

S. Leblond, C. Meyer, A. Paris, E. Lara & R. González-Miguéns



UMR 7245 - MCAM
(CNRS, MNHN)



Biosurveillance des Retombées Atmosphériques Métalliques par les Mousses





BRAMM_contexte



Pseudoscleropodium purum

- espèce non vasculaire (pas de véritable tissu conducteur interne), pas de racine
 - ↳ absorption de l'eau et des nutriments par toute la surface du brin de mousse
 - = réactions rapides aux changements et perturbations de l'écosystème
 - ↳ apport en nutriments ≈ dépôt atmosphérique
 - = bioaccumulateurs très efficaces



Capture des particules entre les feuilles + ions au niveau cellulaire

- concentration d'un contaminant dans une mousse
 - = niveau d'exposition
 - = approche complémentaire aux méthodes physico-chimiques de surveillance



BRAMM_contexte

→ Guider et évaluer les politiques de réduction des émissions

- cartographie du « bruit de fond » en ETM et N à partir des mousses
- surveillance sur le long terme de l'évolution des teneurs dans les mousses



(directive NEC)



Sites sous couvert arboré

Sites éloignés des sources locales de contamination (route, habitation,...)



6 campagnes BRAMM : 1996, 2000, 2006, 2011, 2016, 2021

422 à 508 sites

13 éléments : Al, As, Cd, Cr, Cu, Fe, Hg, Ni, Pb, Sb, V, Zn & N
+ C, Ca, Co, K, Mg, Mn, Mo, Na, P, Pt, Pd, Rh, S, Sr

BRAMM_2021 :
446 sites (65/102 RENECOFOR)



BRAMM_protocole

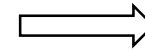


1 site = 2 500 m²

1 échantillon = 10 prélèvements



Hylocomium splendens
Hypnum cupressiforme
Pleurozium schreberi
Pseudoscleropodium purum
Thuidium tamariscinum



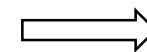
comparaison inter espèce
variabilité globale



Tri : brin entier sans lavage



Broyage



Bryothèque

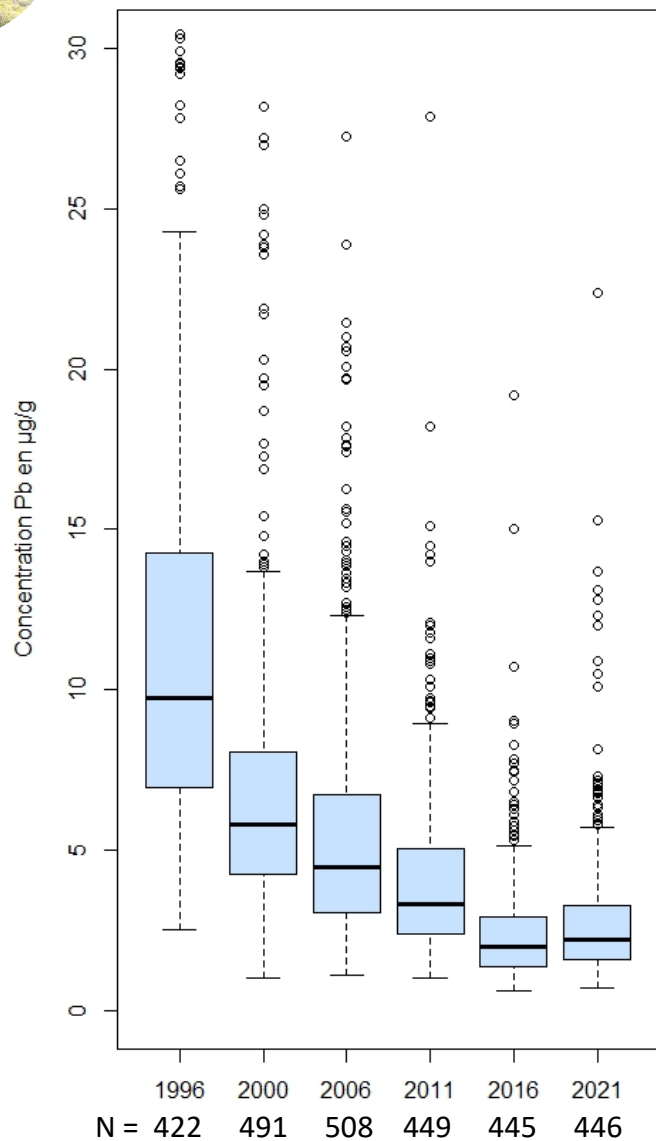


Minéralisation
Analyse de 27 éléments
USRAVE (INRAE Bordeaux)

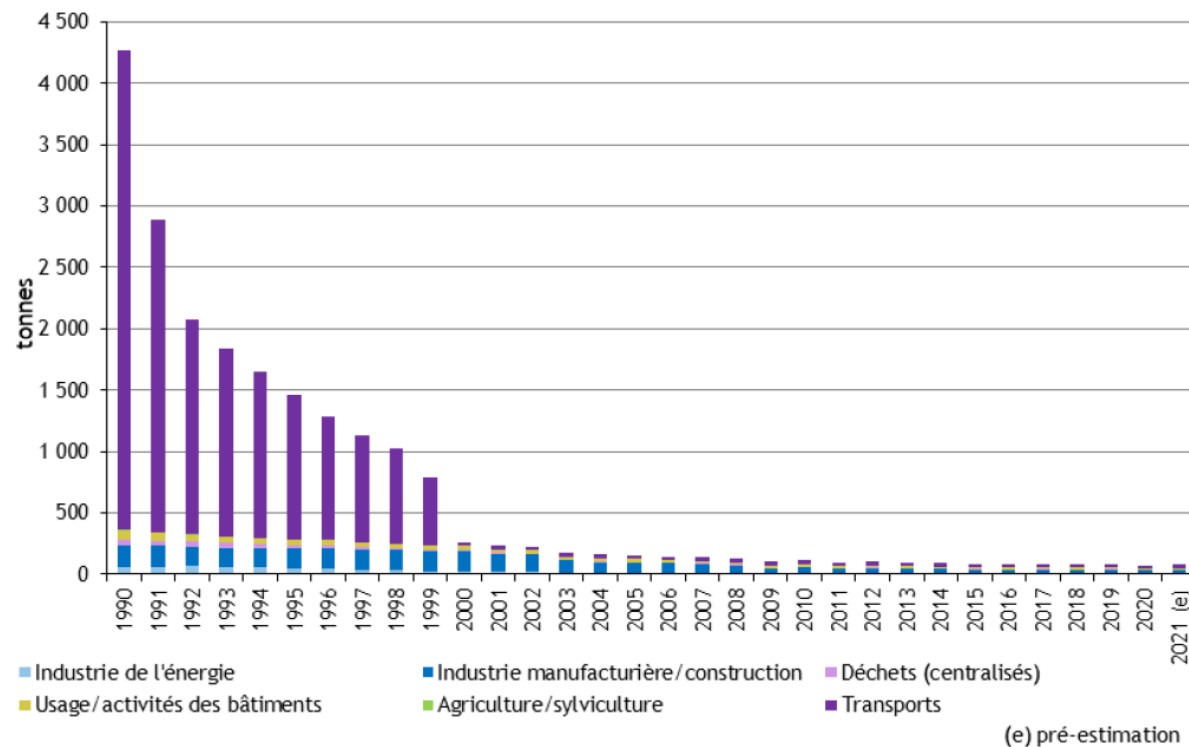




BRAMM_résultats



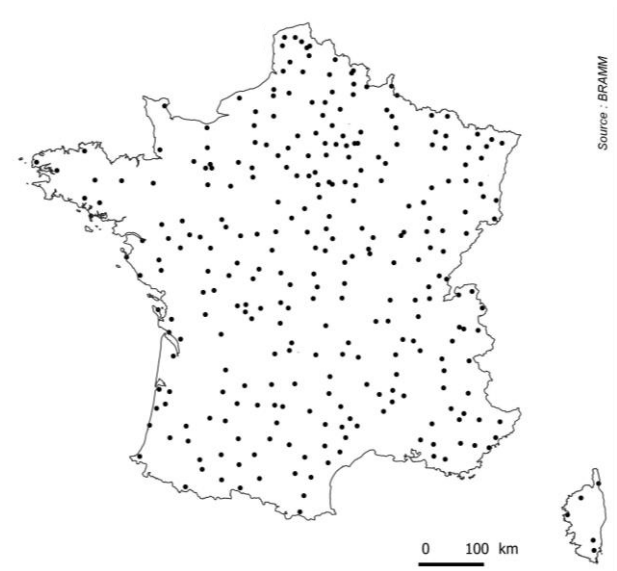
Evolution des émissions dans l'air de Pb depuis 1990 en France (Métropole)



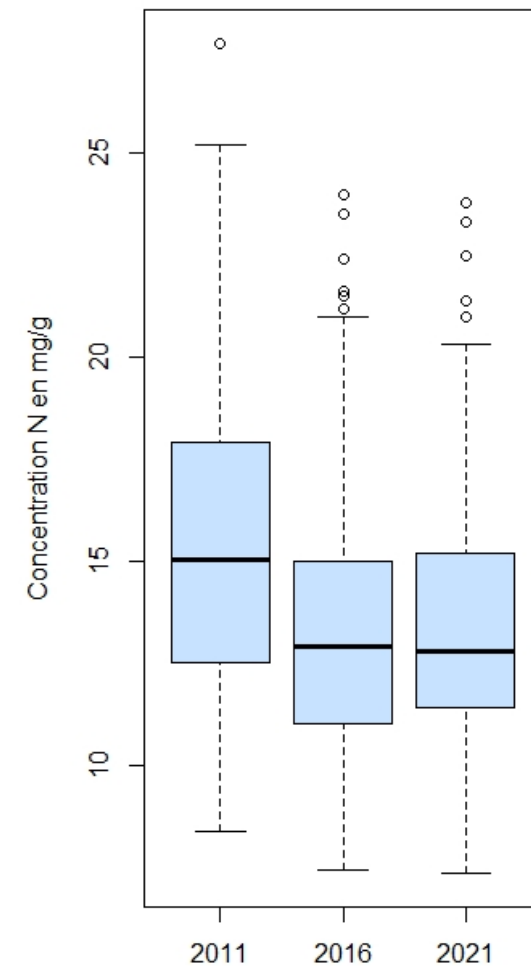
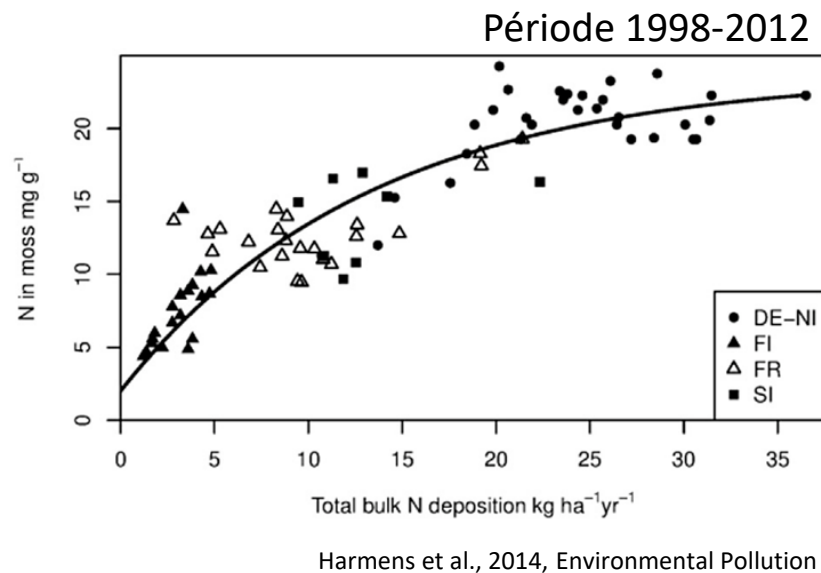
différence significative entre toutes les années ($p < 0.001$)
 => diminution entre 1996 et 2016
 => augmentation entre 2016 et 2021



BRAMM_résultats



Sites communs 2011-2021 (n = 294)



N : diminution ($p < 0.0001$) entre 2011/21 mais n.s. entre 2016/21



BRAMM_résultats

Soufre 2011-2021

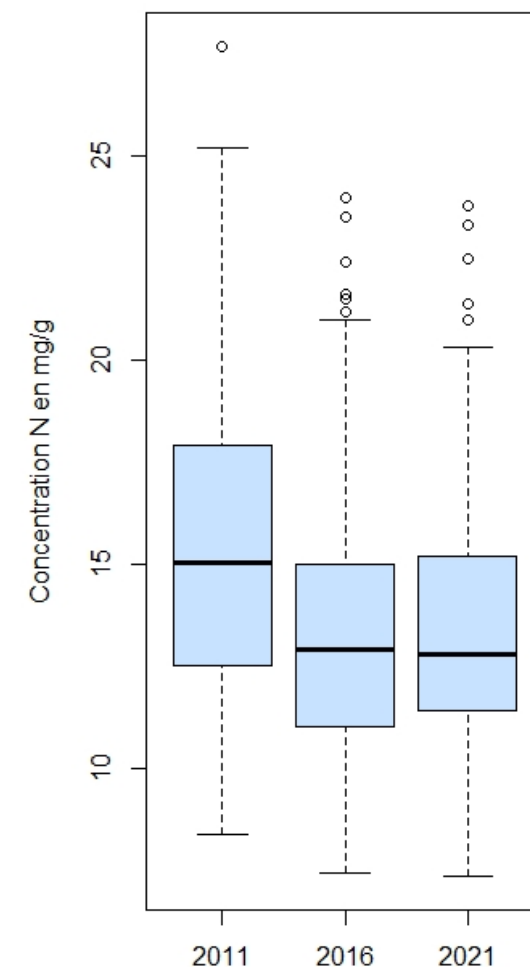
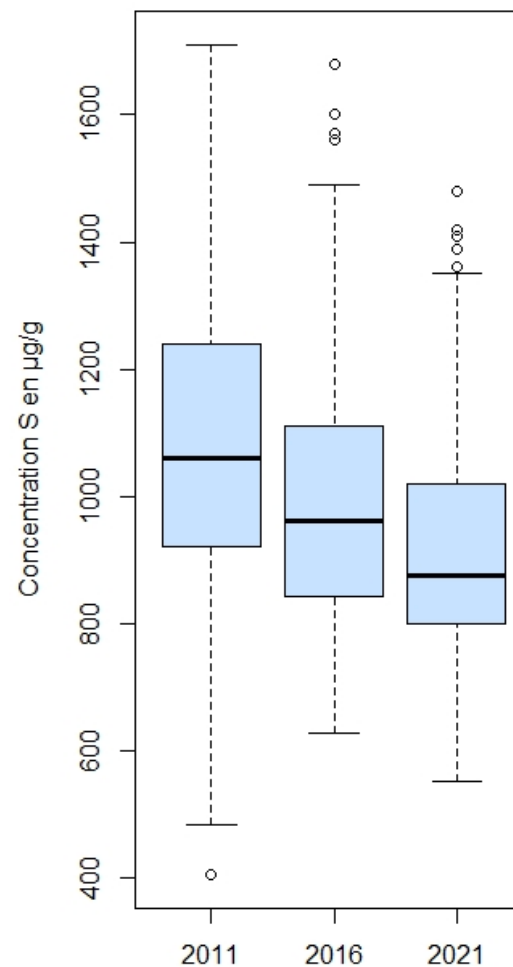
Soufre 2011-2021
 ● Diminution
 ● Augmentation

0 100 km

Sites communs 2011-2021 (n = 294)

0 100 km

Source : BRAMM

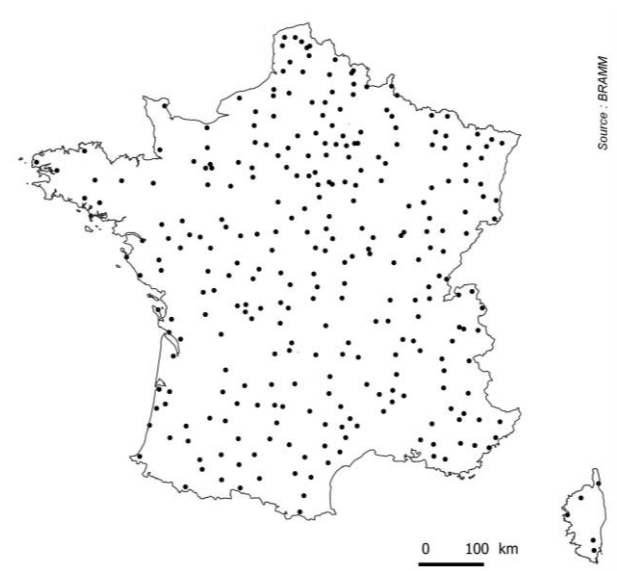


N : diminution ($p < 0.0001$) entre 2011/21 mais n.s. entre 2016/21

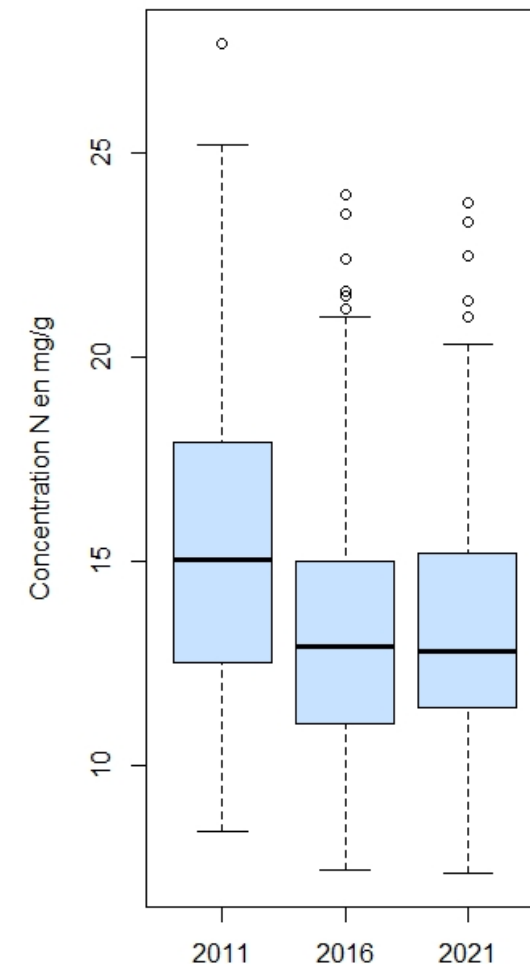
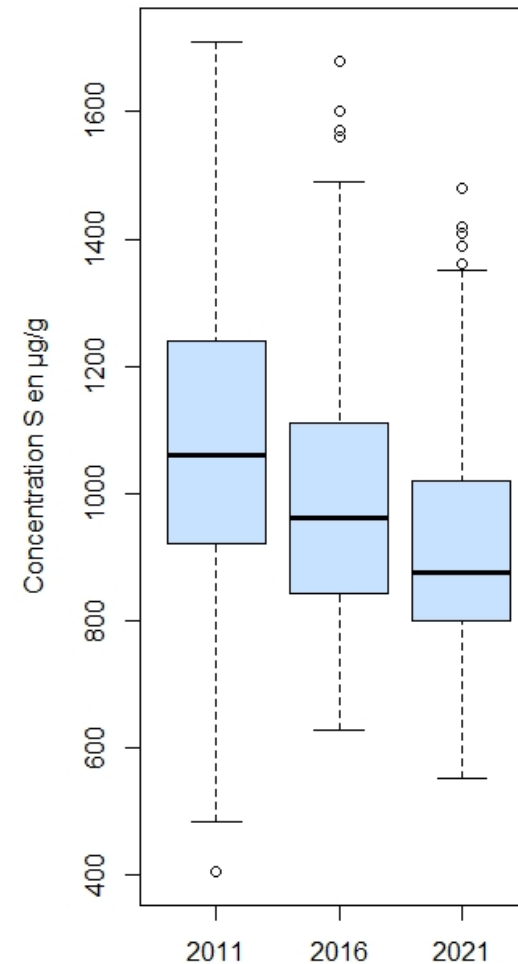
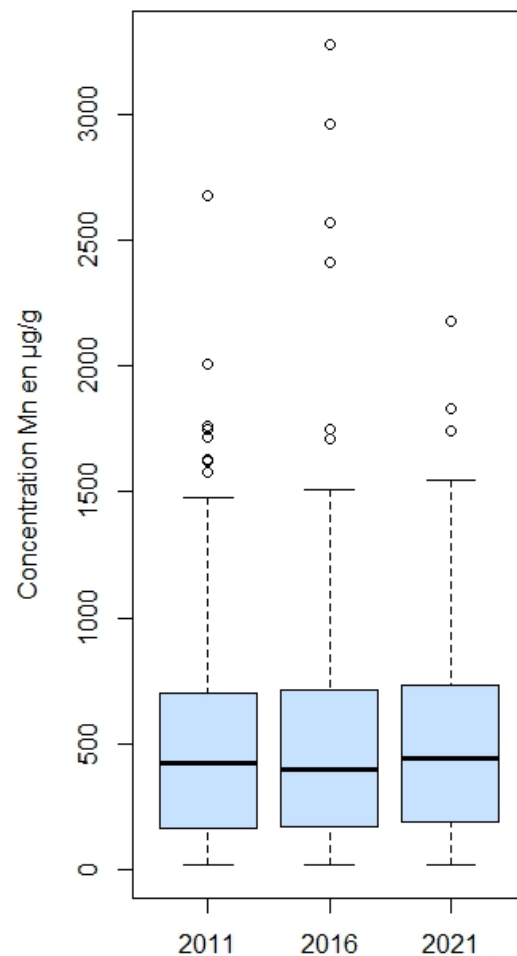
S : diminution ($p < 0.0001$) entre 2011/21



BRAMM_résultats



Sites communs 2011-2021 (n = 294)



N : diminution ($p < 0.0001$) entre 2011/21 mais n.s. entre 2016/21

S : diminution ($p < 0.0001$) entre 2011/21

Mn : pas de différence ($p > 0.1$) entre 2011/21



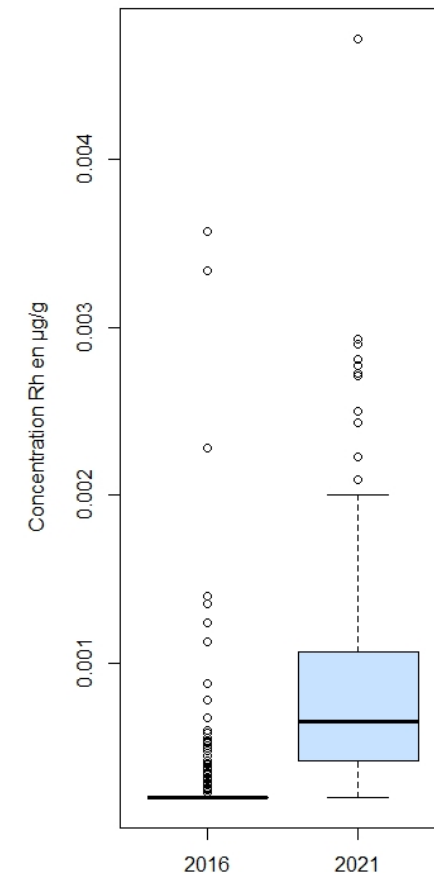
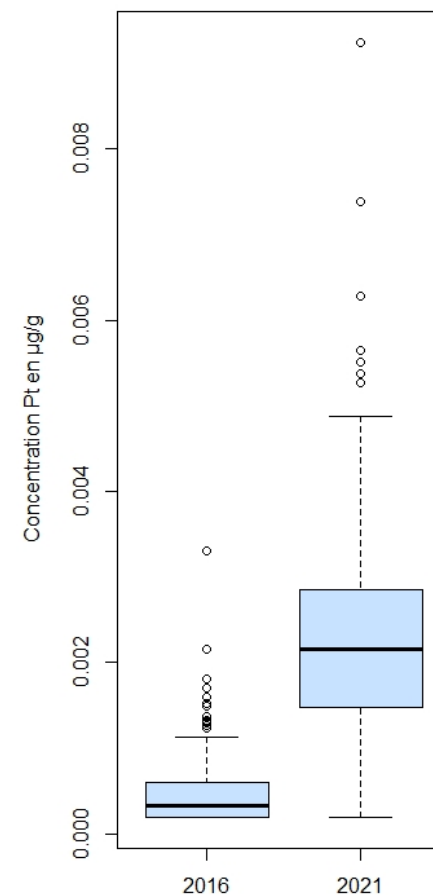
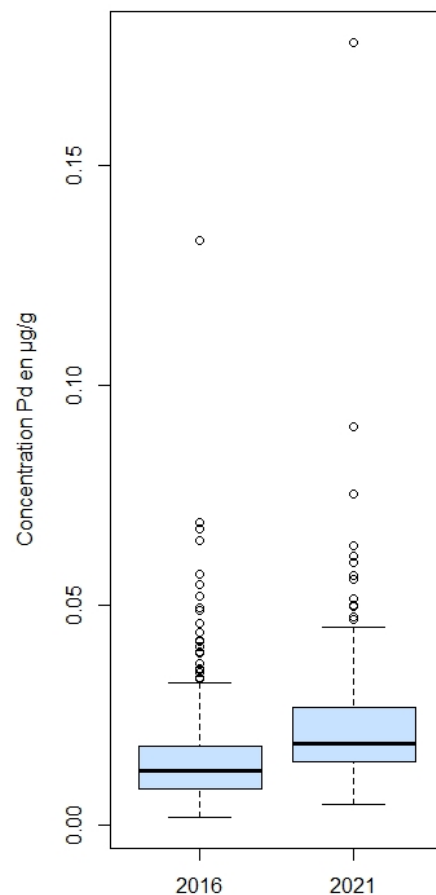
BRAMM_résultats



Source : BRAMM



Sites communs 2016-2021 (n = 359)



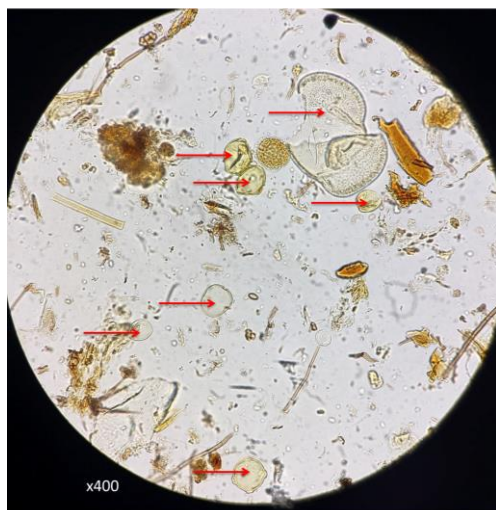
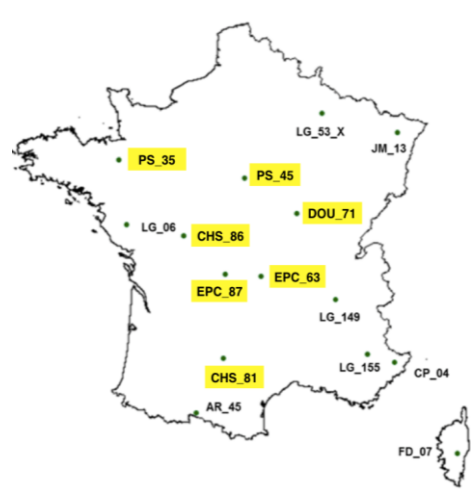
Forêt de Fontainebleau (A6)

Pd en 1999 < 0.0005 µg.g⁻¹ (Ayrault et al. 2006)

Pd en 2021 = 0.0055 µg.g⁻¹



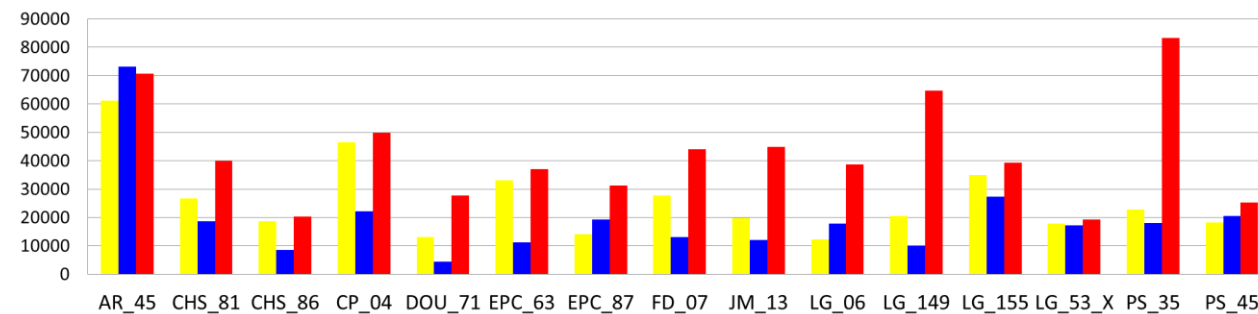
BRAMM_pollens



n = 15 dont 7 RENECOFOR

(stage N. ROUILLIER, 2017)

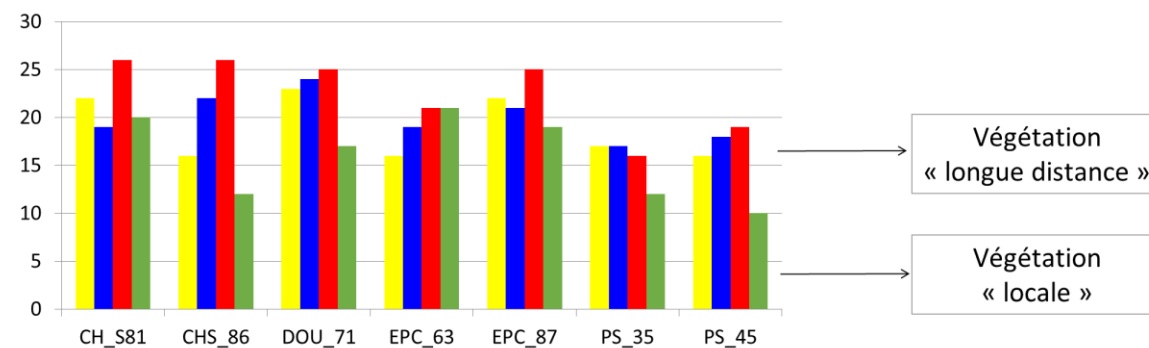
A. Accumulation totale : Nombre de grains de pollen (GP)/g de mousse sur chaque site



* Tt accumule plus de grains de pollen que les deux autres espèces de mousse
(Quade test, $p < 0,001$)

D. Comparaison entre spectres polliniques et relevés de végétation sur les sites

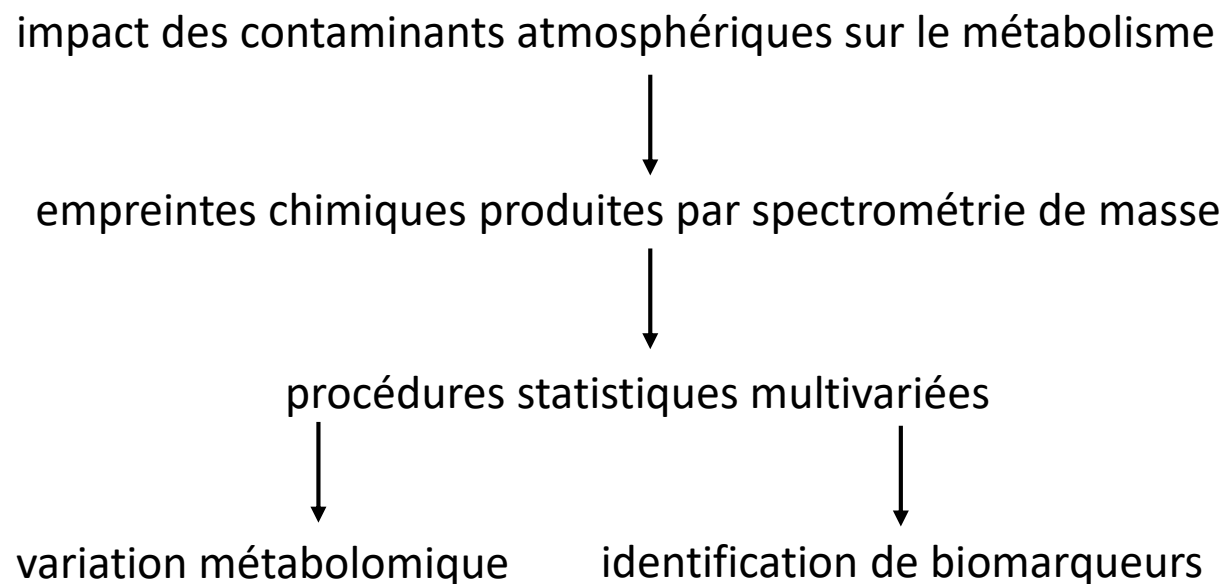
RENECOFOR : Nombre de taxons polliniques compté dans Hc (jaune), dans Pp (bleu), dans Tt (rouge) et dans la végétation de la parcelle (vert)



* Tt donne une meilleure représentation de la végétation émettrice



BRAMM_métabolomique



Échantillons de mousse 50 mg

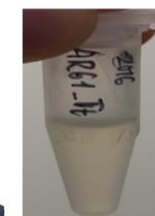
Extraction
0,5 minute
1 mL (MeOH:H₂O, 60:40, v/v)



Échantillons extraits

Centrifugation
4°C, 4800 rpm, 10 minutes

Extrait



Analyse
FIA-ESI/MS
Mode d'ionisation positif et négatif

600 µL



Analytes = métabolites de faible masse moléculaire (≤ 1000)
issus du métabolisme primaire ou secondaire



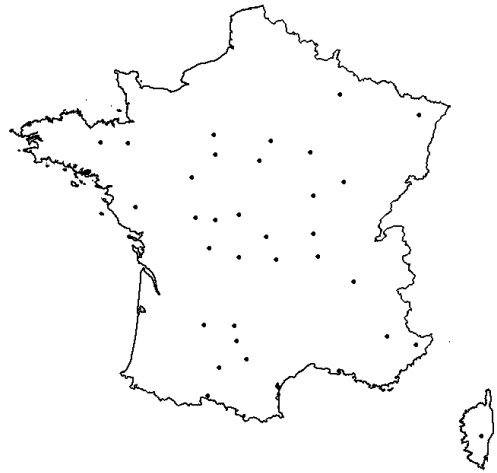
BRAMM_métabolomique



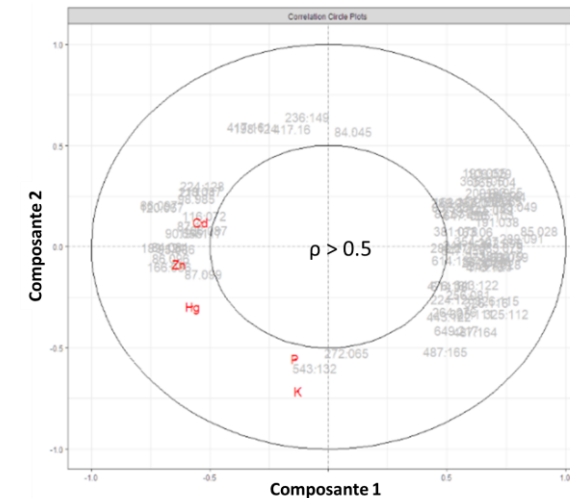
Campagne 2021 : _ 405 sites / 504 échantillons

_ 15899 analytes par échantillon (variable < 10 données manquantes dans tous les échantillons de mousses)

Campagne 2016 : _ 32 sites avec 3 espèces de mousses par site (stage T.A. NGUYEN, 2018)



=> pas de différence significative de métabolisme entre les 3 espèces étudiées

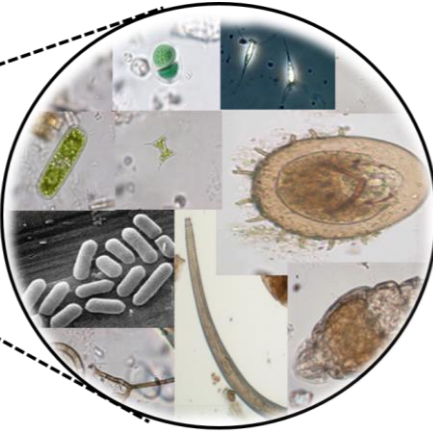


=> covariation significative entre variables métabolomiques et les concentrations en Cd, Hg, Zn, K et P

=> approche bioinformatique (BD METLIN) : détection métabolites (qq acides aminés et acides gras) dont la teneur relative est modifiée sous l'influence de certains contaminants atmosphériques (en développement)



BRAMM_métabarcoding



Bryosystème

- _ microbiome muscinal = diversité d'organismes
- _ communautés microbiennes sont des indicateurs très sensibles

Objectifs : au regard des teneurs en contaminants dans la mousse et de son état physiologique

- _ diversité taxonomique du microbiome (cyanobactéries, micro-organismes eucaryotes et amibes à thèque)
- _ le réseau d'interaction de l'écosystème microbien

Campagne 2021 : 405 sites / 504 échantillons

↳ PCR : région v4 du gène 18S rRNA (protistes en général), un marqueur mitochondrial (Arcellinida) et le 16S chloroplastique (cyanobactéries et eucaryotes photosynthétiques)

↳ séquençage massif MiSeq (Illumina)



