

# Projet IMPOCHA

## Etude de l'évolution des populations bactériennes et fongiques durant la saison culturale de la pomme de terre

Rivière John <sup>(1)</sup> ; Moulin Meganne <sup>(1)</sup> ; Lanterbecq Déborah <sup>(1,2)</sup>

<sup>(1)</sup> Laboratoire de Biotechnologie et Biologie Appliquée, HEPH-Condorcet, Ath, Belgique <sup>(2)</sup> Laboratoire de Biotechnologie et Biologie Appliquée, Hainaut Analyses, Ath, Belgique

### CONTEXTE DE L'ÉTUDE

Le projet international IMPOCHA (IMPROVING SOIL, POTATO CROPS, HUMAN HEALTH AND FORAGE QUALITY IN A CLIMATE CHANGE CONTEXT) est financé par BELSPO et implique des chercheurs de Chine, d'Afrique du Sud et de Belgique, pour une durée de 3 ans (juillet 2021 - juin 2024) (Figure 1). Le projet est centré sur la culture de pommes de terre, culture importante du point de vue économique et agronomique dans les pays partenaires du projet.

Le laboratoire de Biotechnologie et Biologie Appliquée est essentiellement impliqué dans l'étude des populations bactériennes et fongiques des sols, par séquençage à haut débit (plateforme Illumina MiSeq). L'objectif global du projet est d'évaluer l'impact des pratiques agricoles et de l'utilisation de fongicides en culture de pomme de terre et ce au cours du temps, c'est-à-dire durant toute la saison culturale.

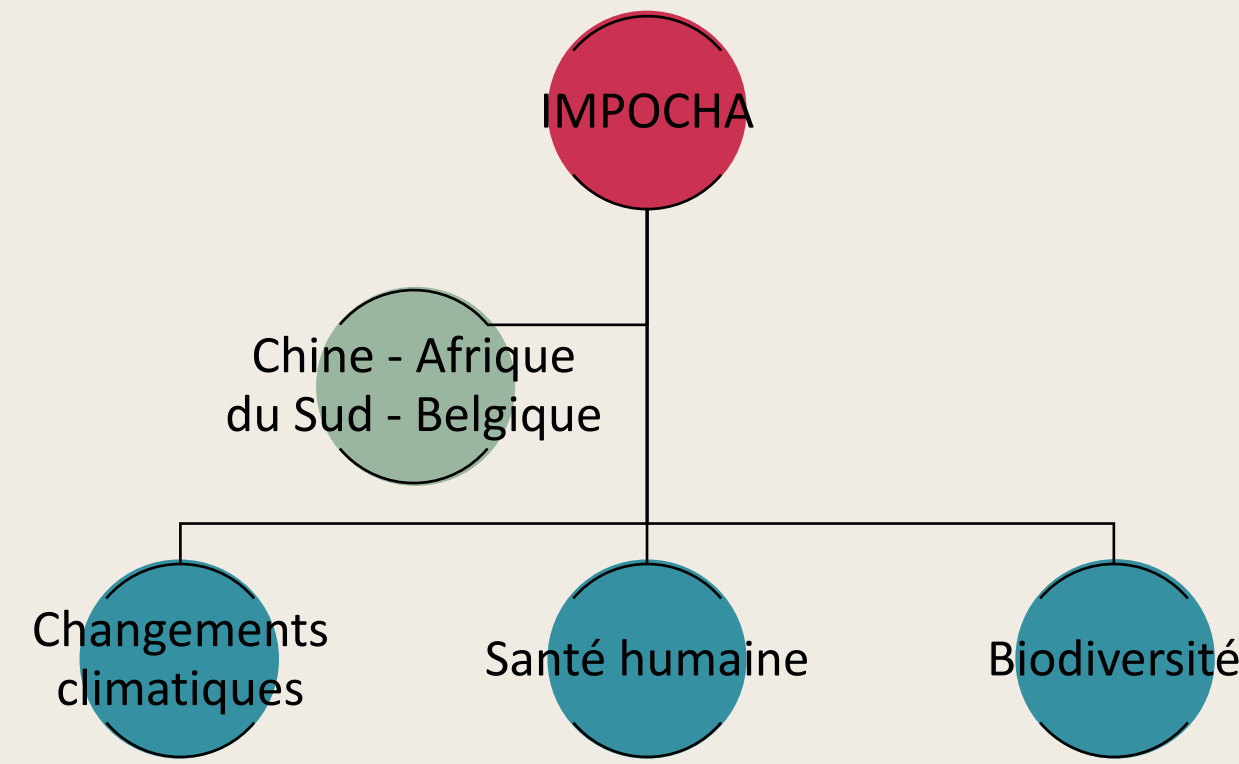


Figure 1 : Contexte du projet IMPOCHA

### MÉTHODE

Durant la saison culturale 2022, 9 parcelles destinées à la culture de la pomme de terre et issues d'agriculteurs différents, ont été échantillonnées. Les extractions d'ADN ont été réalisées directement après tamisage sur sol frais. Le séquençage à haut débit a été réalisé pour les populations fongiques (région ITS2) et bactériennes (région V3-V4 du gène 16S) sur une plateforme Illumina MiSeq.

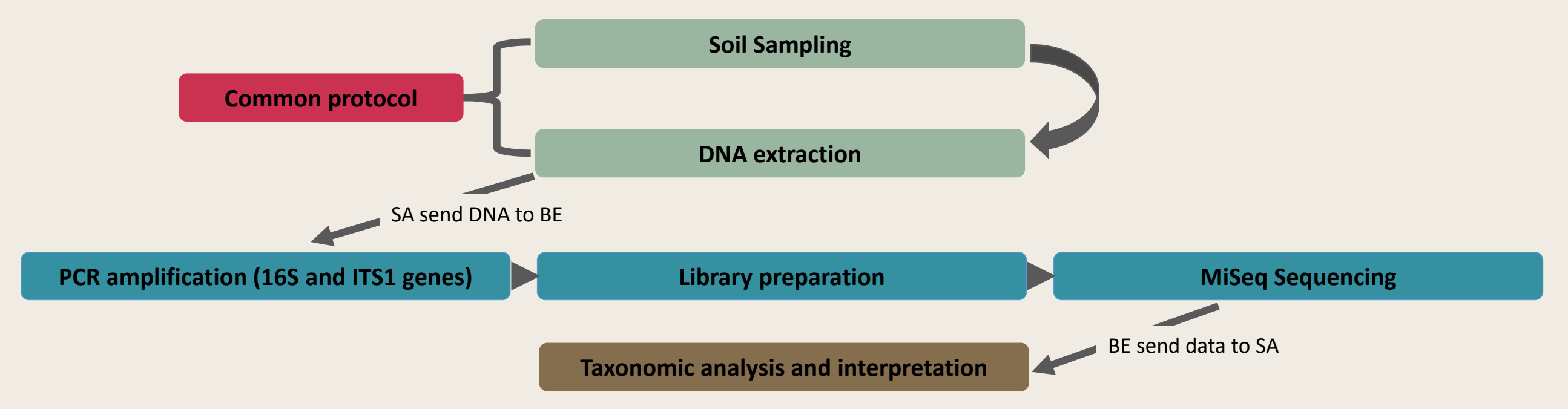


Figure 2 : Logigramme analytique du projet IMPOCHA

### RÉSULTATS

Pour chaque parcelle suivie, 9 dates d'échantillonnage ont été réalisées et réparties entre la plantation (mars - avril) et la récolte (septembre - octobre) ; ce qui permet de visualiser l'évolution des populations microbiennes dans le temps et également en fonction des traitements fongicides appliqués durant la culture de la pomme de terre. Pour cela, différentes analyses ont été effectuées, notamment le calcul de l'indice de Shannon dont on peut voir l'évolution durant la saison pour deux parcelles (Figures 3 et 4). Il en ressort une stabilité assez marquée des populations durant la saison, avec cependant une diminution de l'indice de Shannon pour les bactéries en fin de saison ; ce qui ne se marque pas pour les fungi.

L'abondance relative des phyla est également représentée graphiquement pour l'ensemble des parcelles en fonction des dates d'échantillonnage (Figures 5 et 6). Que ce soit pour les bactéries ou les fungi, le constat est le même que pour les indices de diversité : les populations restent stable dans le temps. De plus, on remarque également peu de variations entre les différentes parcelles. Les figures 7 et 8 illustrent les graphiques d'analyse en composante principale des populations bactériennes et fongiques pour l'ensemble des échantillons. Ces graphiques permettent de visualiser la faible variation liée à l'échelle de temps, entraînant un regroupement par parcelle des différentes dates d'échantillonnage. Il est à noter cependant que certaines parcelles semblent se regrouper de manière assez proche notamment en ce qui concerne les populations fongiques (Figure 8).

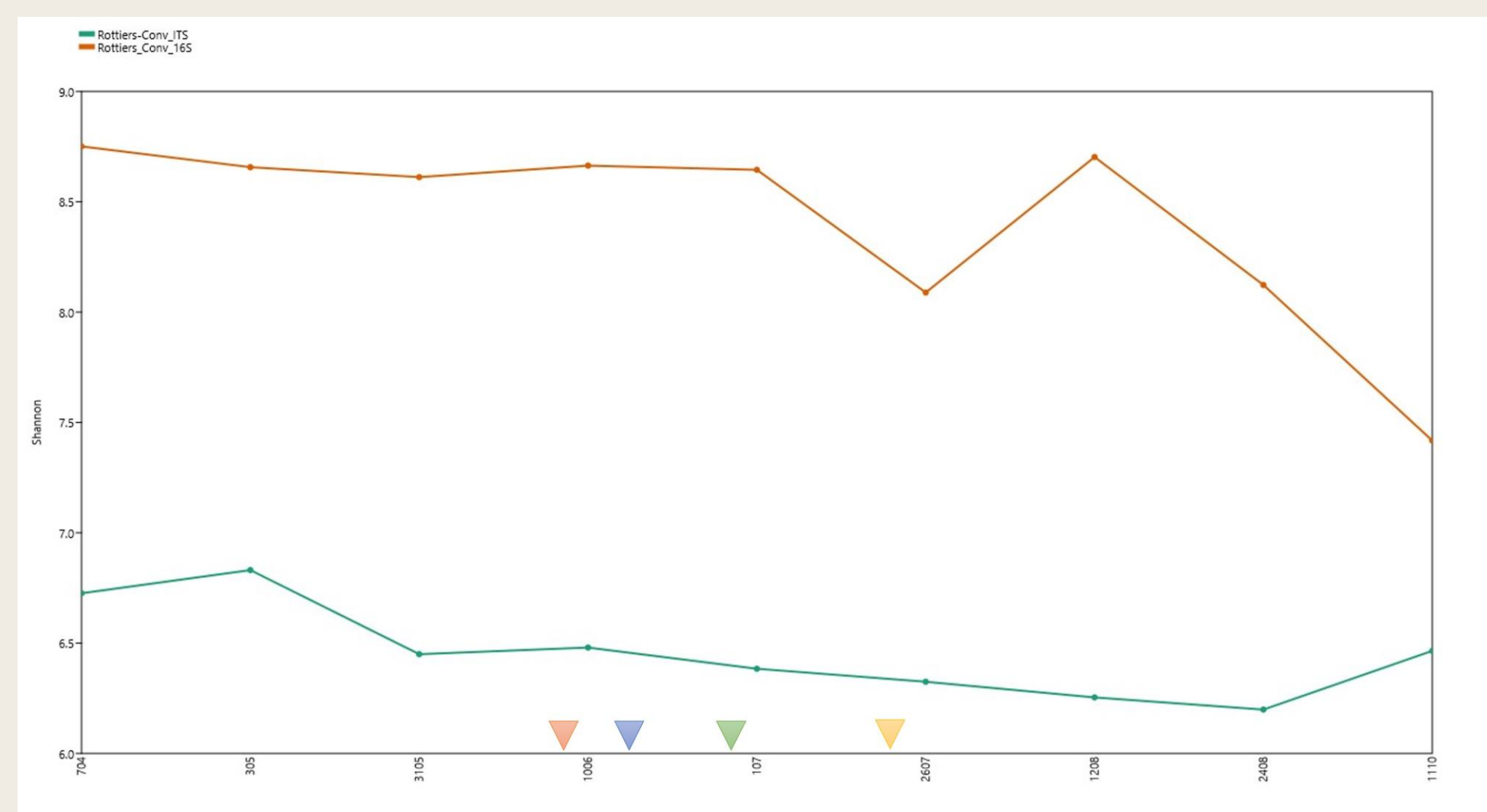


Figure 3 : Évolution des indices de diversité de Shannon en fonction du temps pour une parcelle conventionnelle

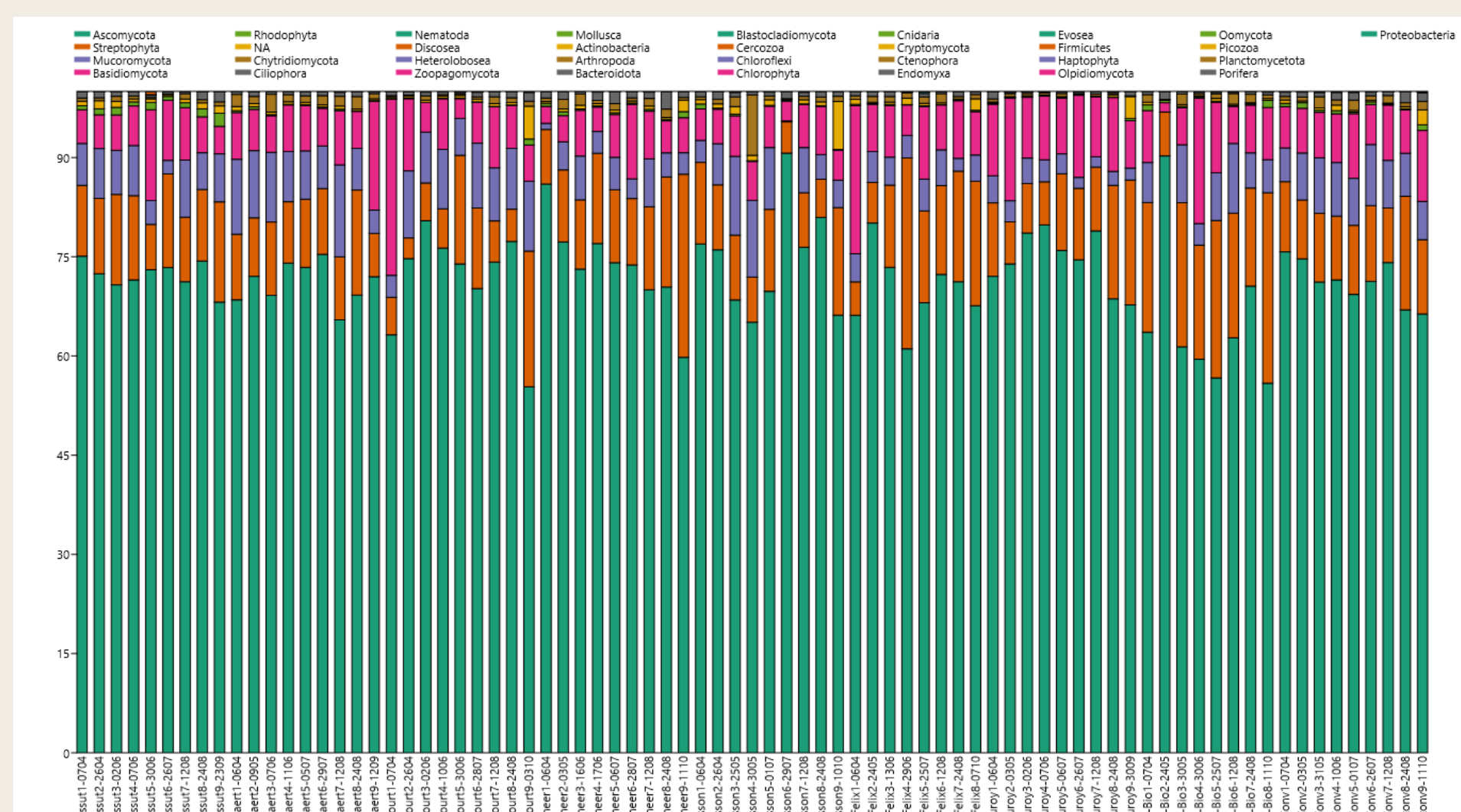


Figure 5 : Évolution de l'abondance relative des phyla bactériens pour chaque agriculteur en fonction des dates d'échantillonnage

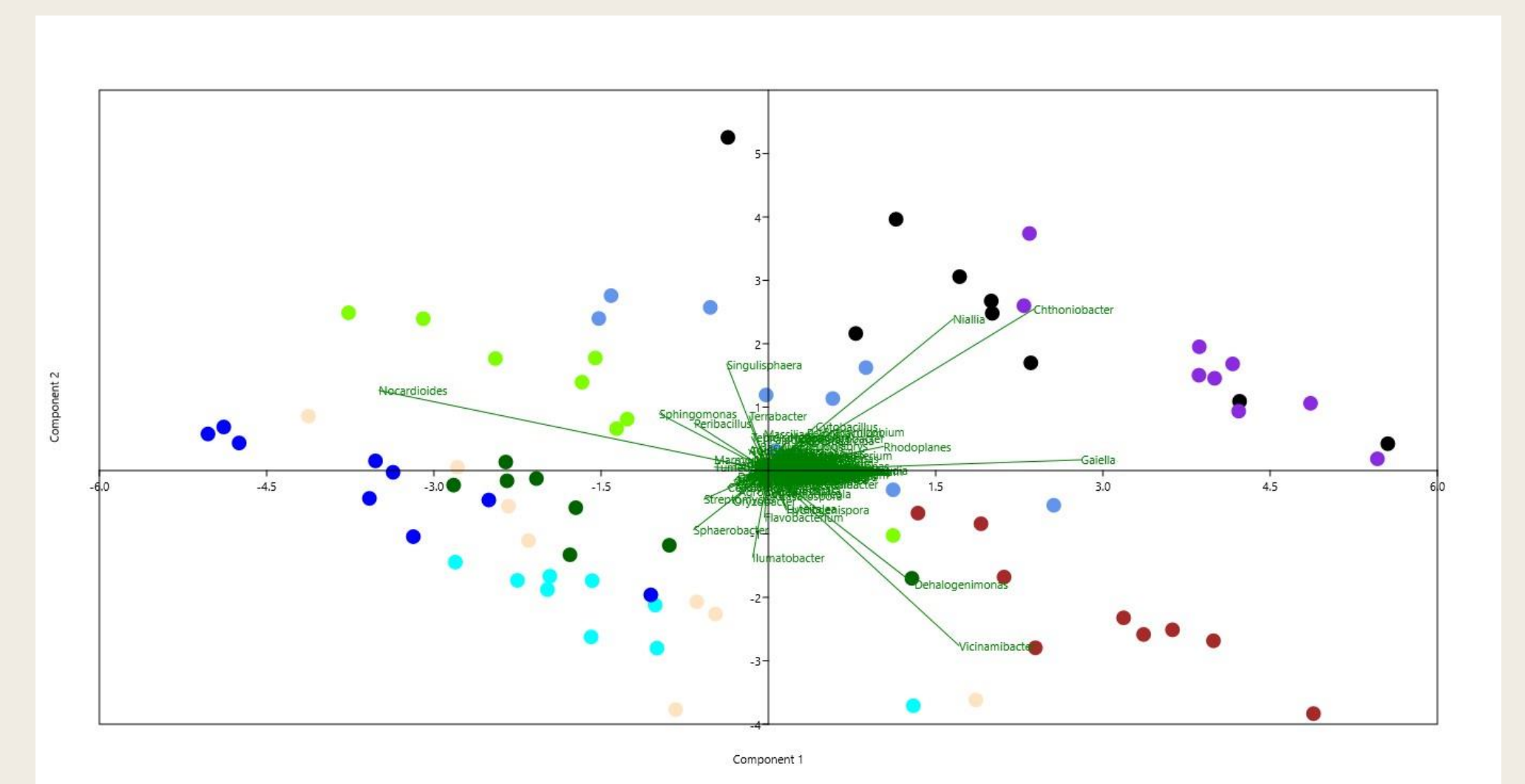


Figure 7 : Analyse en composante principale des genres bactériens pour chaque agriculteur en fonction des dates d'échantillonnage.

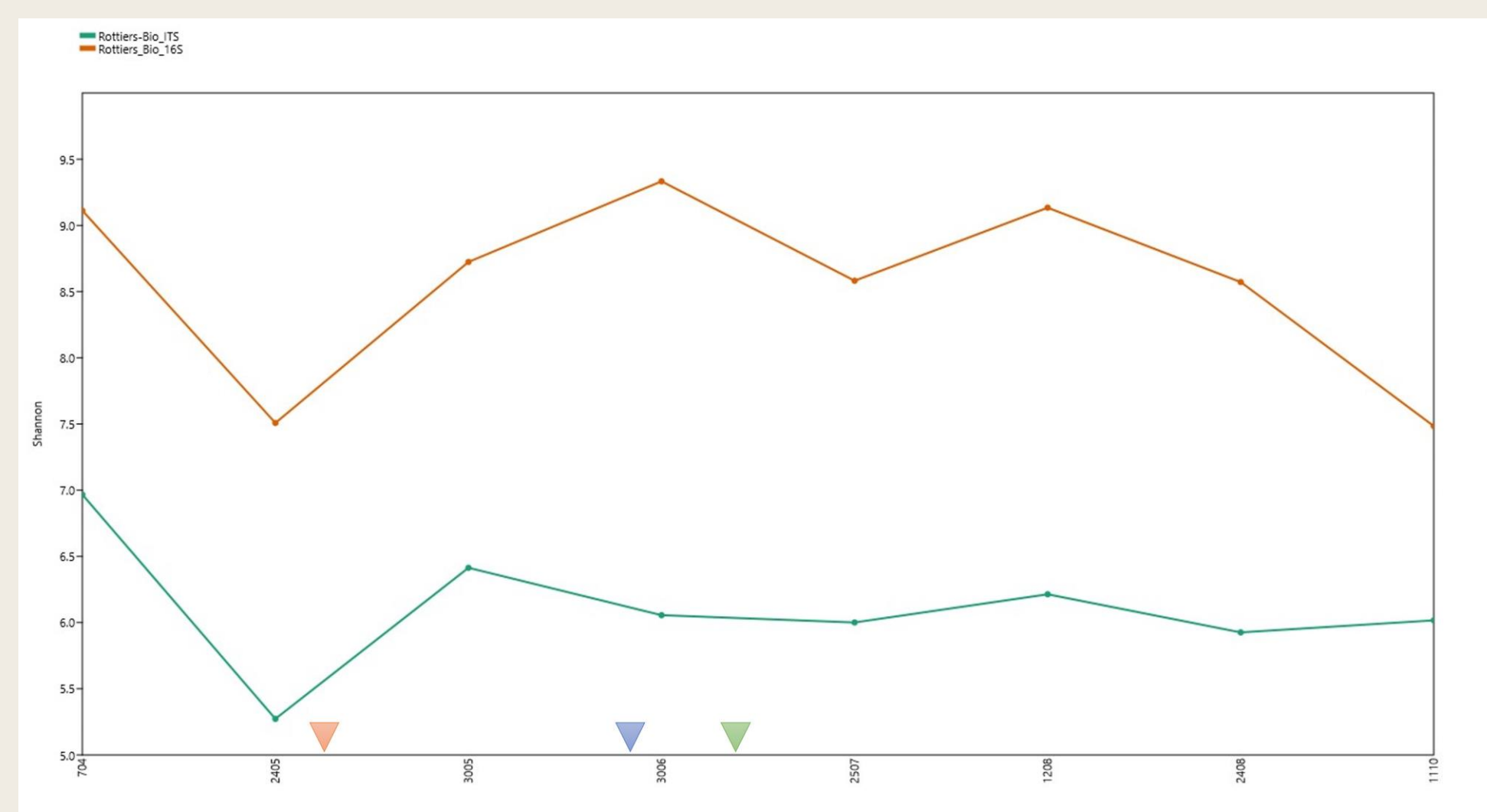


Figure 4 : Évolution des indices de diversité de Shannon en fonction du temps pour une parcelle biologique

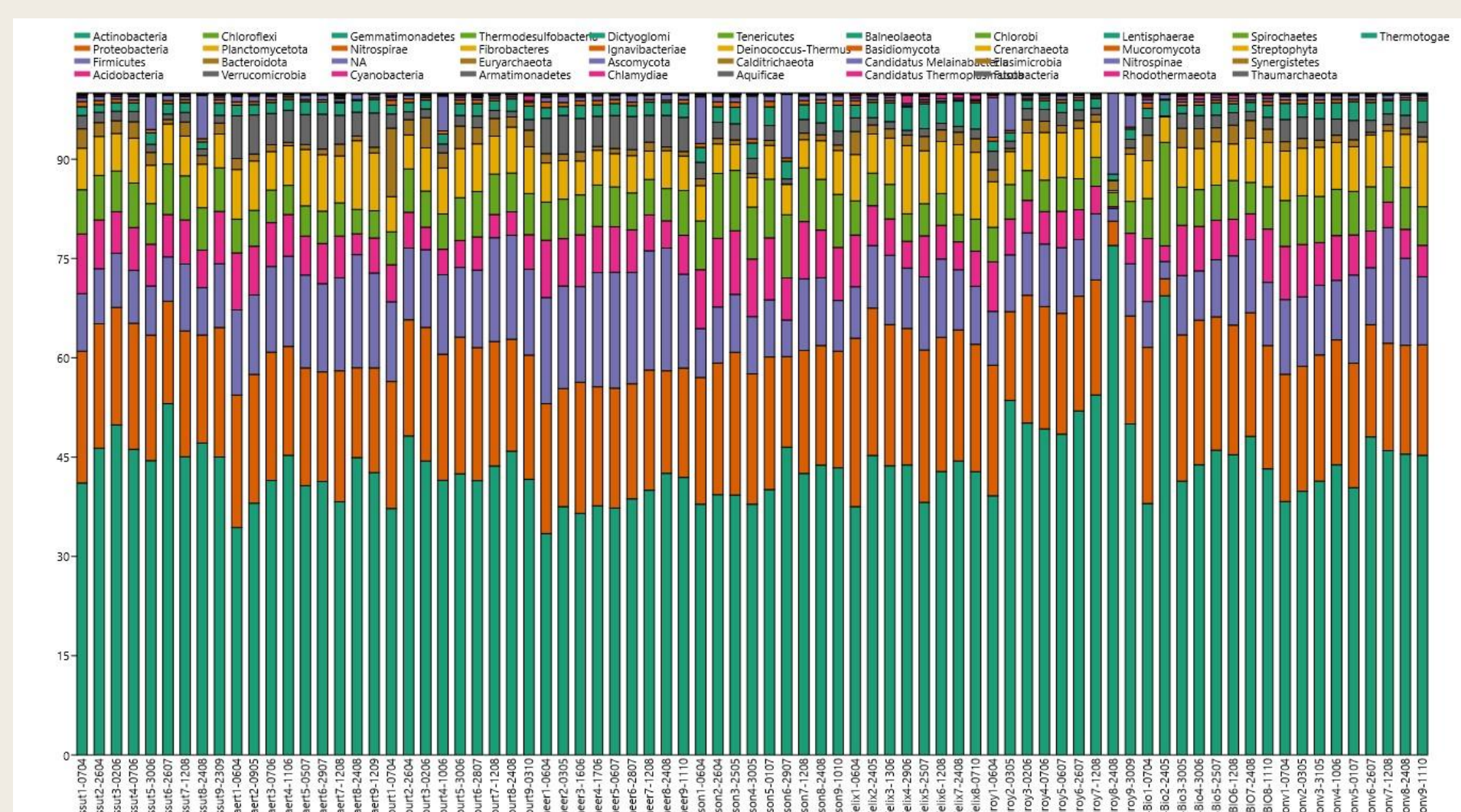


Figure 6 : Évolution de l'abondance relative des phyla fongiques pour chaque agriculteur en fonction des dates d'échantillonnage

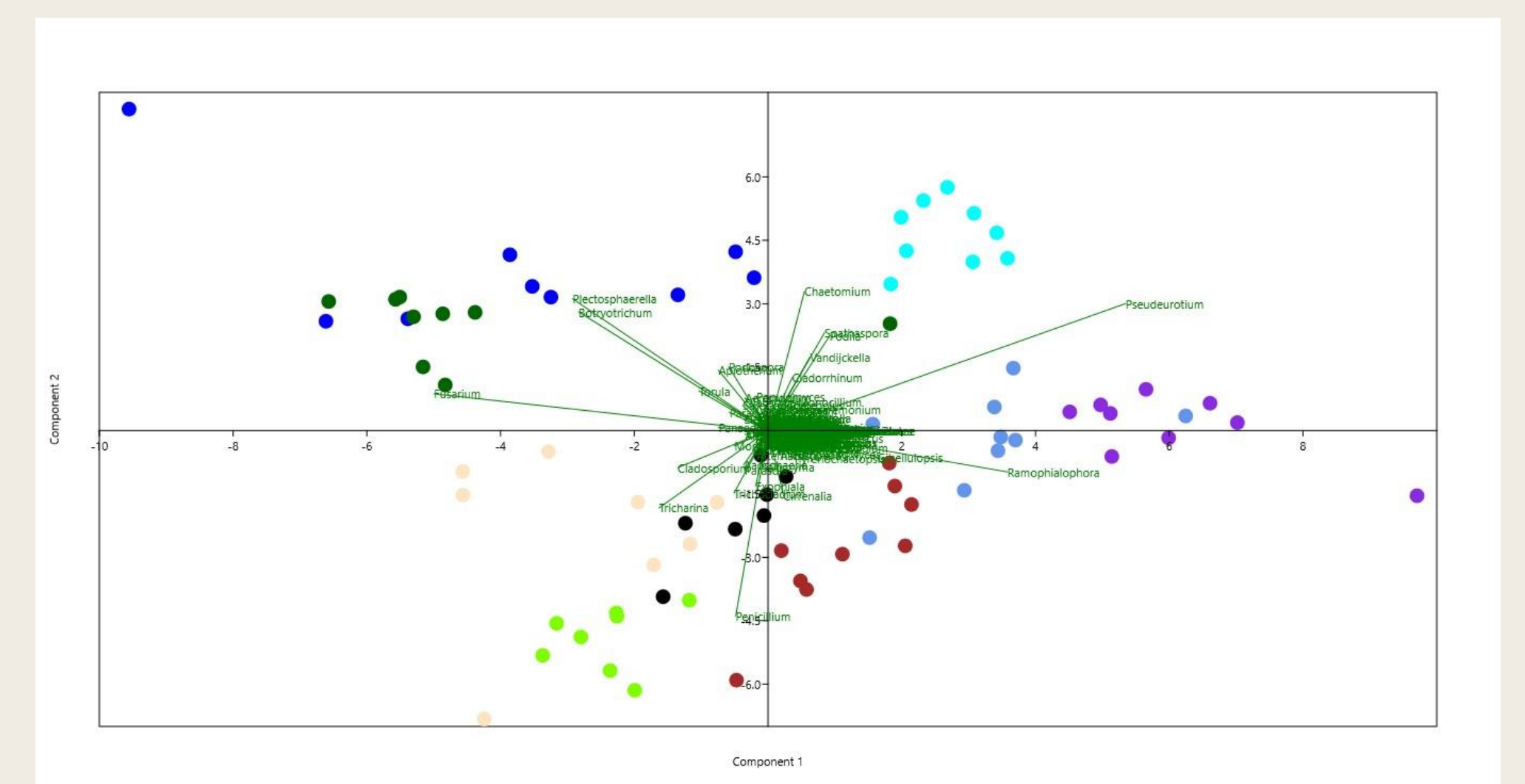


Figure 8 : Analyse en composante principale des genres fongiques pour chaque agriculteur en fonction des dates d'échantillonnage.

### CONCLUSION ET PERSPECTIVES

Les échantillons, réalisés durant la saison culturale 2022, ont permis d'analyser la dynamique des populations bactériennes et fongiques au cours du temps et sur différentes parcelles réparties sur le territoire de la province de Hainaut. Plusieurs constats peuvent être faits suite aux analyses réalisées :

- Les populations bactériennes et fongiques évoluent peu dans le temps et ces évolutions sont plutôt marquées au niveau des microorganismes dont l'abondance relative est faible.
- L'analyse des indices de diversité reflète bien ce constat de stabilité dans le temps, particulièrement marqué pour les fungi. Cependant, les populations bactériennes semblent voir leur diversité diminuer en fin de saison. En outre, la diversité bactérienne est plus importante que celle des fungi.
- On remarque également que les analyses en composante principale regroupent les échantillons par parcelle, sans influence marquée de la date d'échantillonnage. Par contre, le type d'agriculture (bio ou conventionnelle) se marque plus fortement, notamment pour les populations fongiques.

Ces conclusions peuvent sembler étonnantes au vu des différentes interventions (application de fongicides, travail du sol,...) durant la saison de culture de la pomme de terre, mais elles concordent avec les observations faites par les partenaires sud-africains et avec certaines publications scientifiques (notamment Gschwend *et al.*, 2021) où la stabilité dans le temps est mise en évidence.

Afin de poursuivre les observations, nous réaliserons le même schéma analytique durant la saison culturale 2023. Cependant, certaines modifications seront apportées au protocole d'extraction de l'ADN afin de supprimer l'ADN relique (issu des cellules mortes ou libre dans le sol) qui, selon Carini *et al.* (2017), pourrait affecter l'observation des variations dans les populations. Cela permettrait en effet la mise en évidence de variations plus importantes dans le temps, dans l'espace ou encore suite à l'application de fongicides.