

Offre de thèse

Contact & informations complémentaires

Nicolas Chemidlin Prévost-Bouré
UMR 1347 Agroécologie
Centre INRA Dijon
17 rue de Sully
21000 Dijon
nicolas.chemidlin@inra.fr
03 80 69 30 53 / 03 80 77 25 66

Informations générales

Unité de Recherche :

UMR 1347 Agroécologie, Dijon & Institut Femto-ST, Besançon

Equipe de Recherche :

Equipe BIOCOM

Encadrement de la Thèse :

Nicolas Chemidlin Prévost-Bouré, UMR 1347 Agroécologie (MCF AgroSup Dijon, HDR)
Nicolas Marilleau, umi209 UMMISCO (CR IRD, HDR)

Date de démarrage :

Novembre à Décembre 2018

Financement de la bourse de thèse :

Acquis
50% Métaprogramme INRA
50% Observatoire Français des Sols Vivants (Assoc. loi 1901)

Intitulé de la thèse

Etude et modélisation des impacts des pratiques agricoles sur la dynamique de la distribution des communautés microbiennes des sols à l'échelle du paysage

Thématiques de recherche

Ecologie microbienne, Agronomie, Modélisation

Résumé

Les communautés microbiennes des sols sont reconnues comme centrales pour la fertilité des sols et sont des bioindicateurs pour évaluer l'impact des pratiques agricoles sur les sols. L'enjeu est de favoriser leur utilisation pour accompagner/accélérer l'innovation en équipant les acteurs du monde agricole pour évaluer à priori les impacts des changements de pratiques sur la composante microbienne des sols avant de les mettre en œuvre et les valider. L'objectif de la thèse est de caractériser les dynamiques spatiales et temporelles des communautés microbiennes des sols à l'échelle d'un paysage agricole pour les modéliser et proposer un outil d'aide à la décision (OAD) aux acteurs du monde agricole. Elle utilisera une approche pluridisciplinaire mêlant écologie microbienne, évaluation environnementale, informatique et modélisation, associée à une démarche de modélisation participative mobilisant le savoir-faire des acteurs (chercheurs, conseillers agricoles et agriculteurs). Elle s'appuiera sur le paysage agricole de Fénay (1200ha, Dijon, 21) pour lequel les communautés microbiennes du sol ont été caractérisées en 2011 et 2016 et les pratiques agricoles connues. La généricité de l'OAD sera évaluée sur les données du Réseau d'Expérimentation et de Veille Agricole initié en 2017, réseau qui couvre une grande diversité pédologique et dont qui met en œuvre les mêmes méthodologies que le paysage de Fénay.

Profil recherché :

Connaissances et compétences:

Approches de Modélisation

Bonne connaissance des outils informatiques

Connaissances en écologie des communautés, appréciées en écologie microbienne

Connaissances en agronomie et en bioinformatique appréciées

Relationnel :

Sociabilité, capacité à travailler en équipe et en relation avec des partenaires publics ou privés

Ouverture d'esprit et bonne capacité d'écoute

Publications en lien avec le projet :

Horrigue W., Dequiedt S., Chemidlin Prévost-Bouré N., Jolivet C., Saby N. P. A., Arrouays D., Bispo A., Maron PA., Ranjard, L. (2016). Predictive model of soil molecular microbial biomass. *Ecological Indicators*, 64, 203–211. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2015.12.004>

Terrat S., Dequiedt S., Horrigue W., Lelievre M., Cruaud C., Saby N., Jolivet C., Arrouays D., Maron PA., Ranjard L., Chemidlin Prévost-Bouré, N. (2014). Improving soil bacterial taxa–area relationships assessment using DNA meta-barcoding. *Heredity*, 114, 468–475. <https://doi.org/10.1038/hdy.2014.91>

Constancias F., Saby N. P. A., Terrat S., Dequiedt S., Horrigue W., Nowak V., Guillemin JP., Biju-Duval L., Ranjard L., Chemidlin Prévost-Bouré N. (2015). Contrasting spatial patterns and ecological attributes of soil bacterial and archaeal taxa across a landscape. *MicrobiologyOpen*, 4(3), 518–531. <https://doi.org/10.1002/mbo3.256>

Constancias F., Terrat S., Saby N. P. A., Horrigue W., Villerd J., Guillemin J. P., Biju-Duval L., Nowak V., Dequiedt S., Ranjard L., Chemidlin Prévost-Bouré N. (2015). Mapping and determinism of soil microbial community distribution across an agricultural landscape. *MicrobiologyOpen*, 4(3), 505–517. <https://doi.org/10.1002/mbo3.255>

Ranjard L., Dequiedt S., Chemidlin Prévost-Bouré N., Thioulouse J., Saby N. P.A., Lelievre M., Maron PA., Morin FER., Bispo A., Jolivet C., Arrouays D., Lemanceau P. (2013). Turnover of soil bacterial diversity driven by wide-scale environmental heterogeneity. *Nature Communications*, 4, 1434. <https://doi.org/10.1038/ncomms2431>

Becu N., Amalric M., Anselme B., Beck E., Bertin X., Delay E., Long N., Marilleau N., Pignon-Mussaud C., and Rousseaux F.. “Participatory Simulation to Foster Social Learning on Coastal Flooding Prevention.” *Environmental Modelling & Software* 98 (2017): 1–11. doi:<https://doi.org/10.1016/j.envsoft.2017.09.003>.

Banos A., Lang C., and Marilleau N., eds. *Agent-Based Spatial Simulation with NetLogo, Volume 2: Advanced Concepts*. Vol. 2. ISTE, Elsevier, 2017.

Hugo T., Sheeren D., Marilleau N., Corson N., Amalric M., and Monteil C. “From the Lotka–Volterra Model to a Spatialised Population-Driven Individual-Based Model.” *Ecological Modelling* 306 (2015): 287–93. doi:10.1016/j.ecolmodel.2014.09.022.

Blanchart E., Marilleau N., Drogoul A., Perrier E., Chotte J-L, and Cambier C. “SWORM: An Agent-Based Model to Simulate the Effect of Earthworms on Soil Structure.” *EJSS. European Journal of Soil Science* 60 (2009): 13–21.

Marilleau N., Nguyen H. Q., Zucker J-D., and Nhan Ho T.. “Couplage D’algorithmes D’optimisation Par Un SMA Pour L’exploration Distribuée de Simulateurs Complexes: Application À L’épidémiologie.” In *Conférence D’informatique En Parallélisme, Architecture et Système 2014*, 2014