

Apport des nouvelles générations de séquençage pour accéder à la diversité et la richesse des communautés microbiennes de sols issus d'échantillonnage de grande ampleur

Sébastien Terrat, Samuel S. Dequiedt, Richard Christen, Dipankar Bachar, Mélanie M. Lelievre, Tiffanie Regnier, Virginie Nowak, Pierre Plassart, Patrick Wincker, Philippe P. Lemanceau, et al.

▶ **To cite this version:**

Sébastien Terrat, Samuel S. Dequiedt, Richard Christen, Dipankar Bachar, Mélanie M. Lelievre, et al.. Apport des nouvelles générations de séquençage pour accéder à la diversité et la richesse des communautés microbiennes de sols issus d'échantillonnage de grande ampleur. Ecole Thématique Expert Génomique Environnementale ETEGE, Apr 2012, Aussois, France. hal-01208719

HAL Id: hal-01208719
https://hal.science/hal-01208719

Submitted on 6 Jun 2020

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.

Apport des nouvelles générations de séquençage pour accéder à la diversité et la richesse des communautés microbiennes de sols issus d'échantillonnage de grande ampleur.

La diversité microbienne d'un sol (que l'on estime entre 10^5 et 10^6 espèces différentes par gramme de sol) est difficile à caractériser. Cependant, les techniques de séquençage haut-débit comme le pyroséquençage permettent maintenant d'étudier la diversité des communautés microbiennes du sol en se basant sur un marqueur phylogénétique (comme l'ADNr 16S ou 18S). De premières études ont déjà été réalisées avec cette technique afin d'aborder la diversité bactérienne des sols et cette dernière est maintenant unanimement reconnue pour sa pertinence et ses potentialités très importantes.

Toutefois, l'écologie microbienne du sol commence à se tourner vers l'étude d'échantillonnages de grande envergure spatiale (Réseau de Mesure de la Qualité des Sols qui représente plus de 2200 sols à l'échelle du territoire français) afin de mieux hiérarchiser les processus et paramètres impliqués dans l'assemblage de ces communautés. Ce caractère massif, ainsi que les caractéristiques inhérentes aux séquences obtenues par la technique de pyroséquençage requièrent le développement d'outils bioinformatiques adaptés, optimisés et évalués, afin d'analyser rapidement et efficacement ce type de données. L'objectif final est de coupler, sur un grand nombre d'échantillons, cette approche avec des mesures d'activités et de faire le lien entre la diversité microbienne tellurique et l'aptitude des sols à rendre des services. Les premiers résultats (méthodologiques et biologiques) sur un nombre restreint de sols seront décrits et présentés.