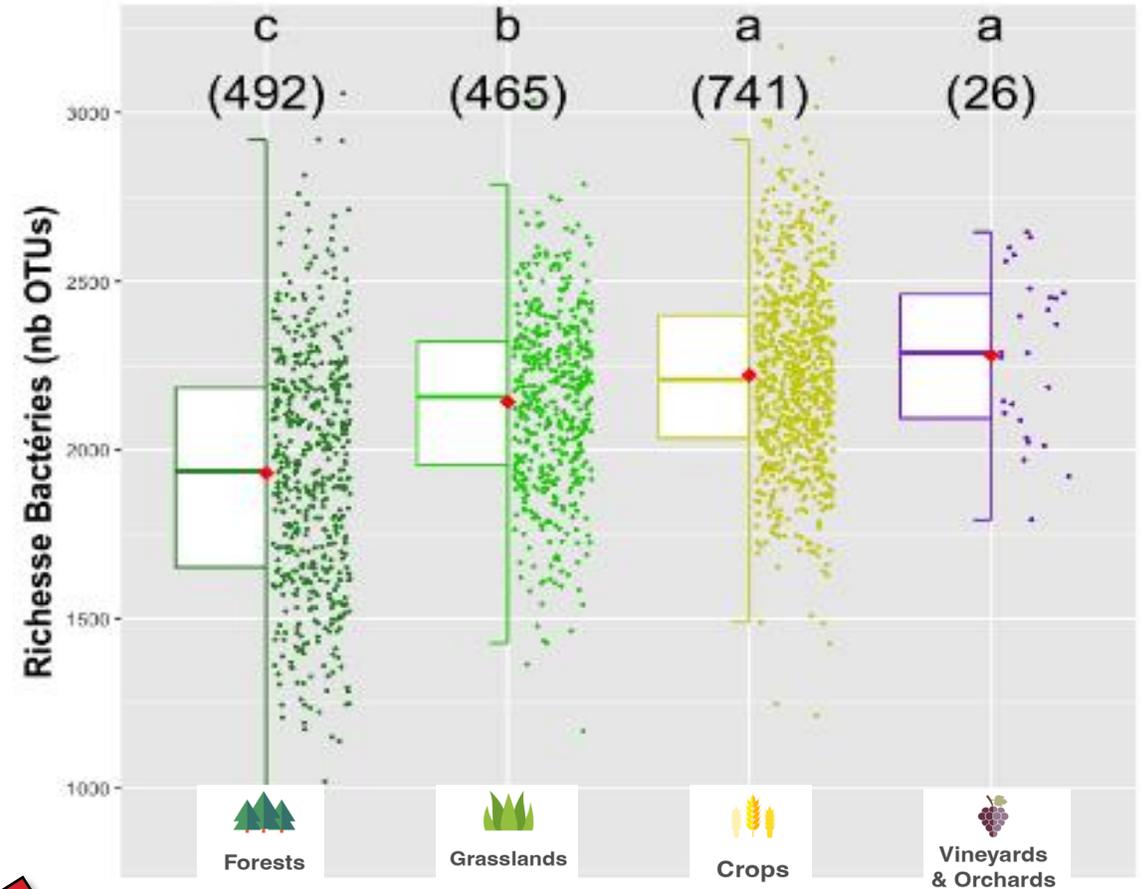
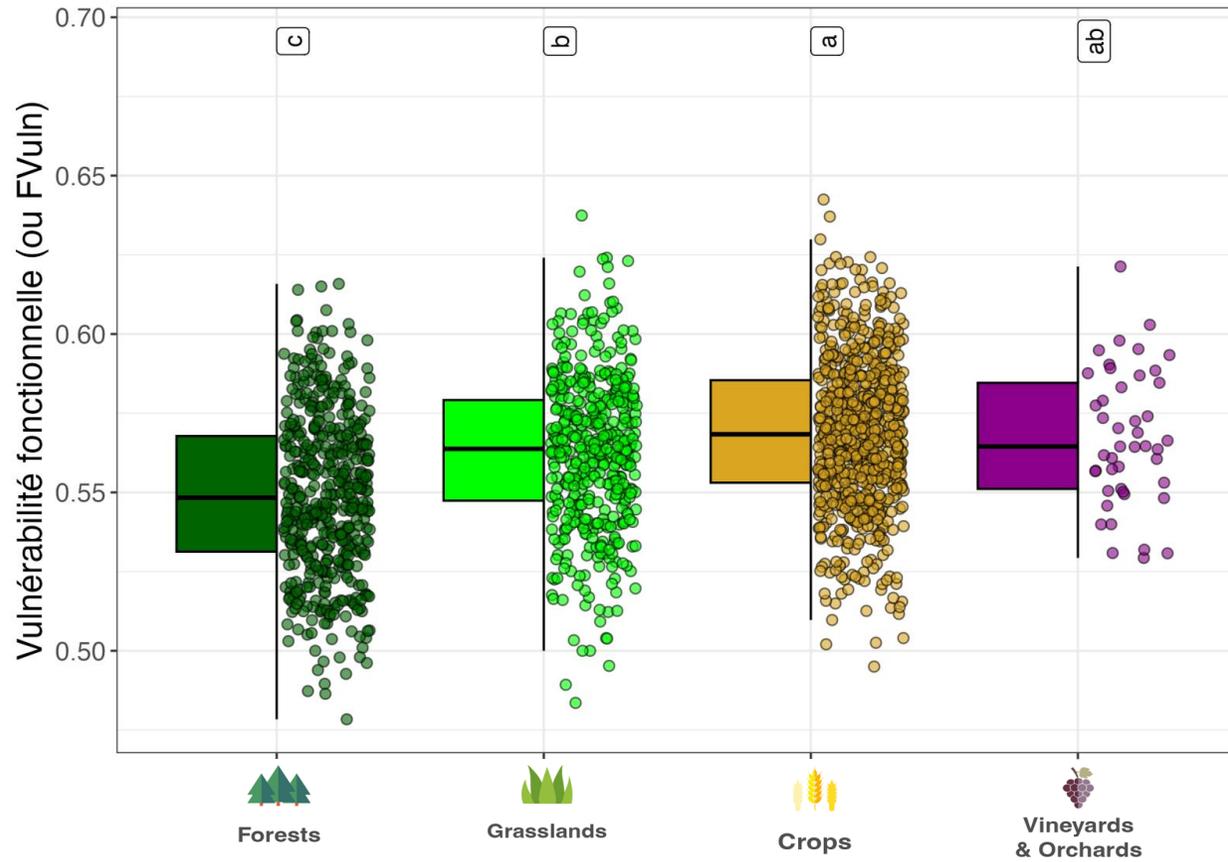
Vignes : richesse  redondance fonctionnelle 
Peu fonctions identiques portées par plusieurs microorganismes

Vulnérabilité fonctionnelle à l'échelle du RMQS



Les environnements les plus anthropisés (cultures, vignes) présentent le plus de fonctions vulnérables.

Vulnérabilité fonctionnelle à l'échelle du RMQS



Forêts : richesse



vulnérabilité fonctionnelle



Fonctions identiques portées par de nombreux microorganismes

Vignes : richesse



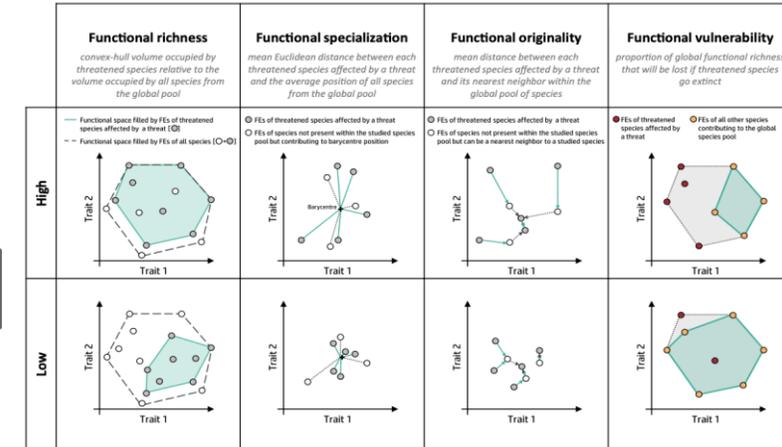
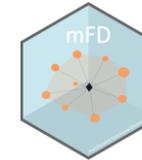
vulnérabilité fonctionnelle



Nombresuses fonctions portées par un seul taxon => résistance ?

Conclusions & Perspectives

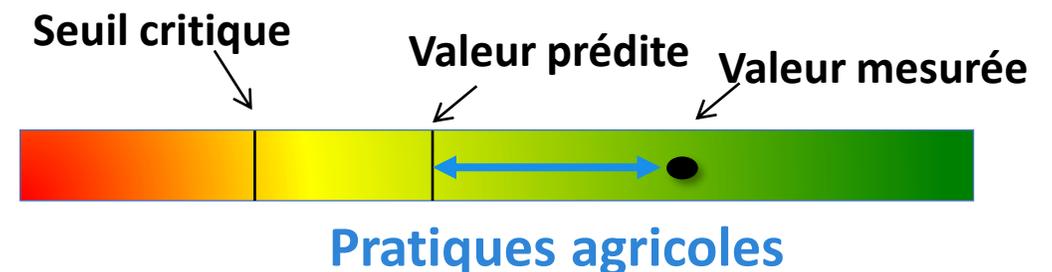
➤ **Nombreux indices à considérer** dans l'inférence fonctionnelle, comme ceux calculés par le package *mFD* (*multifaceted functional diversity*).



➤ Évaluer la **sensibilité et la spécificité** de ces bio-indicateurs en les confrontant à des jeux de données de sols agricoles



➤ **Transférer et former le monde agricole** à ces nouveaux indicateurs.



Remerciements



Samuel Dequiedt, Christophe Djemiel, Battle Karimi, Aurélien Cottin,
Walid Horrigue, Nicolas Chemidlin Prévost-Bouré, Pierre-Alain Maron,



Lionel Ranjard

