

Vers une meilleure caractérisation de la biodiversité des sols en forêt urbaine via les outils métagénomiques

Laura J. Raymond-Léonard * et I. Tanya Handa, Université du Québec à Montréal

* Contact: ljrleonard@gmail.com

Contexte

- La biodiversité des sols joue des rôles cruciaux dans le fonctionnement des écosystèmes forestiers (p.ex. recyclage des nutriments)¹ mais reste peu étudiée à ce jour, particulièrement dans les villes².
- Ceci est en partie dû au fait que le processus d'identification de la faune du sol est chronophage et demande généralement une expertise poussée.
- Le métabarcoding de l'ADN environnemental (ADNe) pourrait permettre de faciliter la caractérisation de la biodiversité des sols urbains³, mais les protocoles sont encore en développement pour la faune du sol.

Objectifs

1. **Optimiser les protocoles** pour mieux détecter la faune du sol avec l'ADNe en testant :

- Quantité de sol extrait (50g à 200g)
- Quantité de réplicats techniques (1 à 3)
- Choix de la/les paires d'amorces (p.ex. COI vs 18S vs COI + 18S)

2. **Déterminer l'efficacité de l'ADNe pour détecter la diversité du sol** traditionnellement capturée avec des pièges fosses

Résultats et conclusions

Selon ces résultats préliminaires, les taxons capturés par les pièges fosses ne sont pas bien détectés par l'ADNe des sols via le séquençage de l'ARNr 18S. L'ADNe semble mieux détecter les taxons vivants **dans le sol** (p.ex. vers de terre, nématodes, acariens) **plutôt qu'à sa surface** (p.ex. carabes, araignées).

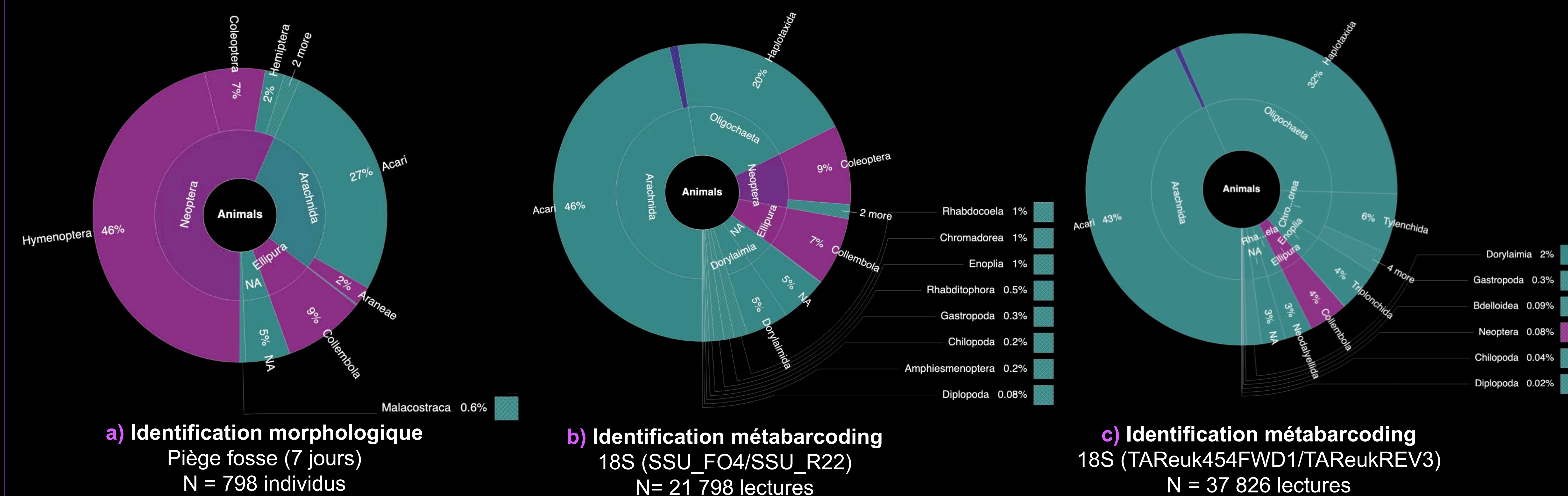


Figure 1. Abondance relative des différents taxons d'animaux du sol au sein de 4 échantillons selon les différentes méthodes d'identification (a,b,c) représentée par graphiques Krona. Les taxons d'intérêts dans cette étude sont en mauve.

Si l'ADNe permet de détecter 2 à 3 fois plus d'espèces de collemboles, les espèces identifiées sont différentes. Ainsi, le choix de la méthode d'identification, voire celui des amorces, peut potentiellement influencer les conclusions biologiques (p.ex. 28A vs 9D dans Fig.3)

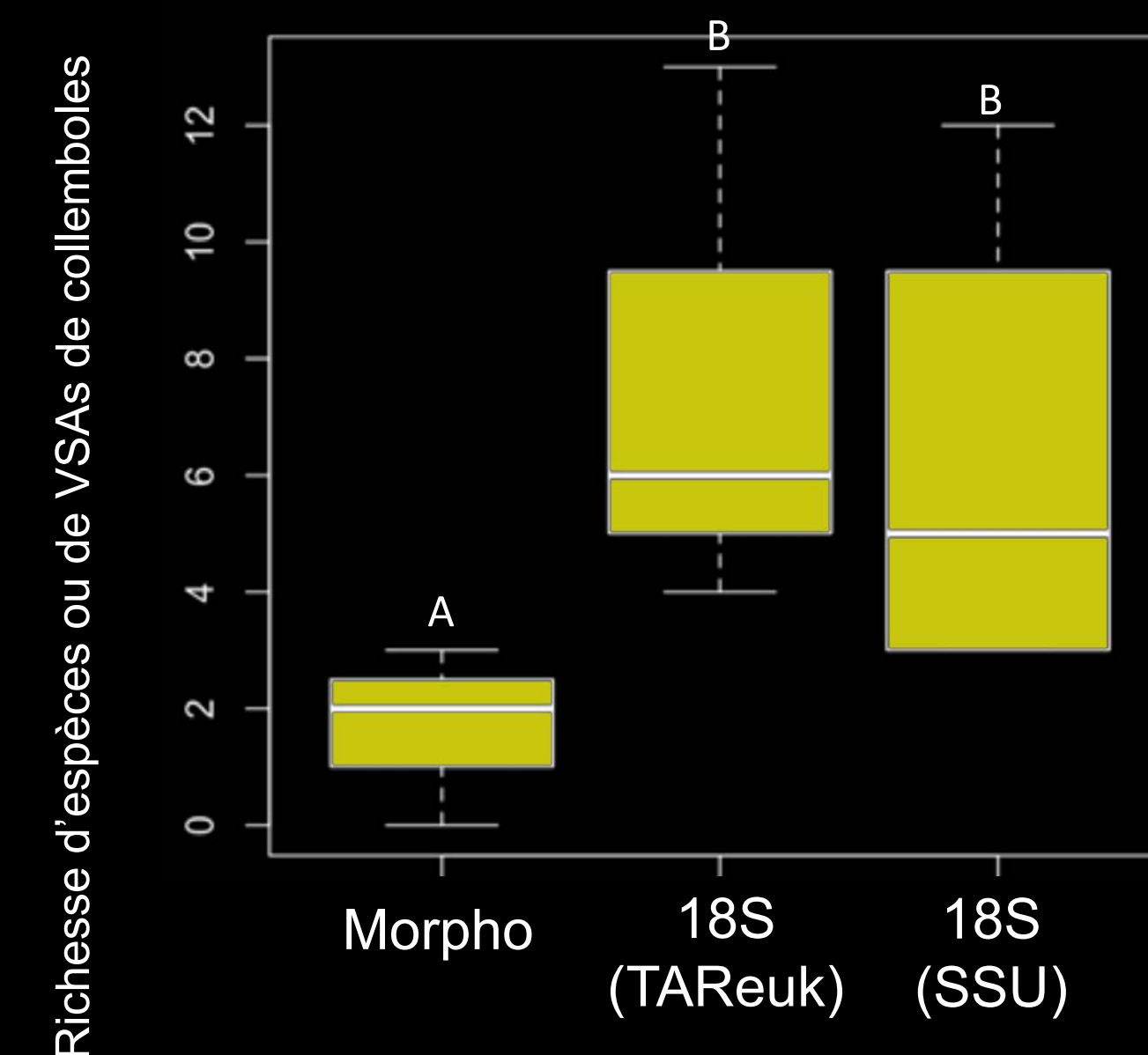


Figure 2. Richesse des collemboles selon la méthode d'identification taxonomique (n=4), p < 0.05

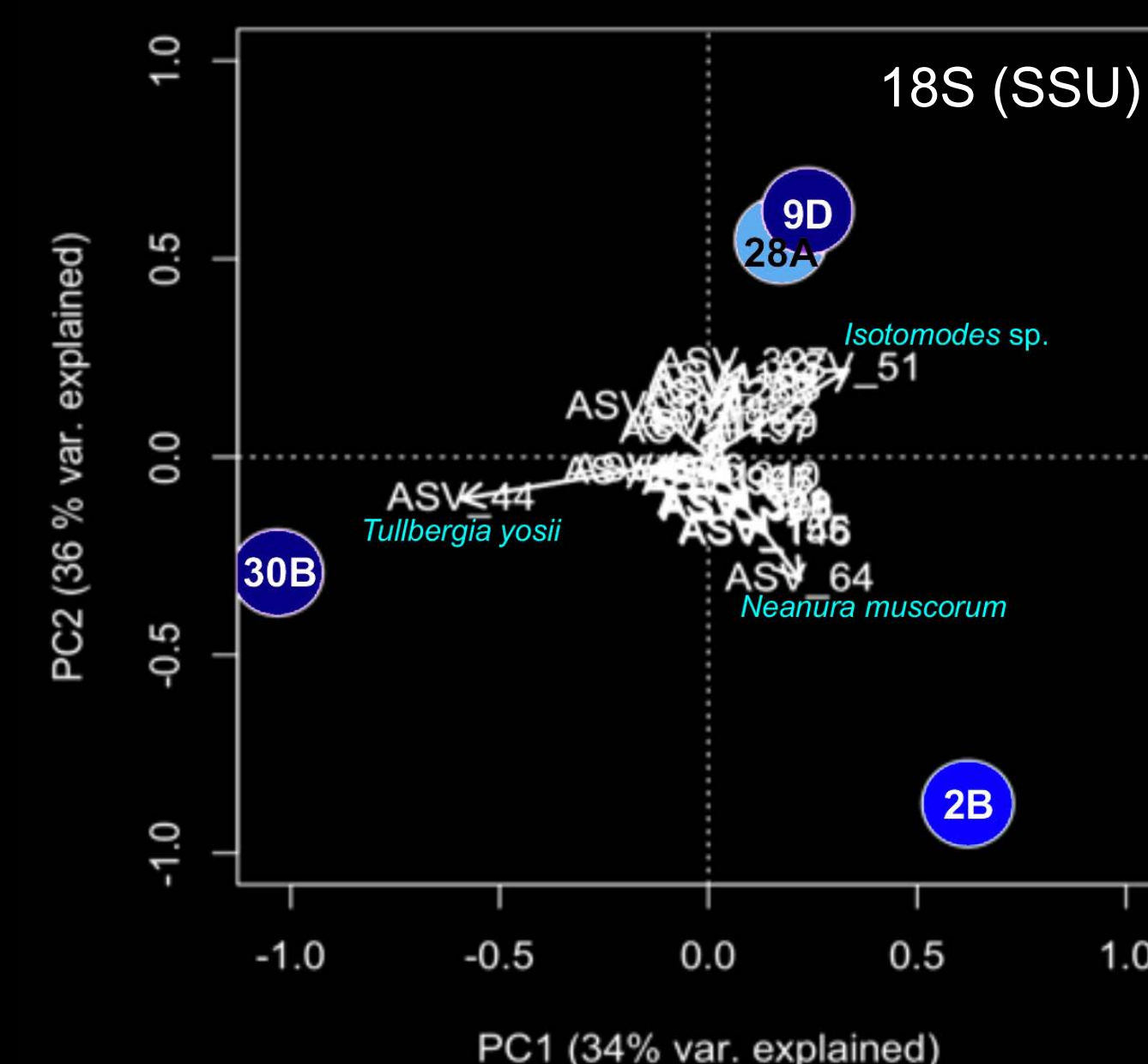
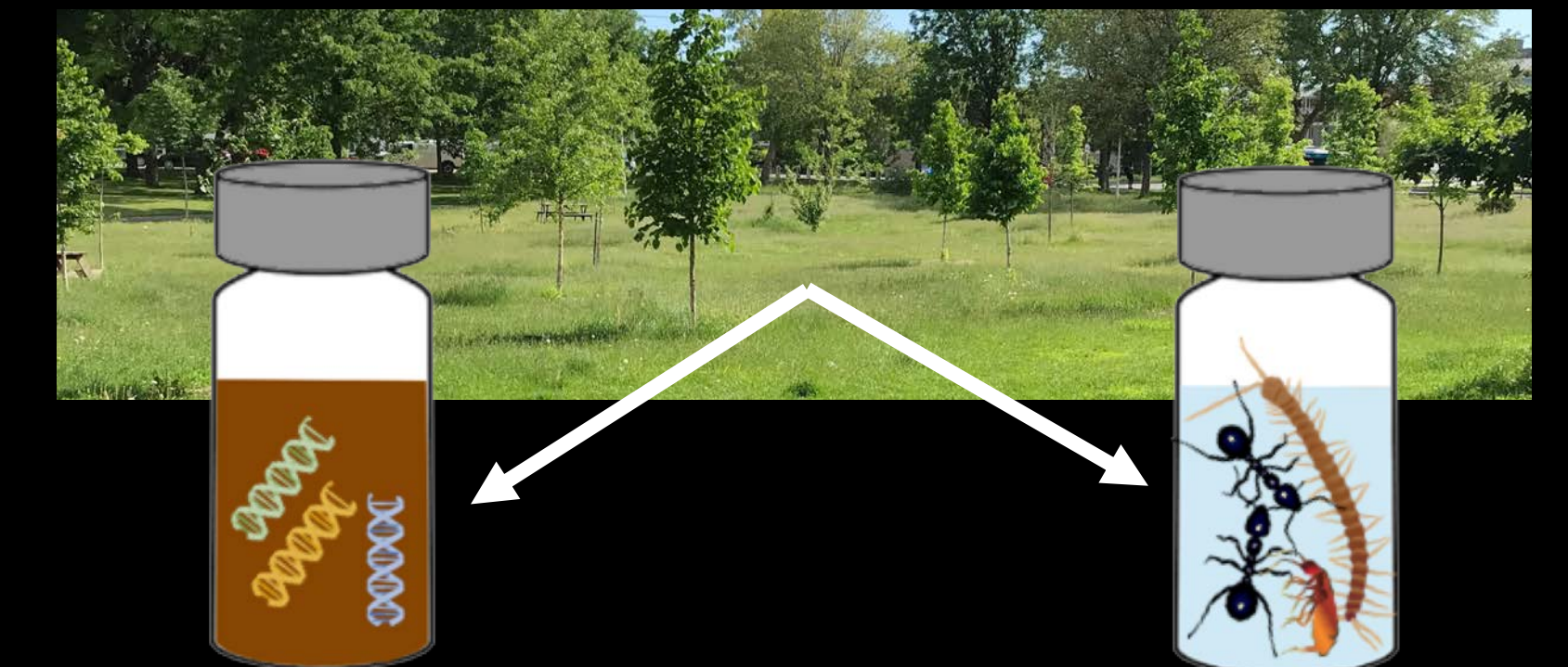


Figure 3. Analyses en composantes principales de la communauté de collemboles de 4 échantillons. Les couleurs des points représentent des traitements de tonte de gazon différents.

Méthodes

- En août 2021, 120 échantillons ont été collectés dans 7 parcs et au Jardin botanique de Montréal



- Sol** retiré pour installer le piège fosse (~0-10cm)
- Piège fosse** (7 jours)
- Conservation à -80°C
- Conservation dans l'éthanol 70%
- Pré-lyse des sols dans une solution tampon à base de phosphate⁴
- Tri et identification à l'ordre pour tous les organismes
- Extraction de l'ADN via l'ensemble DNeasy PowerSoil Pro (Qiagen)
- Identification à l'espèce pour 4 taxons : les araignées, les collemboles, les carabes et les fourmis.
- Amplification PCR et séquençage Illumina MiSeq

- Génération des tables de VSAs (variants de séquences d'amplicons) avec DADA2
- Attribution de la taxonomie (p.ex. SILVA Eukaryotes pour 18S)

Comparaison de la richesse (ANOVAs) et de la composition des communautés (PERMANOVAs)

Références:
1. Delgado-Baquerizo, M. et al. (2020) *Nature Ecology & Evolution*
2. Guillard, C. et al. (2018) *Environmental Chemistry Letters*
3. Kirse, A. et al. (2021) *Nature Scientific Reports*
4. Taberlet, P. et al. (2012) *Molecular Ecology*

Les résultats à venir permettront d'optimiser les aspects méthodologiques de notre protocole, il sera ensuite intéressant de déterminer si nous observons les mêmes patrons que pour ces 4 échantillons tests, c.-à-d. que les méthodes sont plutôt complémentaires que similaires.