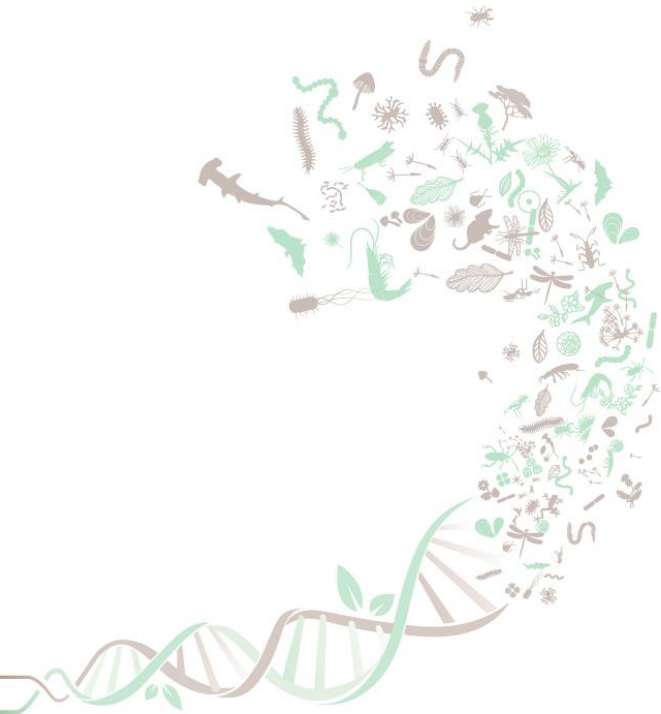
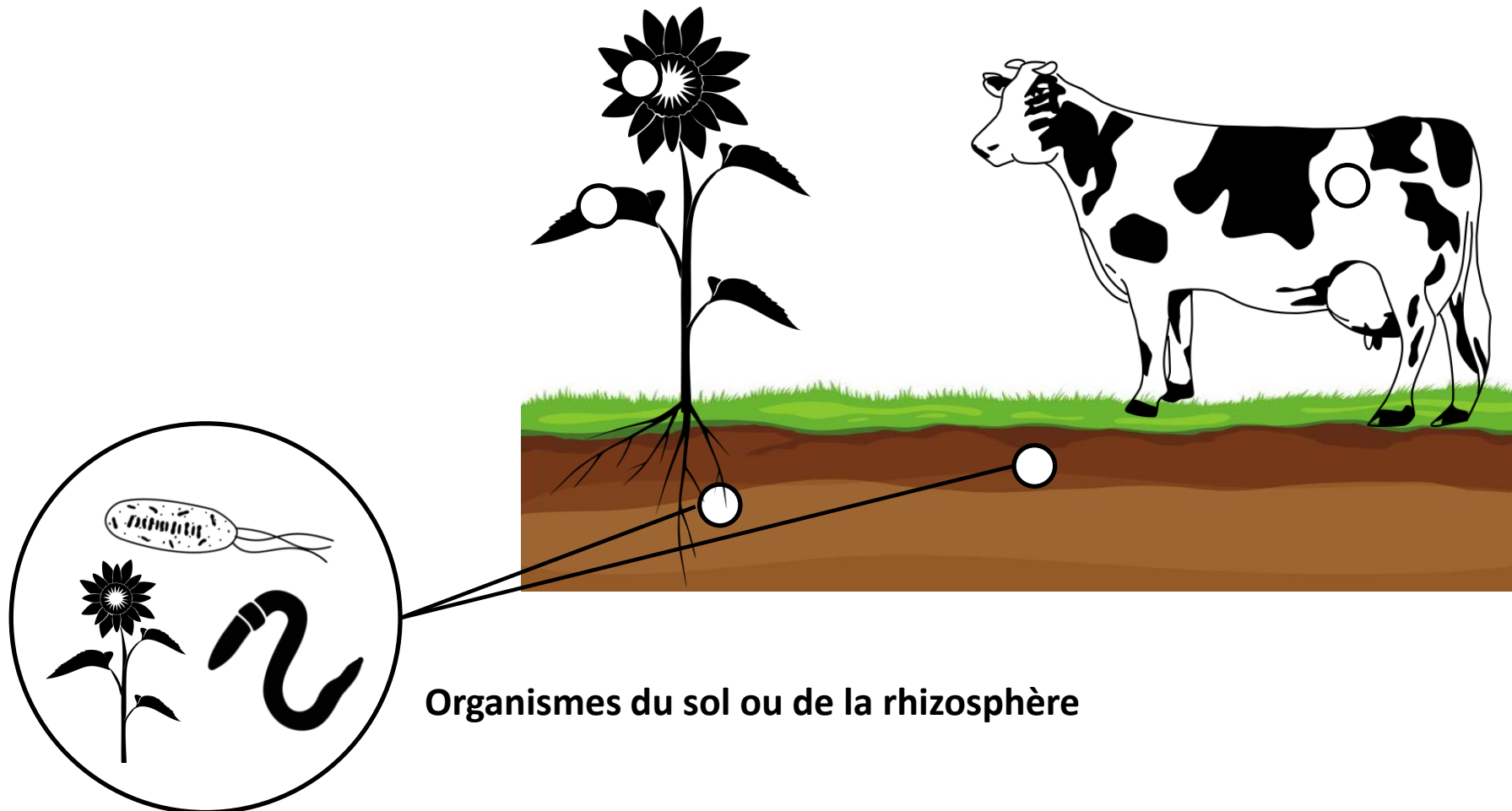


Exemples d'applications de l'ADN environnemental en agriculture

Aurélie Bonin



Introduction : l'ADNe est omniprésent dans les agrosystèmes

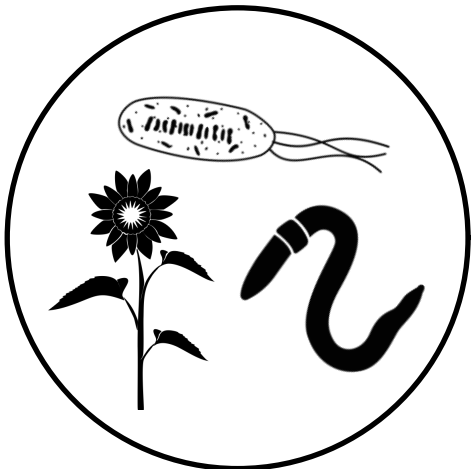


Organismes du sol ou de la rhizosphère

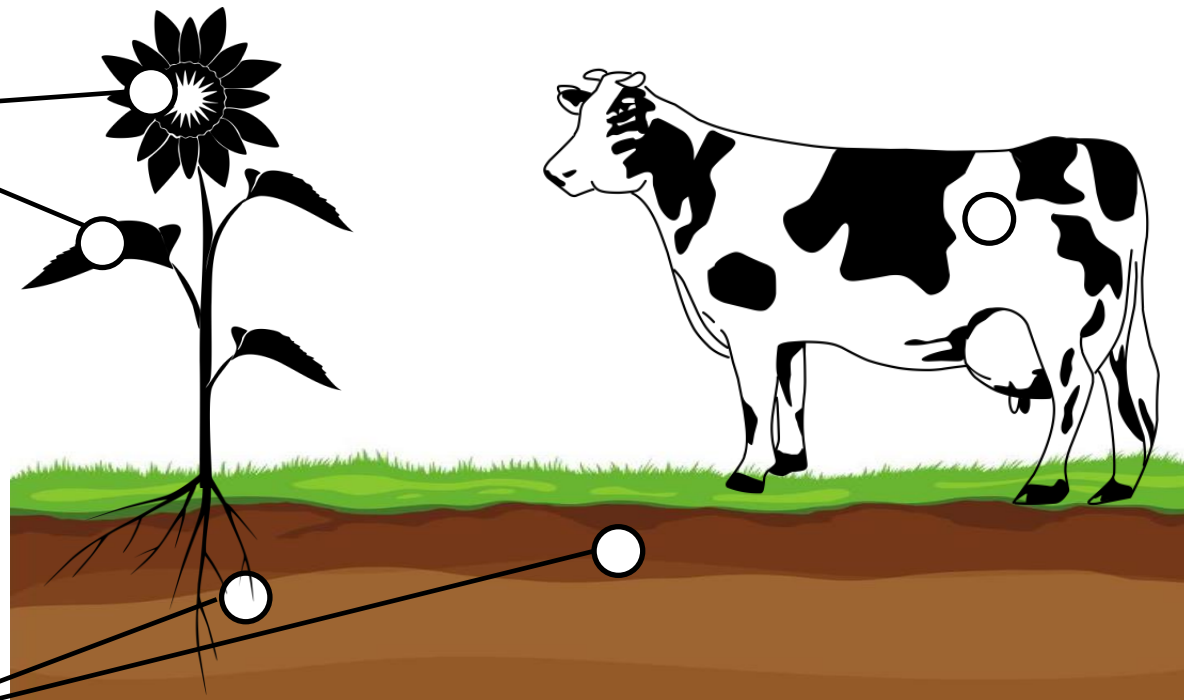
Introduction : l'ADNe est omniprésent dans les agrosystèmes



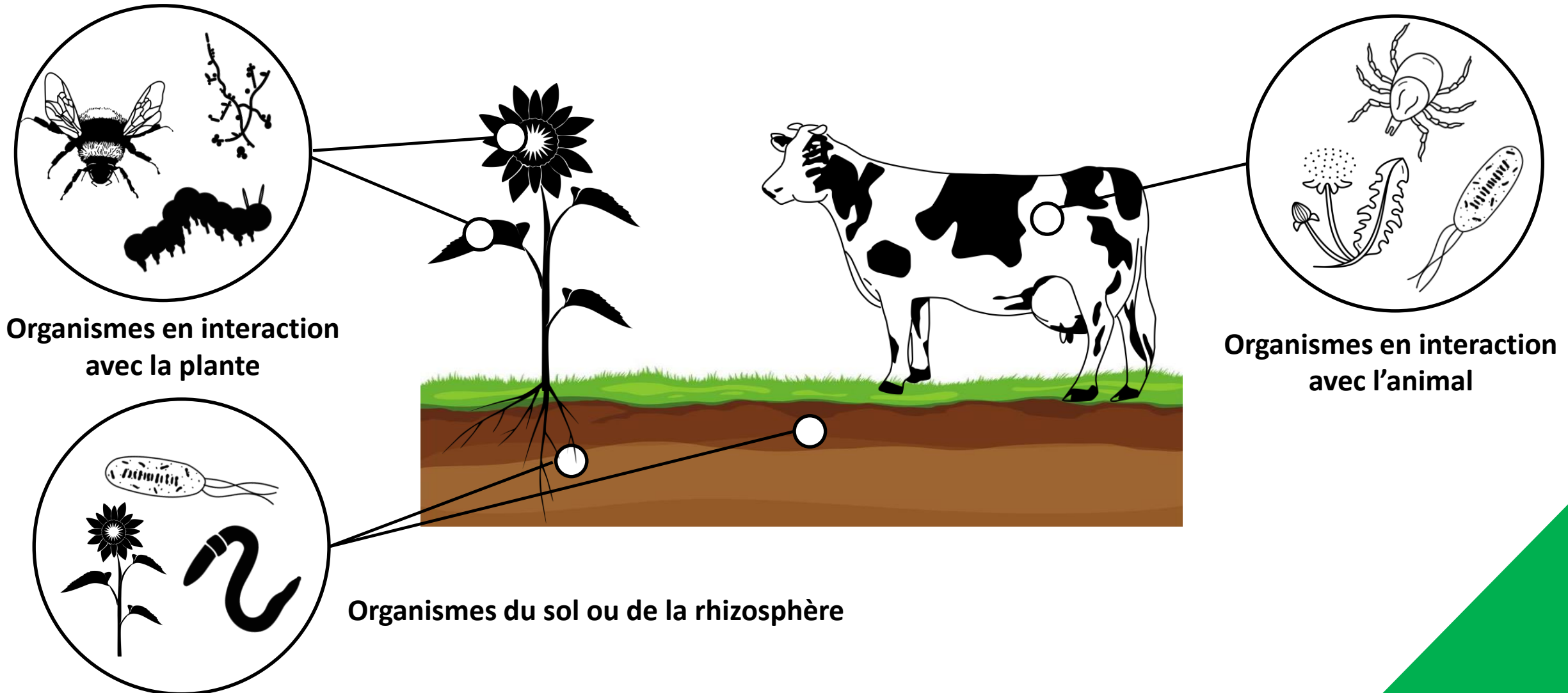
Organismes en interaction avec la plante



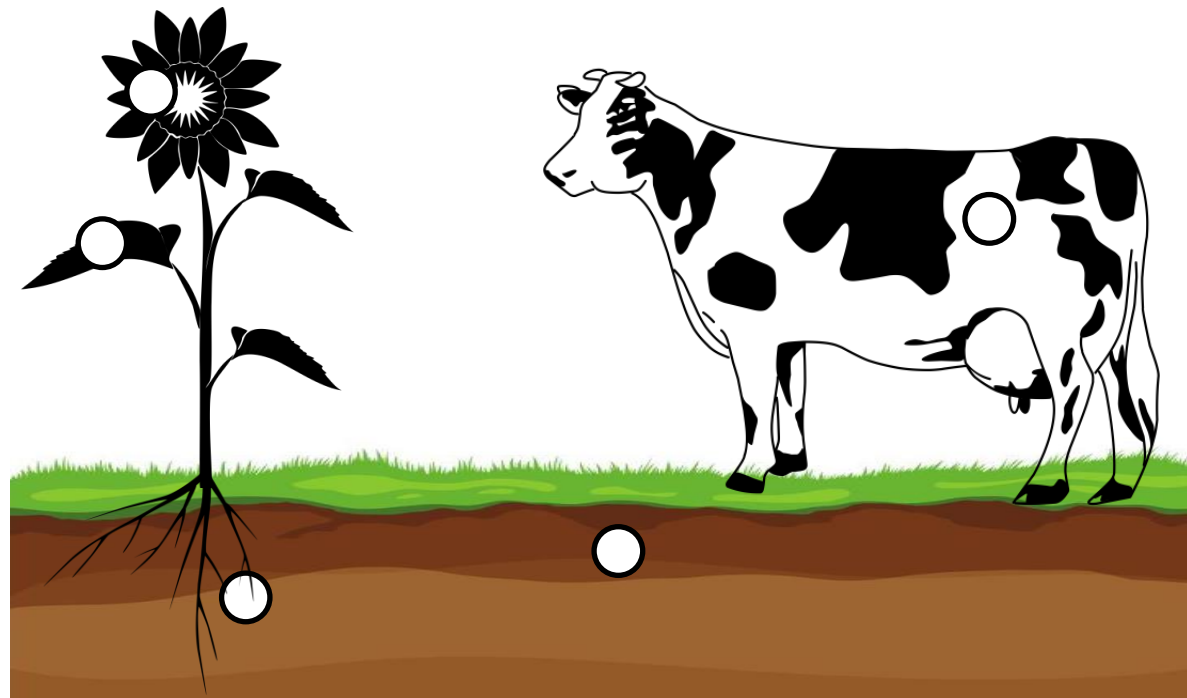
Organismes du sol ou de la rhizosphère



Introduction : l'ADNe est omniprésent dans les agrosystèmes



Introduction : l'ADNe est omniprésent dans les agrosystèmes

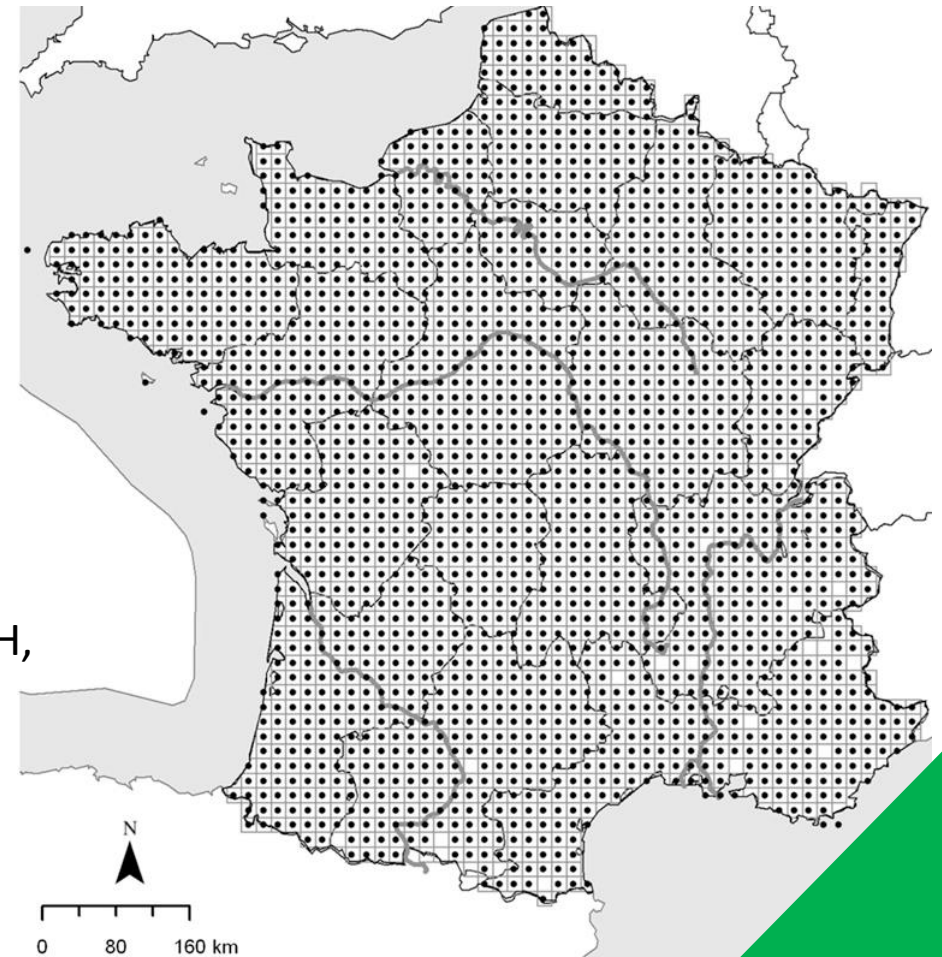


⇒ ADNe = source d'information précieuse sur les agrosystèmes

Exemple 1 – Cartographie de la diversité bactérienne des sols en France

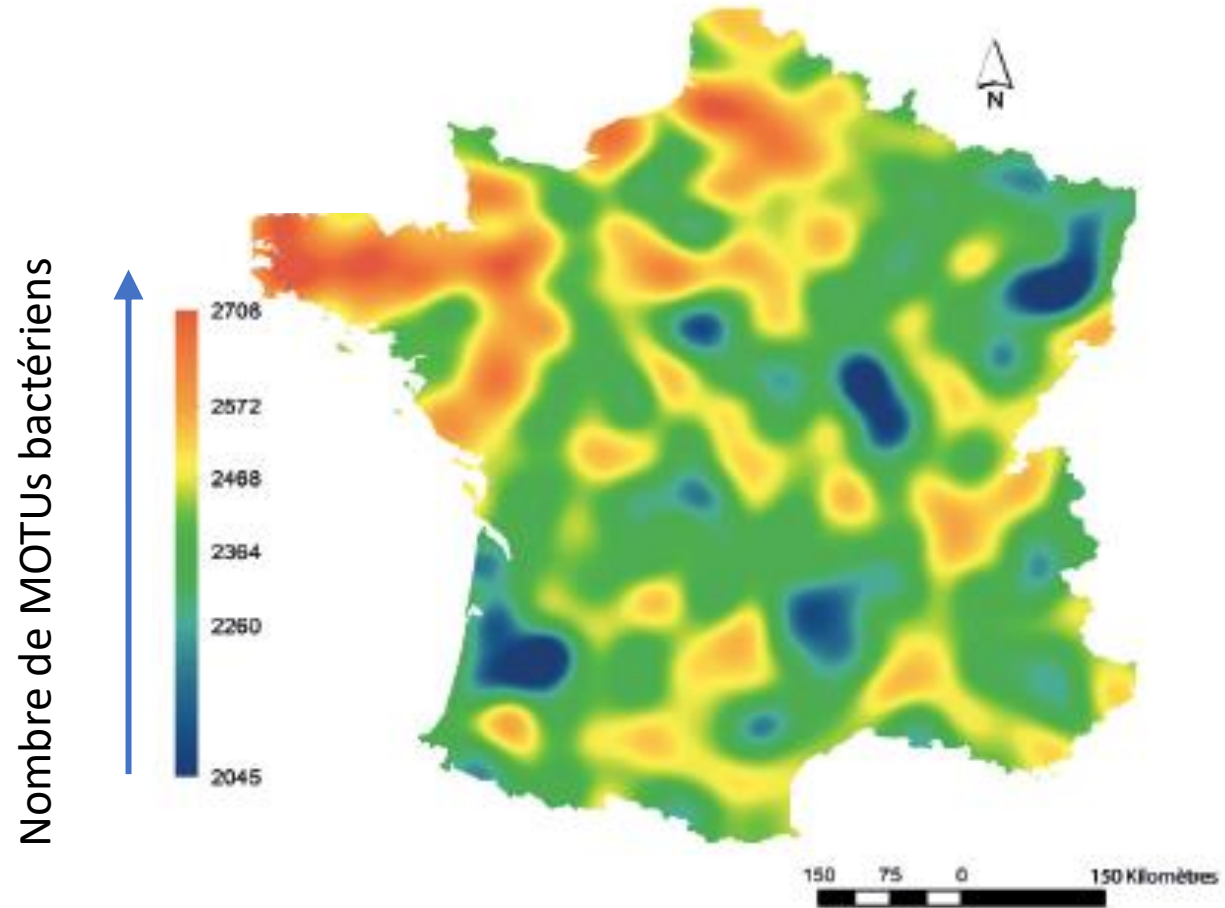
Objectifs : Définir la distribution et les niches écologiques des phylums de bactéries en France

- Projet initié en 2006
- Basé sur les sites du RMQS (Réseau de Mesures de la Qualité des Sols)
- 2240 sites, grille systématique de 16x16 km
- Caractéristiques environnementales et physico-chimiques (type de sol, pH, mode d'usage, etc.)
- Echantillons composites de sol + metabarcoding ADN



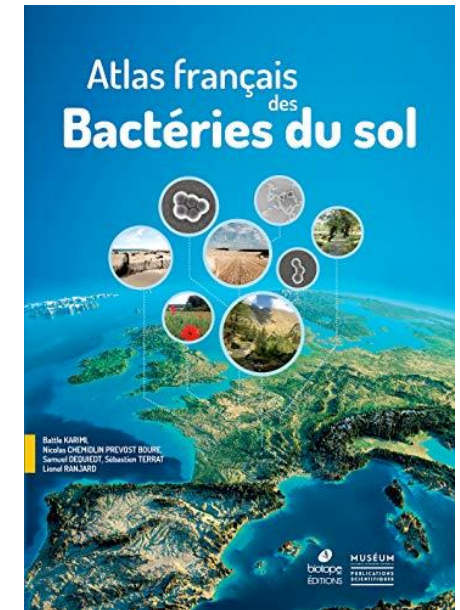
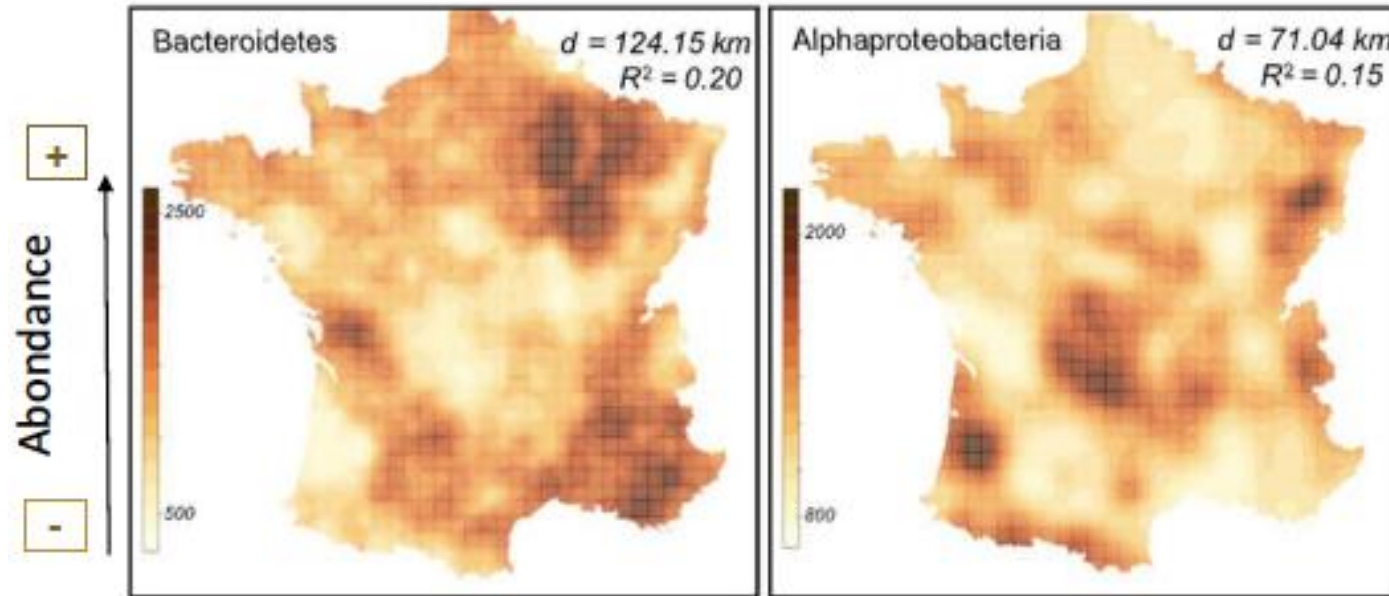
Exemple 1 – Cartographie de la diversité bactérienne des sols en France

Principaux résultats



Exemple 1 – Cartographie de la diversité bactérienne des sols en France

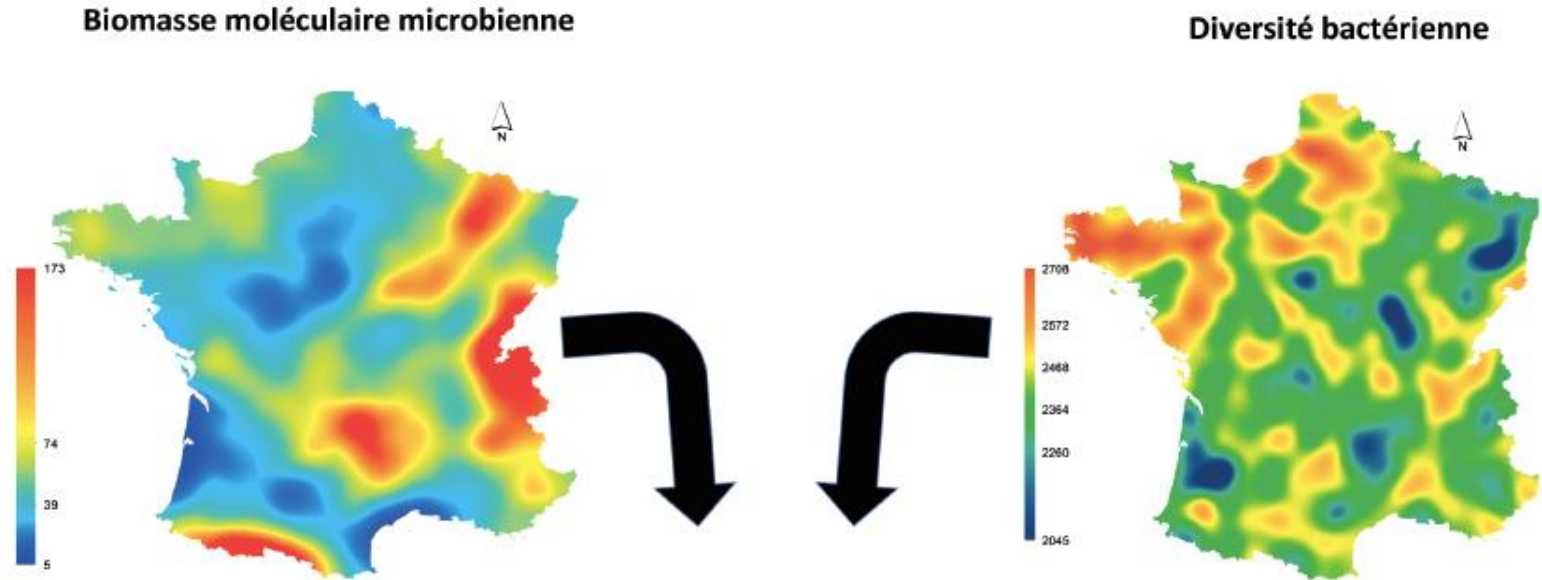
Principaux résultats : distribution sur le territoire français métropolitain de 35 phylums de bactéries (et archées)



Karimi et al. 2018

Exemple 1 – Cartographie de la diversité bactérienne des sols en France

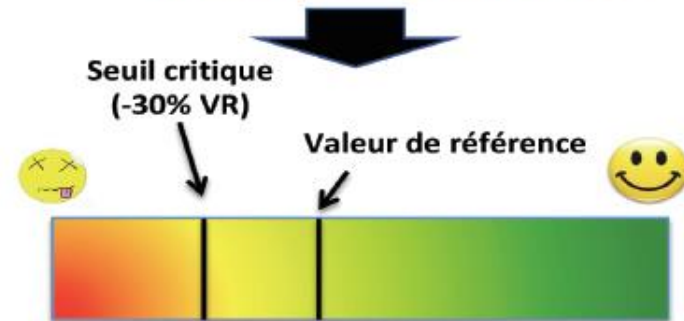
- ➔ Vers un outil prédictif de la qualité microbiologique des sols
- ➔ Travail en cours pour les champignons



Modèle prédictif :

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

Diagnostic qualité microbiologique du sol



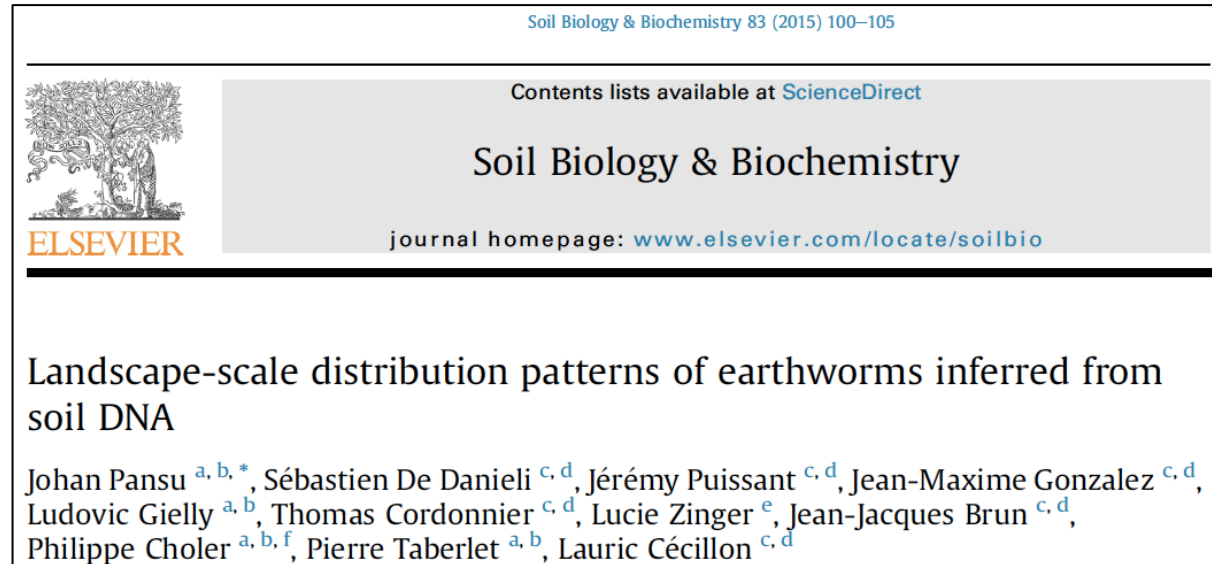
Exemple 2 – Communautés de vers de terres

Pourquoi s'intéresser aux vers de terre?

- Participent au recyclage de la matière organique et à la biodisponibilité des nutriments
- Rôle dans la structure des sols
 - Parfois qualifiés d'ingénieurs des écosystèmes
 - 60 à 80 % de la biomasse animale des sols



Exemple 2 – Communautés de vers de terres



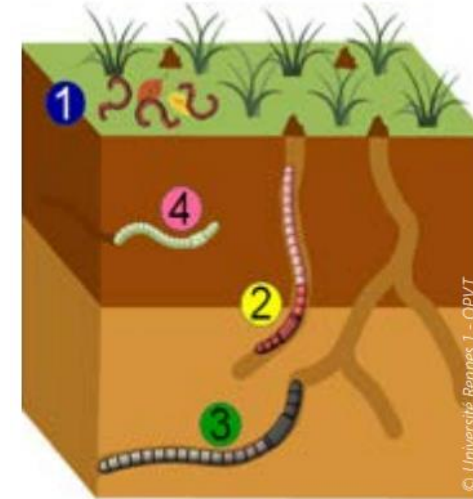
⇒ Effets du mode d'usage du sol sur les communautés de vers de terre

- 18 parcelles d'un hectare, situées en moyenne montagne
- 3 modes d'usage du sol (plantation d'épicéas / pâturage / taillis de hêtres)
- Mesure des propriétés physico-chimiques du sol
- Inventaire moléculaire par metabarcoding
- Inventaire traditionnel (irritant chimique et tri manuel)

Exemple 2 – Communautés de vers de terres

Principaux résultats :

- Espèces épigées, endogées et anéciques détectées par les deux méthodes

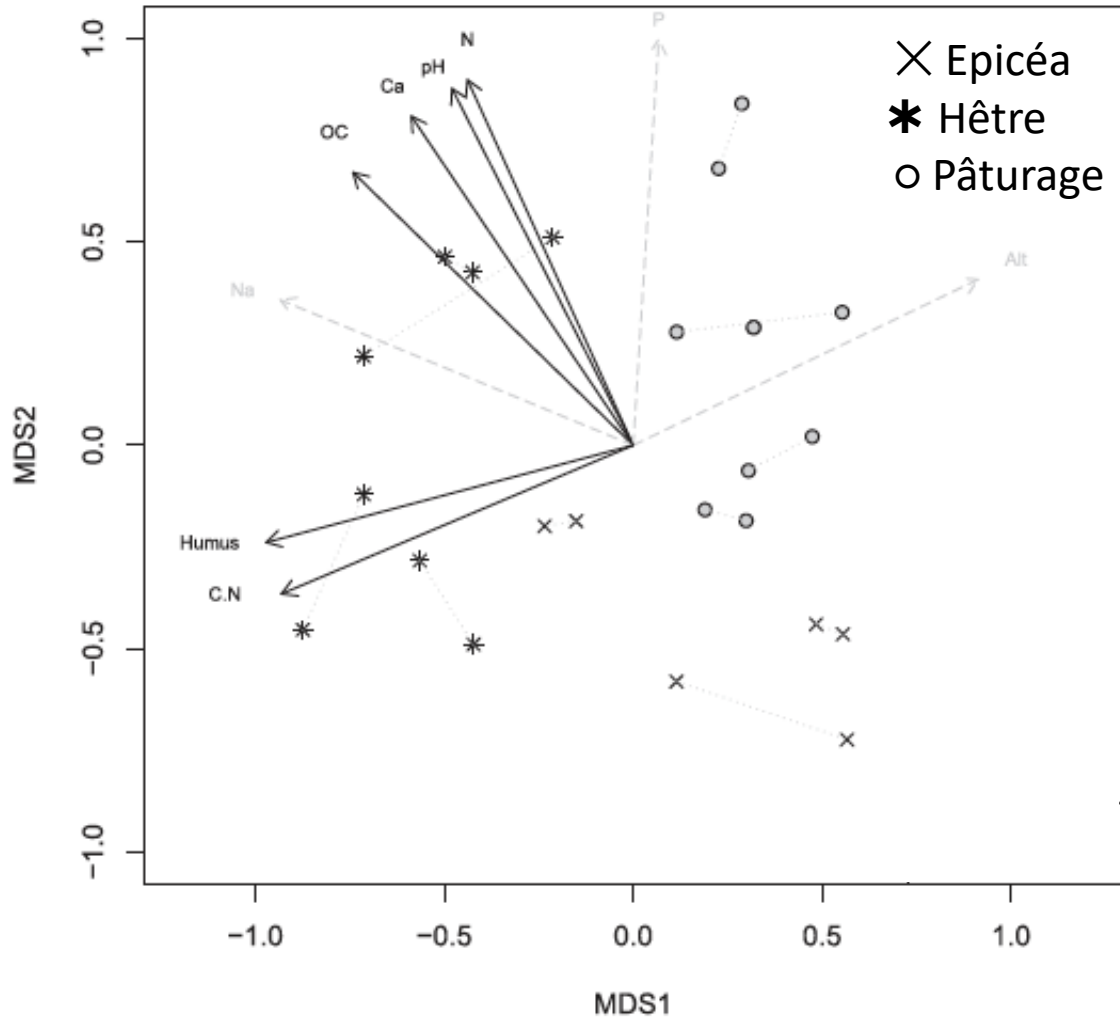


1. Epigés
2. Epi-anéciques
3. Anéciques
4. Endogés

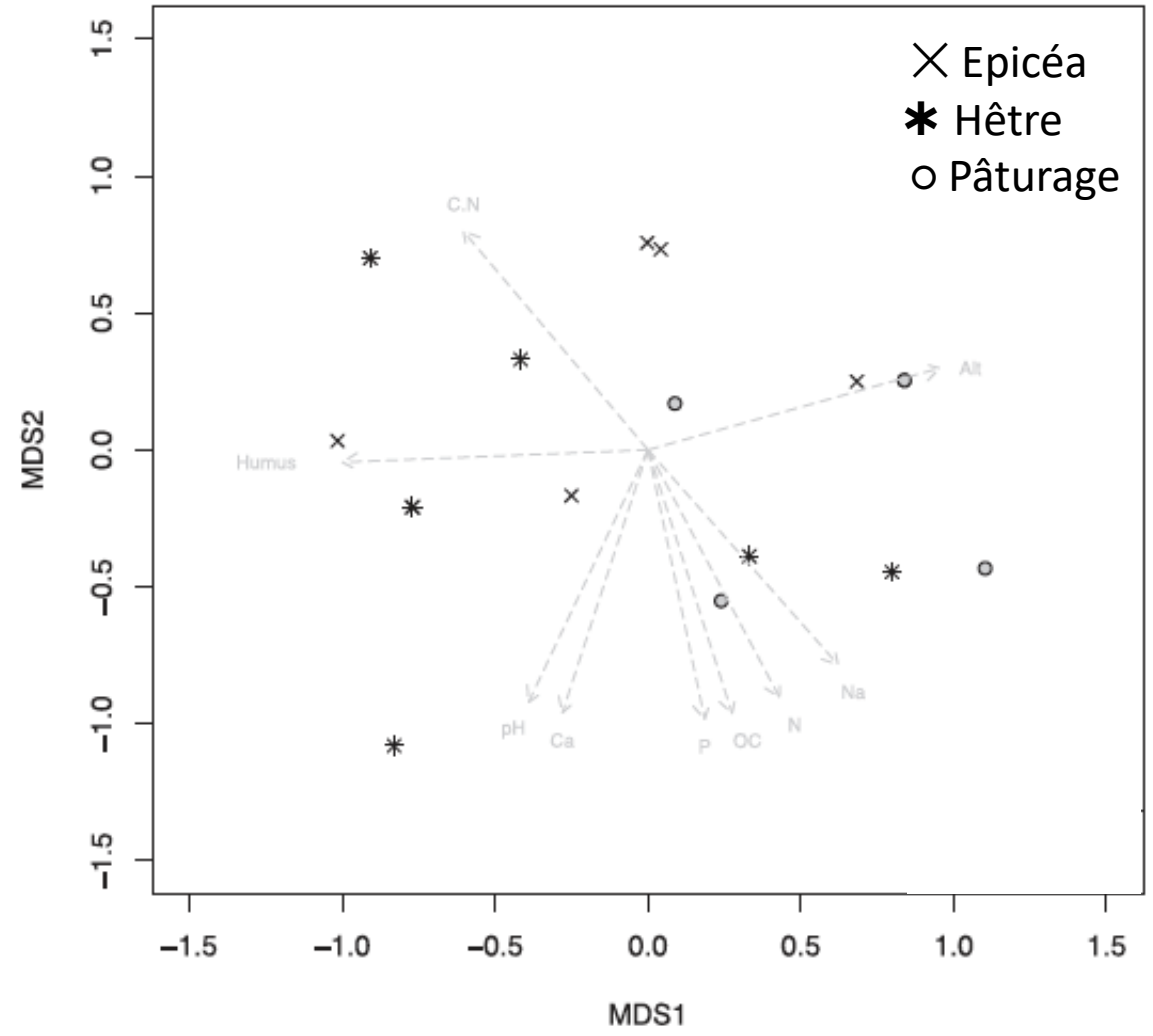
- Nombre d'espèces inventaire traditionnel > nombre d'espèces par metabarcoding
⇒ Base de référence incomplète et hétérogénéité spatiale
- Metabarcoding révèle un effet significatif du mode d'usage du sol sur la distribution des vers de terre
≠ Inventaire traditionnel

Exemple 2 – Communautés de vers de terre

Metabarcoding



Inventaire traditionnel



Exemple 3 – Réseaux trophiques et intensification agricole

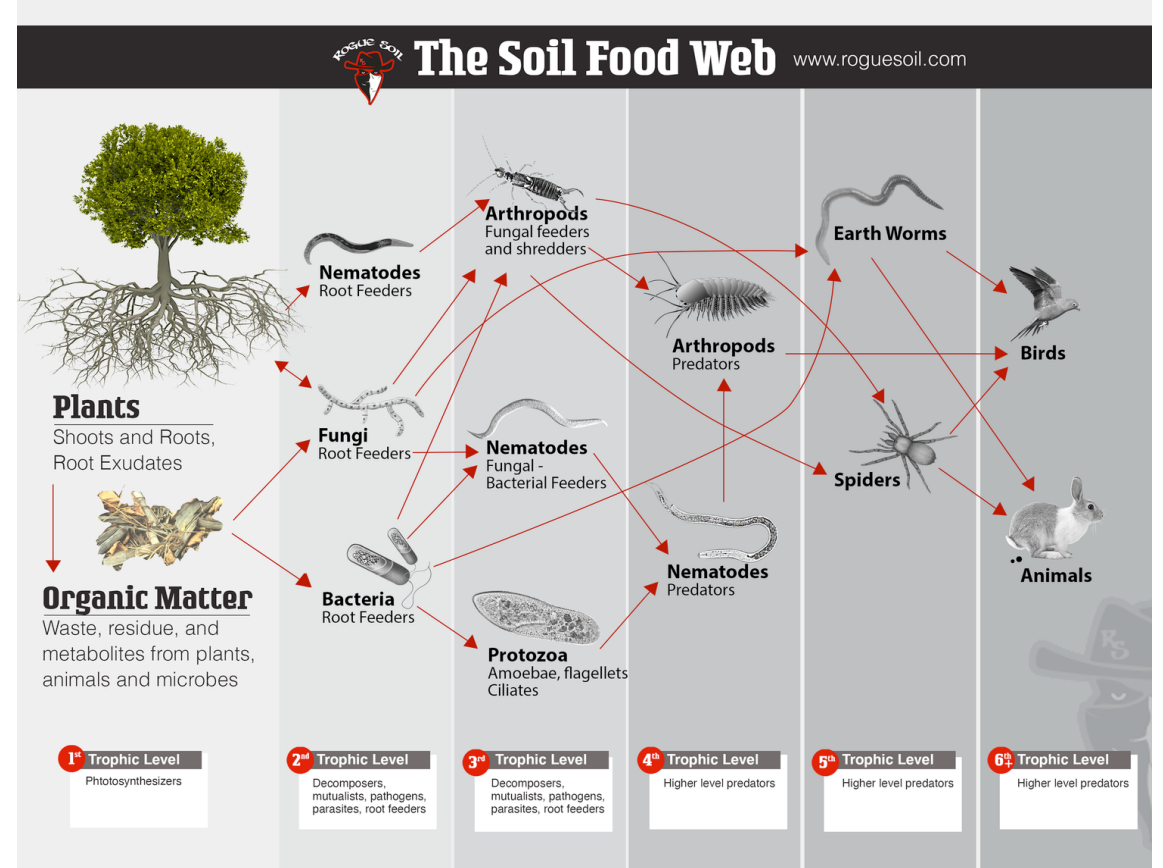
scientific reports

OPEN

Analysis of complex trophic networks reveals the signature of land-use intensification on soil communities in agroecosystems

Juliette M. G. Bloor¹, Sara Si-Moussi^{2,3,5}, Pierre Taberlet^{3,4}, Pascal Carrère¹ & Mickaël Hedde²

Check for updates



- Données de metabarcoding + base de données sur les interactions écologiques → réseaux trophiques le long d'un gradient d'intensification agricole
- 16 sites allant de la prairie permanente à des parcelles cultivées (champs expérimentaux)

Exemple 3 – Réseaux trophiques et intensification agricole



Bactéries

Collemboles



Plantes



Eucaryotes



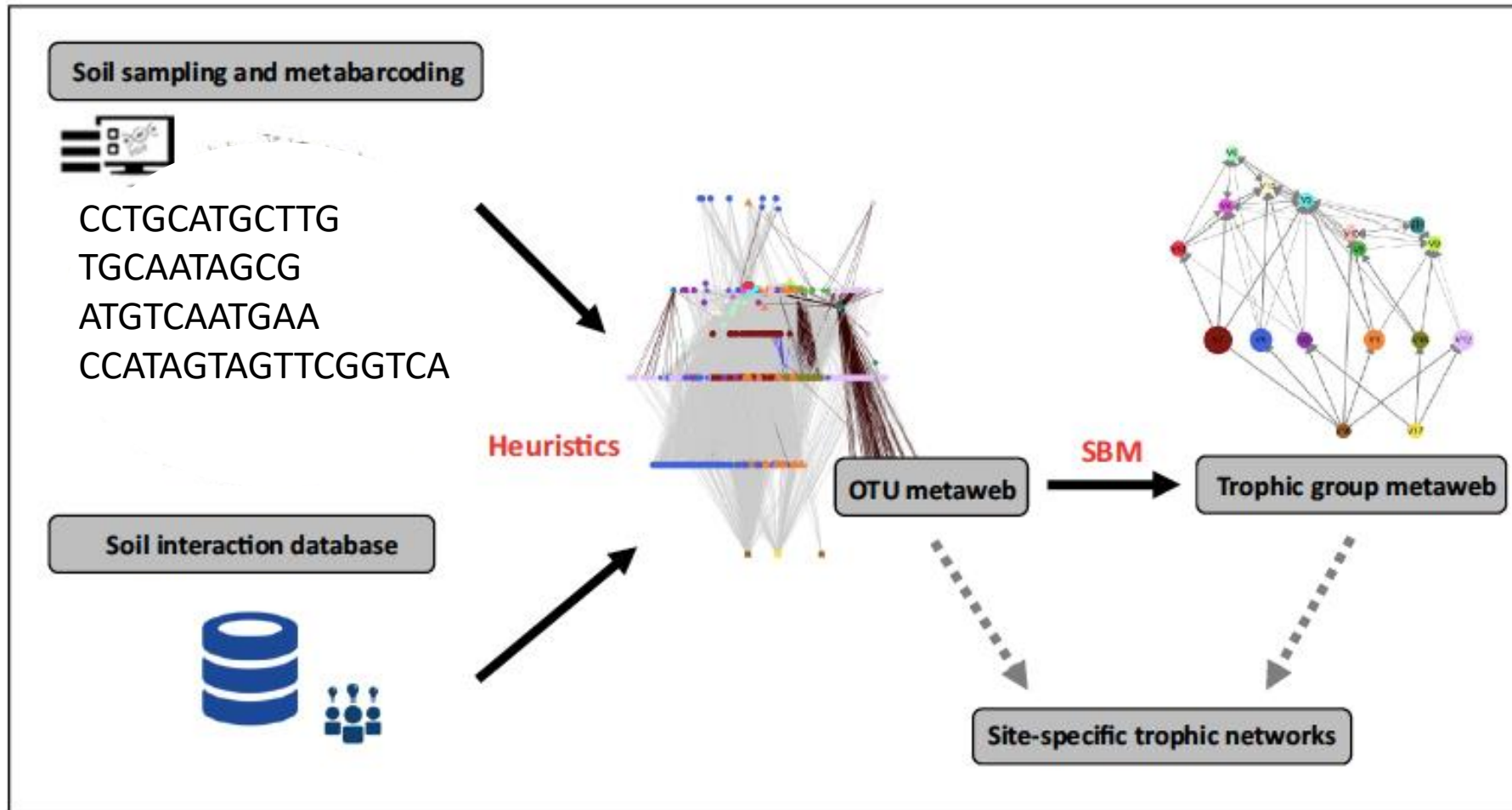
Insectes



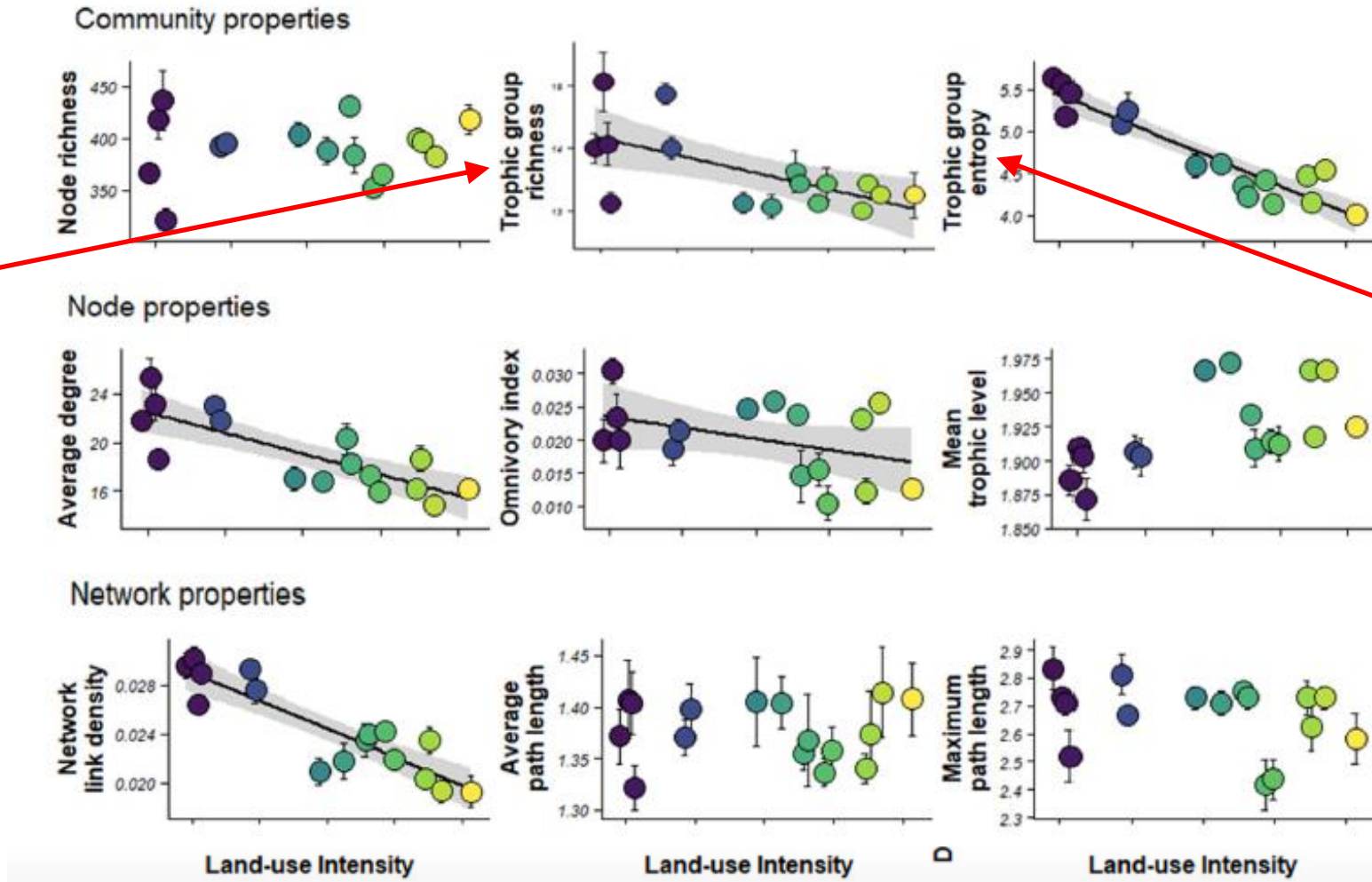
Oligochètes



Exemple 3 – Réseaux trophiques et intensification agricole



Exemple 3 – Réseaux trophiques et intensification agricole

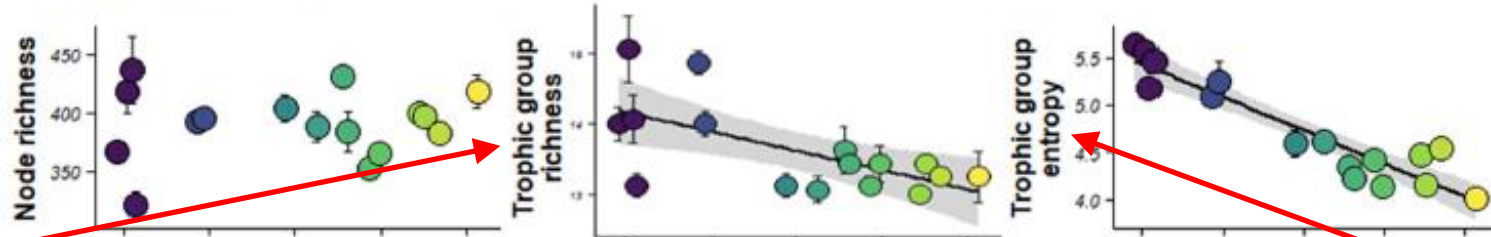


Indicateur de diversité fonctionnelle

Indicateur d'équitabilité

Exemple 3 – Réseaux trophiques et intensification agricole

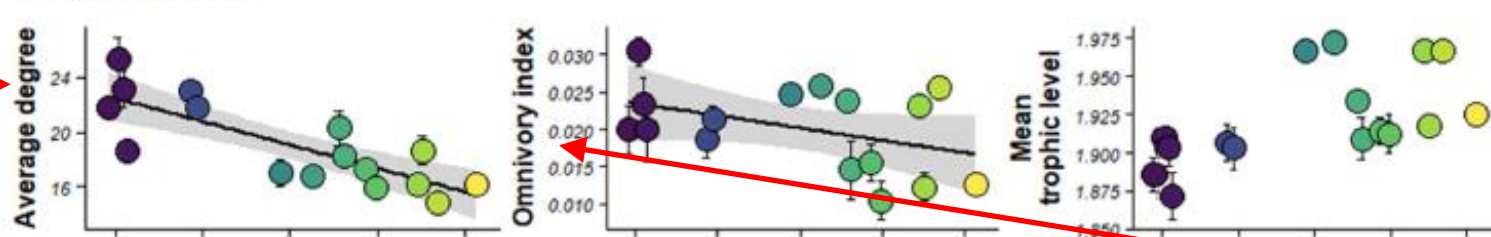
Community properties



Indicateur de diversité fonctionnelle

Indicateur d'équitabilité

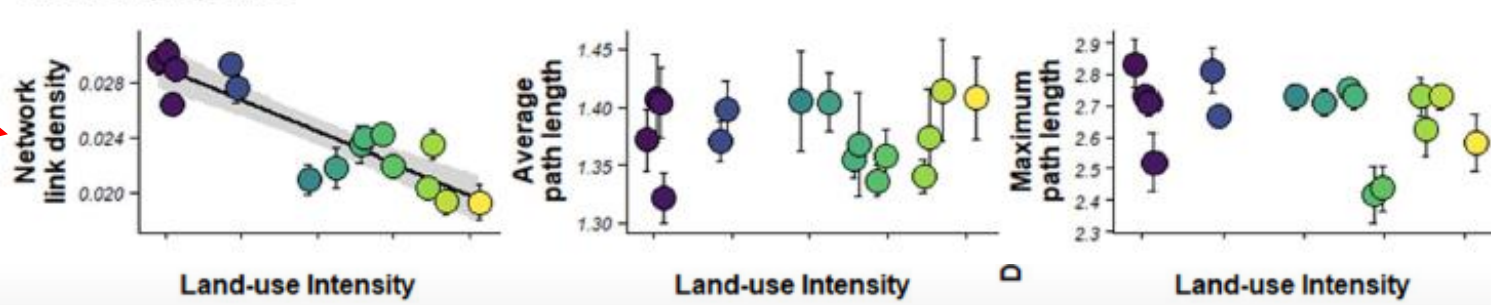
Node properties



Indicateur de la complexité du réseau

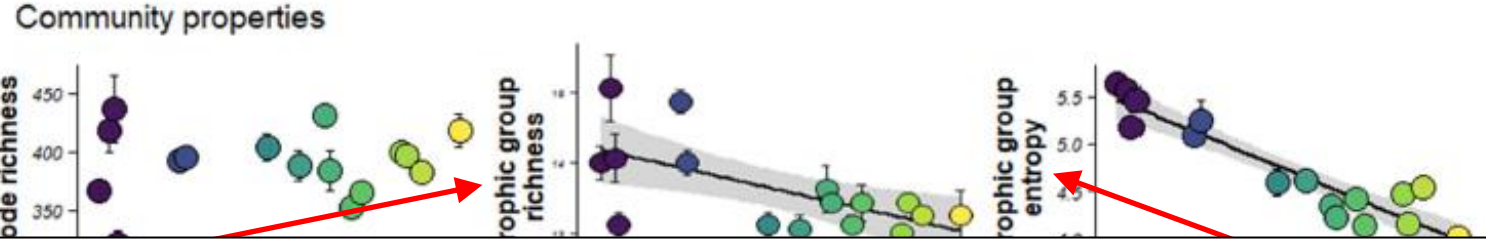
Indicateur du degré de spécialisation

Network properties



Indicateur de la quantité d'interactions

Exemple 3 – Réseaux trophiques et intensification agricole

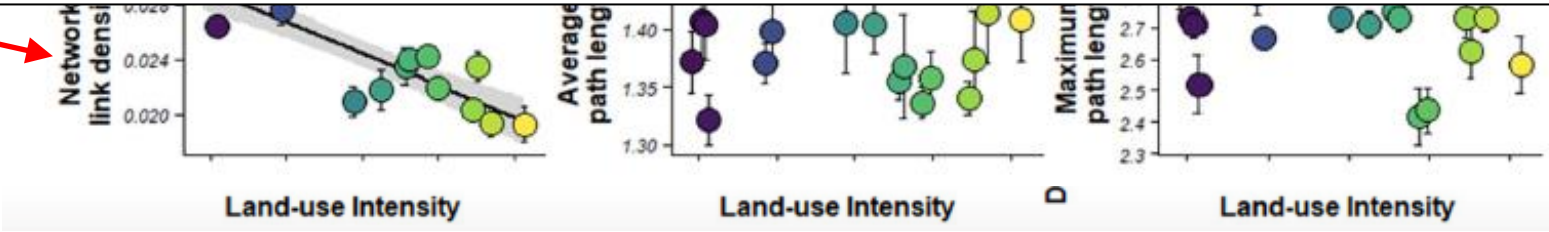


Avec l'intensification des pratiques agricoles :

- Diminution de la diversité fonctionnelle
- Diminution de la complexité des réseaux trophiques
- Diminution de la connectance des réseaux trophiques

Indicateur de fonctionn
Indicateur complexité du
Indicateur quantité d'int

Indicateur d'équitabilité
Indicateur du degré de spécialisation



Exemple 4 – Communautés d'arthropodes à partir de fleurs

Les traces d'ADN laissées par les arthropodes sur les fleurs peuvent-elles être exploitées ?

Received: 19 August 2018 | Revised: 5 November 2018 | Accepted: 19 November 2018

DOI: 10.1002/ece3.4809

ORIGINAL RESEARCH

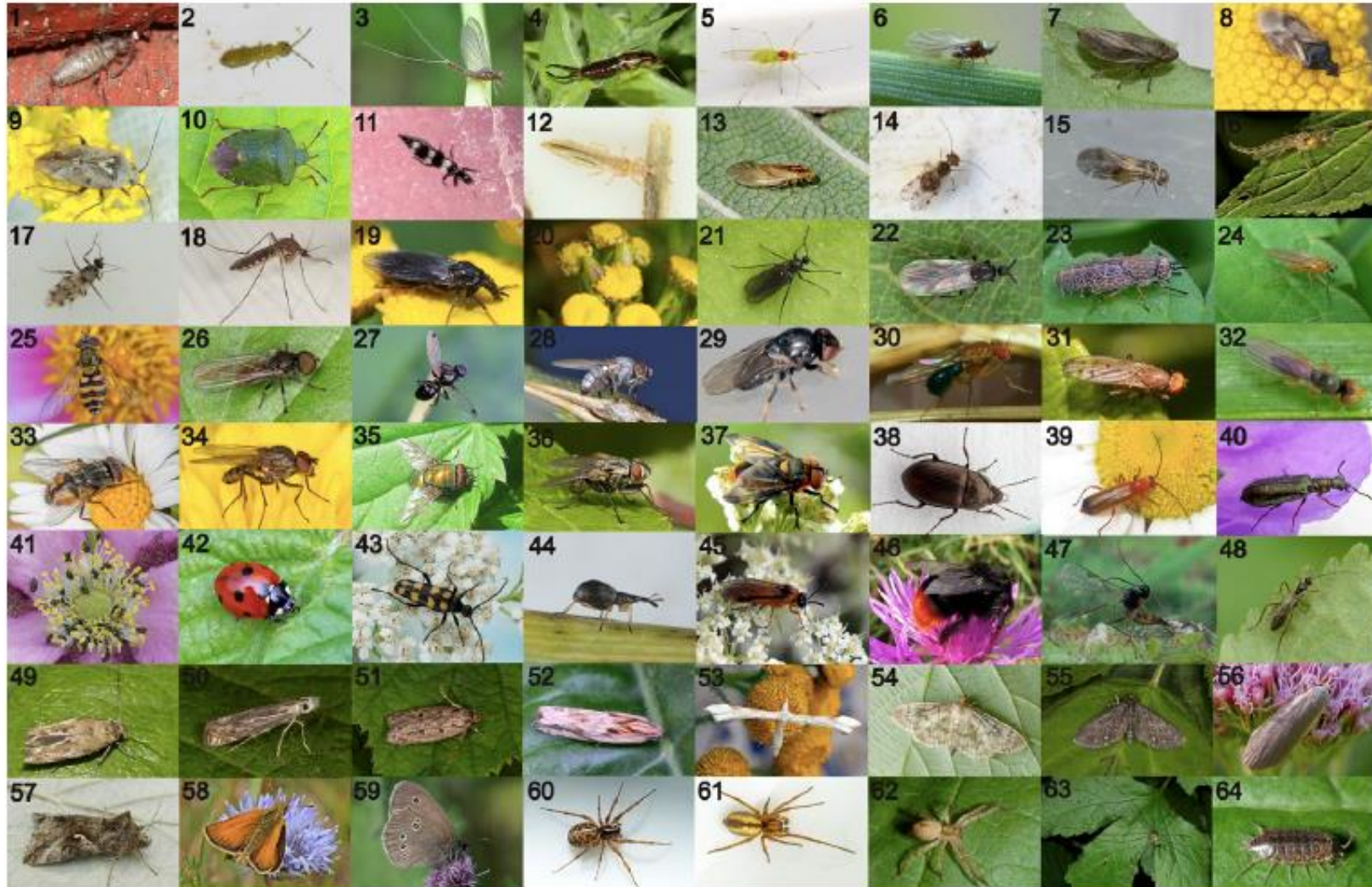
WILEY Ecology and Evolution

Environmental DNA metabarcoding of wild flowers reveals diverse communities of terrestrial arthropods

Philip Francis Thomsen  | Eva E. Sigsgaard 

- 56 fleurs de 7 espèces de plantes, 2 marqueurs de metabarcoding
- Broyage des fleurs et extraction d'ADN total (tissu)

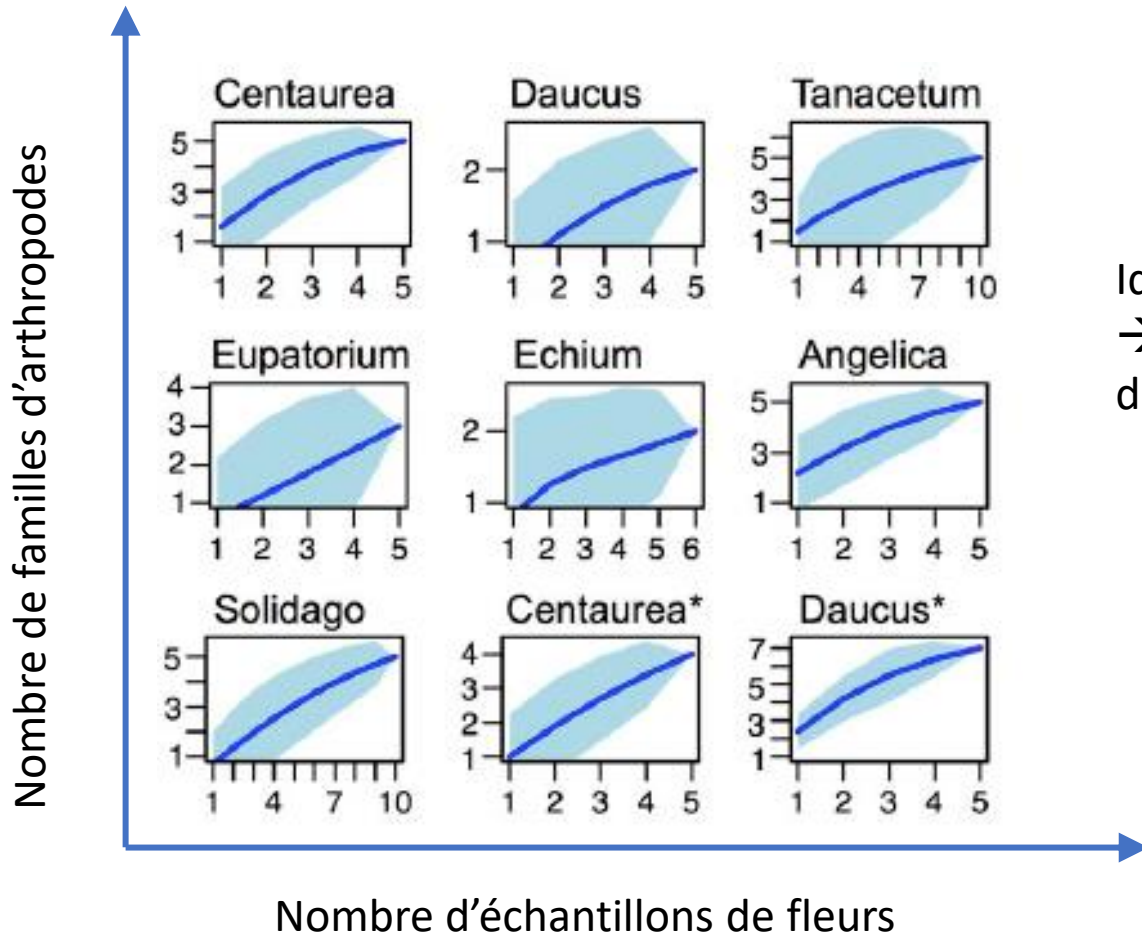
Exemple 4 – Communautés d'arthropodes à partir de fleurs



135 espèces d'arthropodes
67 familles
14 ordres

Exemple 4 – Communautés d'arthropodes à partir de fleurs

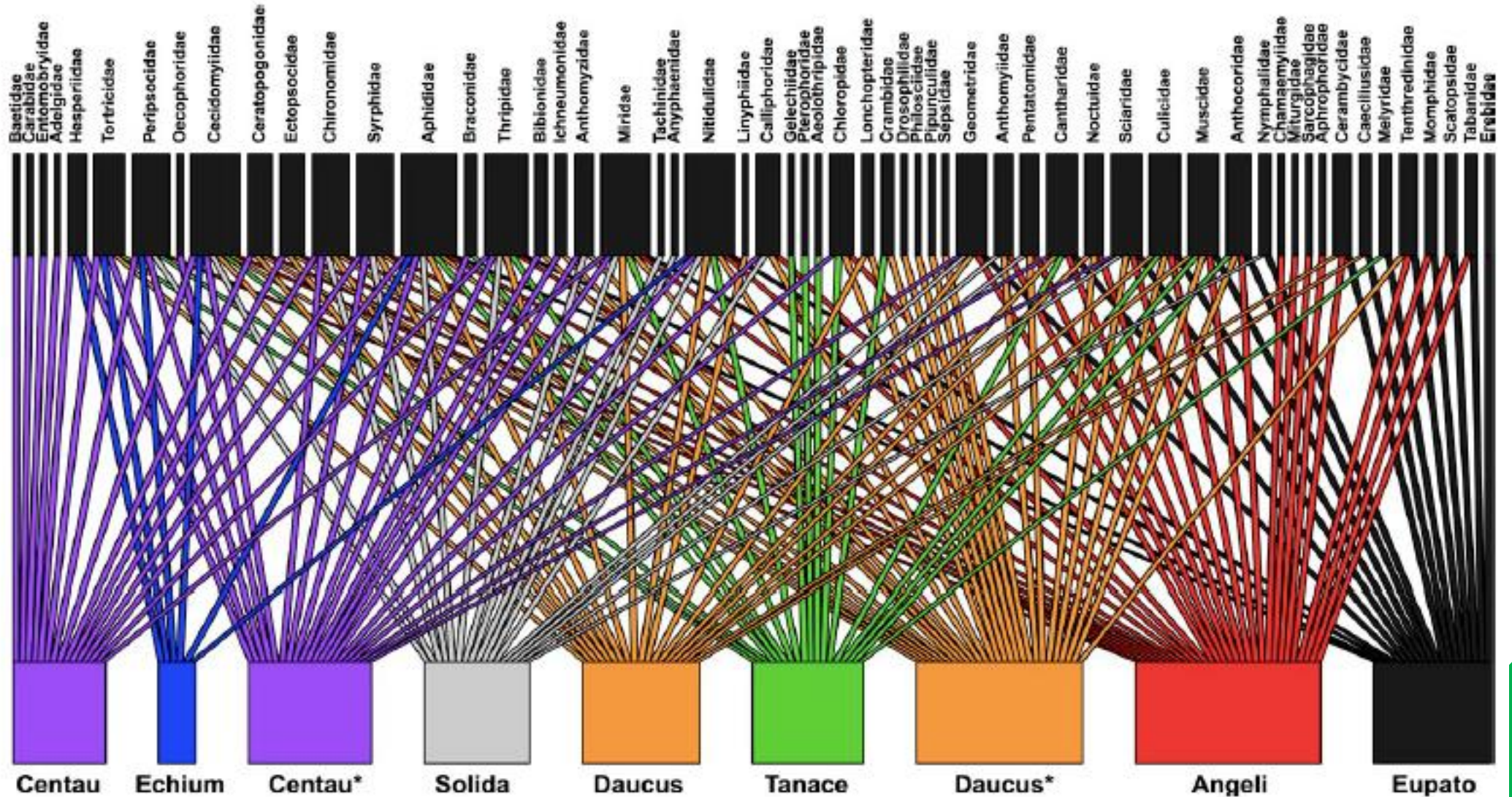
Courbes d'accumulation au niveau de la famille (marqueur 16S)



Idem au niveau de l'espèce ou avec le deuxième marqueur
→ Plus d'échantillons nécessaires pour capturer toute la diversité en arthropodes

Exemple 4 – Communautés d'arthropodes à partir de fleurs

Familles d'arthropodes



Espèce de plantes

D'autres applications potentielles

Detection of Khapra Beetle Environmental DNA Using Portable Technologies in Australian Biosecurity

Alejandro Trujillo-González^{1*}, David N. Thuo¹, Uday Divi², Kate Sparks³, Thomas Wallenius³ and Dianne Gleeson¹



Article

Honey as a Source of Environmental DNA for the Detection and Monitoring of Honey Bee Pathogens and Parasites

Anisa Ribani^{1,2}, Valerio Joe Utzeri^{1,2}, Valeria Taurisano¹ and Luca Fontanesi^{1,*}

SCIENCE ADVANCES | RESEARCH ARTICLE

ORGANISMAL BIOLOGY

A heritable subset of the core rumen microbiome dictates dairy cow productivity and emissions

R. John Wallace^{1*†}, Goor Sasson^{2†}, Philip C. Garnsworthy³, Ilma Tapio⁴, Emma Gregson³, Paolo Bani⁵, Pekka Huhtanen⁶, Ali R. Bayat⁴, Francesco Strozzi^{7‡}, Filippo Biscarini^{7§}, Timothy J. Snelling¹, Neil Saunders³, Sarah L. Potterton³, James Craigon³, Andrea Minuti⁵, Erminio Trevisi⁵, Maria L. Callegari^{8||}, Fiorenzo Piccioli Cappelli⁵, Edward H. Cabezas-García^{6¶}, Johanna Vilkki⁴, Cesar Pinares-Patino⁴, Kateřina O. Fliegerová⁹, Jakub Mrázek⁹, Hana Sechovcová⁹, Jan Kopečný⁹, Aurélie Bonin¹⁰, Frédéric Boyer¹⁰, Pierre Taberlet¹⁰, Fotini Kokou², Eran Halperin¹¹, John L. Williams^{7#**}, Kevin J. Shingfield^{4***††}, Itzhak Mizrahi^{2***}



Metabarcoding and Metagenomics 2: 1–17
DOI 10.3897/mbmg.2.22467

Research Article



Dropping Hints: Estimating the diets of livestock in rangelands using DNA metabarcoding of faeces

Timothy R. C. Lee¹, Yohannes Alemseged², Andrew Mitchell¹

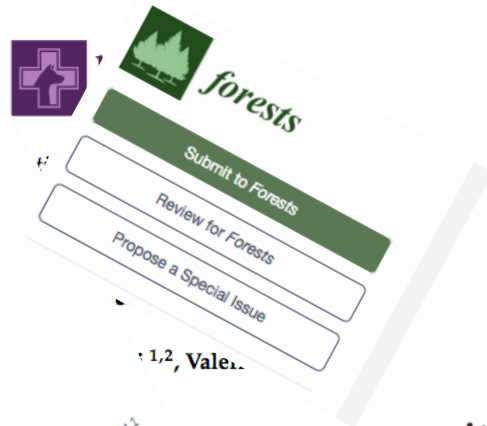
D'autres applications potentielles

Detection of Khapra Beetle Environmental DNA Using Next-Generation Sequencing Technologies in Australia: Implications for Biosecurity

Alejandro Trujillo-González^{1*}
Thomas Wallenius³ and ...

frontiers | Frontiers in Marine Science

TYPE Review
PUBLISHED 05 December 2022
DOI: 10.3389/fmars.2022.1004674



Environmental DNA: State-of-the-art of its application in fisheries assessment in marine environments

Sergio Ramírez-Amaro^{1,2*}, Marta Bassitta¹, Antonia Picornell¹, Cori Ramon¹ and Bárbara Terrasa¹

A health...

R. John Walla
Paolo Bani⁵, Paolo
Timothy J. Snell
Erminio Trevisi⁵,
Johanna Vilkki⁴, Ce
Hana Sechovcová⁹,
Fotini Kokou², Eran H.

Check for updates

OPEN ACCESS
EDITED BY
Fran Saborido-Rey,
Spanish National Research Council
(CSIC), Spain
REVIEWED BY
Jianlong Li,
Hainan University, China
Simon Goodman,
University of Leeds, United Kingdom
Marina O. Fliegerová⁹, Jakub Mrázek⁹,
Marie Bonin¹⁰, Frédéric Boyer¹⁰, Pierre Taberlet¹⁰,
John L. Williams^{7#**}, Kevin J. Shingfield^{4**††}, Itzhak Mizrahi^{2***}



Research Article

Dropping Hints: Estimating the diets of livestock in rangelands using DNA metabarcoding of faeces

Timothy R. C. Lee¹, Yohannes Alemseged², Andrew Mitchell¹

Environmental DNA for the ... Bee Pathogens

Special Issue "Environmental DNA as a Rapid Forest Biodiversity Inventory Tool"

- Print Special Issue Flyer
- Special Issue Editors

Merci pour votre attention !

