

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية

RÉPUBLIQUE ALGÉRIENNE DÉMOCRATIQUE ET POPULAIRE

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique



جامعة الإخوة منتوري قسنطينة I
Frères Mentouri Constantin I University
Université Frères Mentouri Constantine I

Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie

كلية العلوم الطبيعية والحياة

Département de Microbiologie

قسم الميكروبيولوجيا

Mémoire présenté en vue de l'obtention du Diplôme de Master

Domaine : Sciences de la Nature et de la Vie

Filière : Sciences Biologiques

Spécialité : Biologie Moléculaire des Microorganismes

N° d'ordre :

N° de série :

Intitulé :

Les communautés bactériennes des sols cultivés et effet des pesticides sur leur diversité et leur distribution

Préparé par : ABBOU Ines

Le : 20/06/2023

BENSABER Khaoula

Jury d'évaluation :

Président : ALATOU Radia (Pr -Université des Frères Mentouri Constantine 1).

Encadrant : ARABET Dallel (MCA - Université des Frères Mentouri Constantine 1).

Examineur 1 : BOUCHELOUKH Warda (MCB - Université des Frères Mentouri Constantine 1).

Examineur 2 : GACI Meriem (MCB - Université des Frères Mentouri Constantine 1).

Année universitaire : 2022/2023

Remerciements

*Avant toute chose, nos plus sincères remerciements s'adressent à notre encadrante, **Mme. ARABET Dallel** pour son aide précieuse, sa patience, sa rigueur et sa disponibilité tout au long de la réalisation de ce mémoire. Grâce à vous, on a retrouvé notre amour pour la microbiologie et la recherche.*

*Nos vifs remerciements s'adressent à **Mme. Alatou Radia, Mme. Boucheloukh Warda et Mme. Gaci Meriem** de nous avoir fait l'honneur d'accepter d'évaluer notre travail.*

On souhaite exprimer notre gratitude aux enseignants et aux professionnels qui ont partagé avec nous leurs expériences et leur savoir-faire dans le cadre de nos études. Leurs enseignements nous ont permis d'acquérir des compétences essentielles pour la réalisation de ce mémoire.

À titre personnel, on souhaite remercier nos chers amis, votre présence joyeuse, votre bonne humeur, vos encouragements constants et votre soutien indéfectible nous ont donné la force nécessaire pour continuer. Grâce à vous cette année sera marquée avec nos conversations, nos rires et nos sorties. On vous aime.

Le plus grand merci s'adresse à nos chers parents, votre amour, votre patience et votre compréhension ont été une source d'inspiration pour nous. Vous avez toujours été là pour nous guider et nous soutenir pendant tout le chemin. Vos sacrifices et votre dévouement désintéressé ne seront jamais oubliés.

Merci à nos frères et sœurs et à nos familles.

Résumé

Notre mémoire se concentre sur l'étude de la microflore bactérienne présente dans les sols agricoles, en mettant particulièrement l'accent sur l'impact des pesticides. L'objectif principal de cette recherche est de montrer l'impact des pesticides sur la composition et la distribution de la microflore bactérienne tellurique. Pour atteindre notre objectif une synthèse bibliographique a été proposée. Elle traite le sol comme étant un écosystème complexe, puis elle présente une description détaillée de la microflore des sols agricoles plus particulièrement les bactéries, et met le point sur l'utilisation des pesticides. Pour mettre en évidence l'effet de ces dernières un exemple pratique a été abordé en explorant les résultats d'un article scientifique qui traite la microflore bactérienne de deux types de sol traités à l'insecticide thiaméthoxame. Enfin, une conclusion générale a été proposée, résumant les plus importantes déductions de cette étude bibliographique et proposant des perspectives d'étude qui pourront approfondir les acquis de la littérature actuelle.

Mots clés : sols agricoles, microflore bactérienne, pesticides, thiaméthoxame.

Abstract

Our study focuses on the examination of the bacterial microflora present in agricultural soils, with a particular focus on the impact of pesticides. The main objective of this research is to demonstrate the influence of pesticides on the composition and distribution of soil bacterial microflora. To achieve our goal, a literature review has been proposed. It discusses the soil as a complex ecosystem, provides a detailed description of the microflora in agricultural soils, particularly bacteria, and highlights the use of pesticides. To underscore the effects of these pesticides, a practical example was discussed by exploring the results of a scientific article that examines the bacterial microflora of two types of soil treated with the insecticide thiamethoxam. Finally, a general conclusion has been proposed, summarizing the most important deductions from this literature study and suggesting future research perspectives that can further enhance the knowledge in the current literature.

Keywords : agricultural soils, bacterial microflora, pesticides, thiamethoxam.

المخلص

تركز مذكرتنا على دراسة البكتيريا الدقيقة الموجودة في التربة الزراعية، مع التركيز خاصة على تأثير المبيدات الحشرية. الهدف الرئيسي لهذا البحث هو إظهار تأثير المبيدات الحشرية على تركيبة وتوزيع البكتيريا الدقيقة في التربة. لتحقيق هدفنا، تم اقتراح مراجعة للمراجع الببليوغرافية التي تدرس الأرض كنظام بيئي معقد، وتقدم وصفاً مفصلاً للبكتيريا الدقيقة في التربة الزراعية، وتسلط الضوء على استخدام المبيدات الحشرية. ولتأكيد تأثير هذه المبيدات، تمت مناقشة مثال عملي عن طريق تحليل نتائج مقال علمي يدرس البكتيريا الدقيقة في نوعين من التربة تمت معالجتها بمبيد حشري يدعى ثياميثوكسام. وأخيراً، تم اقتراح استنتاج عام يلخص الاستنتاجات الأكثر أهمية من هذه الدراسة الببليوغرافية ويقترح آفاقاً للدراسات التي يمكن أن تعزز المعرفة الحالية.

الكلمات المفتاحية: التربة الزراعية، البكتيريا الدقيقة، المبيدات الحشرية، ثياميثوكسام.

| Symbole | Désignation |
|----------------|---|
| BCA | <i>Bio Control Agent.</i> |
| BDG | <i>Biodegradation genes.</i> |
| EU | <i>European Union.</i> |
| FAO | <i>Food and Agriculture Organisation.</i> |
| MAP | Précipitation annuelles moyennes. |
| NNIs | <i>Neonicotinoids insecticides.</i> |
| OMS | Organisation Mondiale de la santé. |
| PDG | <i>Pesticide degradation genes.</i> |
| PGPR | <i>Plant Growth Promoting Rhizobacteria.</i> |
| SOC | <i>Soil Organic Carbon.</i> |
| US EPA | <i>United States Environmental Protection Agency.</i> |

| N° de figure | Titre | Page |
|-----------------|---|------|
| Figure 1 | Schéma expliquant la complexité externe et interne du sol | 5 |
| Figure 2 | Vue par microscopie optique des moisissures du sol agricole | 9 |
| Figure 3 | Vue par microscopie optique des algues vertes isolées à partir des sols agricoles | 10 |
| Figure 4 | Vue par microscopie optique des diatomées isolées à partir des sols agricoles | 11 |
| Figure 5 | Vue par microscope optique de la coloration de Gram des espèces | 14 |
| Figure 6 | Vue par microscopie optique des algues vertes isolées à partir des sols agricoles | 15 |
| Figure 7 | Tendance de la consommation mondiale des pesticides entre 1990-2018 | 21 |
| Figure 8 | Figure illustrative des effets des pesticides sur la santé humaine | 22 |
| Figure 9 | Structures chimiques de quelques pesticides neonicotinoid | 24 |

Titre

Résumé

Abstract

ملخص

| | |
|-----------------------------|----|
| Liste des abréviations..... | i |
| Liste des figures..... | ii |
| Introduction..... | 1 |

Chapitre 01 : le sol, un écosystème complexe

| | |
|---|---|
| 1. Composition et structure du sol..... | 3 |
| 1.1. Phase solide du sol | 3 |
| 1.2. Phase liquide du sol | 4 |
| 1.3. Phase gazeuse du sol | 4 |
| 2. les domaines du sol | 4 |
| 2.1. La détritosphère..... | 4 |
| 2.2. La drilosphère | 4 |
| 2.3. L'agrégatosphère | 4 |
| 2.4. La porosphère | 5 |
| 2.5. La rhizosphère..... | 5 |
| 3. Le sol agricole..... | 6 |
| 4. Les caractéristiques de la terre arable..... | 7 |
| 4.1. La texture | 7 |
| 4.2. La profondeur | 7 |
| 4.3. La pierrosité..... | 7 |
| 4.4. La structure..... | 7 |
| 4.5. Le pH..... | 7 |

Chapitre 2 : La microflore du sol

| | |
|---|---|
| 1. Les microorganismes du sol..... | 8 |
| 1.1. Les eucaryotes | 8 |
| 1.1.1. Les champignons microscopiques | 8 |

| | |
|--|----|
| 1.1.1.1. Les moisissures | 8 |
| 1.1.1.2. Les levures | 9 |
| 1.1.2. Les algues | 9 |
| 1.1.3. Les protozoaires | 11 |
| 1.2. Les procaryotes..... | 12 |
| 1.2.1. Les archaebactéries | 12 |
| 1.2.2. Les bactéries..... | 12 |
| 2. Les interactions entre les microorganismes du sol | 15 |
| 3. Facteurs influençant la microflore tellurique | 16 |

Chapitre 3 : Les pesticides dans l’agriculture

| | |
|--|----|
| 1. Définition des pesticides | 18 |
| 2. Classification des pesticides..... | 18 |
| 2.1. En fonction de leur cible..... | 18 |
| 2.2. En fonction de leur nature chimique | 19 |
| 3. L’utilisation mondiale des pesticides | 20 |
| 4. Toxicité des pesticides..... | 21 |
| 5. Effets des pesticides | 22 |
| 5.1. Effet sur l’environnement | 22 |
| 5.2. Effet sur la microflore du sol | 23 |
| 5.3. Effet sur les bactéries du sol..... | 23 |

Chapitre 4 : Analyse d’article scientifique

| | |
|---|-----------|
| Conclusion | 28 |
| Références bibliographiques..... | 29 |
| Annexes | |

Introduction

Le sol, en tant qu'écosystème complexe, assure de nombreuses fonctions écologiques. Il constitue un habitat naturel des organismes vivants, notamment les microorganismes, en particulier les bactéries. Leur présence et leurs activités sont primordiales pour maintenir la santé, la fertilité, l'équilibre et le bon fonctionnement de l'écosystème tellurique. Cependant, les sols sont menacés par l'utilisation intensive des pesticides dans l'agriculture moderne, ce qui interfère avec la biodiversité du sol et entraîne de graves conséquences sur l'environnement **(Aiman et al., 2016; Rocco et al., 2016; Vodyanitskii, 2016)**.

L'agriculture intensive a engendré une utilisation croissante des produits agrochimiques qu'ils soient synthétiques ou naturels, ces produits sont destinés à limiter la prolifération des parasites dans le but d'améliorer les rendements agricoles et de répondre aux besoins alimentaires d'une population mondiale prévue pour atteindre 9 milliards de personnes en 2050 **(Tudi et al., 2021)**.

L'usage des pesticides s'est généralisé parce qu'ils aident principalement les agriculteurs à obtenir un meilleur rendement alimentaire, par l'amélioration, d'une part, de la productivité des cultures, en les protégeant contre les mauvaises herbes, et d'autre part, de la qualité des aliments par leur action contre les maladies vectorielles. Toutefois, cet usage pourrait avoir des effets néfastes sur le sol et sa microflore bactérienne par la perturbation des processus métaboliques et en accumulant des résidus dans le sol, ce qui entraîne la réduction de la biodiversité **(Mostafalou et Abdollahi, 2013; Yadav et Devi, 2017)**.

Notre étude est une récapitulation des études antérieures qui se sont intéressées aux bactéries des sols agricoles, leur diversité et l'influence des pesticides sur leur composition et leur distribution.

Dans notre démarche, nous avons entretenu une synthèse bibliographique qui comprend quatre chapitres, le premier présente un aperçu sur l'écosystème sol. Le second expose la microflore microbienne et particulièrement bactérienne rencontrée dans les sols agricoles. L'avant dernier chapitre aborde les pesticides et leur utilisation dans l'agriculture. Enfin, le dernier chapitre traite une étude pratique prise comme exemple concret de l'influence des pesticides sur la communauté bactérienne du sol. Il s'agit d'un article scientifique qui étudie l'influence de l'insecticide néonicotinoïde thiaméthoxame sur la composition de la communauté bactérienne de deux sols agricoles différents et sa fonction métabolique.

En conclusion, nous résumons les idées principales issues de ces études et nous proposons ainsi des perspectives d'application future.

Cette étude revêt une importance particulière dans un contexte où la protection de l'environnement et la recherche de pratiques agricoles durables sont des enjeux majeurs. En comprenant mieux les effets des pesticides sur la microflore bactérienne du sol, nous pourrions développer des stratégies de gestion plus respectueuses de l'écosystème et favoriser la santé des sols à long terme.

Chapitre 1
Le sol, un
écosystème complexe

Définition

À l'interface des organismes vivants (biosphère), des roches et des minéraux (lithosphère), de l'eau (l'hydrosphère) et de l'air (l'atmosphère) se forme le sol qui est la couche superficielle de la croûte terrestre où tous ces éléments interagissent entre eux (**Paul, 2014**).

Le sol est un écosystème complexe et dynamique contenant plus de 80% de la biomasse vivante de la terre. C'est l'habitat naturel des animaux, des végétaux et de milliers de microorganismes. Ces derniers contribuent majoritairement à la fertilisation des sols et le transfert de l'énergie (**Osman, 2013**).

L'écosystème tellurique assure plusieurs fonctions, il fournit une source de nutriments naturels pour les organismes vivants, il représente une réserve génétique extraordinaire, il assure la régulation et le stockage des eaux grâce à sa porosité et il contribue à de nombreux cycles biogéochimiques (**Aiman et al., 2016; Rocco et al., 2016; Vodyanitskii, 2016**).

1 Composition et structure du sol

Le sol est un milieu multi-composé ouvert où se produit de nombreux processus chimiques, physiques et biologiques (figure 1). On distingue trois phases :

1.1 La phase solide du sol

Elle est composée de fractions minérales et organiques à des proportions variables. La composition minérale dépend de la nature de la roche mère et elle constitue environ 95% du poids total du sol. La texture d'un sol dépend des minéraux qui le composent qui peuvent être extrêmement divers et de taille granulométrique différente (argile, sable et limon). La matière organique représente les résidus en état de décomposition en plus des organismes vivants entre bactéries (dont beaucoup d'actinobactéries), champignons, algues, protozoaires et une microfaune formée de nématodes, de lombrics, d'acariens et de quelques insectes (**Calvet, 2003**).

1.2 La phase liquide du sol

Elle est appelée solution du sol. De nature aqueuse, elle est composée de solutés et est complexe et variable. Elle contient majoritairement des sels minéraux (des électrolytes) de faible concentration de l'ordre de 10^{-3} à 10^{-5} mol L⁻¹. La variabilité de sa composition dépend du milieu, des eaux de pluies et des eaux de surfaces (**Calvet, 2003**).

1.3 La phase gazeuse du sol

Cette phase occupe tout l'écosystème et elle dépend principalement de deux facteurs : la profondeur et l'activité biologique. Il est notable que la teneur en oxygène dans le sol est proche de celle de l'atmosphère, en revanche la concentration de dioxyde de carbone est plus élevée du fait de l'activité des microorganismes (Calvet, 2003).

2 Les domaines du sol

Le sol se caractérise par une mosaïque de microenvironnements qui permettent de distinguer les zones d'occupation des microorganismes :

2.1 La détritosphère

Elle inclue le sol adjacent et la litière qui désigne de manière générale l'ensemble de la matière organique en décomposition. C'est une zone très riche en microorganismes décomposeurs (bactéries et champignons). Elle est considérée comme un site majeur de minéralisation et de stabilisation de la matière organique (Poll et al., 2008).

2.2 La drilosphère

C'est le volume du sol sous l'influence des lombriciens (vers de terre). Leurs biostructures spécifiques participent à la création d'une hétérogénéité dans le sol (Brown et al., 2000).

2.3 L'agrégatosphère

C'est l'ensemble des agrégats composés de matière organique et de particules primaires. Cette partie constitue l'habitat principal des microorganismes du sol et elle est également très importante pour les cycles de carbone et d'azote (Brown et al., 2000).

2.4 La porosphère

Un arrangement entre le vide et la matière du sol. Les pores formés sont remplis d'air et d'eau et servent aussi d'habitats pour certains organismes vivants tels que les protozoaires (Lavelle et Spain, 2001).

2.5 La rhizosphère

Elle se crée entre les racines des plantes cultivées et l'environnement du sol. Selon la végétation présente, les racines occupent entre 1 et 5% du volume superficiel du sol (**Newan, 1995**). L'étendue de la rhizosphère est entre 0.5 et 4 mm (**Kuzyakov et Razavi, 2019**).

Cette zone est d'une importance primordiale, elle constitue un abri pour de nombreux organismes vivants et une source de nutriments en secrétant les exsudats racinaires. Les racines sont un excellent endroit pour la formation des différentes symbioses telles qu'avec les champignons mycorhiziens, les bactéries *Rhizobium* qui fixent l'azote atmosphérique et les PGPR (Plant Growth Promoting Rhizobacteria) impliqué dans la phytoprotection (**Kumar et Dubey, 2020**).

Au sein de la rhizosphère, on distingue :

- Le rhizoplan (surface des racines).
- L'endorhizosphère (surface intraracinaire de certaines bactéries, à l'intérieur ou à l'extérieur des cellules des tissus).
- L'exorhizosphère (sol rhizosphérique) (**Gobat et al., 2010**).

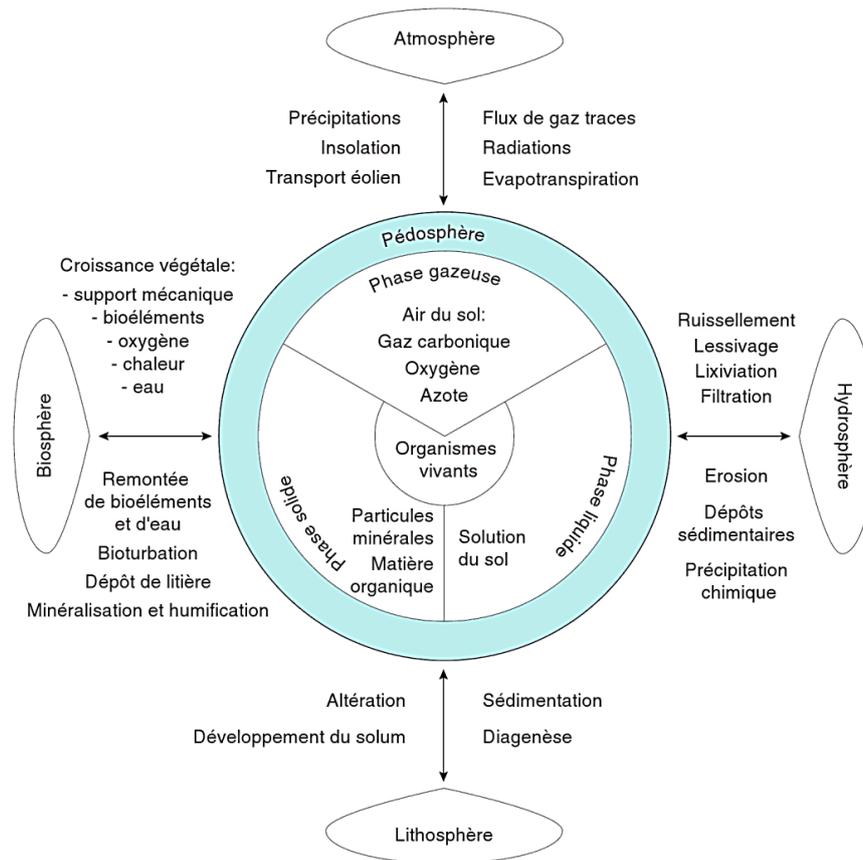


Figure 1 : Schéma expliquant la complexité externe et interne du sol (Gobat et al., 2010)

3 Le sol agricole

Selon *The Food and Agriculture Organisation* (FAO) les terres agricoles désignent l'ensemble des terres prêtes à être labourées et cultivées. Sous cette définition rentrent : les grandes cultures, les cultures maraichères, les prairies artificielles et les terrains en jachère.

Les terres arables constituent l'un des trois principaux écosystèmes terrestres (avec l'écosystème des zones humides et l'écosystème forestier). Elles ont un impact important sur la teneur en carbone atmosphérique (Liu et al., 2022).

La présence des microorganismes décomposeurs dans le sol est la raison de l'existence des terres cultivables grâce à leurs activités de dégradation de la matière organique et leurs multiples réactions chimiques impliquées dans le processus d'humification. De plus, ils

améliorent la résistance des agglomérats formés par les sécrétions d'origine microbienne (lipides et protéines hydrophobes) qui forment des mucus collants (**Carné-Carnavalet, 2021**).

4 Les caractéristiques de la terre arable

La qualité de la terre arable dépend de nombreux facteurs tels que (**Archambeaud et Thomas, 2016**) :

4.1 La texture : c'est la répartition granulométrique des constituants du sol, c'est-à-dire la proportion des 3 composants : l'argile, le limon et le sable. On recherche idéalement une texture équilibrée, limitant les problèmes de compaction, de fertilité et de stockage de l'eau.

4.2 La profondeur : C'est le volume de sol dans lequel les racines peuvent se développer. C'est un indicateur clé de la qualité, plus un sol est profond plus sa capacité à stocker l'eau, et donc à résister aux épisodes de sécheresse sera importante.

4.3 La pierrosité : C'est la quantité d'éléments grossiers dans le sol. Elle améliore la perméabilité du sol et permet une meilleure pénétration de l'eau. Cependant, avec forte fréquence, elle peut limiter le développement des cultures, rendre le travail du sol plus difficile, limiter la rétention d'eau ou encore user le matériel agricole.

4.4 La structure : La structure d'un sol désigne la manière d'assemblage naturelle de ses constituants. Évaluer la structure de son sol permet de détecter un éventuel problème de compaction et de prendre les bonnes décisions en termes de travail du sol.

4.5 Le pH : Le plus souvent les cultures ont besoin d'un pH proche de la neutralité (entre 6 et 7).

La qualité de la terre arable peut être maintenue ou améliorée par des pratiques agricoles durables comme la rotation des cultures, l'apport d'engrais naturels et la gestion de l'eau.

Trop souvent considéré comme un environnement minéral, le sol est aussi un lieu de vie. Il héberge une très forte diversité d'organismes vivants, notamment les microorganismes. Un gramme de sol contient entre 100 millions et 1 milliard de microorganismes sans oublier toute la vie macro organique (faune, flore...) que le sol héberge. Tous ces organismes font partie intégrante du système du sol et participent par leurs activités à la formation et à l'évolution des sols (**Jayanthi et al., 2016**).

Chapitre 2

La microflore du sol

Le sol est le plus grand réservoir naturel de microorganismes (**Rashid et al., 2016**). L'hétérogénéité spatiale des conditions environnementales induit dans un même sol, des microhabitats dans lesquels la diversité varie (**Torsvik et al., 1996**).

Les terres cultivées sont riches en matières organiques et contiennent une population microbienne importante (**Adhya et al., 2018**). Leur fertilité peut être indirectement corrélée à la biomasse microbienne globale qui dépend elle-même de la disponibilité et de la qualité du carbone appelé carbone organique du sol (*Soil Organic Carbon* ou SOC). Ainsi, la région la plus biologiquement active du sol est censée être les 20-30 cm supérieurs du sol où l'abondance des communautés microbiennes du sol est présente en raison de la richesse en SOC (**Fierer et al., 2007; Jobbágy et Jackson, 2000; Veldkamp et al., 2003**).

1 Les microorganismes du sol

1.1 Les eucaryotes

1.1.1 Les champignons microscopiques

Les champignons sont des organismes eucaryotes, non photosynthétique qui vivent aux dépend de la matière organique. Ce sont des organismes mésophiles qui vivent dans un intervalle de température qui peut varier entre 10°C et 40°C. Les champignons supportent les pH acides et, dans de telles conditions, sont plus compétitifs que les bactéries pour la dégradation d'un substrat (**Davet, 1996**). Leurs formes varient entre des structures filamenteuses qui forment les mycéliums et des structures unicellulaires qui sont les levures (**Adhya et al., 2018**).

1.1.1.1 Les moisissures

Elles se présentent sous forme d'hyphes fongiques. Elles ont un rôle dans la stabilité des sols grâce à leurs liaisons avec les racines des plantes permettant l'enserrement des particules du sol ce qui fournit un environnement favorable à la croissance. On cite parmi les moisissures les plus rencontrées dans le sol : *Trichoderma lignorum*, *Mucor intermedius*, *Mortierella isabellina* (figure 2). D'autres sont connues pour leurs sécrétion d'exoenzymes qui hydrolysent la matière organique complexe (cellulose et lignine) et permettent la minéralisation du carbone, c'est le cas de *Phanerochaete sp.* (**Adhya et al., 2018**).

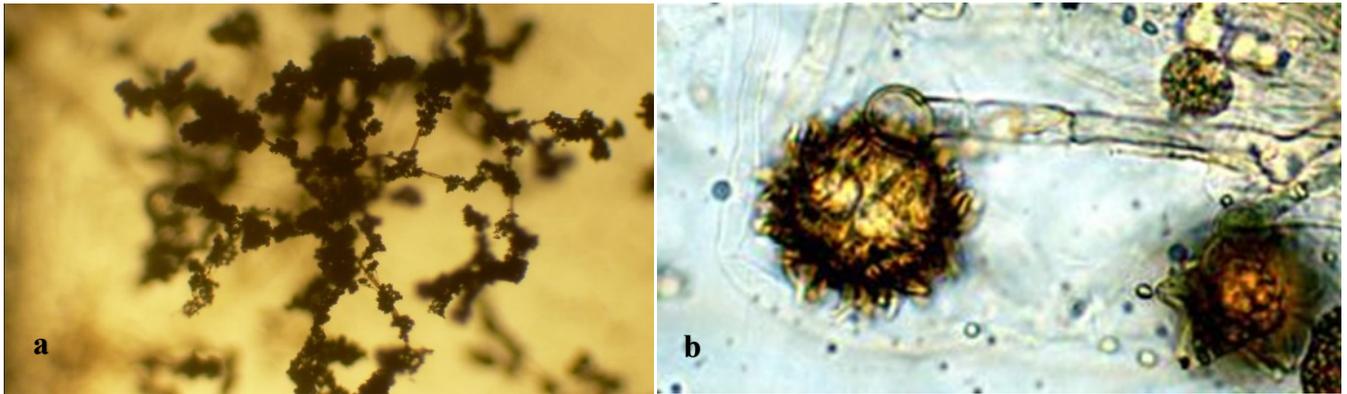


Figure 2 : Vue par microscopie optique des moisissures du sol agricole

a) Le genre *Trichoderma* (Barnett et Hunter, 1998) et b) le genre *Mucor* (Mehrotra et Baijal, 1963).

1.1.1.2 Les levures

Ce sont la forme unicellulaire des champignons. Certaines variétés sélectives de levures favorisent la croissance des plantes par la suppression des agents pathogènes en synthétisant des antimicrobiens. Elles interviennent également dans la production de phytohormones, la solubilisation des phosphates, l'oxydation de l'azote et du soufre, la production de sidérophores (pour capter le fer) et la stimulation de la colonisation mycorhizienne des racines. Quelques souches sont des levures de biofertilisation. Parmi les espèces de levures les plus rencontrées dans le sol on site : *Candida sp.*, *Geotrichum sp.*, *Rhodotorula sp.*, *Saccharomyces sp.* (Eman et al., 2008).

1.1.2 Les algues

Les algues sont des organismes vivants photosynthétiques monocellulaires ou en forme de fibres. Il existe trois types d'algues : les algues marines, les algues d'eau douce et les algues terrestres.

Les algues terrestres sont présentes dans tous les sols, cultivés ou non avec une diversité importante : **diatomées, chlorophytum, dinoflagellés, rhodophycées, etc.**

Ces microorganismes sont concentrés sur les premiers millimètres de la surface. Ils présentent des structures de communautés variables selon les caractéristiques pédoclimatiques des sols, les pratiques agricoles et les applications des pesticides (Figure 3 et 4) (Lin et al., 2013). En raison de leur caractère photosynthétique, Les algues ont une signification différente des autres microorganismes du sol. Alors que les bactéries et champignons sont principalement

des agents de décomposition et de minéralisation, les algues sont des producteurs primaires (Roger et Garcia, 2001).

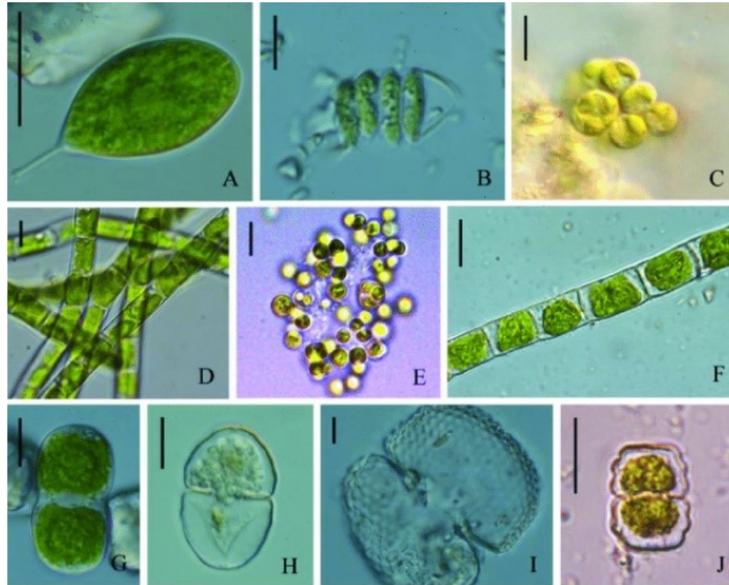


Figure 3 : Vue par microscopie optique des algues vertes isolées à partir des sols agricoles (Lin et al., 2013).

(A) *Characium guttula*, (B) *Scenedesmus quadricauda*, (C) *Chlamydomonas reinhardtii*,
(D) *Klebsormidium flaccidum*, (E) *Chlorella vulgaris*, (F) *Ulothrix variabilis*,
(G) *Actinotaenium cucurbita*, (H) *Cosmarium laeve*, (I) *Co. Quadratum*, (J) *Co. regnellii*.

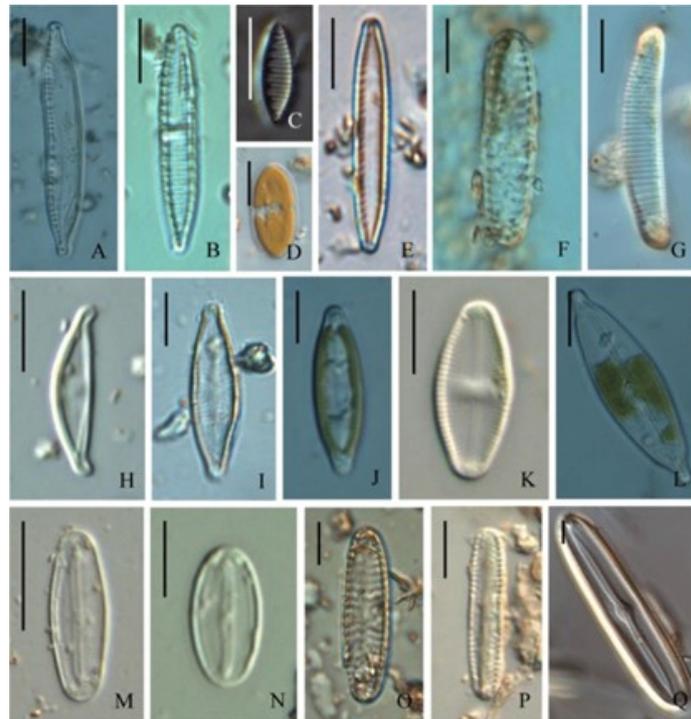


Figure 4 : Vue par microscopie optique des diatomées isolées à partir des sols agricoles (Lin et al., 2013).

(A) *Hantzschia amphioxys*, (B) *Nitzschia amphibian*, (C) *Ni. Amphibioides*, (D) *Ni. levidensis*,
 (E) *Ni. palea*, (F) *Encyonema leei*, (G) *Eunotia soleirolii*, (H) *Amphora montana*,
 (I) *Navicula cryptocephala*, (J) *Na. gregari*, (K) *Na. mutica*, (L) *Na. rostellata*,
 (M) *Na. seminulum*, (N) *Na. subminuscula*, (O) *Pinnularia borealis*, (P) *P. subcapitata*,
 (Q) *P. viridis*.

1.1.3 Les protozoaires

Les protozoaires sont les grands régulateurs de la vie microbienne des sols. Ce sont des protistes eucaryotes, unicellulaires, mobiles ou immobiles, photosynthétiques ou non, libres ou parasites, d'une grande variété de formes structurales et de modes trophiques. On peut distinguer dans le sol : **les protophytes, les flagellés, les rhizopodes, les ciliés, etc.**

Les protozoaires jouent un rôle certain dans l'équilibre biologique des sols puisqu'ils consomment de très grandes quantités de bactéries ce qui entraîne la libération des éléments nutritifs dans le sol. Ceux ayant une activité fixatrice d'azote participent au même titre que les bactéries au cycle d'azote (Roger et Garcia, 2001).

1.2 Les procaryotes :

1.2.1 Les archaebactéries :

D'après **Adhya et al., 2018**, en plus des bactéries, on retrouve aussi des archaebactéries généralement anaérobies comprenant les méthanogènes qui sont largement présents dans les micro-habitas du sol tels que : *Methanosarcina sp.*, *Methanococcus*, *Nitrososphaera viennensis*.

1.2.2 Les bactéries :

Selon **Akbar et Sultan. 2016**, un gramme de sol héberge une variété d'espèces bactériennes de forte densité de l'ordre de 10 000 à 100 000 espèces bactériennes. Dans le sol, on rencontre surtout des bactéries mésophiles, préférant des pH neutres ou légèrement alcalins. Les bactéries anaérobies peuvent coexister avec des bactéries aérobies dans le même échantillon de sol. La densité du peuplement décroît en général lorsque la profondeur augmente (**Davet, 1996**).

Les principales espèces bactériennes rencontrées sont :

- *Actinobactéries* : groupe de bactéries Gram positif appartenant à la flore du sol, ayant une croissance lente autour des racines des plantes, solubilise le phosphore et le potassium et contribue à la biofertilisation des sols.
- *Agrobacterium tumefaciens* : c'est une bactérie Gram négatif, aérobic stricte en forme de bâtonnet (figure 5 b), elle fait partie de l'embranchement des *Proteobacteria*. Elle se développe dans le sol et elle est responsable d'une symbiose appelée galle du collet, qui se traduit par la formation d'une nodosité au site de connexion permettant cette fixation.
- *Bacillus amyloliquefaciens* : bactérie aérobic stricte Gram positif et libre dans le sol qui génère une enzyme phythase qui permet de libérer d'avantage le phosphore organique du sol. Elle colonise les racines, ralentie les champignons nuisibles et génère également des auxines (hormone de croissance).
- *Bacillus megaterium* : une des plus grosses bactéries Gram positif rencontrées dans les sols. Cette bactérie est capable de produire des endospores (résistants à la sécheresse). Elle est impliquée dans le cycle du phosphore (minéralisation microbienne du

phosphore organique). Elle produit également une pénicilline amidase (antibiotique) ce qui lui permet de mieux résister à la concurrence inter-microbienne.

- ***Bacillus radicola*** : bactérie aérobie stricte Gram positif et libre dans le sol qui s'associe au Rhizobium. Cette bactérie est productrice de phytohormones ce qui permet de développer le système racinaire du végétal.
- ***Bacillus subtilis*** : bactérie aérobie stricte Gram positif et libre dans le sol. C'est une bactérie rhizosphérique phytoprotectrice des racines (PGPR) capable de créer un biofilm adhésif et protecteur (mucilage microbien). Il améliore la structure du sol en créant des agrégats de sol, qui peuvent améliorer la porosité et la rétention d'eau. De plus, le mucilage microbien aide à protéger les microorganismes dans le sol des conditions environnementales défavorables. Il peut également aider à promouvoir la croissance des racines des plantes. Enfin, le mucilage microbien peut aider à renforcer les relations symbiotiques entre les plantes et les microorganismes bénéfiques, tels que les bactéries fixatrices d'azote ou les champignons mycorhiziens.
- ***Lactobacillus*** : bactérie aérobie stricte Gram positif et libre dans le sol qui sécrète des enzymes permettant de dégrader la matière organique fraîche (lignine, cellulose...). Elle inhibe également certains germes pathogènes.
- ***Pseudomonas*** : un grand groupe de bactéries Gram négatif rhizosphériques aérobies strictes et mobiles dans le sol. Elles se caractérisent par une croissance élevée par rapport aux autres bactéries du sol et par sa capacité de métaboliser plusieurs composés des exsudats racinaires. Ce sont des bactéries phytoprotectrices des racines (PGPR) grâce à leur capacité de formation de biofilm. L'espèce la plus connue est ***Pseudomonas fluorescens*** pour ses activités antimicrobiennes et sa capacité de chélater le fer.
- ***Rhizobium*** : Un groupe de bactéries Gram négatif (figure 5) aérobie stricte, mobiles grâce à la présence d'un ou de plusieurs flagelles. Les espèces de ce groupe fixent l'azote atmosphérique au cours de la symbiose avec des plantes (légumineuses) en formant des tubercules (figure 5 a) et le transforment en ammonium (20 à 40 kilos par hectare).

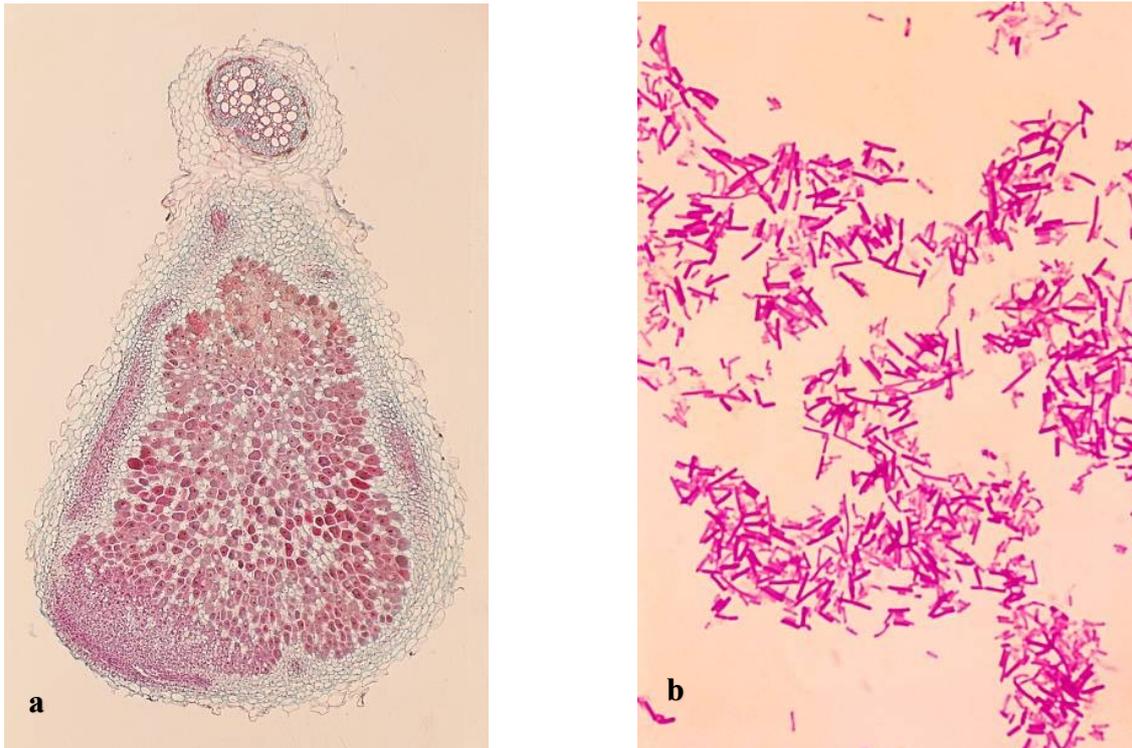


Figure 5 : Vue par microscope optique de la coloration de Gram des espèces

a) *Rhizobium leguminosarium* et b) *Agrobacterium tumefaciens* isolées à partir d'un échantillon de sol
(Agostini, 2013) (www.gettyimage.fr)

On retrouve aussi les cyanobactéries dans les sols agricoles où ils contribuent à la fixation de l'azote, la solubilisation du phosphore et l'augmentation de la fertilité. On cite à titre d'exemple les espèces : *Anabaena sp.*, *Calothrix sp.*, *Nostoc sp.*, *Scytonema sp.*, *Tolypothrix ceylonica* (Adhya et al., 2018). La figure (6) montre quelques espèces de cyanobactéries qu'on retrouve dans les sols agricoles (Lin et al., 2013).

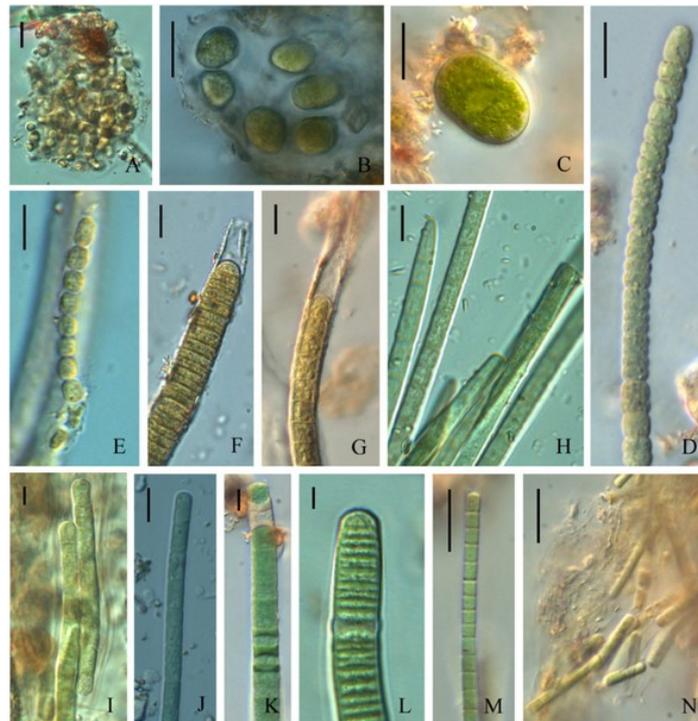


Figure 6 : Vue par microscope optique des cyanobactéries du sol dans diverses exploitations agricoles (Lin et al., 2013).

(A) *Aphanothece stagnina*, (B) *Gloeothece palea*, (C) *Synechococcus aeruginosus*, (D) *Anabaena viguieri*, (E) *Nostoc commune*, (F) *Lyngbya major*, (G) *L. putealis*, (H) *Microcoleus paludosus*, (I) *M. subtorulosus*, (J) *Oscillatoria chlorina*, (K) *O. curviceps*, (L) *O. princeps*, (M) *O. pseudogeminata*, (N) *Phormidium mucicola*.

L'ensemble des microorganismes du sol interagit par des liens trophiques étroits influençant ainsi les différents processus et fonctions supportés par le sol. Ces réseaux trophiques relient les structures des communautés du sol aux fonctions de l'écosystème puisque ces interactions trophiques correspondent à des taux de transferts participant aux cycles de matière, d'énergie et de nutriments (Baute et al., 2002) .

2 Les interactions entre les microorganismes du sol

Les interactions microbiennes dans le sol peuvent être divisées en trois grandes catégories (Philippot et al., 2013; Phour et al., 2020) :

- a) Interactions compétitives : les microorganismes peuvent être en concurrence pour les ressources limitées telles que les nutriments et l'eau dans le sol. Les espèces les plus compétitives ont un avantage sur les autres et sont mieux adaptées pour survivre dans des conditions environnementales difficiles.
- b) Interactions symbiotiques : certaines espèces de microorganismes peuvent établir des relations symbiotiques avec les plantes, où les microorganismes fournissent des nutriments tels que l'azote et les plantes fournissent des glucides pour les microorganismes. Un exemple bien connu est la symbiose entre les bactéries fixatrices d'azote et les plantes légumineuses.
- c) Interactions antagonistes : certaines espèces de microorganismes peuvent être antagonistes les uns envers les autres, en produisant des composés toxiques ou en attaquant directement d'autres microorganismes. Ces interactions peuvent conduire à une diminution de la diversité microbienne dans le sol.

En général, les interactions microbiennes dans le sol agricole peuvent avoir des effets significatifs sur la croissance et le rendement des cultures, ainsi que sur la santé et la qualité du sol. Il est donc important de comprendre ces interactions pour optimiser les pratiques agricoles, maintenir un sol sain et productif et minimiser les impacts négatifs sur l'environnement.

3 Facteurs influençant la microflore tellurique

Des changements dans la diversité microbienne peuvent apparaître suite aux changements des paramètres environnementaux caractérisés principalement par les fluctuations climatiques (Delgado-Baquerizo *et al.*, 2018).

Parmi les facteurs climatiques qui influencent la nature et les activités biochimiques de la microflore du sol, on signalera en particulier la température, les gradients de précipitations et l'humidité.

- **La température**

Une des conséquences du changement climatique est l'augmentation des températures. Une telle augmentation aura pour conséquence une modification globale de la composition des communautés microbiennes, avec notamment une diminution de l'abondance fongique et une augmentation en bactéries Gram positives (Jansson et Hofmockel, 2020).

- **Les gradients de précipitations**

Les précipitations sont un facteur important influençant la composition de la communauté microbienne du sol. Il a été rapporté que la biomasse des champignons et des bactéries augmentait avec l'augmentation des précipitations annuelles moyennes (MAP), et l'effet était plus important pour les champignons, entraînant une abondance fongique comparativement plus élevée sous des niveaux de précipitations plus élevés, ça influence également la croissance des algues qui explose souvent en cas de grande précipitation induisant le phénomène d'eutrophisation (Vries et *al.*, 2012).

- **L'humidité**

L'eau est parmi les facteurs écologiques les plus puissants. Elle constitue la majeure partie du protoplasme des cellules. Un excès d'eau est néfaste à la prolifération bactérienne car il empêche les échanges gazeux et diminue la quantité d'oxygène moléculaire disponible pour les bactéries, ce qui entraîne des conditions d'anaérobiose (Drapeau et *al.*, 1977).

Il existe d'autres facteurs qui peuvent influencer la composition de la communauté microbienne tellurique tels que la géographie, les activités agricoles, la domestication des plantes et l'utilisation des pesticides (Dastogeer et *al.*, 2020).

D'après l'Organisation Mondiale de la santé (OMS), plus de 1000 produits pesticides sont utilisés à travers le monde en agriculture. Cette utilisation massive des pesticides pour répondre aux besoins alimentaires mondiaux a eu des répercussions inédites sur la microflore du sol.

Chapitre 3
Les pesticides dans
l'agriculture

L'augmentation de la population mondiale au XXe siècle n'aurait pas été possible sans une augmentation parallèle de la production agroalimentaire. L'une des raisons principales de cette amélioration des rendements agroalimentaires est l'utilisation des pesticides.

Environ un tiers des produits agricoles nécessite l'utilisation de pesticides. Sans ceux-ci, il y aurait une perte de 78% de la production de fruits, de 54% de la production de légumes et de 32% de la production de céréales. Les pesticides jouent alors un rôle primordial dans le contrôle des phytopathogènes et l'augmentation des rendements des cultures dans le monde (Tudi et al., 2021).

1 Définition des pesticides

L'agence de protection de l'environnement des États-Unis (US EPA) définit un pesticide comme étant toute substances chimiques destinées à empêcher, repousser, détruire ou affaiblir les ravageurs et les espèces microbiennes indésirables de plantes ou d'animaux causant des dommages (US EPA, 2014).

D'après les recherches de Rajmohan et al., 2020 Les pesticides chimiques sont classés en plusieurs catégories dont, 80% sont des insecticides, 15% sont des herbicides, 1.46% sont destinés à lutter contre les maladies fongiques des plantes, tandis que 3% sont d'autres formes de pesticides. Ils appartiennent à des groupes chimiques majeurs tels que les organophosphates, les carbamates, les organochlorés, les triazines et les dithiocarbamates. Les pyréthrinés et les néonicotinoïdes ont été ajoutés récemment et sont considérés comme des alternatives plus sûres (Devi et al., 2022).

2 Classification des pesticides

De nos jours, il existe une variété de pesticides qui sont classés selon différents critères, en fonction par exemple de leur cible mais aussi en fonction de la nature chimique ou de la principale substance active qui les compose (Calvet, 2005).

2.1 En fonction de leur cible

Selon les organismes nuisibles visés, nous distinguons plusieurs catégories de pesticides dont les herbicides destinés aux mauvaises herbes et qui sont appliqués principalement pour les grandes cultures, les fongicides pour la lutte contre les champignons phytopatogènes et qui sont majoritairement employés dans les régions humides et pour la viticulture et enfin les insecticides pour éliminer les insectes dans les cultures fruitières (Butault et al., 2011).

a) Les herbicides

Ce sont des produits phytotoxiques de faible poids moléculaire utilisées pour lutter contre les plantes indésirables qui peuvent nuire aux rendements. Ils possèdent différents modes d'action sur les plantes, ils peuvent être des perturbateurs de la régulation d'une hormone de croissance (l'auxine par exemple), de la photosynthèse, des inhibiteurs de la division cellulaire, de la synthèse des lipides, de la cellulose ou des acides aminés. Afin d'éviter le développement de la résistance des mauvaises herbes, des herbicides ayant différents modes d'action sont appliqués en rotation (Oršolić et *al.*, 2021).

b) Les fongicides

Ils désignent les produits conçus pour éliminer ou limiter le développement des champignons parasites des végétaux. Ils peuvent agir différemment sur ces organismes, soit en inhibant le système respiratoire ou la division cellulaire, soit en perturbant la biosynthèse des stéroïdes, de l'ARN polymérase ou de l'adénosine désaminase.

Il existe aujourd'hui sur le marché deux principaux types de fongicides : les fongicides préventifs et les fongicides curatifs. Les premiers empêchent que les spores qui se trouvent à la surface de la plante puissent se développer. Les seconds permettent de mettre un terme au développement d'un champignon déjà présent dans la plante (Leroux et Walker, 2010).

c) Les insecticides

Ce sont des substances actives qui sont utilisées pour éradiquer les insectes ou leurs larves nuisibles. Il existe plusieurs catégories d'insecticides : les neurotoxines, les insecticides agissant sur la respiration et les insecticides interférant sur la mise en place de la cuticule (Testud et Grillet, 2007).

En plus de ces trois grandes familles, il en existe d'autres comme les bactéricides (contre les bactéries), les rodenticides (contre les rongeurs), les acaricides (contre les acariens).

2.2 En fonction de leur nature chimique

Le classement se fait selon la nature de la substance active :

a) Les pesticides organiques

Il existe actuellement plus de 80 familles ou classes chimiques. D'après le **Gouvernement du Québec en 2016** les pesticides organiques contiennent du carbone et peuvent être divisés en : pesticides organiques de synthèse qui sont développés en laboratoire et produits en usine, les pesticides organiques naturels d'origine animale, microbienne ou végétale tel que les Organochlorés, les Organophosphorés, les Carbamates, les Triazines et l'urée substituée.

b) Les pesticides inorganiques

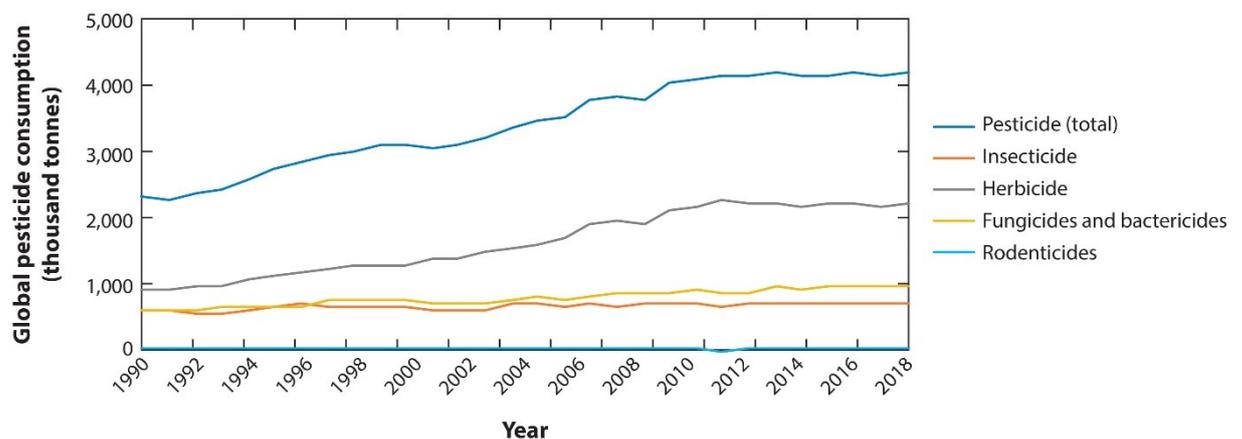
Ils sont peu nombreux, ce sont des produits chimiques qui intègrent dans leurs structures d'autres atomes tel que du carbonate ou du cyanure, ils sont dérivés essentiellement de minéraux à base de cuivre, arsenic, fluore, mercure, soufre ou cyanure (**Gouvernement du Québec, 2016**). Ces éléments chimiques dont ils sont constitués ne se dégradent pas, ce qui rend leur impact environnemental et toxicologique sévères (**Agoussar, 2018**).

c) Les biopesticides

Connu comme des pesticides biologiques, ce sont des substances chimiques et des agents antiparasitaires issus de sources naturelles comme des bactéries, des champignons, des virus, des plantes, des animaux et des minéraux. Ils peuvent offrir une alternative aux produits chimiques de synthèse utilisés pour lutter contre les populations de ravageurs dans les champs cultivés et d'autres environnements de production (**Agoussar, 2018**).

3 L'utilisation mondiale des pesticides

Environ deux millions de tonnes de pesticides sont produites et utilisées dans le monde chaque année (figure 7). Parmi ceux-ci, 24% sont consommés par les États-Unis, 45% du total sont utilisés dans les pays européens et les 25% restants sont consommés par les autres pays du monde (**Devi et al., 2022**). Les données de l'Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO) montrent que, sur les 4,2 millions de tonnes de pesticides utilisées annuellement en 2019, un peu plus de la moitié (53%) étaient des herbicides, suivis des fongicides et bactéricides (23%) et insecticides (17%).



AR Devi P, et al. 2022
Annu. Rev. Environ. Resour. 47:399–421

Figure 7 : Tendence de la consommation mondiale des pesticides entre 1990-2018 (Devi et al., 2022)

Les courbes montrent la tendance mondiale de l'utilisation des pesticides et de leurs sous-groupes au cours de la période 1990-2018 et, comme indiqué ci-dessus, les herbicides représentent la part la plus importante. (<https://www.fao.org/faostat/en/>).

4 Toxicité des pesticides

Le problème de la pollution est plus alarmant dans les pays développés que dans les pays en développement. En raison de la présence de toxines de pesticides, la qualité de l'eau est modifiée, ce qui peut être létal à tous les types de vie. L'utilisation de grandes quantités de pesticides peut avoir des effets néfastes sur la santé humaine, en plus de causer des dommages à l'environnement et aux organismes non ciblés, des doses très minimes sont nécessaires pour causer de graves dommages de nombreuses façons (Rajmohan et al., 2020).

Environ 30 % des pesticides commercialisés dans les pays en développement, en particulier en Afrique, ne répondraient pas aux normes de qualité reconnues à l'échelle internationale, ce qui constitue un risque pour les personnes qui travaillent avec ces produits toxiques ainsi que les consommateurs des aliments contenant les résidus chimiques. L'exposition aux pesticides peut entraîner des effets aigus, tels que des nausées, des vomissements, des étourdissements et des maux de tête. Les effets à long terme peuvent inclure des troubles neurologiques, des maladies respiratoires, des cancers et d'autres problèmes de santé graves (figure 8) (Dastogeer et al., 2020). Les pesticides plus anciens, dont le coût de développement a été amorti et dont l'impact environnemental est discuté, sont généralement

proposés par les multinationales à des prix plus bas, ce qui les rend attractifs pour les pays à faible revenus.

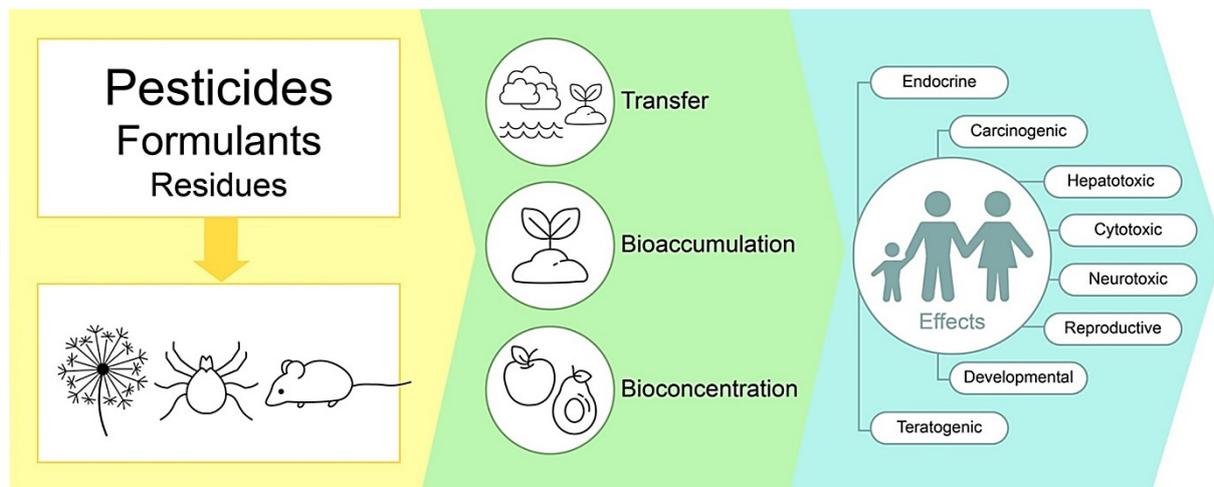


Figure 8 : Figure illustrative des effets des pesticides sur la santé humaine (kalyabina et al., 2021)

5 Effets des pesticides

De nouveaux pesticides puissants ont été formulés en grande quantité par les chercheurs et les fabricants pour répondre à la demande de la population mondiale. Cependant, il existe d'énormes risques pour l'écosystème, principalement en raison de l'activité et la toxicité élevée de ces substances. Une large variété d'organismes bénéfiques devient la cible de pesticides toxiques qui ne font pas de distinction entre les parasites et les autres formes de vie (Mostafalou et Abdollahi, 2013; Yadav et Devi, 2017).

Le traitement intensif des sols avec des pesticides entraîne une baisse de la fertilité des sols. L'utilisation inconsidérée ou excessive de ces produits chimiques peut prendre plusieurs années avant de se dégrader (Jia et Conrad, 2009).

5.1 Les effets sur l'environnement

L'utilisation excessive des pesticides peut avoir des impacts importants sur l'environnement et l'écologie. Le plus souvent, les pesticides sont pulvérisés sous forme liquide sur les parcelles cultivées. Or, moins de 0,3% de la quantité du produit phytosanitaire épandu atteint réellement la cible visée. Ainsi plus de 97% de ces pesticides sont dispersés dans l'environnement où ils nuisent gravement à la santé publique, contaminant le milieu, par

exemple les pesticides à large spectre, détruisent les insectes bénéfiques non nuisibles et la biodiversité en général, alimentant la crise de la perte de biodiversité et perturbant les fonctions des écosystèmes (Carole, 2022).

La perte de biodiversité des sols est également attribuée à l'utilisation excessive de mesures de contrôle chimiques dans les champs agricoles. Une enquête menée en 2019 auprès des pays membres de la FAO a identifié l'utilisation de pesticides dans l'agriculture et l'élevage comme un facteur clé de la perte de biodiversité des sols au cours de la décennie (Devi et al., 2022)

5.2 Les effets sur la microflore du sol

Les pesticides et leurs métabolites s'accumulent dans le sol au fil des générations d'agriculture et confèrent plusieurs effets non ciblés sur les communautés microbiennes du sol, leur utilisation répétée tue inévitablement la vie microbienne qui est bénéfique pour le système tellurique. Ceux qui survivent peuvent être génétiquement modifiés d'une manière qui n'est plus bénéfique pour l'écosystème du sol, ils développent une résistance contre les produits chimiques destinés à les tuer. Toute modification du microbiome du sol entraîne des différences dans les propriétés physicochimiques du sol telles que la salinité, le pH et la teneur en matière organique, ce qui conduit finalement à l'infertilité des sols (Singh et al., 2020).

5.3 Les effets sur les bactéries du sol

Les pesticides ont un impact significatif sur les bactéries du sol, car ils sont conçus pour tuer les organismes nuisibles, y compris les bactéries. Ces derniers agissent de différentes manières sur les bactéries telluriques (Onwona-Kwakye et al., 2020) :

- Réduction de la biodiversité bactérienne : certains pesticides peuvent inhiber la croissance et la diversité des bactéries de sol. Ceci entraîne une diminution de la résilience du sol et rend les cultures plus vulnérables aux maladies et aux infections fongiques.
- Déséquilibre de la population bactérienne : les pesticides peuvent perturber l'équilibre entre les différentes espèces de bactéries présentes dans le sol, en éliminant les bactéries bénéfiques qui jouent un rôle important dans la fertilisation du sol, la décomposition de la matière organique et la fixation de l'azote.

En outre, certains pesticides sont persistants et peuvent rester dans le sol pendant des années, ce qui peut avoir un impact à long terme sur la santé du sol et des plantes qui y poussent. Certains pesticides sont conçus pour être plus sélectifs et ciblent des organismes spécifiques,

tandis que d'autres sont plus larges et ont un impact sur une plus grande variété d'organismes. Les pesticides à large spectre sont généralement plus nocifs pour les bactéries du sol que les pesticides sélectifs.

Plusieurs facteurs déterminent le potentiel de toxicité d'un composé pesticide pour le microbiote du sol, notamment : la structure chimique du composé, le mode d'action du pesticide et l'organisme cible, les doses appliquées, le mode d'application et la durée d'exposition, les conditions du sol et les pratiques de gestion agricole (Karpouzas *et al.*, 2022).

Pour donner un exemple concret, on va parler des pesticides systémiques qui sont principalement utilisés en agriculture pour protéger les plantes des dommages directs des insectes et des dommages indirects causés par les virus transmis par ces derniers. Contrairement aux pesticides de contact, qui restent à la surface des parties traitées des plantes, les pesticides systémiques sont absorbés par la plante et transportés dans toute la plante (feuilles, fleurs, racines et tiges, ainsi que pollen et nectar).

Parmi les pesticides systémiques les plus connus on trouve les néonicotinoïdes (NNIs). Selon l'Union Européenne (EU), ce sont des substances actives utilisées comme insecticides. Le nom signifie littéralement "nouveaux insecticides semblables à la nicotine". Ils sont chimiquement similaires à la nicotine.

En 2013, cinq insecticides néonicotinoïdes ont été approuvés en tant que substances actives dans l'UE pour une utilisation dans les produits phytopharmaceutiques : la clothianidine, l'imidaclopride, le **thiaméthoxame**, l'acétamipride et le thiaclopride (figure 9).

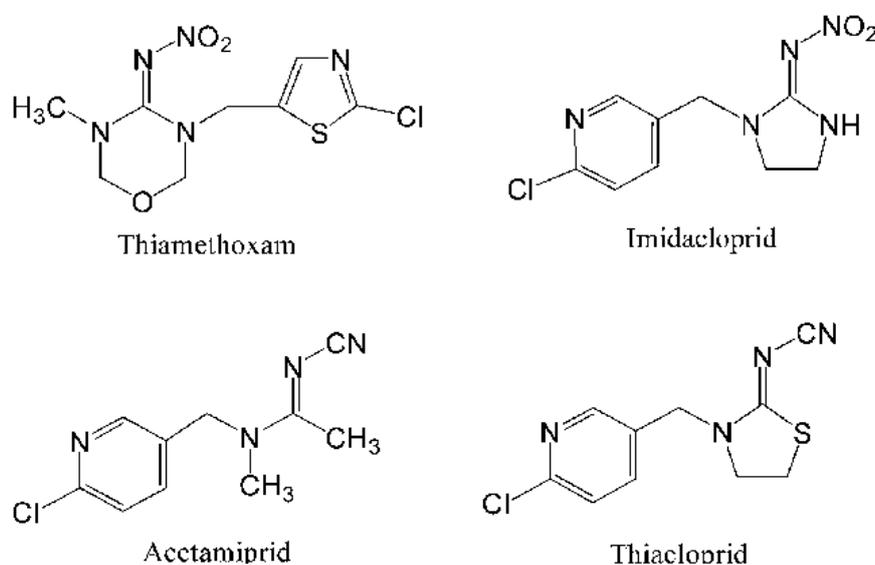


Figure 9 : Structures chimiques de quelques pesticides néonicotinoïdes (www.researchgate.net).

Chapitre 4
Analyse d'article
scientifique

La pulvérisation des néonicotinoïdes permet la pénétration d'une quantité considérable du produit chimique dans le sol, ce qui affecte les services écosystémiques y compris la microflore bactérienne.

L'article intitulé « *Influence of the neonicotinoid insecticide thiamethoxam on soil bacterial community composition and metabolic function* » de Changcai Wu, Zhinan Wang, Yan Ma, Junyu Luo, Xueke Gao, Jun Ning, Xiangdong Mei, Dongmei She, a été publié en 2021 dans la revue « *The Journal of Hazardous Materials* ». L'étude évalue l'impact du thiaméthoxame après une courte période de traitement, sur la composition des communautés bactériennes de deux types de sol typiquement cultivés. Les auteurs avaient comme hypothèse que le thiaméthoxame peut avoir un effet significatif et très probablement négatif sur la composition et la distribution des groupes de la communauté bactérienne du sol.

Les deux échantillons de sol de cette étude ont été prélevés de deux régions différentes en Chine, leurs propriétés chimiques ont été testées et une régénération de leur microflore indigène a été effectuée avant le traitement au thiaméthoxame. Enfin, le séquençage à haut débit de l'ARNr 16S combiné à la métagénomique a révélé le devenir de la dégradation du thiaméthoxame et ses effets sur l'abondance bactérienne, la structure de la communauté et les fonctions métaboliques du sol.

Dans les résultats de cette étude, l'abondance des bactéries dans les deux sols a changé après le traitement au thiaméthoxame ce qui est en accord avec l'hypothèse initiale des auteurs mais aussi avec ce qui est connu dans la littérature (**Zhang et al., 2021**). En outre, plus la concentration du thiaméthoxame dans le sol était élevée, plus l'effet sur l'abondance des bactéries était important ce qui est totalement logique et prouve que la toxicité augmente avec la dose. Cependant, l'impact du traitement sur la diversité bactérienne était négligeable, seulement une partie a été affectée contrairement aux résultats obtenus en utilisant différents pesticides ayant des effets temporaires ou à long terme sur l'ensemble de la microflore du sol comme ça été apporté dans d'autres études telles que celles de **Arabet et al., 2014**, **Zaller et al., 2016**, **Ju et al., 2017**, **Du et al., 2018**.

En plus, des études connexes menées par **Wu et al., en 2018**, sur l'application de l'insecticide chlorantraniliprole et **Lourenço et al., toujours en 2018**, sur la fertilisation ont démontré que l'utilisation de pesticides et d'engrais affecte la composition des communautés microbiennes du sol, en complément de l'impact sur la diversité, ceci atteste le résultat obtenu dans cette étude qui a démontré qu'en effet le traitement avec le thiaméthoxame a entraîné des

changements significatifs dans la composition des communautés bactériennes et avait modifié leur abondance.

D'une part, le traitement a réduit l'abondance des bactéries bénéfiques du sol telles que les Actinobactéries, les Gammatimonadetes et les *Nitrospirae* qui sont identifiés comme des *Bio Control Agent* (BCA) et des PGPR et qui sont naturellement associés aux plantes. D'autre part, certaines communautés bactériennes dominantes se sont rapidement développées en réponse à cette exposition, mais au fil du temps, la communauté du sol a retrouvé un état stable. Cette variation dépend de deux facteurs essentiels qui sont le type de sol et sa richesse en *SOC* ainsi que la concentration du traitement utilisé. Par ailleurs, il a été mentionné que les communautés indigènes du sol sont très résilientes, ce qui suggère qu'elles ont la capacité de restituer leur équilibre après une perturbation.

Un autre point majeur de cette étude montre que certaines bactéries dont l'abondance a augmenté après le traitement au thiaméthoxame ont pour fonction de dégrader les polluants. Les phyla *Deinococcus-Thermus* et *Firmicutes* ont dominé presque tous les points d'échantillonnage après le traitement au thiaméthoxame, confirmant les conclusions antérieures que ces microorganismes sont dominants pour la dégradation des polluants (**Huang et al., 2005, Desai et al., 2009, Sánchez et al., 2013, Gao et al., 2015**).

L'abondance des *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Patescibacteria*, *Rokubacteria* et autres a été renforcée, ces populations prédominantes étaient également les principaux groupes de bactéries dégradantes dans des recherches antérieures, telles que la dégradation du pétrole et des hydrocarbures aromatiques polycycliques (**Viñas et al., 2005, Hazen et al., 2010, Sutton et al., 2013**).

Sur un autre volet de la recherche, cette dernière est la première étude à analyser les changements dans de multiples processus métaboliques et de transduction des signaux dans le sol après un traitement à un pesticide. Dans l'ensemble, l'ajout de thiaméthoxame n'a pas favorisé ou inhibé de manière significative divers processus métaboliques dans le sol. Toutefois, l'abondance de certains *biodegradation genes* (BDG) et de *pesticide degradation genes* (PDG), y compris le cytochrome P450, qui est une enzyme cruciale dans le métabolisme des insecticides néonicotinoïdes, a significativement augmenté.

En conclusion, cette étude n'est qu'un petit aperçu des recherches effectuées sur les nouvelles molécules chimiques utilisées dans le domaine de l'agriculture. Les résultats obtenus peuvent être poursuivis pour approfondir les connaissances sur la capacité des bactéries à

résister contre les xénobiotiques à long terme ainsi que le développement des mécanismes de résistance suite à plusieurs expositions excessives.

Elle est également un témoin indéniable que l'effet des pesticides sur les consortia bactériens est irréfutablement important. Le fait que certaines communautés arrivent à restituer leur équilibre n'est pas toujours le cas et est très dépendant de la qualité des sols et de la composition des communautés autochtones. L'effet le plus redoutable demeure celui du passage de ces xénobiotiques à nos assiettes, chose que les impressionnants microorganismes du sol amortissent bravement.

Conclusion

L'utilisation répandue des pesticides dans l'agriculture est l'une des pratiques de gestion des sols qui provoque un déséquilibre de tout un écosystème. Bien que la cible de ces pesticides ne soit pas le sol, l'écosystème sol et ses habitants microbiens mettent en œuvre une série de réactions pour résister à l'invasion étrangère. Ces réactions comprennent des changements dans la structure de la communauté microbienne, le développement préférentiel de la population et l'amélioration de certaines fonctions métaboliques. À l'inverse, certains groupes microbiens ne parviennent pas à survivre et disparaissent progressivement.

Dans notre travail, les résultats obtenus par l'article étudié nous permettent de mieux comprendre la biodiversité microbienne impliquée dans la biodégradation du thiaméthoxame dans les milieux agricoles. Les groupes les plus persistants dans les sols traités sont ceux des *Bactériodetes*, *Deinococcus-Thermus*, *Fermicutes* et des *Proteobacteria*. Ces bactéries semblent être les responsables de la biodégradation microbienne du pesticide. Néanmoins, les espèces les plus abondantes n'ont pas été identifiées.

Toutefois, le traitement a diminué l'abondance des bactéries bénéfiques BCA et PGPR qui sont considérés comme une alternative écologique et durable aux pesticides et aux engrais chimiques car ils ont le pouvoir d'atténuer les stress biotiques et abiotiques et non pas d'effets inverse sur l'environnement.

En dépit de l'utilisation du néonicotinoïde, les bactéries du sol ont pu rétablir leur stabilité. Il serait intéressant de pouvoir identifier les espèces les plus abondantes et ceux qui ont pu persister tout le long du traitement par les méthodes de séquençage de dernière génération en plus des analyses bio-informatiques, ainsi que l'abondance et la diversité des gènes de biodégradation des pesticides, ces gènes peuvent être transmis à d'autres groupes bactériens via des techniques de génie génétique ce qui pourrait augmenter la résistance des consortia bactériens mais surtout de dépolluer le sol. Les bactéries deviennent ainsi des bio-filtres pour traiter et restaurer les sols agricoles des produits chimiques persistants.

En outre, des pratiques agricoles durables doivent impérativement être inculquées telles que l'amélioration de la structure du sol, l'utilisation de couvertures végétales, l'ajout du compost naturel et le plus important la sensibilisation des consommateurs et des agriculteurs aux dangers imminents des produits agrochimiques sur leur santé et sur l'environnement.

**Références
bibliographiques**

A

Adhya, T. K., Mishra, B. B., Annapurna, K., Verma, D. K., Kumar, U. (2018). Advances in Soil Microbiology : Recent Trends and Future Prospects : Volume 2 : Soil-Microbe-Plant Interaction. Springer. (consulté le 04 Mars 2023)

URL :

https://books.google.dz/books?hl=fr&lr=&id=fNBJDwAAQBAJ&oi=fnd&pg=PR5&dq=Advances+in+Soil+Microbiology+:+Recent+Trends+and+Future+Prospects+:+Volume+2+:+Soil-Microbe-Plant+Interaction.+Springer.&ots=xykcW0VFHV&sig=J61QItiBKU__oZaPasRfqSzGqm8&redir_esc=y#v=onepage&q=Advances%20in%20Soil%20Microbiology%20%3A%20Recent%20Trends%20and%20Future%20Prospects%20%3A%20Volume%202%20%3A%20Soil-Microbe-Plant%20Interaction.%20Springer.&f=false

Agoussar, A. (2018). Effet des pesticides sur la diversité bactérienne des champs agricoles et la capacité des bactéries à les dégrader. (consulté le 13 Mai 2023)

URL : <https://papyrus.bib.umontreal.ca/xmlui/handle/1866/20519>

Aiman, U., Mahmood, A., Waheed, S., Malik, R. N. (2016). Enrichment, geo-accumulation and risk surveillance of toxic metals for different environmental compartments from Mehmood Booti dumping site, Lahore city, Pakistan. *Chemosphere* [en ligne], 144, 2229-2237. (consulté le 23 Février 2023)

DOI : <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2015.10.077>

Akbar, S., Sultan, S. (2016). Soil bacteria showing a potential of chlorpyrifos degradation and plant growth enhancement. *Brazilian journal of microbiology* [en ligne], 47, 563-570. (consulté le 27 Février 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1016/j.bjm.2016.04.009>

Agostini, C. (2013). "Enlarged and artificially coloured section of pea root tubercles affected by *Rhizobium leguminosarum*" (2013), [photo], gettyimage.fr. (consulté le 28 Mars 2023).

URL :

<https://www.gettyimages.fr/detail/photo-d%27actualit%C3%A9/enlarged-and-artificially-coloured-section-of-pea-photo-dactualit%C3%A9/170910998?adppopup=true>

Agostini, C. (2003). " Microphotograph of *agrobacterium tumefaciens* (*Rhizobium radiobacter*), bacteria, responsible for plant tumors" (2003), [photo], gettyimage.fr. (consulté le 28 Mars 2023).

URL :

<https://www.gettyimages.fr/detail/photo-d%27actualit%C3%A9/microphotograph-of-agrobacterium-tumefaciens-photo-dactualit%C3%A9/170911039?adppopup=true>

Arabet, D., Tempel, S., Fons, M., Denis, Y., Jourlin-Castelli, C., Armitano, J., Redelberger, D., Iobbi-Nivol, C., Boulahrouf, A., Méjean, V. (2014). Effects of a sulfonylurea herbicide on the soil bacterial community. *Environmental Science and Pollution Research* [en ligne], 21, 5619-5627. (consulté le 24 Mai 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1007/s11356-014-2512-9>

Archambeaud, M., Thomas, F. (2016). Les Sols agricoles : Comprendre observer diagnostiquer. Editions France agricole. (consulté le 23 Mars 2023).

B

Barnett, H. L. et Hunter, B. B. (1998). "*Trichoderma viride* conidiophores magnified 16X. *Illustrated Genera of Imperfect Fungi*". (1998) [photo], wikipedia.org. (consulté le 19 Avril 2023).

URL :

https://en.wikipedia.org/wiki/Trichoderma_viride#/media/File:Trichoderma_conidiophores_16X.png

Baute, T., Hayes, A., McDonald, I., Reid, K. (2002). Agronomy guide for field crops. Publication 811. The ontario ministry of agriculture. *Food and Rural Affairs* [en ligne]. (consulté le 26 Mars 2023).

URL :

https://www.google.com/books/edition/Agronomy_Guide_for_Field_Crops/byKyV8fL3qcC?hl=fr&gbpv=0&bsq=inauthor:%22Ontario.%20Ministry%20of%20Agriculture,%20Food%20and%20Rural%20Affairs%22&kptab=overview

Brown, G. G., Barois, I., Lavelle, P. (2000). Regulation of soil organic matter dynamics and microbial activity in the drilosphere and the role of interactions with other edaphic functional domains. Paper presented at the 16th World Congress of Soil Science, 20–26 August 1998, Montpellier, France. *European Journal of Soil Biology* [en ligne], 36(3), 177-198. (consulté le 24 Février 2023).

DOI : [https://doi.org/10.1016/S1164-5563\(00\)01062-1](https://doi.org/10.1016/S1164-5563(00)01062-1)

Butault, J.-P., Delame, N., Jacquet, F., Zardet, G. (2011). L'utilisation des pesticides en France : État des lieux et perspectives de réduction. Notes et études socio-économiques [en ligne], 35, 7-26. (consulté le 31 Mars 2023).

URL :

https://agriculture.gouv.fr/lutilisation-des-pesticides-en-france-etat-des-lieux-et-perspectives-de-reduction?fbclid=IwAR2evjQ_ISk6kAwEMVAZXAzJdhmiU2saGus6Bij_djchHjtMDEzrU1dv7gM

C

Calvet, R. (2003). Le sol : Propriétés et fonctions. Constitution, structure, phénomènes aux interfaces. France Agricole Editions [en ligne]. (consulté le 23 Février 2023).

URL :

https://books.google.dz/books?id=stjPwnBDHEC&printsec=frontcover&hl=fr&source=gbs_ge_summary_r&cad=0#v=onepage&q&f=false

Calvet, R. (2005). Les pesticides dans le sol : Conséquences agronomiques et environnementales. France Agricole Editions [en ligne]. (consulté le 31 Mars 2023).

URL :

<https://books.google.com.na/books?id=YaSjZm4E0EwC&printsec=frontcover#v=onepage&q&f=false>

Carné-Caravalet, C. (2021). Biologie du sol et agriculture durable : une approche organique et agroécologique. France Agricole Editions. (consulté le 23 Mars 2023).

Carole. (2022, février 10). L'impact des pesticides sur l'environnement. ABGi. (01 Mai 2023)

DOI : <https://abgi-france.com/impact-des-pesticides-sur-environnement/>

D

Dastogeer, K. M. G., Tumpa, F. H., Sultana, A., Akter, M. A., Chakraborty, A. (2020). Plant microbiome—an account of the factors that shape community composition and diversity. *Current Plant Biology* [en ligne], 23, 100161. (consulté le 26 Mars 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1016/j.cpb.2020.100161>

Davet, P. (1996). Vie microbienne du sol et production végétale. Editions Quae. (consulté le 03 Mars 2023)

URL :

https://books.google.dz/books?id=QOM_ge7tx_QC&printsec=copyright&redir_esc=y#v=onepage&q&f=false

Delgado-Baquerizo, M., Oliverio, A. M., Brewer, T. E., Benavent-González, A., Eldridge, D. J., Bardgett, R. D., Maestre, F. T., Singh, B. K., Fierer, N. (2018). A global atlas of the dominant bacteria found in soil. *Science (New York, N.Y.)* [en ligne], 359(6373), 320-325. (consulté le 28 Mars 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1126/science.aap9516>

Desai, C., Parikh, R. Y., Vaishnav, T., Shouche, Y. S., Madamwar, D. (2009). Tracking the influence of long-term chromium pollution on soil bacterial community structures by comparative analyses of 16S rRNA gene phylotypes. *Research in Microbiology* [en ligne], 160(1), 1-9. (consulté le 27 Mai 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1016/j.resmic.2008.10.003>

Devi, P. I., Manjula, M., Bhavani, R. V. (2022). Agrochemicals, Environment, and Human Health. *Annual Review of Environment and Resources* [en ligne], 47(1), 399-421. (consulté le 29 Mars 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1146/annurev-environ-120920-111015>

Drapeau, A. J., Jankovic, S., Organization, W. H. (1977). Manuel de microbiologie de l'environnement. Organisation mondiale de la Santé. (consulté le 26 Mars 2023).

DOI : <https://apps.who.int/iris/handle/10665/40507>

Du, P., Wu, X., Xu, J., Dong, F., Liu, X., Zheng, Y. (2018). Effects of trifluralin on the soil microbial community and functional groups involved in nitrogen cycling. *Journal of hazardous materials* [en ligne], 353, 204-213. (consulté le 27 Mai 2023).

DOI : [10.1016/j.jhazmat.2018.04.012](https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2018.04.012)

E

Eichorst, S. A., Breznak, J. A., Schmidt, T. M. (2007). Isolation and characterization of soil bacteria that define Terriglobus gen. Nov., in the phylum Acidobacteria. *Applied and environmental microbiology* [en ligne], 73(8), 2708-2717. (consulté le 27 Février 2023).

DOI : [10.1128/AEM.02140-06](https://doi.org/10.1128/AEM.02140-06)

Eman, A., El-Monem, A., Saleh, M., Mostafa, E. (2008). Minimizing the quantity of mineral nitrogen fertilizers on grapevine by using humic acid, organic and biofertilizers. *Research Journal of Agriculture and Biological Sciences* [en ligne], 4(1), 46-50. (consulté le 03 Mars 2023).

URL :

https://www.researchgate.net/publication/265683377_Minimizing_the_quantity_of_mineral_nitrogen_fertilizers_on_grapevine_by_using_humic_acid_organic_and_biofertilizers

F

Fierer, N., Bradford, M. A., & Jackson, R. B. (2007). Toward an ecological classification of soil bacteria. *Ecology* [en ligne], 88(6), 1354-1364. (consulté le 01 Mars 2023).

DOI : [10.1890/05-1839](https://doi.org/10.1890/05-1839)

G

Gao, Y., Wang, J., Guo, S., Hu, Y.-L., Li, T., Mao, R., Zeng, D.-H. (2015). Effects of salinization and crude oil contamination on soil bacterial community structure in the Yellow River Delta region, China. *Applied Soil Ecology* [en ligne], 86, 165-173. (consulté le 26 Mai 2023).

DOI : [10.1016/j.apsoil.2014.10.011](https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2014.10.011)

Gobat, J.-M., Aragno, M., Matthey, W. (2010). *Le sol vivant : Bases de pédologie, biologie des sols* (Vol. 14). PPUR Presses polytechniques. (consulté le 24 Mars 2023).

URL :

https://books.google.dz/books?id=zctE3re2NIoC&printsec=frontcover&hl=fr&source=gbs_g_e_summary_r&cad=0#v=onepage&q&f=false

H

Hazen, T. C., Dubinsky, E. A., DeSantis, T. Z., Andersen, G. L., Piceno, Y. M., Singh, N., Jansson, J. K., Probst, A., Borglin, S. E., Fortney, J. L. (2010). Deep-sea oil plume enriches indigenous oil-degrading bacteria. *Science* [en ligne], 330(6001), 204-208. (consulté le 30 Mai 2023).

DOI : [10.1126/science.1195979](https://doi.org/10.1126/science.1195979)

Huang, L.-N., Zhu, S., Zhou, H., Qu, L.-H. (2005). Molecular phylogenetic diversity of bacteria associated with the leachate of a closed municipal solid waste landfill. *FEMS microbiology letters* [en ligne], 242(2), 297-303. (consulté le 29 Mai 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1016/j.femsle.2004.11.021>

J

Jansson, J. K., Hofmockel, K. S. (2020). Soil microbiomes and climate change. *Nature Reviews Microbiology* [en ligne], 18(1), Article 1. (consulté le 26 Mars 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1038/s41579-019-0265-7>

Jayanthi, B., Emenike, C. U., Agamuthu, P., Simarani, K., Mohamad, S., Fauziah, S. H. (2016). Selected microbial diversity of contaminated landfill soil of Peninsular Malaysia and the behavior towards heavy metal exposure. *Catena*, 147, 25-31. (consulté le 23 Mars 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1016/j.catena.2016.06.033>

Jia, Z., Conrad, R. (2009). Bacteria rather than Archaea dominate microbial ammonia oxidation in an agricultural soil. *Environmental microbiology* [en ligne], 11(7), 1658-1671. (consulté le 03 Avril 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2009.01891.x>

Jobbágy, E. G., Jackson, R. B. (2000). The vertical distribution of soil organic carbon and its relation to climate and vegetation. *Ecological applications* [en ligne], 10(2), 423-436. (consulté le 03 Mars 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2009.01891.x>

Ju, C., Xu, J., Wu, X., Dong, F., Liu, X., Tian, C., Zheng, Y. (2017). Effects of hexaconazole application on soil microbes community and nitrogen transformations in paddy soils. *Science of The Total Environment* [en ligne], 609, 655-663. (consulté le 30 Mai 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2017.07.146>

K

Karpouzias, D. G., Vryzas, Z., Martin-Laurent, F. (2022). Pesticide soil microbial toxicity : Setting the scene for a new pesticide risk assessment for soil microorganisms (IUPAC Technical Report). *Pure and Applied Chemistry* [en ligne], 94(10), 1161-1194. (consulté le 02 Mai 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1515/pac-2022-0201>

Kalyabina, V., Esimbekova, E., Kopylova, K. V., Kratasyuk, V. A. (2021). Pesticides: formulants, distribution pathways and effects on human health – a review. *Toxicology Reports* [en ligne], 8, 1179-1192. (consulté le 04 Avril 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1016/j.toxrep.2021.06.004>

Kumar, A., Dubey, A. (2020). Rhizosphere microbiome: Engineering bacterial competitiveness for enhancing crop production. *Journal of Advanced Research* [en ligne], 24, 337-352. (consulté le 24 Février 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1016/j.jare.2020.04.014>

Kuzyakov, Y., Razavi, B. S. (2019). Rhizosphere size and shape : Temporal dynamics and spatial stationarity. *Soil Biology and Biochemistry* [en ligne], 135, 343-360. (24 Février 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2019.05.011>

L

Lavelle, P., Spain, A. V. (2001). *Soil Ecology*. Springer Netherlands. (consulté le 24 Février 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1007/978-94-017-5279-4>

Leroux, P. P., Walker, A. S. A. S. (2010). Les fongicides affectant les processus respiratoires. Episode 1—Modes d'action et phénomènes de résistance chez les anciennes substances (multisites et unisites affectant la biodisponibilité de l'ATP) et les nouvelles de type SDHI. *Phytoma la Défense des Végétaux*, 631(Février), 8. (consulté le 04 Avril 2023).

URL : <https://hal.inrae.fr/hal-02667225>

Lin, C.-S., Chou, T.-L., Wu, J.-T. (2013). Biodiversity of soil algae in the farmlands of mid-Taiwan. *Botanical Studies* [en ligne], 54. (consulté le 28 Mars 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1186/1999-3110-54-41>

Liu, X., Wang, S., Zhuang, Q., Jin, X., Bian, Z., Zhou, M., Meng, Z., Han, C., Guo, X., Jin, W., Zhang, Y. (2022). A Review on Carbon Source and Sink in Arable Land Ecosystems. *Land*, 11(4), Article 4. (consulté le 24 Février 2023)

DOI : <https://doi.org/10.3390/land11040580>

Lourenço, K. S., Suleiman, A. K., Pijl, A., Van Veen, J. A., Cantarella, H., Kuramae, E. E. (2018). Resilience of the resident soil microbiome to organic and inorganic amendment disturbances and to temporary bacterial invasion. *Microbiome* [en ligne], 6(1), 1-12.(consulté le 29 Mai 2023).

DOI : [10.1186/s40168-018-0525-1](https://doi.org/10.1186/s40168-018-0525-1)

M

Mehrotra, B. S., et Baijal, (1963). "Mucor bainieri azygospores" (1963), [photo], www.zygomycetes.org (consulté le 19 Avril 2023)

URL :

<https://zygomycetes.org/index.php?id=84>

Mostafalou, S., et Abdollahi, M. (2013). Pesticides and human chronic diseases : Evidences, mechanisms, and perspectives. *Toxicology and Applied Pharmacology* [en ligne], 268(2), 157-177. (consulté le 30 Mars 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1016/j.taap.2013.01.025>

N

Newan, E. I. (1995). Killham K. 1994. Soil ecology. 242 pp. Cambridge : Cambridge University Press. £40 (hardback), £14.95 (paperback). *Annals of Botany*, 75(1), 102-103. (consulté le 24 Février 2023)

DOI : [https://doi.org/10.1016/S0305-7364\(05\)80017-4](https://doi.org/10.1016/S0305-7364(05)80017-4)

O

Onwona-Kwakye, M., Plants-Paris, K., Keita, K., Lee, J., den Brink, P. J. V., Hogarth, J. N., Darkoh, C. (2020). Pesticides Decrease Bacterial Diversity and Abundance of Irrigated Rice Fields. *Microorganisms* [en ligne], 8(3), 318. (consulté le 02 Mai 2023).

DOI : <https://doi.org/10.3390/microorganisms8030318>

Oršolić, D., Pehar, V., Šmuc, T., Stepanić, V. (2021). Comprehensive machine learning based study of the chemical space of herbicides. *Scientific reports* [en ligne], 11(1), 1-12. (consulté le 04 Avril 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1038/s41598-021-90690-w>

Osman, K. T. (2013). Wetland Soils. In K. T. Osman (Éd.), *Soils : Principles, Properties and Management* (p. 215-227). Springer Netherlands. (consulté le 24 Février 2023).

DOI : https://doi.org/10.1007/978-94-007-5663-2_13

P

Paul, E. A. (2014). *Soil Microbiology, Ecology and Biochemistry*. Academic Press. (consulté le 23 Février 2023).

URL :

https://books.google.dz/books/about/Soil_Microbiology_Ecology_and_Biochemist.html?id=gDnLAWAAQBAJ&redir_esc=y

Philippot, L., Raaijmakers, J. M., Lemanceau, P., & van der Putten, W. H. (2013). Going back to the roots : The microbial ecology of the rhizosphere. *Nature Reviews. Microbiology* [en ligne], *11*(11), 789-799. (consulté le 28 Mars 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1038/nrmicro3109>

Phour, M., Sehrawat, A., Sindhu, S. S., Glick, B. R. (2020). Interkingdom signaling in plant-rhizomicrobiome interactions for sustainable agriculture. *Microbiological Research* [en ligne], *241*, 126589. (consulté le 28 Mars 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1016/j.micres.2020.126589>

Poll, C., Marhan, S., Ingwersen, J., Kandeler, E. (2008). Dynamics of litter carbon turnover and microbial abundance in a rye detritusphere. *Soil Biology and Biochemistry* [en ligne], *40*(6), 1306-1321. (consulté le 24 Février 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2007.04.002>

R

Rajmohan, K. S., Chandrasekaran, R., Varjani, S. (2020). A Review on Occurrence of Pesticides in Environment and Current Technologies for Their Remediation and Management. *Indian Journal of Microbiology* [en ligne], *60*(2), 125-138. (consulté le 30 Mars 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1007/s12088-019-00841-x>

Rashid, M. I., Mujawar, L. H., Shahzad, T., Almeelbi, T., Ismail, I. M., Oves, M. (2016). Bacteria and fungi can contribute to nutrients bioavailability and aggregate formation in degraded soils. *Microbiological research* [en ligne], *183*, 26-41. (consulté le 27 Février 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1016/j.micres.2015.11.007>

Rocco, C., Duro, I., Di Rosa, S., Fagnano, M., Fiorentino, N., Vetromile, A., Adamo, P. (2016). Composite vs. Discrete soil sampling in assessing soil pollution of agricultural sites affected by solid waste disposal. *Journal of Geochemical Exploration* [en ligne], *170*, 30-38. (consulté le 23 Février 2023)

DOI : <https://doi.org/10.1016/j.gexplo.2016.08.004>

Roger, P., et Garcia, J. L. (2001). Introduction à la microbiologie du sol. *Université de Provence, Ecole supérieure d'ingénieurs de Luminy, France.* (consulté le 04 Mars 2023).

DOI : [10.13140/RG.2.1.5185.0729](https://doi.org/10.13140/RG.2.1.5185.0729)

S

Sánchez, O., Ferrera, I., González, J. M., Mas, J. (2013). Assessing bacterial diversity in a seawater-processing wastewater treatment plant by 454-pyrosequencing of the 16 S rRNA and amoA genes. *Microbial biotechnology* [en ligne], 6(4), 435-442. (consulté le 29 Mai 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1111%2F1751-7915.12052>

Singh, U., Walvekar, V. A., Sharma, S. (2020). Microbiome as Sensitive Markers for Risk Assessment of Pesticides. In *Pesticides in Crop Production* (p. 89-108). John Wiley & Sons, Ltd. (consulté le 01 Mai 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1002/9781119432241.ch6>

Sutton, N. B., Maphosa, F., Morillo, J. A., Abu Al-Soud, W., Langenhoff, A. A., Grotenhuis, T., Rijnaarts, H. H., Smidt, H. (2013). Impact of long-term diesel contamination on soil microbial community structure. *Applied and environmental microbiology* [en ligne], 79(2), 619-630. (consulté le 30 Mai 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1128%2FAEM.02747-12>

T

Testud, F., et Grillet, J. P. (2007). Insecticides organophosphorés, carbamates, pyréthrinoïdes de synthèse et divers. *Encycl med chir* [en ligne], 16, 059-C. (consulté le 03 Avril 2023).

DOI : [10.1016/S1155-1925\(07\)71836-0](https://doi.org/10.1016/S1155-1925(07)71836-0)

Torsvik, V., Sørheim, R., Goksøyr, J. (1996). Total bacterial diversity in soil and sediment communities—A review. *Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology* [en ligne], 17(3-4), 170-178. (consulté le 27 Février 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1007/BF01574690>

Tudi, M., Daniel Ruan, H., Wang, L., Lyu, J., Sadler, R., Connell, D., Chu, C., Phung, D. T. (2021). Agriculture Development, Pesticide Application and Its Impact on the Environment. *International Journal of Environmental Research and Public Health* [en ligne], 18(3), Article 3. (consulté le 01 Avril 2023).

DOI : <https://doi.org/10.3390/ijerph18031112>

U

US EPA, O. (2014, octobre 3). *What is a Pesticide?* [Overviews and Factsheets]. (consulté le 01 Mai 2023).

URL : <https://www.epa.gov/minimum-risk-pesticides/what-pesticide>

V

Veldkamp, E., Becker, A., Schwendenmann, L., Clark, D. A., Schulte-Bisping, H. (2003). Substantial labile carbon stocks and microbial activity in deeply weathered soils below a tropical wet forest. *Global change biology* [en ligne], 9(8), 1171-1184. (consulté le 03 Mars 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1128/AEM.71.11.7008-7018.2005>

Viñas, M., Sabaté, J., Espuny, M. J., Solanas, A. M. (2005). Bacterial community dynamics and polycyclic aromatic hydrocarbon degradation during bioremediation of heavily creosote-contaminated soil. *Applied and environmental microbiology* [en ligne], 71(11), 7008-7018. (consulté le 30 Mai 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1128/AEM.71.11.7008-7018.2005>

Vodyanitskii, Y. N. (2016). Biochemical processes in soil and groundwater contaminated by leachates from municipal landfills (Mini review). *Annals of Agrarian Science* [en ligne], 14(3), 249-256. (consulté le 23 Février 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1016/j.aasci.2016.07.009>

Vries, F. T. de, Manning, P., Tallowin, J. R. B., Mortimer, S. R., Pilgrim, E. S., Harrison, K. A., Hobbs, P. J., Quirk, H., Shipley, B., Cornelissen, J. H. C., Kattge, J., Bardgett, R. D. (2012). Abiotic drivers and plant traits explain landscape-scale patterns in soil microbial communities. *Ecology Letters* [en ligne], 15(11), 1230-1239. (consulté le 26 Mars 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2012.01844.x>

W

Wu, M., Li, G., Chen, X., Liu, J., Liu, M., Jiang, C., Li, Z. (2018). Rational dose of insecticide chlorantraniliprole displays a transient impact on the microbial metabolic functions and bacterial community in a silty-loam paddy soil. *Science of the Total Environment* [en ligne], 616, 236-244. (consulté le 30 Mai 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2017.11.012>

Y

Yadav, I., et Devi, N. (2017). *Pesticides Classification and Its Impact on Human and Environment* [en ligne] (p. 140-158). (consulté le 29 Mai 2023).

URL : https://www.researchgate.net/profile/Ishwar-Yadav/publication/313445102_Pesticides_Classification_and_Its_Impact_on_Human_and_Environment/links/589b09a04585158bf6fb8080/Pesticides-Classification-and-Its-Impact-on-Human-and-Environment.pdf

Z

Zaller, J. G., König, N., Tiefenbacher, A., Muraoka, Y., Querner, P., Ratzenböck, A., Bonkowski, M., Koller, R. (2016). Pesticide seed dressings can affect the activity of various soil organisms and reduce decomposition of plant material. *BMC ecology* [en ligne], 16, 1-11. (consulté le 29 Mai 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1186/s12898-016-0092-x>

Zhang, H., Zhang, Z., Song, J., Mei, J., Fang, H., Gui, W. (2021). Reduced bacterial network complexity in agricultural soils after application of the neonicotinoid insecticide thiamethoxam. *Environmental Pollution* [en ligne], 274, 116540. (consulté le 29 Mai 2023).

DOI : <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2021.116540>

Annexes

ARTICLE IN PRESS

Journal of Hazardous Materials xxx (xxxx) xxx



Contents lists available at ScienceDirect

Journal of Hazardous Materials

journal homepage: www.elsevier.com/locate/jhazmat

Research paper

Influence of the neonicotinoid insecticide thiamethoxam on soil bacterial community composition and metabolic function

Changcai Wu^{a,b}, Zhinan Wang^a, Yan Ma^b, Junyu Luo^b, Xueke Gao^b, Jun Ning^a,
Xiangdong Mei^a, Dongmei She^{a,*}

^a State Key Laboratory for Biology of Plant Diseases and Insect Pests, Institute of Plant Protection, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China

^b State Key Laboratory of Cotton Biology, Institute of Cotton Research, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Anyang, Henan 455000, China

ARTICLE INFO

Keywords:

Bacteria
Degradation genes
Metagenomics
Neonicotinoid insecticides
Soil

ABSTRACT

Understanding of neonicotinoid insecticides toxicity on non-target organisms, such as bees, has indirectly promoted their soil treatment use. However, their effect on soil ecosystems haven't fully understood. Here, based on 16S rRNA high-throughput sequencing and metagenomics, the effects of neonicotinoid insecticide thiamethoxam on bacterial communities and metabolic functions in two types of soils were studied. Thiamethoxam treatment significantly affected soil bacterial abundance, reduced microbial diversity, and changed the bacterial community structure in the short term, and the structure soon returned to a stable state. Soil type and time were important factors affecting bacterial community structure. Some plant growth-promoting rhizosphere bacteria (PGPR) including *Actinobacteria* were found, and their populations were reduced, while pollutant-degrading bacteria including *Firmicutes* were also found, and their populations were increased. Based on metagenomics analysis, thiamethoxam treatment insignificantly promoted or inhibited multiple metabolic processes, but gene abundance of some key processes significantly changed. Subtypes of 18 biodegradation genes (BDGs) and 5 pesticide degradation genes (PDGs) were identified. Thiamethoxam treatment significantly increased the abundance of BDGs and PDGs, including cytochrome P450. Potential hosts of P450 degradation genes, including the genus *Rhodococcus*, were discovered. Conclusions of this study will promote safety evaluation and degradation-related research on neonicotinoid insecticides in soil.

1. Introduction

Neonicotinoid insecticides (NIs) have been widely used in the field of plant protection and have become one of the largest selling insecticides (Bonmatin et al., 2015; Jeschke et al., 2011; Elbert et al., 2008). However, recent reports indicate that there is a potential toxicity risk to non-target organisms (bees, birds, and mammals) (Hallmann et al., 2014; Rundlof et al., 2015; Han, Ying and Shen, 2018), and some varieties have been banned in a few countries or used as a seed coating instead of an aerial spray (E.F.S. Authority, 2013; Stewart et al., 2014; Douglas and Tooker, 2015; Hladik et al., 2018).

The current risk assessment research focused on the effects of NIs on above-ground organisms. However, in addition to the direct contact of the pesticide with the soil as a seed coating agent and with root irrigation, considerable amount of the pesticide enters the soil after spraying (Pimentel and Levitan, 1986; Jensen and Olesen, 2014; Garcera et al., 2017), which may pose certain risks to the soil. Soil provides basic

ecosystem services, including nutrient cycling, water regulation, conversion of organic matter and toxic compounds, and pest control (Doran and Zeiss, 2000). Among them, the abundance, activity, and composition of soil microorganisms largely determine the productivity of the land (Van Der Heijden et al., 2008; Wagg et al., 2014). However, studies have shown that human factors such as agricultural management, environmental pollution, and global climate change can cause changes in soil microbial abundance, community composition, and function, thereby affecting soil function (Su et al., 2015; Fang et al., 2018b; Jia et al., 2018; Bahram et al., 2018; Cycon et al., 2019). In addition, after the soil was infected by external pressure, some superior microorganisms were also excavated. For example, bacteria and fungi that are naturally associated with plants and have beneficial effect on plant growth by the alleviation of biotic and abiotic stresses have been isolated and developed into biocontrol agents (BCA) and plant growth-promoting agents (PGPA) (Ma et al., 2011; Palaniyandi et al., 2013; Reddy and Saravanan, 2013; Pieterse et al., 2014; Liu et al., 2019).

* Corresponding author.

E-mail address: dongmeishe@163.com (D. She).

<https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2020.124275>

Received 21 July 2020; Received in revised form 11 September 2020; Accepted 11 October 2020

Available online 13 October 2020

0304-3894/© 2020 Elsevier B.V. All rights reserved.

Please cite this article as: Changcai Wu, *Journal of Hazardous Materials*, <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2020.124275>

ARTICLE IN PRESS

C. Wu et al.

Journal of Hazardous Materials xxx (xxxx) xxx

Microorganisms with the ability to degrade potential organic pollutants have been developed as soil remediation microorganisms in bioremediation (Vinas et al., 2005; Singh and Walker, 2006; Tallur et al., 2008; Horemans et al., 2013; Wasi et al., 2013; Villaverde et al., 2017). Moreover, there are already studies have shown that certain pesticides, such as fungicides, herbicides and fumigants, can affect the soil microbial community structure, functional enzyme activity and metabolic pathways (Itoh et al., 2014; Cycon et al., 2013; Karas et al., 2018; Zhang et al., 2019). Will NIs also have certain impact on soil ecosystem like other pesticides? If so, are there any related degradation genes and their microbial hosts to promote research related to their degradation?

However, to date, there has been no comprehensive relevant research on the effects of NIs on soil ecosystems. Related studies have focused on the impact of imidacloprid on soil microbial diversity and soil enzymes (Cycon and Piotrowska-Seget, 2015; Zaller et al., 2016; Mahapatra et al., 2017; Pang et al., 2020); however, there are few studies on thiamethoxam. Further, the use of advanced metagenomics technologies to explore changes in overall function and metabolic pathways after NIs use will more fully demonstrate the potential impact of NIs on soil function and its characteristics in soil.

To this end, an indoor soil micro-ecological environment was established. Thiamethoxam was selected among the variety of NIs, and 16S rRNA high-throughput sequencing combined with metagenomics was applied. The experiment revealed the degradation fate of thiamethoxam in typically cultivated soils and its effects on bacterial abundance, community structure, and metabolic functions of the soil. Bacterial populations and degradation genes related to neonicotinoid degradation were also identified. The data and conclusions promote the safety evaluation and degradation-related research of NIs in soil.

2. Materials and methods

2.1. Soil, experimental design, and sample collection

Two types of farmland soils (0–15 cm plow layer) were collected from Beijing (BJ) and Heilongjiang (HLJ). Soil chemical properties (pH, organic matter, cation exchange capacity, particle size, total nitrogen content, hydrolytic acidity, sum of exchangeable bases and base saturation) were tested. The physicochemical properties and corresponding detection methods are listed in Table S1. The textures of the two soils are silty loam (BJ) and silty clay (HLJ), respectively. According to the FAO-World Reference Base for Soil Resources, the two soil are classified as Eutric Cambisols (BJ) and Haplic Phaeozems (HLJ), respectively (WRB, 2015). To restore soil microorganisms, soil samples were passed through a 2 mm sieve and preincubated for 2 weeks. Analytical-grade thiamethoxam (purity, 98.8%) was purchased from Beijing Qinchengyixin Technology Development Co., Ltd., (Beijing, China). Three treatment doses were prepared: 1.8 mg kg⁻¹ (active ingredients per soil dry weight; T1), 18.0 mg kg⁻¹ (a.i./dw; T10), and 180.0 mg kg⁻¹ (a.i./dw; T100). T1 represents the recommended dose for field application, assuming an effective soil depth of 10 cm with a bulk density of 1.5 g cm⁻³, and T10 and T100 are 10 times and 100 times the recommended dose, respectively. To prepare subsamples, three concentrations stock solutions of thiamethoxam corresponding to three treatments were prepared (4500 mg kg⁻¹ for T1, 45,000 mg kg⁻¹ for T10 and 450,000 mg kg⁻¹ for T100), and 100 µL of thiamethoxam solution (100 µL solvent was used as the control treatment) was added to a brown wide-mouthed bottle filled with 50 g soil, mixed well, and left in a dark room for 12 h to evaporate the solvent. After that, 200 g soil was added, thoroughly mixed again, and deionized water was added to keep the soil at 50% of the maximum water holding capacity. Three replicates were prepared for each treatment. The sample bottle was sealed with a porous plastic film and placed in a climate chamber at 25 °C and 50% humidity for 60 days. Deionized water was added during cultivation to compensate for evaporated water. Samples (>20 g) were collected on days 7, 14, 28, and 56 and stored at –80 °C until analysis (GB/T, 2014).

2.2. Thiamethoxam extraction and detection

The Quick, Easy, Cheap, Effective, Rugged, and Safe (QuEChERS) pretreatment method was used to prepare soil samples. Briefly, 10.0 g of soil was weighed in a 50 ml centrifuge tube with a screw cap; then, 10 ml acetonitrile and 5 ml deionized water were added. The tube was vortexed for 5 min. Thereafter, 1 g NaCl and 4 g anhydrous MgSO₄ were added. The tube was shaken for 5 min and then centrifuged for 5 min at 2811 × g. The supernatant (1.5 ml) was placed in a 2 ml centrifuge tube containing 50 mg primary-secondary amine (PSA) and 150 mg anhydrous MgSO₄. Next, the tube was vortexed for 1 min and then centrifuged for 5 min at 2077 × g. The supernatant obtained by centrifugation was filtered through a 0.22 µm nylon syringe filter and transferred to an autosampler vial for ultra-performance liquid chromatography-tandem mass spectrometry analysis.

2.3. DNA extraction and real-time polymerase chain reaction (PCR)

Sample DNA extraction was performed using the FastDNA® Spin Kit (MP Biomedicals, CA, USA), according to the manufacturer's instructions. After genomic DNA extraction, the DNA concentration was detected using a TBS-380 (Turner BioSystems Inc., Sunnyvale, CA, USA), DNA purity was detected using a NanoDrop 2000 (Thermo Fisher Scientific, Wilmington, DE, USA), and DNA integrity was detected by 1% agarose gel electrophoresis. Total microbial abundance in sediment samples was measured using absolute quantitative PCR (qPCR), as described previously (Du et al., 2018; Fang et al., 2019). Bacterial 16S rRNA was amplified using the primer pair P1 (338 F), 5'-ACTCC-TACGGGAGGCAGCAG-3' and P2 (806R), 5'-GGACTACHVGGGTWTC-TAAT-3'.

2.4. 16S rRNA, metagenomic sequencing, and annotation

Qualified DNA samples were sequenced by Majorbio Bio-Pharm Technology Co., Ltd. (Shanghai, China) using 16S rRNA sequencing (Illumina Miseq PE300, Illumina Inc., San Diego, CA, USA) and metagenomic sequencing (Illumina HiSeq Xten, Illumina Inc., San Diego, CA, USA). Sequences were cleaned and assembled using Seqprep, Sickle, Burrows-Wheeler Aligner (BWA), and MEGAHIT, and contigs with a length > 300 bp were retained for further bioinformatics analyses. MetaGene software was used for open reading frame prediction, and the cluster database at high identity with tolerance (CD-HIT) was used to build a non-redundant (NR) gene catalog. NR gene catalog and the Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) annotation were conducted using the protein basic local alignment search tool (BLASTP) (Version 2.2.28+) against the integrated NR database of the National Center for Biotechnology Information (NCBI) and KEGG database (Xie et al., 2011) (<http://www.genome.jp/keeg/>) with an e-value cutoff of 1e⁻⁵.

2.5. Database construction

The biodegradation gene (BDG) protein database, including 17 subdatabases (alkb, benA, bph, bphA1, bphA2, carA, dbfA1, dxnA, dxnA-dbfA1, glx, lip, mmox, mnp, npah, p450, pphA, and ppo genes) were downloaded from the FunGene protein database (<http://fungene.cmc.msu.edu>). The final version of the BDGs database contained 459612 NR amino acid sequences and has been used in previous studies (Fang et al., 2018a). Additionally, the pesticide degradation gene (PDG) protein database was retrieved from the NCBI protein database for eight pesticides, including imidacloprid, acetamiprid, nitenpyram, thiamethoxam, clothianidin, dinotefuran, flonicamid, and clothianidin. Thus, 41821 NR proteins for PDGs were obtained. Metagenomic sequencing data were compared and analyzed with the BDG and PDG databases to determine the diversity and abundance of BDGs and PDGs presented in the target sample.

2.6. Bioinformatics analyses

Linear regression and stacked bar chart analyses were conducted using Origin 2018 (OriginLab Corp., Northampton, MA, USA). The bacterial community composition was visualized using Circos software (<http://circos.ca/>). Heatmaps were plotted using R 3.4.2 with the pheatmap package. Hierarchical cluster analysis with the Bray-Curtis algorithm was conducted to establish the clustering dendrogram to assess differences between the control and treatment groups. A constrained principal coordinate analysis (PCoA) has been performed using Bray-Curtis distances based on the relative abundance of bacterial communities at the genus level (Du et al., 2018). The linear discriminant analysis effect size (LEfSe) method has been used to identify the most differentially abundant taxa between groups (Segata et al., 2011). Network analyses have been conducted in the R environment using the 'vegan', 'igraph' and 'Hmisc' packages (Fang et al., 2018; Ju et al., 2014; Li et al., 2015). Network visualization has been conducted on the interactive platform Gephi (Bastian et al., 2009).

2.7. Statistical analysis

One-way analysis of variance (ANOVA) was selected to analyse the effects of the thiamethoxam on biochemical parameters and gene abundance using SPSS statistical software package version 23.0 (IBM Corp., Armonk, NY, USA). The significance of differences among treatments was tested by Duncan's multiple-range test. The Spearman Rank statistical analysis was used to calculate correlation between the samples, bacterial genera and BDGs/PDGs. All values reported are the mean \pm standard error (SE) of three replicates. The data were considered significant when $p < 0.05$ (*), $p < 0.01$ (**) or $p < 0.001$ (***).

3. Results

3.1. Dissipation of thiamethoxam in soil

The degradation dynamics of thiamethoxam in the two soil types are shown in Fig. 1, and the matching degradation kinetic equations are summarized in Table S2. The degradation process of thiamethoxam in the T1 and T10 treatments in BJ silty loam consisted of an initial rapid degradation stage and a second slow degradation stage, while in the T100 treatments in the BJ silty loam and the three concentration treatments in the HLJ silty clay, the degradation of thiamethoxam maintained a steady and slow degradation trend. After 56 days of incubation, thiamethoxam in BJ silty loam decreased to 4.0% (T1), 1.4% (T10), and 59.8% (T100) of the initial amount, and 42.9% (T1), 42.3% (T10), and 59.9% in HLJ silty clay (T100). The half-lives of

thiamethoxam at three concentrations in the two soil types were 6.2, 9.5, and 76.2 d for BJ silty loam, and 49.5, 53.3, and 77.0 d for HLJ silty clay, respectively. Thiamethoxam degraded faster in BJ silty loam than in HLJ silty clay, especially at low concentrations (T1 and T10).

3.2. Impact of thiamethoxam on bacterial abundance

After treatment with three concentrations of thiamethoxam, the bacterial abundance in BJ silty loam increased by 0.09–0.72 fold during the entire sampling period, while the bacterial abundance in the HLJ silty clay decreased by –0.01–0.43 fold. Moreover, a higher concentration of thiamethoxam treatment had a greater impact on the abundance of bacteria. The average abundance of bacteria in HLJ silty clay was higher than that in BJ silty loam (Fig. 2).

3.3. Effect of thiamethoxam on bacterial diversity

After analyzing all 106 samples, the effect on bacterial diversity in the two soil types was small, and only a small number of sampling points showed decrease or increase in bacterial diversity after treatment with thiamethoxam. The change in bacterial diversity was evaluated based on the operational taxonomic unit levels, using the Chao1, Simpson, and Shannon indexes (Table 1). Pesticide treatment had no effect on the Simpson index in the BJ silty loam, but on the 28th (T1, T10 and T100) and 56th (T10 and T100) days, the diversity of soil bacteria was significantly reduced (Shannon and Chao1). Moreover, thiamethoxam treatment had a more obvious effect on the diversity in HLJ silty clay than in BJ silty loam. The diversity of bacteria on days 7 (T1), 28 (T10), and 56 (T1 and T10) was significantly lower than that in the control group, and on day 56 (T100), it was significantly higher than that in the control group (Shannon and Simpson).

3.4. Effect of thiamethoxam on the bacterial community

After treatment with thiamethoxam, the bacterial community composition in both soils was changed. The Circos diagram showed the composition and abundance of microbial communities at the phylum (Fig. S1) and genus (Fig. 3) levels in the control and thiamethoxam-treated soils. The main phyla at all sampling points in the two soils treated with thiamethoxam were *Proteobacteria*, *Patescibacteria*, *Acidobacteria*, *Actinobacteria*, *Chloroflexi*, and *Bacteroidetes*. The main phyla in BJ silty loam and HLJ silty clay were similar, but the abundance order was slightly different. *Patescibacteria* was in the highest abundance in HLJ silty clay (32.8%, treatment and 25.3%, control), but its abundance was lower in BJ silty loam (3.7%, treatment and 4.3%, control). Thiamethoxam treatment reduced the abundance of *Actinobacteria* and

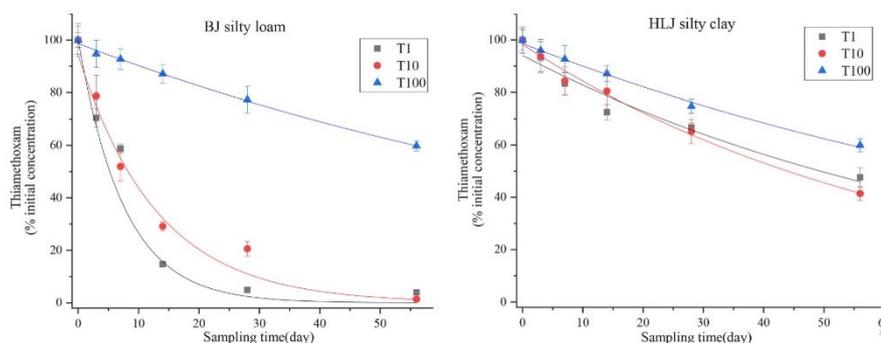


Fig. 1. The dynamics of thiamethoxam degradation in tested soil. T1, T10 and T100: soil spiked with thiamethoxam at 1.8, 18 and 180 mg kg⁻¹, respectively. Mean values ($n = 3$) \pm S.E.

ARTICLE IN PRESS

C. Wu et al.

Journal of Hazardous Materials xxx (xxxx) xxx

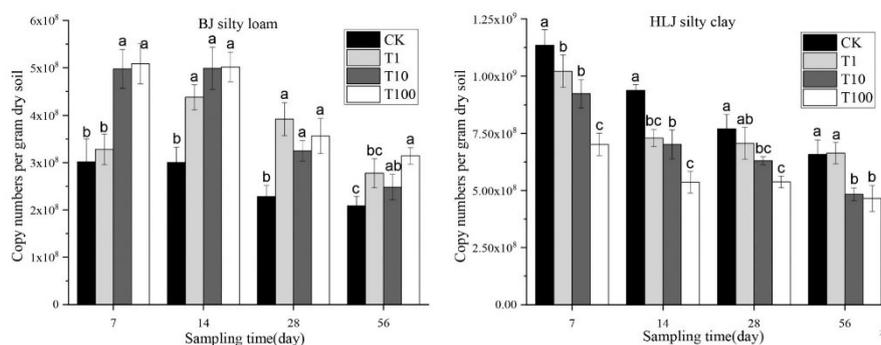


Fig. 2. The effects of thiamethoxam on the abundance of 16S rRNA gene in tested soil. CK, T1, T10 and T100: soil spiked with thiamethoxam at 0, 1.8, 18 and 180 mg kg⁻¹, respectively. Different letters in columns indicate significant differences at $P < 0.05$ level between treatments in the same sample time. Mean values ($n = 3$) ± S.E.

Table 1

Alpha diversity of bacterial communities under different treatments. Alpha diversity of bacterial communities under different treatments. CK, T1, T10 and T100: soil spiked with thiamethoxam at 0, 1.8, 18 and 180 mg kg⁻¹, respectively. Different letters indicate significant differences at $p < 0.05$ level between treatments in the same sample time. Mean values ($n = 3$) ± S.E.

| Index | Soil type | Treatment | Days after application | | | |
|----------------|-----------|-----------|-------------------------------|------------------------------|-------------------------------|------------------------------|
| | | | 7 | 14 | 28 | 56 |
| BJ silty loam | Shannon | CK | 6.28 ± 0.20 ^a | 6.55 ± 0.03 ^a | 6.59 ± 0.01 ^a | 6.81 ± 0.06 ^a |
| | | T1 | 6.19 ± 0.28 ^a | 6.47 ± 0.14 ^a | 5.95 ± 0.15 ^a | 6.72 ± 0.12 ^a |
| | | T10 | 6.12 ± 0.14 ^a | 6.42 ± 0.21 ^a | 5.85 ± 0.20 ^a | 6.63 ± 0.17 ^{ab} |
| | | T100 | 6.42 ± 0.19 ^a | 6.33 ± 0.23 ^a | 5.99 ± 0.22 ^a | 6.47 ± 0.10 ^b |
| | Simpson | CK | 0.0084 ± 0.0047 ^a | 0.0041 ± 0.0001 ^a | 0.0040 ± 0.0000 ^a | 0.0032 ± 0.0005 ^a |
| | | T1 | 0.0125 ± 0.0074 ^a | 0.0050 ± 0.0010 ^a | 0.0347 ± 0.0439 ^a | 0.0054 ± 0.0027 ^a |
| | | T10 | 0.0107 ± 0.0020 ^a | 0.0056 ± 0.0021 ^a | 0.0351 ± 0.0206 ^a | 0.0061 ± 0.0045 ^a |
| | | T100 | 0.0058 ± 0.0024 ^a | 0.0064 ± 0.0025 ^a | 0.0272 ± 0.0100 ^a | 0.0057 ± 0.0025 ^a |
| | Chao1 | CK | 3919.7 ± 176.4 ^a | 4225.6 ± 96.2 ^a | 4406.7 ± 66.5 ^a | 4510.2 ± 98.9 ^a |
| | | T1 | 3917.6 ± 102.3 ^a | 4171.2 ± 196.3 ^a | 4072.3 ± 190.3 ^b | 4451.7 ± 127.3 ^a |
| | | T10 | 3874.1 ± 105.2 ^a | 4041.6 ± 119.4 ^a | 3990.3 ± 145.1 ^b | 4333.7 ± 59.4 ^a |
| | | T100 | 3961.4 ± 182.3 ^a | 3917.7 ± 157.3 ^a | 4107.0 ± 120.4 ^b | 3956.3107.9 ^b |
| HLJ silty clay | Shannon | CK | 3.42 ± 0.24 ^b | 5.25 ± 0.13 ^a | 5.49 ± 0.24 ^a | 5.55 ± 0.39 ^{bc} |
| | | T1 | 4.02 ± 0.16 ^b | 4.96 ± 0.09 ^a | 5.25 ± 0.24 ^a | 5.48 ± 0.11 ^c |
| | | T10 | 3.70 ± 0.14 ^{ab} | 4.92 ± 0.16 ^a | 4.00 ± 0.20 ^b | 5.94 ± 0.04 ^a |
| | | T100 | 3.67 ± 0.21 ^{ab} | 5.04 ± 0.23 ^a | 5.59 ± 0.25 ^a | 5.93 ± 0.09 ^{ab} |
| | Simpson | CK | 0.1314 ± 0.0249 ^a | 0.0191 ± 0.0034 ^a | 0.0228 ± 0.0139 ^b | 0.0160 ± 0.0071 ^b |
| | | T1 | 0.0751 ± 0.0074 ^b | 0.0531 ± 0.0399 ^a | 0.0438 ± 0.0292 ^{ab} | 0.0298 ± 0.0070 ^a |
| | | T10 | 0.098 ± 0.0221 ^{ab} | 0.0296 ± 0.0034 ^a | 0.1953 ± 0.0750 ^a | 0.0082 ± 0.0011 ^b |
| | | T100 | 0.1042 ± 0.0156 ^{ab} | 0.0277 ± 0.0081 ^a | 0.0200 ± 0.0131 ^b | 0.0070 ± 0.0008 ^b |
| | Chao1 | CK | 1520.8 ± 101.7 ^a | 2198.6 ± 176.5 ^a | 2472.3 ± 65.9 ^a | 2270.0 ± 176.6 ^a |
| | | T1 | 1648.5 ± 122.1 ^a | 2203.5 ± 119.7 ^a | 2338.9 ± 64.4 ^{ab} | 2374.0 ± 131.4 ^a |
| | | T10 | 1503.1 ± 118.9 ^a | 2020.6 ± 163.8 ^a | 2075.9 ± 111.4 ^b | 2524.6 ± 179.4 ^a |
| | | T100 | 1527.7 ± 77.4 ^a | 2204.1 ± 117.7 ^a | 2444.6 ± 114.6 ^a | 2472.6 ± 126.5 ^a |

Chloroflexi in BJ silty loam and HLJ silty clay and increased the abundance of *Bacteroidetes* and *Firmicutes* in BJ silty loam and *Patescibacteria* and *Acidobacteria* in HLJ silty clay. The difference between the two soil types at the genus level was greater than at the phylum level. Among the 23 genera with high abundance (>1%), only 11 were the same. Thiamethoxam treatment reduced the abundance of *Sphingomonas*, *Arthrobacter*, *Lysobacter*, and other genera in both soils, while increasing the abundance of *Azohydromonas*, *Noviherbaspirillum*, *Ramlibacter* (BJ silty loam), *Methylothera*, *Methylobacillus*, and *Rhodococcus* (HLJ silty clay).

Further, PCoA analysis showed that the effects of thiamethoxam on bacterial community composition varied according to the type of soil and the concentration of pesticide treatment (Fig. 4). After the two types of soils were treated with thiamethoxam, the distance between the control and the treatment was significantly greater than the distance between the three concentration treatments, especially in the BJ silty loam. With increased time, the difference between the control and

treatment gradually decreased. At the last sampling point, the microbial community structure between the treatment and the control was very similar, and this similarity occurred earlier in HLJ silty clay than in the BJ silty loam. This indicated that in response to the invasion of thiamethoxam, the soil bacterial community had undergone significant changes, but was restored to a stable state within a certain period. The influence of time and soil type on the acquisition of this stable state was greater than that of the thiamethoxam concentration.

The results of PCoA were further confirmed by Bray-Curtis clustering analysis at the genus level (Fig. 5). In BJ silty loam, before day 56, all the control group samples and different concentration treatment groups were clustered together, respectively (except T1 at 14 days). On day 56, the control group and treatment group were clustered together. In the HLJ silty clay, the control and treatment at the four time points had high genetic similarities and were clustered together. At the same time, samples from the treatment groups for the last three time points were

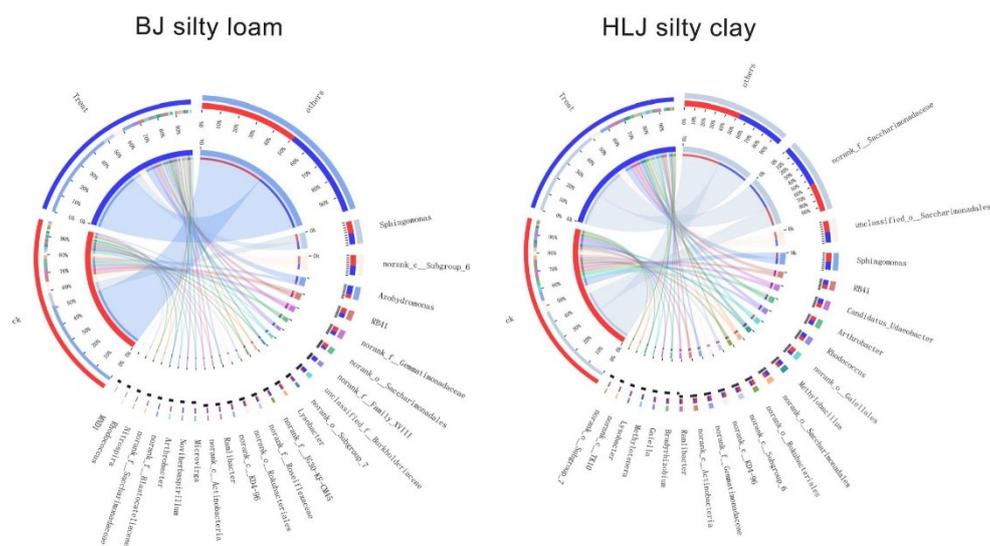


Fig. 3. Composition and abundance of thiamethoxam-treated and control samples at the Genus level. Treat and CK: soil spiked or not with thiamethoxam, respectively.

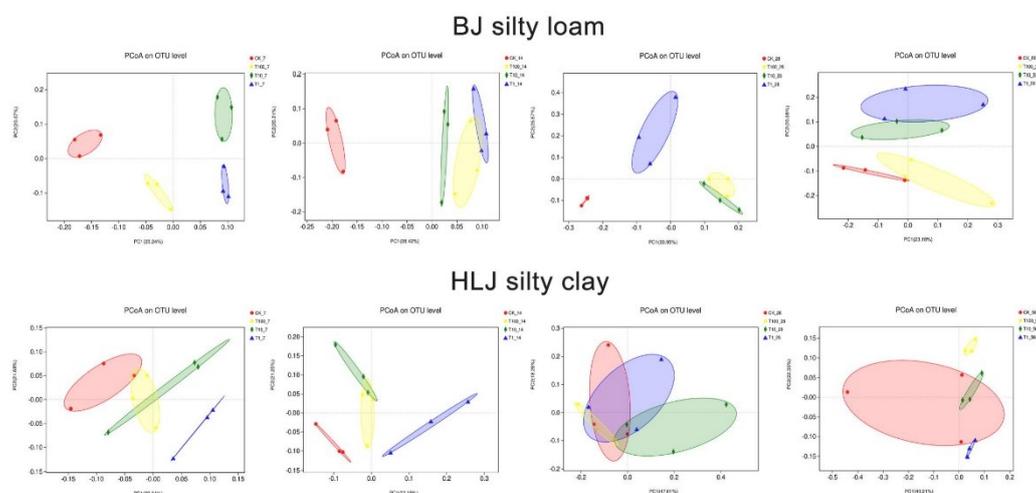


Fig. 4. PCoA of bacteria based on bray-curtis distance. CK, T1, T10, T100 with 7, 14, 28 and 56: soil samples of day 7, 14, 28 and 56 after spiked with thiamethoxam at 0, 1.8, 18 and 180 mg kg⁻¹, respectively. PCoA, principal coordinate analysis; OTU, operational taxonomic unit.

clustered together and were different from those the treatment groups at the first time point.

3.5. Sensitive bacterial taxa

To explore changes in the dominant populations of soil microbes after thiamethoxam treatment and to identify related groups with the potential for degradation of thiamethoxam, we used linear discriminant analysis (LEfSe) for biomarker analysis. At four sampling time points,

some dominant and suppressed populations at the phylum level were found. Specifically, in the BJ silty loam, *Omnitrophicaeota*, *Dependentiae* (day 7), *Actinobacteria*, *Gemmatimonadetes*, *Nitrospirae* (day 14), *Patescibacteria*, *Nitrospirae*, *Fibrobacteres*, and *Actinobacteria* (day 28) were significantly enriched in the control samples. In contrast, *Deinococcus-Thermus* and *Firmicutes* were the dominant populations of almost all sampling points after thiamethoxam treatment (Fig. 6). In HLJ silty clay samples, the advantages of *Actinobacteria* were reduced after treatment with thiamethoxam, and the advantages of *Proteobacteria*,

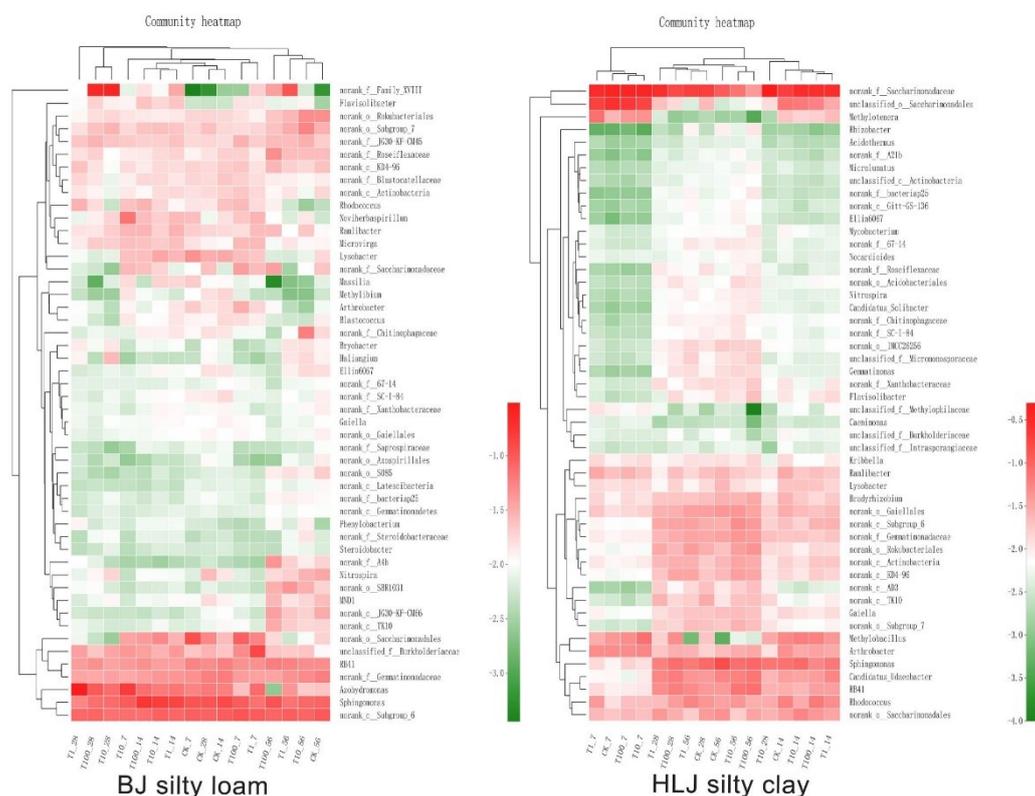


Fig. 5. Hierarchical clustering and annotated heat map representing the bacterial communities in the different samples at the genus level. CK, T1, T10, T100 with 7, 14, 28 and 56: soil samples of day 7, 14, 28 and 56 after spiked with thiamethoxam at 0, 1.8, 18 and 180 mg kg⁻¹, respectively.

Patescibacteria, *Bacteroidetes*, *Rokubacteria*, and others were strengthened (Fig. S2).

3.6. Effect of thiamethoxam on metabolic and signal transmission pathways

According to the degradation kinetics curve of thiamethoxam, a total of 18 samples were selected at day 7 with the fastest degradation rate and day 28 with a steady degradation rate for metagenomic analysis. Based on the KEGG database, signal regulatory pathways and metabolic pathways were identified in the treated and control BJ silty loam and HLJ silty clay, including nitrogen cycle, carbon metabolism (glycolysis, tricarboxylic acid cycle (TCA cycle), and the pentose phosphate), and sulfur metabolism. Overall, the addition of thiamethoxam insignificantly promoted or inhibited various metabolic processes in the soil (Fig. 7); however, the gene abundance of certain key processes significantly changed.

Specifically, after adding thiamethoxam to BJ silty loam, gene copy numbers of the nitrogen cycle key enzymes nitrite reductase [K00362], assimilated nitrate reductase [K00372], and ferritin nitrite reductase [K00366] were significantly reduced (Fig. S3a), and those of nitrogen cycle-related enzymes such as nitrilase [K01501] and formamidase [K01455] were also significantly reduced. The nitrogen cycle key enzyme gene ferritin nitrite reductase [K00366] and the gene related to nitrogen cycle, glutamine synthetase [K01915], were also inhibited in

HLJ silty clay, while the nitrogen cycle key enzyme gene, nitrite reductase [K00363], and the nitrogen cycle-related gene nitrate/nitrite transporter [K02575], were briefly promoted (Fig. S4a).

Thiamethoxam reduced the abundance of related carbon metabolism enzyme genes (glycolysis, TCA cycle, and the pentose phosphate) after a short treatment period on BJ silty loam (Fig. S3b-d). For example, on day 7 after treatment, pyruvate dehydrogenase [K00163], alcohol dehydrogenase, propanol-preferring [K13953] (glycolysis), citrate synthase [K01647], fumarate hydratase [K01679] (TCA cycle), and fructose-1,6-bisphosphatase II/sedoheptulose-1,7-bisphosphatase [K11532] (pentose phosphate pathway) levels were reduced; this situation was reversed on day 28. Thiamethoxam had a longer effect on the abundance of carbon metabolism-related genes in HLJ silty clay, and the results were similar between the two sampling points (Fig. S4b-d).

In the process of sulfur metabolism, thiamethoxam treatment increased gene abundance of taurine dioxygenase [K03119] and S-sulf-L-cysteine synthase [K12339] enzymes in BJ silty loam and reduced sulphydrogenase subunit beta [K17996] gene abundance (Fig. S5d). In HLJ silty clay, a greater number of gene abundances were affected. Glucose-6-phosphate isomerase [K01810] and gluconolactonase [K01053] gene abundance improved, while the abundance of multiple genes, including transketolase [K00615] and ribulose-phosphate 3-epimerase [K01783], decreased (Fig. S6d).

In signal-regulated pathways, the abundance of multiple enzyme genes involved in ABC transport, the two-component system (TCS), and

ARTICLE IN PRESS

C. Wu et al.

Journal of Hazardous Materials xxx (xxxx) xxx

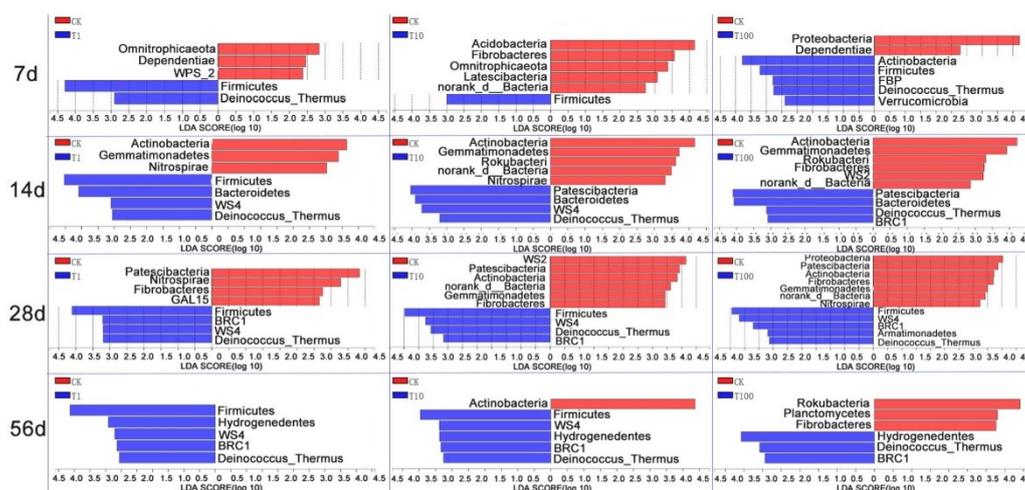


Fig. 6. Identification of differentially abundant bacteria between the control and each thiamethoxam treatment in BJ silty loam. LDA, linear discriminant analysis. CK, T1, T10 and T100: soil spiked with thiamethoxam at 0, 1.8, 18 and 180 mg kg⁻¹, respectively.

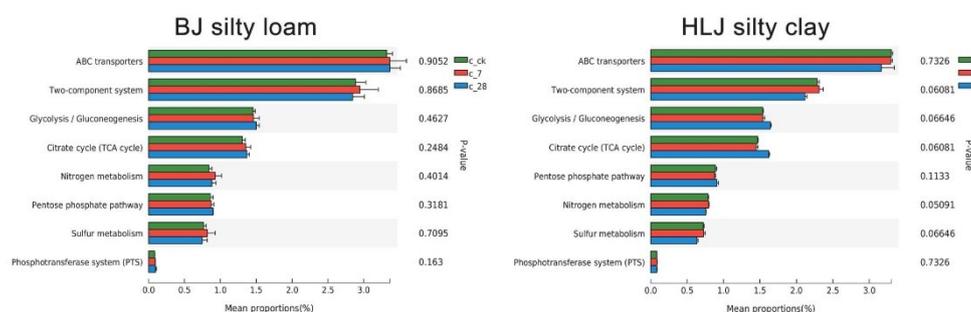


Fig. 7. Changes in the total abundance of important metabolic pathway genes in the soil before (c_ck, H_ck) and 7, 28 days (c_7, c_28; H_7, H_28) after treatment with thiamethoxam.

phosphotransferase system (PTS) decreased in both BJ silty loam and HLJ silty clay after thiamethoxam treatment (Fig. S5a-c; Fig. S6a-c).

3.7. Occurrence and change in BDGs/PDGs

A total of 18 BDGs and 5 PDG subtypes were detected in all 18 soil samples (Fig. S7, Fig. S8). The relative abundances of BDGs and PDGs were 1.71–2.43% and 2.41–3.58% in BJ silty loam, respectively, and 1.69–1.85% and 2.37–2.52% in HLJ silty clay, respectively. In BJ silty loam and HLJ silty clay, the most abundant subtypes of BDGs were bphA1, benA, encoding dioxygenase, and the P450 gene, encoding cytochrome P450. In addition, PDG abundance of nitenpyram was the highest in all soil samples, followed by that of imidacloprid and acetamiprid, which did not match the degradation genes of the remaining NIs. By comparing the differences in gene abundance values between the control and treatment groups, the gene abundance of BDGs in both soils showed a significant increase on day 7, while on day 28, it showed a partial increase and a partial decrease. Among them, the glx gene encoding glyoxal oxidase, the pphA gene encoding dioxygenase, and the mmoX gene encoding methane monooxygenase showed the most

significant increases (Table S3). In addition, in both soils, the PDGs increased significantly at both sampling points, and at 28 days, the increase was more significant than at day 7 (Table S4).

Cytochrome P450 is an important enzyme in the metabolism of Nis (Ford and Casida, 2008; Shi et al., 2009; Casida, 2011; Wang et al., 2019). In this study, the P450 gene was also one of the most abundant genes matched to BDGs. Thus, a summary analysis of the top 50 genera with this gene was conducted (Fig. S9) and showed that the P450 gene was mainly distributed in *Rhodococcus* (approximately 11.53% of the total P450 in all genera), followed by *Mycobacterium* (4.69%) and *Azohydromonas* (4.14%). Furthermore, by comparing the P450 gene abundance differences in control and thiamethoxam-treated samples, thiamethoxam treatment significantly increased the abundance of P450 genes in *Rhodococcus*. Specifically, the average P450 gene abundance in the BJ silty loam and HLJ silty clay control samples was 7.39% and 10.64%, respectively, while the average P450 gene abundance in the BJ silty loam after treatment with thiamethoxam was 8.14% (day 7) and 9.39% (day 28). In HLJ silty clay, the average P450 gene abundance was 17.82% (day 7) and 15.31% (day 28). In addition, other major BDGs were mainly distributed in *Azohydromonas*, *Ramlibacter*, *Variovorax*, and

ARTICLE IN PRESS

C. Wu et al.

Journal of Hazardous Materials xxx (xxxx) xxx

Bradyrhizobium.

A network correlation analysis was conducted to explore the co-occurrence pattern between the bacteria genera and BDG/PDGs. As shown in Fig. 8, 63 nodes and 163 edges are observed in the network analysis ($\rho > 0.8$, $p < 0.01$), including 20 BDG/PDG and 50 bacterial genera. The degradation genes were mainly related to four genera, namely *Rhodococcus*, *Azohydromonas*, *Gemmatirosa*, and *Variovorax*, suggesting that these genera may be potential hosts for BDGs and PDGs (Table 2).

4. Discussion

Using various methods such as spraying, root irrigation, and seed coating, a certain percentage of pesticides enters the soil. Although the target of these pesticides is not soil, the soil ecosystem silently endures, and the soil microbial inhabitants implement a series of reactions to resist foreign invasion. These behaviors include changes in the microbial community structure, preferential population development, and enhancement of certain metabolic functions; alternatively, some microbial groups fail to survive and gradually disappear.

The phenomenon that the use of pesticides increases or decreases soil microbial biomass has been reported in many studies. For example, when the insecticide imidacloprid has been used as a seed coating agent, it reduces soil basal respiration and microbial biomass (Zaller et al., 2016). After the herbicide trifluralin has been used, the soil bacterial abundance increases by 1.12–5.56 fold, while the fungal abundance decreases by 12.23–69.67% (Du et al., 2018); the fungicide hexaconazole temporarily reduces the number of total bacteria in the two types of test soils (Ju et al., 2017). In this study, the abundance of bacteria in both soils also changed after thiamethoxam treatment (Fig. 2). Moreover, the higher the concentration of thiamethoxam in the soil, the greater was the effect on the abundance of bacteria.

Table 2

Potential host information of BDGs/PDGs revealed by distribution and co-occurrence patterns.

| Pattern | Gene name | Distributive genus | Percentage | Correlation |
|--|-------------|--------------------|------------|-------------|
| Distribution pattern and Co-occurrence pattern | bphA1 | Azohydromonas | 5.89% | 81.42% |
| | benA | Azohydromonas | 6.28% | 73.17% |
| | bph | Azohydromonas | 6.48% | 74.82% |
| | ppah | Azohydromonas | 6.06% | 81.84% |
| | carA | Azohydromonas | 6.31% | 66.56% |
| | dxnA-dbfA1 | Azohydromonas | 8.33% | 87.20% |
| | dxnA | Azohydromonas | 8.02% | 84.93% |
| | npah | Azohydromonas | 7.20% | 89.27% |
| | dbfA1 | Azohydromonas | 8.28% | 82.66% |
| | glx | Azohydromonas | 11.52% | 77.30% |
| | bphA2 | Azohydromonas | 13.86% | 92.16% |
| | ppo | Gemmatirosa | 4.51% | 67.80% |
| | lip | Gemmatirosa | 0.99% | 79.15% |
| | mnp | Gemmatirosa | 0.99% | 80.80% |
| | alkb | Variovorax | 0.88% | 66.56% |
| | mnoX | Variovorax | 0.30% | 44.27% |
| | p450 | Rhodococcus | 11.53% | 38.70% |
| | ppo | Rhodococcus | 4.10% | -42.83% |
| | lip | Rhodococcus | 4.55% | -16.41% |
| | mnp | Rhodococcus | 4.55% | -23.63% |
| alkb | Rhodococcus | 7.56% | 23.22% | |
| mnoX | Rhodococcus | 15.55% | 23.01% | |

Similarly, commonly used pesticides, such as the insecticide chlorantraniliprole (Wu et al., 2018), the herbicide trifluralin (Du et al., 2018), the fungicide fluoxastrobin (Zhang et al., 2019), and the fumigant dazomet (Fang et al., 2018b), cause temporary or long-term effects on microbial diversity. However, the effects of thiamethoxam treatment on bacterial diversity in these two types of soil were very low, and only

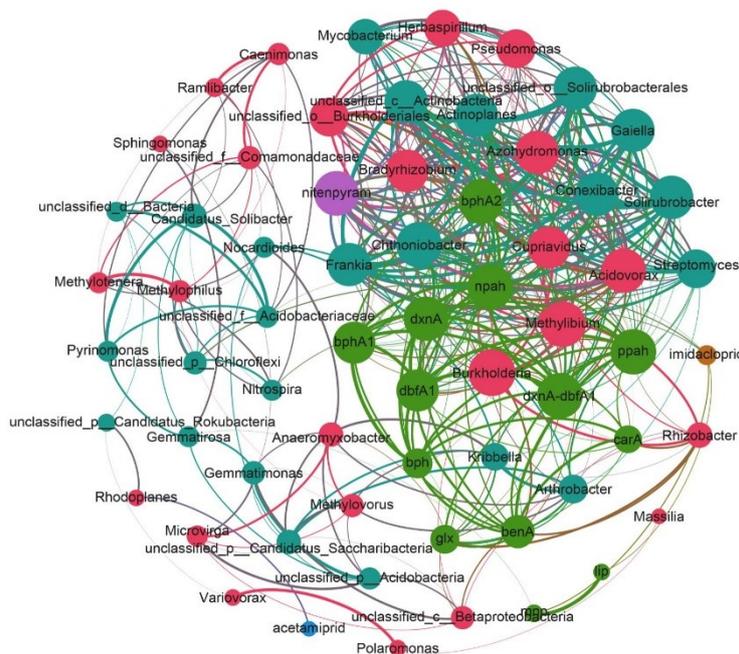


Fig. 8. Co-occurrence patterns between bacterial genera and BDGs/PDGs subtypes.

ARTICLE IN PRESS

C. Wu et al.

Journal of Hazardous Materials xxx (xxxx) xxx

small number of sampling sites were found to have decreased or increased bacterial diversity (Table 1). In addition to diversity, related studies have shown that pesticides and fertilizers affect the composition of soil microbial communities. For example, on day 14 after application of chlorantraniliprole, the soil microbial functional diversity and bacterial community composition significantly changed, and on day 36, the low-dose chlorantraniliprole treatment group was similar to the control group. However, high-dose chlorantraniliprole treatment has a longer effect on these soil microbial characteristics (Wu et al., 2018). The same effect has been observed in the change in the microbial community in sandy loam treated with the fungicides carbendazim and pentachlorobenzene (Wang et al., 2009). Studies on fertilization have concluded that in addition to pesticides, indigenous soil microbial communities are not resistant to vinasse and inorganic nitrogen fertilizer applications, but are highly resilient (Lourenco et al., 2018).

In this study, after thiamethoxam treatment, the composition of bacterial communities in both soils also significantly changed. Circos plots showed that thiamethoxam treatment changed the abundance of dominant bacterial groups in the soil (Gate [Fig. S1] and Genus [Fig. 3]). PCoA analysis showed that the effects of thiamethoxam on bacterial community composition varied with soil type and pesticide treatment concentration. Treatment with thiamethoxam had greater effect on the composition of microbial communities in BJ silty loam than in HLJ silty clay. With progression of time, the difference between the control and treatment groups gradually decreased. At the last sampling point, the microbial community structure between treatment and control was very similar, and this similarity occurred earlier in HLJ silty clay than in BJ silty loam (Fig. 4). This indicated that in response to the invasion by thiamethoxam, the structure of the soil bacterial community underwent significant changes; some of the dominant bacterial communities were rapidly propagated, and eventually, the soil community returned to a stable state within a certain period.

Furthermore, by analyzing the population's sensitivity to thiamethoxam treatment, we obtained bacterial groups that responded with significant changes (Fig. 6). The special functions of some of these bacteria have been confirmed in previous studies: *Actinobacteria*, *Gemmatimonadetes*, and *Nitrospirae* have been shown to be BCA and PGPR. These bacteria and fungi are naturally associated with plants and have a beneficial effect on plant growth by alleviating biotic and abiotic stresses. At the same time, BCA and PGPR has been viewed as an alternative to the use of chemical pesticides and fertilizers (Palaniyandi et al., 2013; Reddy and Saravanan, 2013; Pieterse et al., 2014; Liu et al., 2019). However, the treatment of thiamethoxam in this study reduced the abundance of these beneficial bacteria. In a sense, these changes may also affect the growth of plants that are naturally interdependent with these bacteria; this hypothesis should be confirmed by further research.

Some bacteria that increased in abundance after being treated with thiamethoxam have the function of degrading pollutants. For example, in the BJ silty loam, the phyla *Deinococcus-Thermus* and *Firmicutes* were the dominant populations of almost all sampling points after thiamethoxam treatment (Fig. 6), which was similar to the conclusions obtained in previous studies. Their research confirmed that *Deinococcus-Thermus* and *Firmicutes* are the dominant microorganisms for pollutant degradation (Huang et al., 2005; Desai et al., 2009; Sanchez et al., 2013; Gao et al., 2015). In HLJ silty clay samples, the abundance of *Actinobacteria* was reduced after treatment with thiamethoxam, and the abundance of *Proteobacteria*, *Patescibacteria*, *Bacteroidetes*, *Rokubacteria*, and others were strengthened (Fig. S2). These predominant populations were also the main degrading bacterial groups in previous research, such as oil degradation and polycyclic aromatic hydrocarbon degradation (Vinas et al., 2005; Hazen et al., 2010; Sutton et al., 2013).

In recent years, metagenomics has eliminated the dilemma of being unable to study and analyze more than 95% of the microorganisms that cannot be cultured in the environment, and has opened a window to the phylogeny and metabolic diversity of the microbial community. Related work has studied the effects of pesticides and other soil contaminants on

the metabolic processes of the carbon and nitrogen cycles in the soil, and the mining of related degradation genes and their hosts.

Fungicides (hexaconazole (Ju et al., 2017)), herbicides (fluralin) (Du et al., 2018), and fumigants (1,3-dichloropropene) (Fang et al., 2019) all affected the nitrogen metabolism by inhibiting key nitrogen cycle genes in the soil. Common agricultural soil pollutant, plasticizer dibutyl phthalate (DBP) contamination enhanced the gene abundances of the carbon, nitrogen and sulfur metabolism in black soils in the short term (Xu et al., 2018). Fang et al. (2018a, 2014) combined metagenomics technology with BDG and PDG gene database, and discovered some pesticide degradation genes and their potential microbial hosts, and revealed the potential biodegradation pathways of certain persistent pesticides. However, relevant research on NIs has not been performed. To the best of our knowledge, this is the first study to analyze the changes in multiple metabolic and signal transduction processes in soil after thiamethoxam treatment. Overall, the addition of thiamethoxam insignificantly promoted or inhibited various metabolic processes in the soil (Fig. 7). However, the gene abundance of certain key processes changed significantly. Although the experiment monitored changes in related metabolic genes, to confirm changes in actual metabolic function requires further studies at the enzyme or compound level.

Through comparison with the BDG and PDG database, 18 BDGs and 5 PDGs subtypes were identified (Fig. S7, Fig. S8). Thiamethoxam treatment significantly increased the abundance of some BDGs and PDGs, such as cytochrome P450. Cytochrome P450 is an important enzyme in the metabolism of Nis (Ford and Casida, 2008; Shi et al., 2009; Casida, 2011; Wang et al., 2019). Some potential hosts of P450 degradation genes were identified, including *Rhodococcus*. Research shows that *Rhodococcus* efficiently degrades aromatic compound pollutants, persistent organic pollutants, and pesticides (Behki et al., 1993; Seto et al., 1995; Martinkova et al., 2009), while *Azohydromonas* is the dominant genus in soil after pesticide use or fertilization (Li et al., 2018; Lin et al., 2018). *Variovorax* is also the main degrading bacteria for some pesticides and petroleum pollutants (Horemans et al., 2013; Villaverde et al., 2017; Martinkova et al., 2009). However, there are no reports on the degradation of NIs by these bacteria. Thus, these findings may promote the progress of neonicotinoid degradation research.

5. Conclusion

In summary, thiamethoxam treatment significantly affected the soil bacterial abundance in the short term, which reduced the microbial diversity and changed the bacterial community structure; however, it soon returned to a stable state. Soil type and concentration of pesticide treatment were important factors affecting the structure of bacterial communities. Some PGPR including *Actinobacteria* were found, and their populations were reduced, while pollutant-degrading bacteria including *Firmicutes* were also found, and their populations were increased. To our knowledge, this is the first study to evaluate the effects of thiamethoxam treatment on multiple metabolic processes in soil. Thiamethoxam treatment insignificantly promoted or inhibited a number of soil metabolic processes from an overall view. The abundance of certain key genes in multiple metabolic processes changed significantly. In addition, this study was the first to determine the subtypes of 18 BDGs and 5 PDGs in soil treated with thiamethoxam. Thiamethoxam treatment significantly increased the abundance of BDGs and PDGs in the two soils in the short term. Some degradation genes, such as P450, and their potential important hosts were identified. The data and obtained from the study and the conclusions drawn promote the safety evaluation and degradation-related research on neonicotinoid pesticides in soil.

CRedit authorship contribution statement

Changcai Wu: Conceptualization, Methodology, Validation, Writing - original draft, Writing - review & editing. **Zhinan Wang:** Investigation, Data curation, Formal analysis, Methodology. **Yan Ma:** Validation,

Investigation, Methodology. **Junyu Luo**: Data curation, Formal analysis, Methodology. **Xueke Gao**: Data curation, Formal analysis. **Jun Ning**: Data curation, Supervision. **Xiangdong Mei**: Formal analysis, Resources. **Dongmei She**: Resources, Supervision, Writing - review & editing.

Declaration of Competing Interest

The authors declare that they have no known competing financial interests or personal relationships that could have appeared to influence the work reported in this paper.

Acknowledgements

This work was supported by grants from the National Key Research and Development Program of China (Grant No. 2016YFD0200201) and the National Natural Science Foundation of China (Grant No. 31772175 and 31621064).

Conflict of interest

There are no conflicts of interest to declare.

Appendix A. Supporting information

Supplementary data associated with this article can be found in the online version at doi:10.1016/j.jhazmat.2020.124275.

References

- Bahram, M., Hildebrand, F., Forslund, S.K., Anderson, J.L., Soudzilovskaia, N.A., Bodegom, P.M., Bengtsson-Palme, J., Anslan, S., Coelho, L.P., Harend, H., Huerta-Cepas, J., Medema, M.H., Maltz, M.R., Mundry, S., Olsson, P.A., Pent, M., Polme, S., Sunagawa, S., Ryberg, M., Tedersoo, L., Bork, P., 2018. Structure and function of the global topsoil microbiome. *Nature* 560, 233–237.
- Behki, R., Topp, E., Dick, W., Germon, P., 1993. Metabolism of the herbicide atrazine by *Rhodococcus* strains. *Appl. Environ. Microbiol.* 59, 1955–1959.
- Cycon, M., Piotrowska-Seget, Z., 2015. Biochemical and microbial soil functioning after application of the insecticide imidacloprid. *J. Environ. Sci.* 27, 147–158.
- Cycon, M., Markowicz, A., Borymski, S., Wojcik, M., Piotrowska-Seget, Z., 2013. Imidacloprid induces changes in the structure, genetic diversity and catabolic activity of soil microbial communities. *J. Environ. Manag.* 131, 55–65.
- Cycon, M., Mroziak, A., Piotrowska-Seget, Z., 2019. Antibiotics in the soil environment-degradation and their impact on microbial activity and diversity. *Front. Microbiol.* 10, 338.
- Desai, C., Parikh, R.Y., Vaishnav, T., Shouche, Y.S., Madamwar, D., 2009. Tracking the influence of long-term chromium pollution on soil bacterial community structures by comparative analyses of 16S rRNA gene phylogenies. *Res. Microbiol.* 160, 1–9.
- Doran, J.W., Zeiss, M.R., 2000. Soil health and sustainability: managing the biotic component of soil quality. *Appl. Soil Ecol.* 15, 3–11.
- E.F.S. Authority, 2013. Conclusion on the peer review of the pesticide risk assessment for bees for the active substance thiamethoxam. *EFSA J.* 11, 3067.
- Bastian, M., Heymann, S., Jacomy, M. *Gephi: An Open Source Software for Exploring and Manipulating Networks*, in: *international conference on weblogs and social media*, 2009.
- Bonmatin, J.M., Giorio, C., Girolami, V., Goulson, D., Kreuzweiser, D.P., Krupke, C., Liess, M., Long, E., Marzaro, M., Mitchell, E.A., Noome, D.A., Simon-Delso, N., Tapparo, A., 2015. Environmental fate and exposure; neonicotinoids and fipronil. *Environ. Sci. Pollut. Res. Int.* 22, 35–67.
- Casida, J.E., 2011. Neonicotinoid metabolism: compounds, substituents, pathways, enzymes, organisms, and relevance. *J. Agric. Food Chem.* 59, 2923–2931.
- Douglas, M.R., Tooker, J.F., 2015. Large-scale deployment of seed treatments has driven rapid increase in use of neonicotinoid insecticides and preemptive pest management in US field crops. *Environ. Sci. Technol.* 49, 5088–5097.
- Du, P., Wu, X., Xu, J., Dong, F., Liu, X., Zheng, Y., 2018. Effects of tri fl uralin on the soil microbial community and functional groups involved in nitrogen cycling. *J. Hazard. Mater.* 353, 204–213.
- Elbert, A., Haas, M., Springer, B., Thielert, W., Nauen, R., 2008. Applied aspects of neonicotinoid uses in crop protection. *Pest Manag. Sci.* 64, 1099–1105.
- Fang, H., Cai, L., Yang, Y., Ju, F., Li, X., Yu, Y., Zhang, T., 2014. Metagenomic analysis reveals potential biodegradation pathways of persistent pesticides in freshwater and marine sediments. *Sci. Total Environ.* 470–471, 983–992.
- Fang, H., Zhang, H., Han, L., Mei, J., Ge, Q., Long, Z., Yu, Y., 2018. Exploring bacterial communities and biodegradation genes in activated sludge from pesticide wastewater treatment plants via metagenomic analysis. *Environ. Pollut.* 243, 1206–1216.
- Fang, W., Yan, D., Wang, X., Huang, B., Wang, X., Liu, J., Liu, X., Li, Y., Ouyang, C., Wang, Q., Cao, A., 2018. Responses of nitrogen-cycling microorganisms to dazomet fumigation. *Front. Microbiol.* 9.
- Fang, W., Yan, D., Wang, Q., Huang, B., Ren, Z., Wang, X., Wang, X., Li, Y., Ouyang, C., Migheli, Q., Cao, A., 2019. Changes in the abundance and community composition of different nitrogen cycling groups in response to fumigation with 1,3-dichloropropene. *Sci. Total Environ.* 650, 44–55.
- Ford, K.A., Casida, J.E., 2008. Comparative metabolism and pharmacokinetics of seven neonicotinoid insecticides in spinach. *J. Agric. Food Chem.* 56, 10168–10175.
- Gao, Y.-c., Wang, J.-n., Guo, S.-h., Hu, Y.-L., Li, T.-t., Mao, R., Zeng, D.-H., 2015. Effects of salinization and crude oil contamination on soil bacterial community structure in the Yellow River Delta region, China. *Appl. Soil Ecol.* 86, 165–173.
- Garcera, C., Molto, E., Chueca, P., 2017. Spray pesticide applications in Mediterranean citrus orchards: canopy deposition and off-target losses, 599–600 *Sci. Total Environ.* 599–600, 1344–1362.
- GB/T, 31270.1–2014, *Test Guidelines on Environmental Safety Assessment for Chemical Pesticides-Part 16: Soil Microorganism Toxicity Test*, (2014).
- Hallmann, C.A., Foppen, R.P.B., van Turnhout, C.A.M., de Kroon, H., Jongejans, E., 2014. Declines in insectivorous birds are associated with high neonicotinoid concentrations. *Nature* 511, 341–343.
- Han, Ying, W., Shen, X., 2018. Human exposure to neonicotinoid insecticides and the evaluation of their potential toxicity: an overview. *Chemosphere* 192, 59–65.
- Hazen, T.C., Dubinsky, E.A., DeSantis, T.Z., Andersen, G.L., Piceno, Y.M., Singh, N., Jansson, J.K., Probst, A., Borglin, S.E., Fortney, J.L., Stringfellow, W.T., Bill, M., Conrad, M.E., Tom, L.M., Chavarria, K.L., Alusi, T.R., Lamendella, R., Joyner, D.C., Spier, C., Baelum, J., Auer, M., Zemla, M.L., Chakraborty, R., Sonenthal, E.L., D'Haeseleer, P., Holman, H.Y., Osman, S., Lu, Z., Van Nostrand, J.D., Deng, Y., Zhou, J., Mason, O.U., 2010. Deep-sea oil plume enriches indigenous oil-degrading bacteria. *Science* 330, 204–208.
- Hladik, M.L., Main, A.R., Goulson, D., 2018. Environmental risks and challenges associated with neonicotinoid insecticides. *Environ. Sci. Technol.* 52, 3329–3335.
- Foremans, B., Vandermaesen, J., Vanhaecke, L., Smolders, E., Springael, D., 2013. Variovorax sp.-mediated biodegradation of the phenyl urea herbicide linuron at micropollutant concentrations and effects of natural dissolved organic matter as supplementary carbon source. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 97, 9837–9846.
- Huang, L.N., Zhu, S., Zhou, H., Qu, L.H., 2005. Molecular phylogenetic diversity of bacteria associated with the leachate of a closed municipal solid waste landfill. *FEMS Microbiol. Lett.* 242, 297–303.
- I.W.G. WRB, *World Reference Base for Soil Resources 2014, update 2015 international soil classification system for naming soils and creating legends for soil maps, World Soil Resources Reports, No. 106 2015*.
- Itoh, H., Navarro, R., Takeshita, K., Tago, K., Hayatsu, M., Hori, T., Kikuchi, Y., 2014. Bacterial population succession and adaptation affected by insecticide application and soil spraying history. *Front. Microbiol.* 5, 457.
- Jensen, P.K., Olesen, M.H., 2014. Spray mass balance in pesticide application: a review. *Crop Prot.* 61, 23–31.
- Jeschke, P., Schindler, R., Elbert, M.A., 2011. Overview of the status and global strategy for neonicotinoids. *J. Agric. Food Chem.* 59, 2897–2908.
- Jia, Y., Khanal, S.K., Shu, H., Zhang, H., Chen, G.H., Lu, H., 2018. Ciprofloxacin degradation in anaerobic sulfate-reducing bacteria (SRB) sludge system: mechanism and pathways. *Water Res.* 136, 64–74.
- Ju, C., Xu, J., Wu, X., Dong, F., Liu, X., Tian, C., Zheng, Y., 2017. Effects of hexaconazole application on soil microbes community and nitrogen transformations in paddy soils. *Sci. Total Environ.* 609, 655–663.
- Ju, F., Xia, Y., Guo, F., Wang, Z., Zhang, T., 2014. Taxonomic relatedness shapes bacterial assembly in activated sludge of globally distributed wastewater treatment plants. *Environ. Microbiol.* 16, 2421–2432.
- Karas, P.A., Baguelin, C., Pertile, G., Papadopoulou, E.S., Nikolaki, S., Storck, V., Ferrari, F., Trevisan, M., Ferrarini, A., Fornasier, F., Vasileiadis, S., Tsimis, G., Martin-Laurent, F., Karpouzias, D.G., 2018. Assessment of the impact of three pesticides on microbial dynamics and functions in a lab-to-field experimental approach. *Sci. Total Environ.* 637–638, 636–646.
- Li, B., Yang, Y., Ma, L., Ju, F., Guo, F., Tiedje, J.M., Zhang, T., 2015. Metagenomic and network analysis reveal wide distribution and co-occurrence of environmental antibiotic resistance genes. *The ISME J.* 9, 2490–2502.
- Li, Y., Li, X., Sun, Y., Zhao, X., Li, Y., 2018. Cathodic microbial community adaptation to the removal of chlorinated herbicide in soil microbial fuel cells. *Environ. Sci. Pollut. Res. Int.* 25, 16900–16912.
- Lin, Y., Ye, G., Liu, D., Ledgard, S., Luo, J., Fan, J., Yuan, J., Chen, Z., Ding, W., 2018. Long-term application of lime or pig manure rather than plant residues suppressed diazotroph abundance and diversity and altered community structure in an acidic ultisol. *Soil Biol. Biochem.* 123, 218–228.
- Liu, K., Cai, M., Hu, C., Sun, X., Cheng, Q., Jia, W., Yang, T., Nie, M., Zhao, X., 2019. Selenium (Se) reduces Sclerotinia stem rot disease incidence of oilseed rape by increasing plant Se concentration and shifting soil microbial community and functional profiles. *Environ. Pollut.* 254, 113051.
- Lourenco, K.S., Suleiman, A.K.A., Pijl, A., van Veen, J.A., Cantarella, H., Kuramae, E.E., 2018. Resilience of the resident soil microbiome to organic and inorganic amendment disturbances and to temporary bacterial invasion. *Microbiome* 6, 142.
- Ma, Y., Prasad, M.N., Rajkumar, M., Freitas, H., 2011. Plant growth promoting rhizobacteria and endophytes accelerate phytoremediation of metalliferous soils. *Biotechnol. Adv.* 29, 248–258.
- Mahapatra, B., Adak, T., Patil, N.K.B., Pandi, G.G., Gowda, G.B., Jambhulkar, N.N., Yadav, M.K., Panneerselvam, P., Kumar, U., Munda, S., Jena, M., 2017. Imidacloprid application changes microbial dynamics and enzymes in rice soil. *Ecotoxicol. Environ. Saf.* 144, 123–130.

ARTICLE IN PRESS

C. Wu et al.

Journal of Hazardous Materials xxx (xxxx) xxx

- Martinkova, L., Uhnakova, B., Patek, M., Nesvera, J., Kren, V., 2009. Biodegradation potential of the genus *Rhodococcus*. *Environ. Int.* 35, 162–177.
- Palaniyandi, S.A., Yang, S.H., Zhang, L., Suh, J.W., 2013. Effects of actinobacteria on plant disease suppression and growth promotion. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 97, 9621–9636.
- Pang, S., Lin, Z., Zhang, W., Mishra, S., Bhatt, P., Chen, S., 2020. Insights Into the Microbial Degradation and Biochemical Mechanisms of Neonicotinoids. *Front. Microbiol.* 11, 868.
- Pieterse, C.M., Zamioudis, C., Berendsen, R.L., Weller, D.M., Van Wees, S.C., Bakker, P. A., 2014. Induced systemic resistance by beneficial microbes. *Annu. Rev. Phytopathol.* 52, 347–375.
- Pimentel, D., Levitan, L., 1986. Pesticides: amounts applied and amounts reaching pests. Often, less than 0.1% of pesticides applied to crops reaches target pests. *BioScience* 36, 86–91.
- Reddy, C.A., Saravanan, R.S., 2013. Polymicrobial multi-functional approach for enhancement of crop productivity. *Adv. Appl. Microbiol.* 82, 53–113.
- Rundlof, M., Andersson, G.K.S., Bommarco, R., Fries, I., Hederstrom, V., Herbertsson, L., Jonsson, O., Klatt, B.K., Pedersen, T.R., Yourstone, J., Smith, H.G., 2015. Seed coating with a neonicotinoid insecticide negatively affects wild bees. *Nature* 521, 77–80.
- Sanchez, O., Ferrera, I., Gonzalez, J.M., Mas, J., 2013. Assessing bacterial diversity in a seawater-processing wastewater treatment plant by 454-pyrosequencing of the 16S rRNA and amoA genes. *Micro. Biotechnol.* 6, 435–442.
- Segata, N., Izard, J., Waldron, L., Gevers, D., Miropolsky, L., Garrett, W.S., Huttenhower, C., 2011. Metagenomic biomarker discovery and explanation. *Genome Biol.* 12, 1–18.
- Seto, M., Kimbara, K., Shimura, M., Hatta, T., Fukuda, M., Yano, K., Novel, A., 1995. Transformation of polychlorinated biphenyls by *Rhodococcus* sp. Strain RHA1. *Appl. Environ. Microbiol.* 61, 3353–3358.
- Shi, X., Dick, R.A., Ford, K.A., Casida, J.E., 2009. Enzymes and inhibitors in neonicotinoid insecticide metabolism. *J. Agric. Food Chem.* 57, 4861–4866.
- Singh, B.K., Walker, A., 2006. Microbial degradation of organophosphorus compounds. *FEMS Microbiol. Rev.* 30, 428–471.
- Stewart, S.D., Lorenz, G.M., Catchot, A.L., Gore, J., Cook, D., Skinner, J., Mueller, T.C., Johnson, D.R., Zawislak, J., Barber, J., 2014. Potential exposure of pollinators to neonicotinoid insecticides from the use of insecticide seed treatments in the Mid-Southern United States. *Environ. Sci. Technol.* 48, 9762–9769.
- Su, J.Q., Ding, L.J., Xue, K., Yao, H.Y., Quensen, J., Bai, S.J., Wei, W.X., Wu, J.S., Zhou, J., Tiedje, J.M., Zhu, Y.G., 2015. Long-term balanced fertilization increases the soil microbial functional diversity in a phosphorus-limited paddy soil. *Mol. Ecol.* 24, 136–150.
- Sutton, N.B., Maphosa, F., Morillo, J.A., Abu Al-Soud, W., Langenhoff, A.A., Grotenhuis, T., Rijnaarts, H.H., Smidt, H., 2013. Impact of long-term diesel contamination on soil microbial community structure. *Appl. Environ. Microbiol.* 79, 619–630.
- Tallur, P.N., Megadi, V.B., Ninnekar, H.Z., 2008. Biodegradation of cypermethrin by *Micrococcus* sp. strain CPN 1. *Biodegradation* 19, 77–82.
- Van Der Heijden, M.G., Bardgett, R.D., Van Straalen, N.M., 2008. The unseen majority: soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems. *Ecol. Lett.* 11, 296–310.
- Villaverde, J., Rubio-Bellido, M., Merchan, F., Morillo, E., 2017. Bioremediation of diuron contaminated soils by a novel degrading microbial consortium. *J. Environ. Manag.* 188, 379–386.
- Vinas, M., Sabate, J., Espuny, M.J., Solanas, A.M., 2005. Bacterial community dynamics and polycyclic aromatic hydrocarbon degradation during bioremediation of heavily creosote-contaminated soil. *Appl. Environ. Microbiol.* 71, 7008–7018.
- Wagg, C., Bender, S.F., Widmer, F., van der Heijden, M.G., 2014. Soil biodiversity and soil community composition determine ecosystem multifunctionality. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 111, 5266–5270.
- Wang, J., Ohno, H., Ide, Y., Ichinose, H., Mori, T., Kawagishi, H., Hirai, H., 2019. Identification of the cytochrome P450 involved in the degradation of neonicotinoid insecticide acetamiprid in *Phanerochaete chrysosporium*. *J. Hazard. Mater.* 371, 494–498.
- Wang, Y.S., Huang, Y.J., Chen, W.C., Yen, J.H., 2009. Effect of carbendazim and pencycuron on soil bacterial community. *J. Hazard. Mater.* 172, 84–91.
- Wasi, S., Tabrez, S., Ahmad, M., 2013. Use of *Pseudomonas* spp. for the bioremediation of environmental pollutants: a review. *Environ. Monit. Assess.* 185, 8147–8155.
- Wu, M., Li, G., Chen, X., Liu, J., Liu, M., Jiang, C., Li, Z., 2018. Rational dose of insecticide chlorantraniliprole displays a transient impact on the microbial metabolic functions and bacterial community in a silty-loam paddy soil. *Sci. Total Environ.* 616–617, 236–244.
- Xie, C., Mao, X., Huang, J., Ding, Y., Wu, J., Dong, S., Kong, L., Gao, G., Li, C., Wei, L., 2011. KOBAS 2.0: a web server for annotation and identification of enriched pathways and diseases. *Nucleic Acids Res.* 39, 316–322.
- Xu, W., You, Y., Wang, Z., Chen, W., Zeng, J., Zhao, X., Su, Y., 2018. Dibutyl phthalate alters the metabolic pathways of microbes in black soils. *Sci. Rep.* 8, 2605.
- Zaller, J.G., König, N., Tiefenbacher, A., Muraoka, Y., Querner, P., Ratzendock, A., Bonkowski, M., Koller, R., 2016. Pesticide seed dressings can affect the activity of various soil organisms and reduce decomposition of plant material. *BMC Ecol.* 16, 37.
- Zhang, C., Zhou, T., Zhu, L., Du, Z., Li, B., Wang, J., Wang, J., Sun, Y., 2019. Using enzyme activities and soil microbial diversity to understand the effects of fluoxastrobin on microorganisms in fluvo-aquic soil. *Sci. Total Environ.* 666, 89–93.
- Zhang, C., Zhou, T., Zhu, L., Juhasz, A., Du, Z., Li, B., Wang, J., Wang, J., Sun, Y., 2019. Response of soil microbes after direct contact with pyraclostrobin in fluvo-aquic soil. *Environ. Pollut.* 255, 113164.

Mémoire présenté en vue de l'obtention du Diplôme de Master

Filière : Sciences Biologiques

Spécialité : Biologie Moléculaire des Microorganismes

Titre : *Les communautés bactériennes des sols cultivés et effet des pesticides sur leur diversité et leur distribution*

Résumé

Notre mémoire se concentre sur l'étude de la microflore bactérienne présente dans les sols agricoles, en mettant particulièrement l'accent sur l'impact des pesticides. L'objectif principal de cette recherche est de montrer l'impact des pesticides sur la composition et la distribution de la microflore bactérienne tellurique. Pour atteindre notre objectif une synthèse bibliographique a été proposée. Elle traite le sol comme étant un écosystème complexe, puis elle présente une description détaillée de la microflore des sols agricoles plus particulièrement les bactéries, et met le point sur l'utilisation des pesticides. Pour mettre en évidence l'effet de ces derniers un exemple pratique a été abordé en explorant les résultats d'un article scientifique qui traite la microflore bactérienne de deux types de sol traités à l'insecticide thiaméthoxame. Enfin, une conclusion générale a été proposée, résumant les plus importantes déductions de cette étude bibliographique et proposant des perspectives d'étude qui pourront approfondir les acquis de la littérature actuelle.

Mot clés : sols agricoles, microflore bactérienne, pesticides, thiaméthoxame.

Membre du jury :

Président : ALATOU Radia (Professeur - Université des Frères Mentouri, Constantine 1).

Encadrant : ARABET Dallel (MCA - Université des Frères Mentouri, Constantine 1).

Examineur 1 : BOUCHELOUKH Warda (MCB - Université des Frères Mentouri, Constantine 1).

Examineur 2 : GACI Meriem (MCB - Université des Frères Mentouri, Constantine 1).

Présentée par : ABBOU Ines

BENSABER Khaoula

Année universitaire : 2022/2023