

Suivi métatranscriptomique de l'évolution du microbiote du sol après traitement thermique

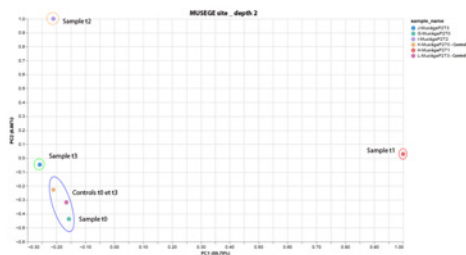
Julien Crovadore ¹ et François Lefort

HEPIA, Groupe Plantes et Pathogènes, Route de Presinge 150, CH-1254 Jussy, Suisse.

✉ julien.crovadore@hesge.ch ; francois.lefort@hesge.ch - www.hepia.hesge.ch

Dans cette étude, les flores bactérienne et fongique vivantes (ainsi que leurs proportions relatives) ont été évaluées par métatranscriptomique dans des sols traités à la vapeur. Ce traitement avait vocation d'éliminer des foyers de renouée du Japon. Cette méthode permet d'évaluer l'impact de ce traitement sur la microflore du sol. A cette fin, 36 échantillons de sol de trois provenances différentes pour deux profondeurs ont été analysés. L'analyse métatranscriptomique est basée spécifiquement sur l'ARNm, qui représente les gènes exprimés par les micro-organismes vivants à l'instant « t ». Cette méthode décrit donc les micro-organismes actifs. Le but de l'analyse est de révéler un éventuel effet de l'injection d'eau à 140°C sous pression dans le sol sur l'évolution de la biodiversité du microbiote du sol au cours du temps.

Ainsi, aux gammes de températures maximales des sols atteintes lors de cette campagne de traitements, l'analyse métatranscriptomique a permis de mettre en évidence une influence marquée sur la diversité du microbiote du sol immédiatement après le traitement, mais également un retour à la composition initiale un an après le traitement. Le traitement vapeur ainsi pratiqué n'apparaît pas létal pour la très grande majorité des micro-organismes composant le microbiote respectif de ces sols. Nous avons pu analyser que le traitement est tout de même délétère concernant certaines espèces, et donc l'équilibre de la flore du microbiote du sol. Le traitement semble favoriser sur une courte durée et de façon transitoire l'émergence de micro-organismes adaptés à des conditions de vie anaérobiques à des températures élevées.



► PCoA des abondances de taxons au niveau de l'espèce pour le site de Musièges

◀ HeatMap des communautés microbiennes du site de Dully pour les 15 premières espèces (Top 15).

