



# Construction d'un référentiel départemental en microbiologie des sols

## Rapport final du projet

[microbiosol.sl.chambagri.fr](http://microbiosol.sl.chambagri.fr)

un seul sol | plusieurs sols

Entrez les valeurs de votre sol (les décimales doivent être indiquées par une virgule et non par un point).

**teneur en argile (comprise entre 25 et 750 g/kg)**

**teneur en carbone organique (comprise entre 4 et 70 g/kg)**

**pH (compris entre 4 et 9)**

**longitude en Lambert 2 étendu (comprise entre 705 000 et 834 000 mètres)**

**biomasse moléculaire microbienne mesurée en µg/g (optionnel)**

Contact : Julien Halska [jhalska@sl.chambagri.fr](mailto:jhalska@sl.chambagri.fr)



## Table des matières

Remerciements .....	2
Introduction : origine et objectifs du projet .....	3
Caractérisation de l'échantillon de référence et description des valeurs d'abondance et de diversité observées .....	4
Caractérisation de l'échantillon de référence .....	4
Biomasse moléculaire microbienne .....	4
Richesses bactérienne et fongique .....	6
Déterminants abiotiques de l'abondance et de la diversité des microorganismes telluriques .....	7
Distribution géographique .....	7
Corrélations avec les paramètres physico-chimiques des sols .....	9
Effets du mode d'usage du sol et des pratiques .....	11
Mode d'usage .....	11
Pratiques sur les cultures assolées .....	11
Pratiques sur les prairies permanentes .....	13
Effets relatifs et combinés des différents facteurs .....	15
Modèles d'interprétation des indicateurs .....	17
Communication et valorisation des résultats .....	18
Conclusion .....	19

## Liste des annexes

Annexe 1 : article de presse .....	20
------------------------------------	----

## Remerciements

Nous tenons à remercier vivement :

- Les agriculteurs qui ont mis à disposition leurs parcelles dans le cadre de l'étude.
- Les financeurs qui nous ont soutenus dans ce projet novateur, sur une thématique qui prend aujourd'hui de l'ampleur : ADEME Bourgogne-Franche-Comté, Conseil Départemental de Saône-et-Loire, Conseil Régional Bourgogne-Franche-Comté, Ministère en charge de l'agriculture.
- Les collègues de l'UMR Agroécologie qui nous ont accompagnés et nous ont fait bénéficier des dernières avancées de la recherche et de leur sympathie : Lionel Ranjard, Nicolas Chemidlin-Prévost-Bouré, Samuel Dequiedt, Walid Horrigue et Céline Primot-Faivre. Une grande partie des traitements statistiques présentés ici ont été effectués par Samuel Dequiedt de l'INRA de Dijon. La quasi-totalité des illustrations de ce rapport en sont issues. Nous tenons particulièrement à le remercier pour ses travaux. Walid Horrigue est à l'origine des modèles d'interprétation présentés dans le rapport.
- Tous les collaborateurs de la Chambre d'Agriculture qui ont participé aux prélèvements et aux réflexions.

## Introduction : origine et objectifs du projet

Ce projet est né au début des années 2010 d'une rencontre entre partenaires de la recherche et du développement agricole : l'unité mixte de recherche Agroécologie de Dijon et la Chambre d'Agriculture de Saône-et-Loire. Des indicateurs de fertilité biologique des sols sont mis au point par des équipes de recherche qui souhaitent les rendre opérationnels dans le cadre des activités agricoles ("Évolution de la biodiversité bactérienne des sols | Indicateurs ONB," n.d., "Évolution de la biomasse microbienne des sols en métropole | Indicateurs ONB," n.d.). Il s'agit notamment d'indicateurs reposant sur les microorganismes des sols et qui font appel aux outils de la biologie moléculaire.

Considérant les rôles essentiels des microorganismes dans le fonctionnement des sols (recyclage des nutriments, contribution à la structure, dégradation des polluants, etc.), la Chambre d'Agriculture de Saône-et-Loire a souhaité s'associer à ces travaux. Or, l'interprétation des indicateurs sur le terrain implique de disposer de références. Et s'il existe désormais des référentiels nationaux, il est pertinent d'en développer plus localement. C'est ainsi qu'est né le projet de construction d'un référentiel départemental en microbiologie des sols.

Ce rapport constitue le bilan final du projet. Cependant il ne reprend pas en détail tous les éléments des bilans intermédiaires mais présente uniquement les nouveautés issues des travaux effectués en 2017 et 2018. Les bilans intermédiaires contenaient les éléments suivants :

- *Rapport intermédiaire de 2015 (Halska, 2015) : méthode de collecte et de traitement des données, création d'un modèle d'interprétation de la biomasse moléculaire microbienne, liens entre cette biomasse et les paramètres physico-chimiques des sols d'une part et les pratiques d'autre part.*
- *Rapport intermédiaire de 2016 (Halska, 2017) : Présentation détaillée de la base de données, échantillonnage 2016 et jeu de données final pour le référentiel, essai sur les couverts intermédiaires.*
- *Rapport intermédiaire 2017 (Halska, 2018) : actions réalisées en 2017, pas de méthode ou de résultats détaillés.*

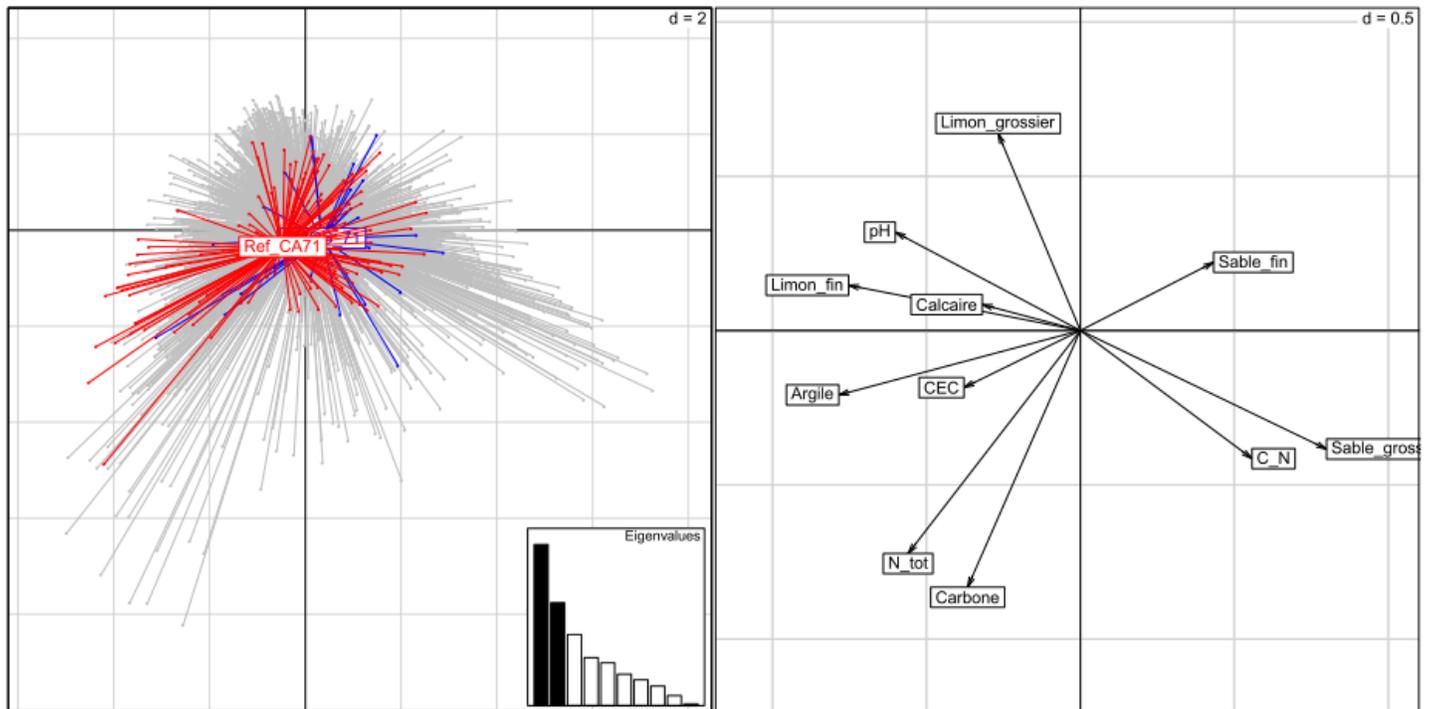
Une bonne représentativité des types de sol du département a été atteinte en 2016. Il n'était donc pas prévu d'effectuer de nouveaux prélèvements de sol. Par contre, il était à la fois nécessaire de réaliser des mesures complémentaires au laboratoire, de mettre au point des modèles d'interprétation pour la diversité bactérienne et fongique, et de valoriser les données accumulées depuis 2012 par des traitements statistiques et de la communication. Ce document présente d'abord de nouveaux éléments concernant les effets des facteurs abiotiques sur l'abondance et la diversité des microorganismes des sols (texture du sol, climat), puis ceux des pratiques culturales dans une seconde partie. La troisième partie présente les évolutions ou création de modèles d'interprétation locaux, et le rapport se termine par une présentation des communication et supports de valorisation du projet.

# Caractérisation de l'échantillon de référence et description des valeurs d'abondance et de diversité observées

## Caractérisation de l'échantillon de référence

Pour rappel, un sous-échantillon a été constitué à partir de l'ensemble des données collectées dans le cadre du projet. Il est appelé échantillon de référence et a vocation à être représentatif des sols du département. Pour plus de détails voir (Halska, 2017). Pour mieux le caractériser, des comparaisons avec les données issues du RMQS (Réseau de Mesure de la Qualité des Sols) ont été effectuées.

On constate ainsi que les données de l'échantillon de référence explorent une plus grande variabilité de sols sur les paramètres mesurés par rapport aux points du RMQS situés dans le département. (Figure 1, paramètres pris en compte visibles à droite de la figure). Par rapport aux données nationales, notre échantillon local explore des sols riches en argile ou en limons. Les données nationales comprennent par contre des sols beaucoup plus riches en matière organique et d'autres très riches en sables. Les barycentres de ces trois jeux de données sont proches. Ce sont donc des sols présentant des valeurs extrêmes sur les paramètres pris en compte qui les différencient mais pas les valeurs moyennes.



## Biomasse moléculaire microbienne

La Figure 2 présente la distribution des valeurs de biomasse moléculaire microbienne de l'échantillon de référence. La moyenne est de 69 g d'ADN / g de sol. La moitié des données est comprise entre 33 et 94 µg d'ADN / g de sol. En tendance, les valeurs sont plus élevées dans l'échantillon de référence que dans les données départementales ou nationales du RMQS (Figure 3). Cela est sans doute lié à l'importance des surfaces en prairie permanentes dans le département. Comme cela a déjà été démontré dans le cadre du projet, ce mode d'usage est en général associé à des teneurs élevées en matière organique, ce qui est favorable à l'abondance des microorganismes. La gamme de variation explorée dans l'échantillon de référence est également plus importante que dans les données du RMQS pour la Saône-et-Loire, ce qui n'est pas surprenant du fait du nombre plus important de points de prélèvement.

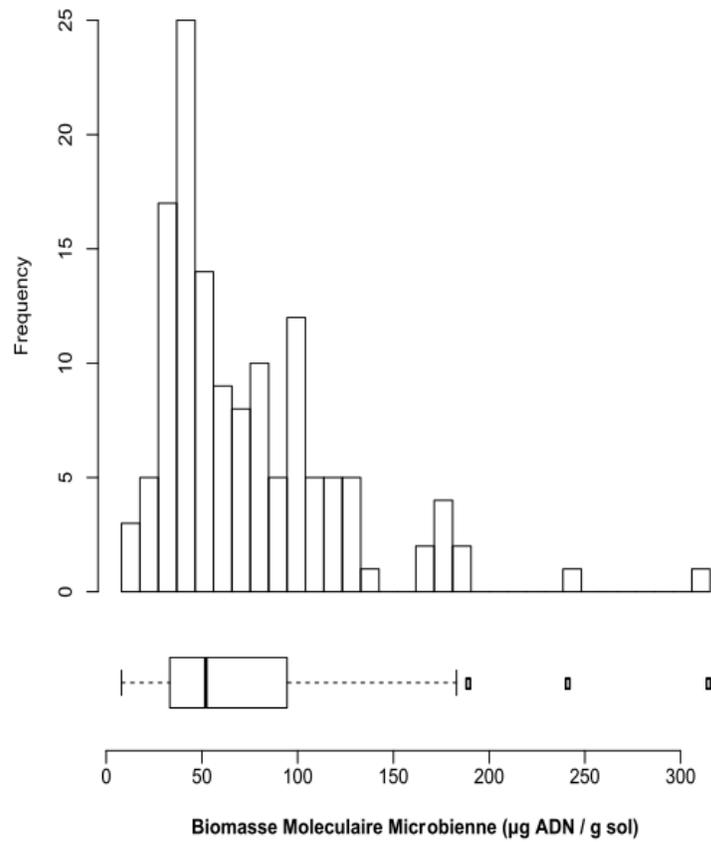


Figure 2. Distribution des valeurs de biomasse moléculaire microbienne de l'échantillon de référence.

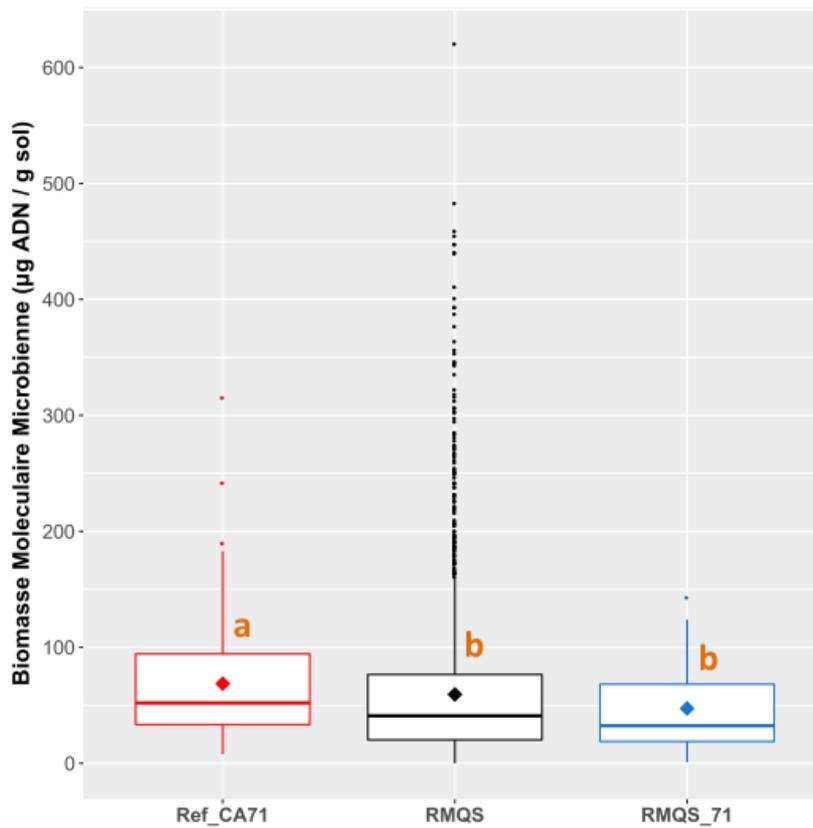


Figure 3. Comparaison des distributions d'abondance de microorganismes entre l'échantillon de référence (Ref\_CA71), les données départementales du RMQS et les données nationales du RMQS.

## Richesses bactérienne et fongique

51 nouvelles mesures de diversité (fongique + bactérienne) étaient prévues en 2016. Ces analyses ont pris du retard mais ce sont finalement tous les échantillons prévus ainsi que ceux qui avaient fait l'objet d'une telle analyse dans le passé (échantillons conservés par GenoSol) qui ont bénéficié d'une nouvelle analyse. Cette démarche a été entreprise afin de garantir une plus grande homogénéité dans les résultats malgré les évolutions des méthodes de laboratoire. De plus, les méthodes de bio-informatique nécessaires à l'obtention des indicateurs ont été modifiées pour les rendre plus précises et pertinentes (méthodes de classement des séquences identifiées via le séquençage).

La diversité des microorganismes est évaluée séparément pour les bactéries d'une part et pour les champignons d'autre part. Elle est ici mesurée par la richesse, qui correspond à un nombre de taxons différents identifiés par une méthode de classification. Ils sont différents des taxons constitués par assignation taxonomique qui amène à des identifications de phylums, genres, espèces.

Dans l'échantillon de référence, les richesses bactériennes vont de 1759 à 3189 taxons, tandis que les richesses fongiques vont de 497 à 1775 taxons (Figure 4). Dans les deux cas la distribution a une forme gaussienne, qui est cependant plus étalée dans le cas des bactéries.

La Figure 5 montre que les richesses moyennes sont comparables entre l'échantillon de référence et les données du RMQS. La moyenne et la médiane de l'échantillon de référence est cependant un peu plus élevée que celles des autres jeux de données pour les bactéries. La gamme de valeurs explorée à l'échelle du département recouvre une très large part de celle explorée au niveau national, qui contient néanmoins des valeurs plus extrêmes. Les faibles valeurs obtenues dans les jeux de données issus du RMQS s'expliquent par le fait que la mesure n'a pas encore été effectuée sur l'ensemble des échantillons de sol recueillis. Le jeu de données n'est donc pas complet et la gamme explorée est probablement en réalité bien plus importante.

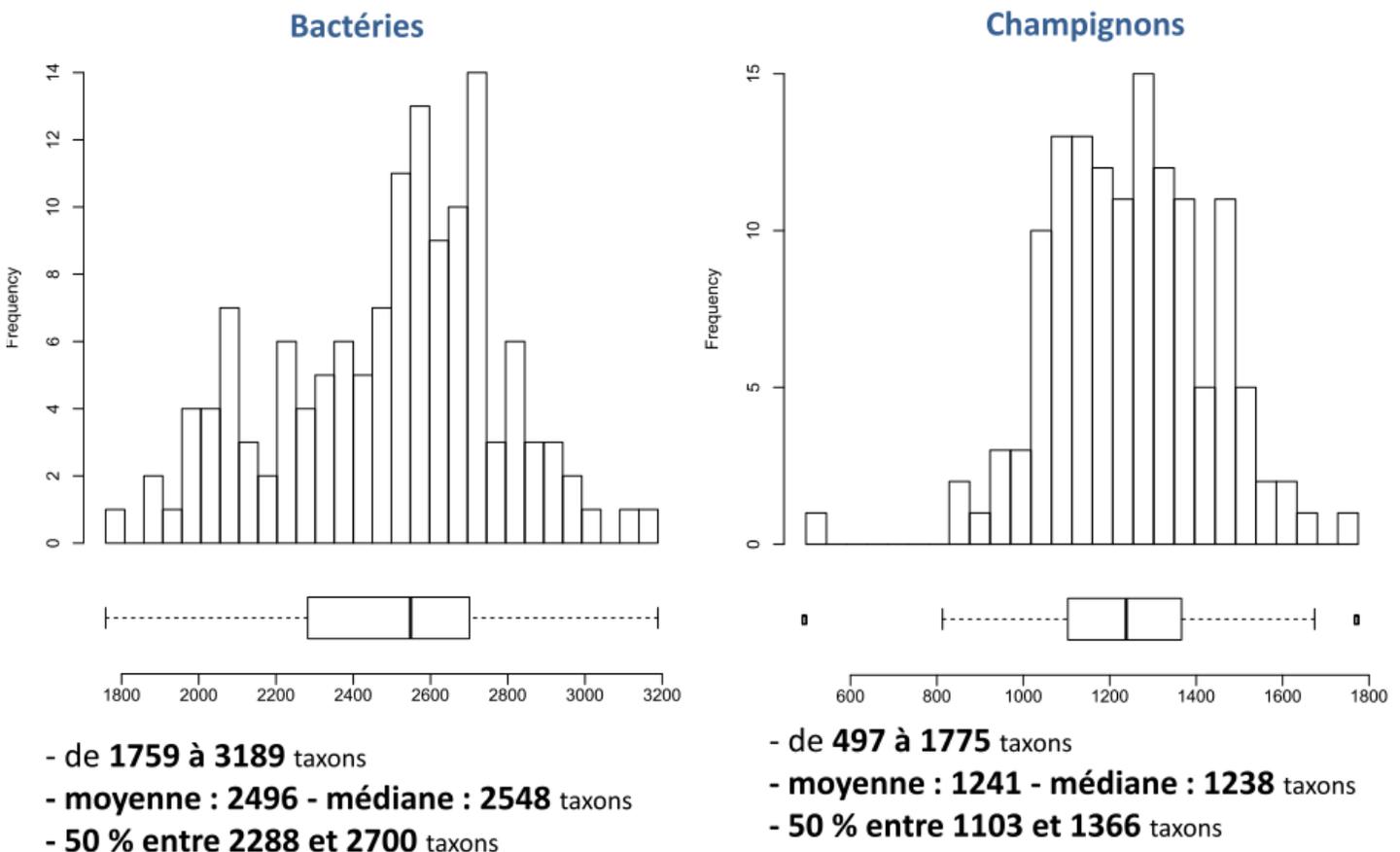


Figure 4. Distribution des nombres de taxons fongiques et bactériens dans l'échantillon de référence départemental.

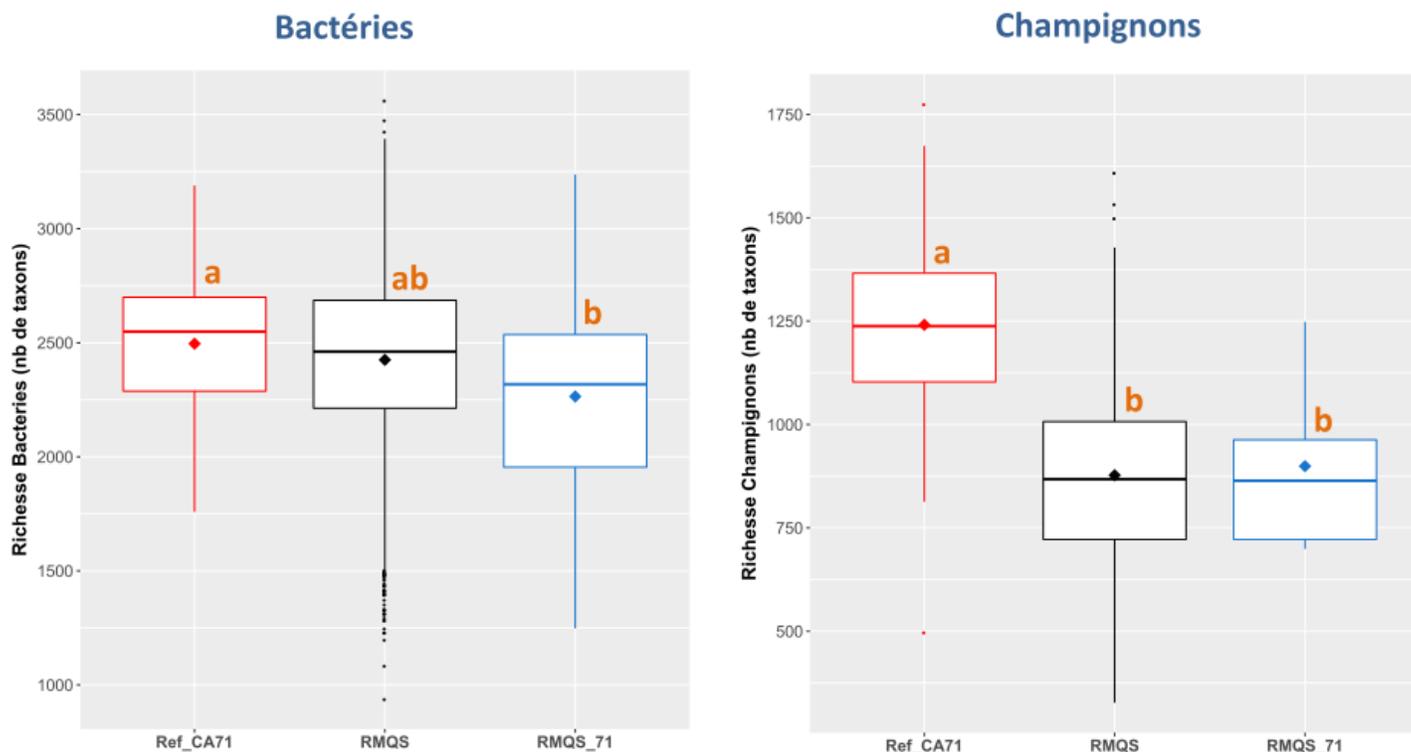


Figure 5. Comparaison des richesses pour trois jeux de données. Pour les champignons tous les échantillons de sol du RMQS n'ont pas été analysés, ce qui peut expliquer des richesses moindres.

## Déterminants abiotiques de l'abondance et de la diversité des microorganismes telluriques

Les déterminants abiotiques comprennent la dispersion géographique d'une part, et les paramètres physico-chimiques des sols d'autre part (texture, teneur en carbone organique, richesse en phosphore, etc.).

### Distribution géographique

Au niveau national, le RMQS a permis de cartographier l'abondance des microorganismes du sol. A cette échelle, une répartition spatiale non aléatoire est observable à la fois pour l'abondance et pour la diversité bactérienne (Figure 6 et Figure 7). Ces données ne sont pas disponibles pour les champignons. Cette répartition est le fruit de facteurs environnementaux également observables à cette échelle.

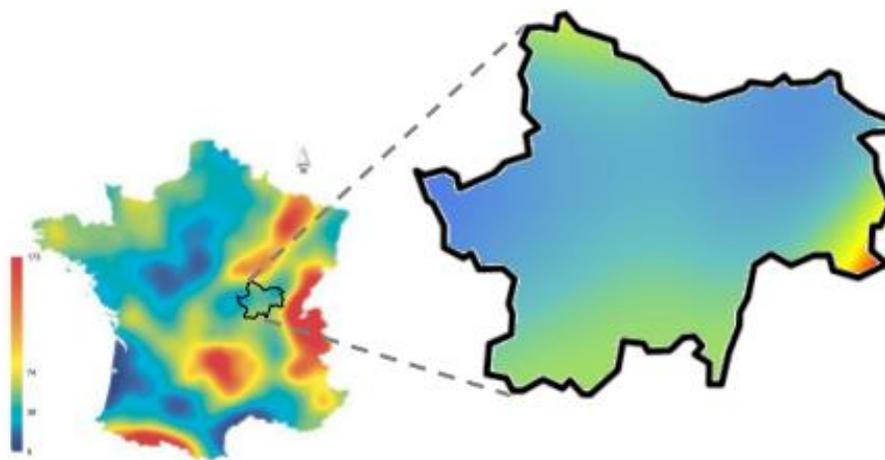


Figure 6. Cartographie nationale de l'abondance des microorganismes du sol (données RMQS) : zoom sur la Saône-et-Loire.

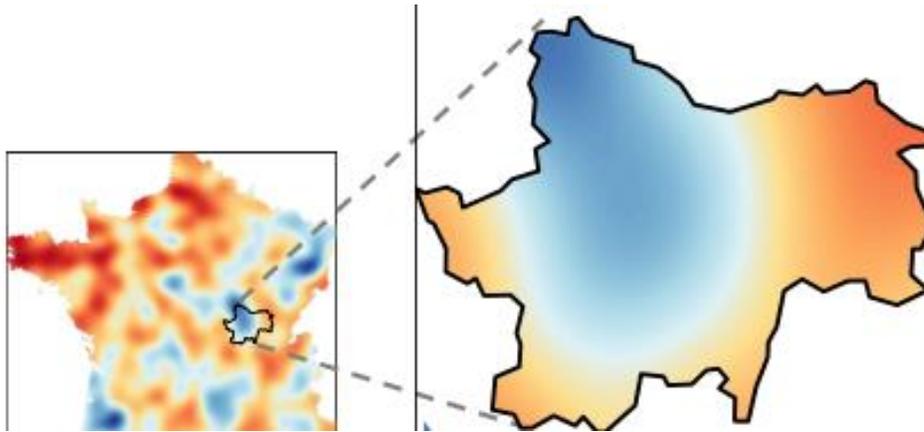


Figure 7. Cartographie nationale de la diversité (richesse) des microorganismes du sol (données RMQS) : zoom sur la Saône-et-Loire.

Pour l'abondance des microorganismes, ce n'est pas le cas à l'échelle départementale avec les données accumulées, ce qui indique que de la variabilité à courte distance a été captée alors qu'elle a échappé aux prélèvements du RMQS (Figure 8). Afin de traduire malgré cela de manière visuelle les références acquises à l'échelle de la Saône et Loire, une carte de la biomasse moléculaire microbienne a été produite. Pour cela, le modèle départemental a été appliqué aux données issues du programme Inventaire, Gestion et Conservation des Sols (Arrouays et al. 2004). Ces données contiennent les paramètres physico-chimiques nécessaires au modèle d'interprétation départemental (voir page 17) associées aux types de sol du territoire. Une valeur de référence a donc été calculée pour chaque unité cartographique de sol, ce qui a permis de générer la carte de la biomasse moléculaire microbienne de référence de Saône et Loire (Figure 9). Seules les surfaces en cultures assolées et en prairie permanente font partie du domaine de validité du modèle et se sont vues attribuer une valeur.

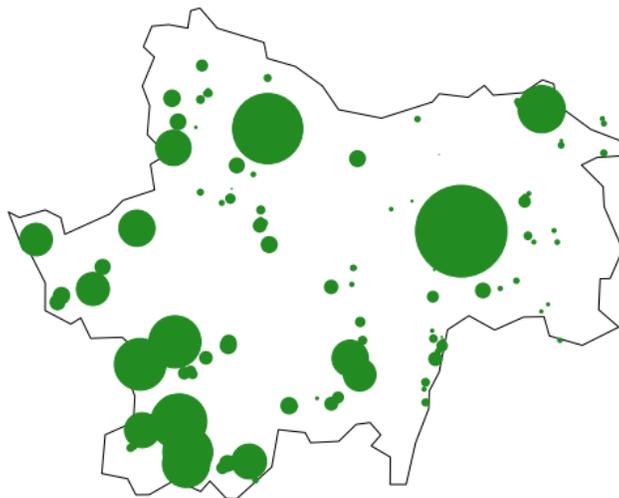


Figure 8. Etude cartographie des données d'abondance des microorganismes du sol : données de l'échantillon de référence avec des points dont la taille varie en proportion de la valeur mesurée ( $\mu\text{g}$  d'ADN / g de sol).

On identifie ainsi des zones où les valeurs de référence sont élevées, en particulier dans les vallées alluviales de l'est et du centre du département (Saône, Doubs, Grosne, Seille), sur les sommets des côtes viticoles mâconnaise et chalonaise et sur une frange est de la Bresse qui correspond à des sols argileux. Dans une moindre mesure on trouve également des valeurs élevées dans l'ouest du département sur des surfaces majoritairement en prairie. Les valeurs les plus faibles se situent sur une bande nord – sud correspondant aux sols sur granite à texture grossière, ainsi que sur les sols des basses terrasses sableuses qui encadrent la Saône. La plaine chalonaise et la Bresse présentent en majorité des valeurs intermédiaires à faibles.

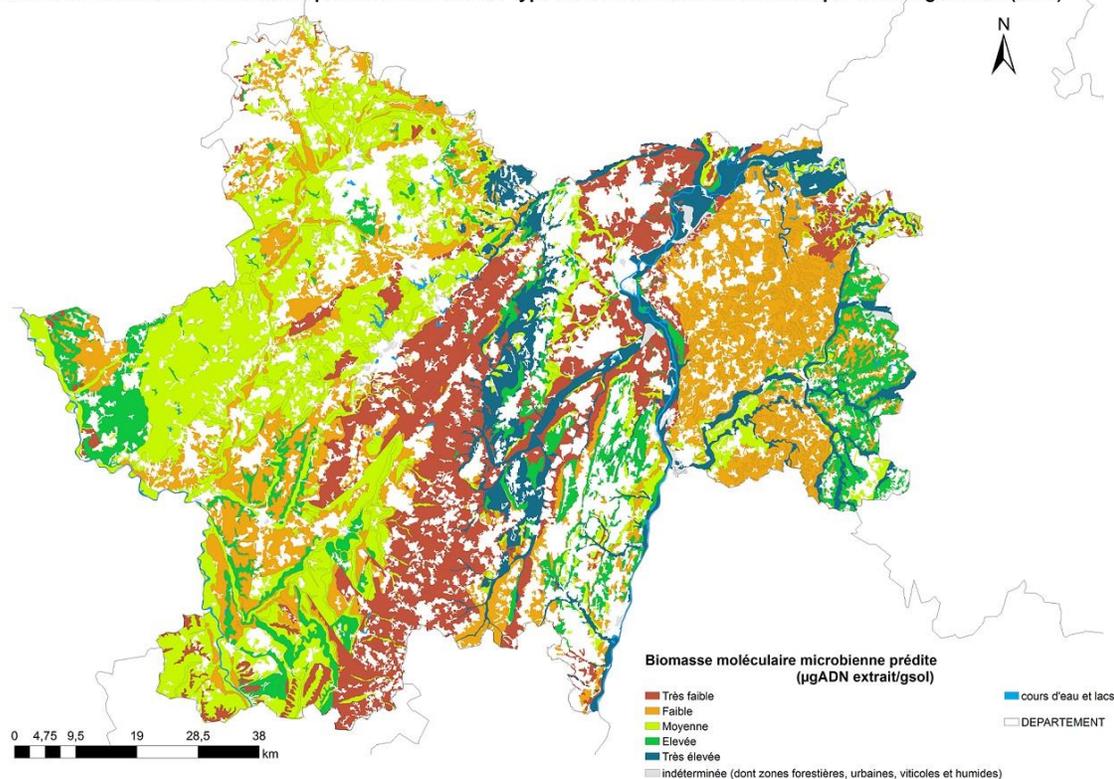


Figure 9. Carte des valeurs de référence de Biomasse moléculaire Microbienne des sols. Les valeurs de référence sont issues de la mise en œuvre du modèle départemental de Saône et Loire sur la base de données IGCS.

Dans le jeu de données départemental et pour la richesse bactérienne, une structuration spatiale apparaît, contrairement à ce qui est observé pour les champignons et pour la BMM (Figure 10). Elle est cependant différente de celle observée via les données locales du RMQS. Nous n'avons à ce stade pas d'hypothèse à proposer pour l'expliquer.

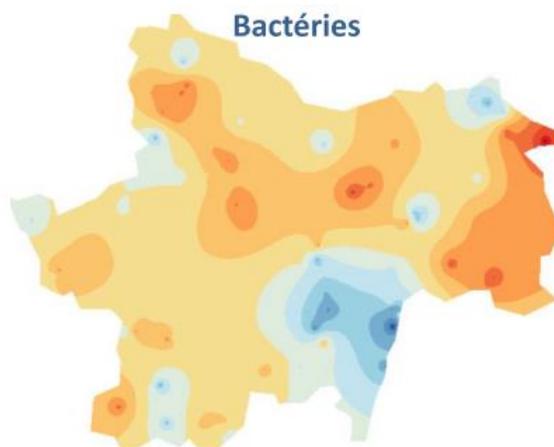


Figure 10. Modèle spatial pour la diversité bactérienne issue de l'échantillon de référence.

## Corrélations avec les paramètres physico-chimiques des sols

La biomasse moléculaire microbienne apparaît corrélée positivement aux teneurs en carbone organique et en azote total dans les données de l'échantillon de référence. Elle est également relativement bien reliée aux sols présentant des teneurs en argile et des CEC (capacité d'échange cationique) élevées. Ces paramètres (teneur en argile, CEC et teneur en carbone organique) sont généralement corrélés positivement dans les sols.

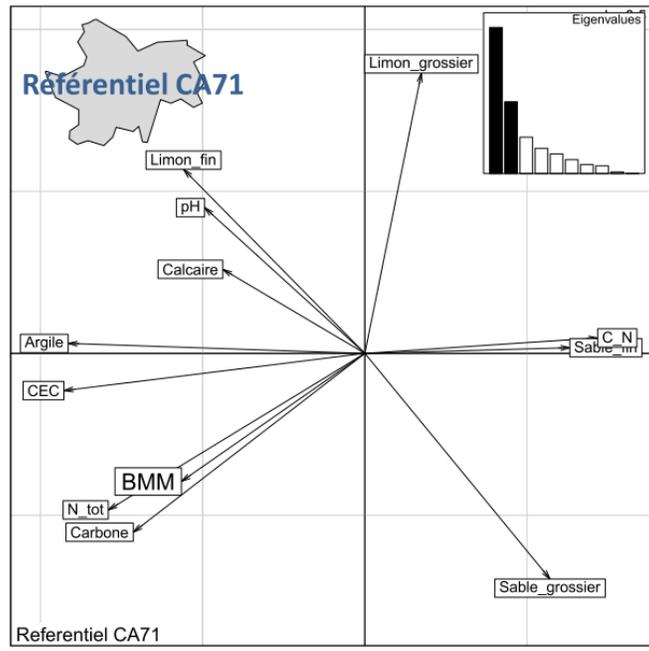


Figure 11. Analyse en composantes principales sur les caractéristiques physico-chimiques des sols avec la biomasse moléculaire microbienne en variable supplémentaire.

Les richesses élevées sont associées en tendance aux textures fines et aux C/N élevés pour les bactéries ((Figure 12). Les deux variables supplémentaires ne sont cependant pas très bien représentées.

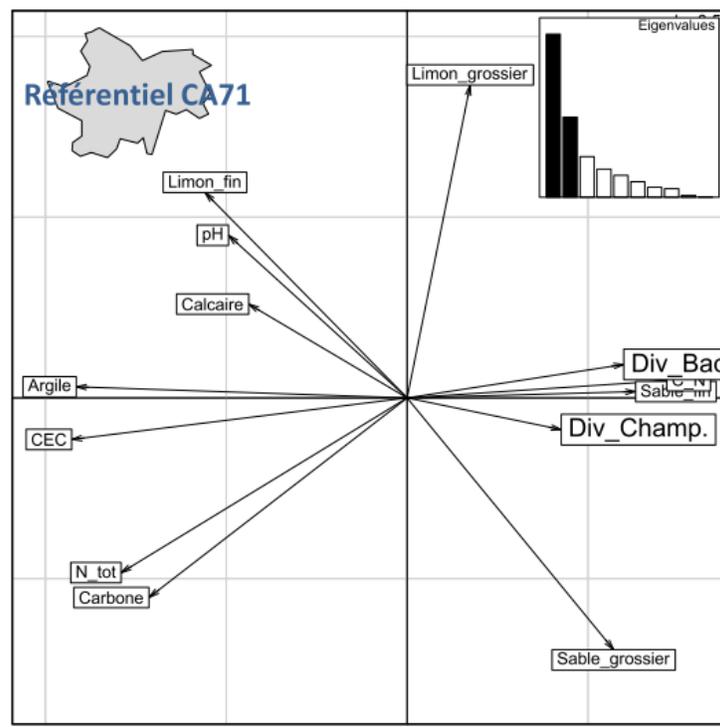


Figure 12. Analyse en composantes principales sur les caractéristiques physico-chimiques des sols avec les richesses bactérienne et fongique en valeurs supplémentaires.

## Effets du mode d'usage du sol et des pratiques

### Mode d'usage

Comme cela avait déjà été observé précédemment (voir rapports antérieurs du projet), le mode d'usage du sol est fortement corrélé à l'abondance de microorganismes. Ils sont en effet généralement beaucoup plus abondants dans les prairies permanentes que dans les cultures assolées du fait de l'influence a priori positive de plusieurs facteurs tels que les faibles perturbations, la diversité végétale, le couvert permanent et l'accumulation de matière organique. Ainsi, la BMM moyenne en cultures assolées est de 39  $\mu\text{g}$  d'ADN / g de sol et de 91 en prairies permanentes, soit plus du double.

A l'inverse, les richesses bactérienne et fongique sont peu différenciées en fonction du mode d'usage. La gamme explorée pour les bactéries est moins étendue sur prairies permanentes que sur cultures assolées, sans que cela soit significatif.

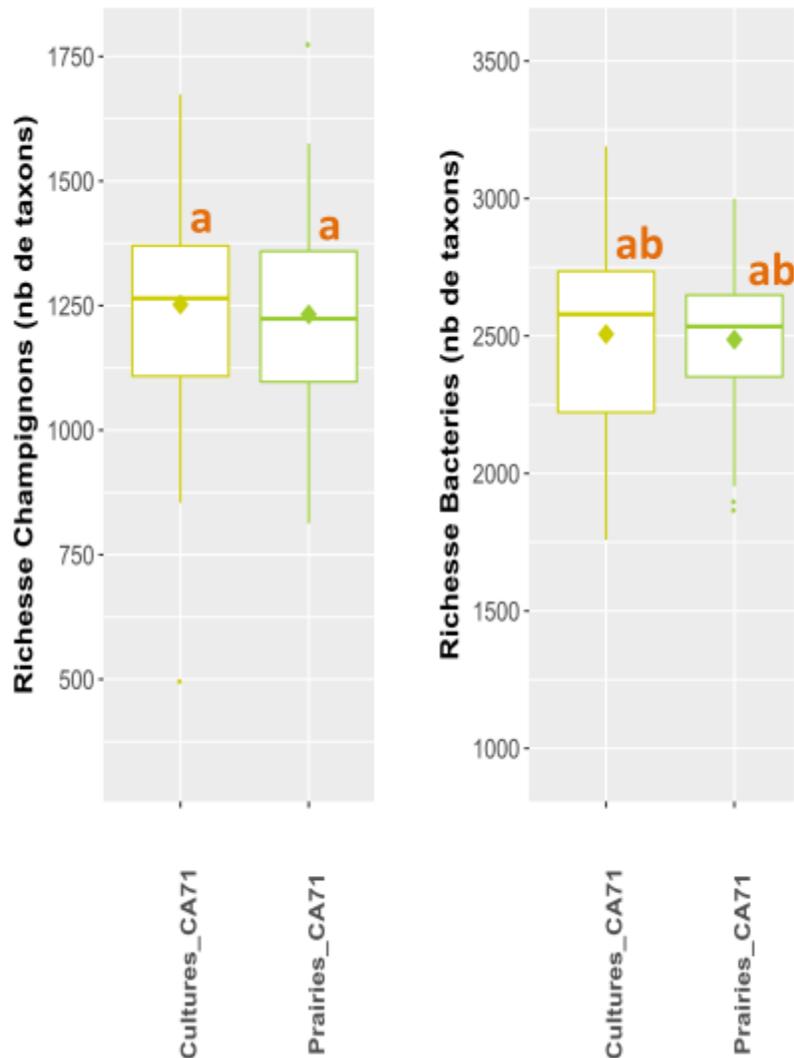


Figure 13. Distributions des richesses bactérienne (à droite) et fongique (à gauche) en fonction du mode d'usage dans l'échantillon de référence.

### Pratiques sur les cultures assolées

Une mise à jour du travail de 2015 sur les effets des pratiques sur la BMM (Halska, 2015) a été effectuée dans le but d'identifier des tendances plus claires ou différentes avec un jeu de données plus étoffé. Ce travail est présenté ici pour les cultures assolées et dans la section suivante du document pour les prairies permanentes.

Le codage des pratiques utilisé est présenté dans le Tableau 1.

Tableau 1. Codage des variables de description des pratiques pour les cultures assolées.

critère	facteurs	valeurs possibles / variables
Caractérisation du couvert	Culture lors du prélèvement	Céréale d'hiver / colza / orge de printemps / sol nu / PT (prairie temporaire)
	Nb familles botaniques dans la succession (séparer maïs et céréales à paille, déterminé sur 5 ans)	Nombre (de 1 à 5)
	culture intermédiaire avant culture récoltée l'année du prélèvement	oui/non/ sans objet
Travail du sol	travail du sol de l'année	Labour/profond/superficiel/semis direct/aucun
Fertilisation : cela fait pas mal de variables → regrouper ferti hors AMB en un facteur : aucun / min / orga / minorga ?	Fertilisation organique campagne (non si apport postérieur au prélèvement)	oui/non
	Fertilisation minérale campagne (non si apport postérieur au prélèvement)	oui/non
	Amendement basique campagne (non si apport postérieur au prélèvement)	Oui/non
Traitements campagne	traitements herbicides (non si apport postérieur au prélèvement)	oui/non
	Traitements insecticides / molluscicides (non si apport postérieur au prélèvement)	oui/non
	Traitements fongicides (non si apport postérieur au prélèvement)	oui/non

On obtient un jeu de données constitué de 132 couples parcelle x année contre 103 en 2015. La progression n'est pas très importante, ce qui est lié à la proportion de données manquantes dans les enquêtes, mais aussi au fait que l'effort de prélèvement de 2016 a porté en bonne partie sur des parcelles de prairies permanentes.

Les tendances suivantes sont observées dans les données :

- Majorité de céréales d'hiver et de cultures d'été, essentiellement du maïs (sol nu lors du prélèvement).
- Couverts non majoritaires ; présents essentiellement avant du maïs.
- Nombre de familles en moyenne à 2,5.
- Labour majoritaire (surtout sur maïs) avec le travail superficiel (souvent sur céréales d'hiver). Peu de semis direct.
- Apports et traitements assez fortement reliés à l'espèce cultivée.

Une analyse factorielle sur données mixtes montre que c'est la variable culture qui explique le plus la dispersion des données, suivie du travail du sol de la campagne, de la présence d'un couvert et de l'application d'herbicide avant prélèvement.

Une classification basée sur l'analyse précédente donne les classes suivantes (décrites en fonctions des caractéristiques les plus fréquentes des observations qui la composent) :

- Classe 1 : majorité de parcelles en prairie temporaire. 5 observations
- Classe 2 : majorité de parcelles en maïs avec labour. 31 observations
- Classe 3 : Maïs avec couvert intermédiaire. 17 observations
- Classe 4 : Céréales d'hiver avec labour. 24 observations
- Classe 5 : Céréales d'hiver semées en direct. 11 observations.
- Classe 6 : Céréales d'hiver avec travail du sol superficiel. 24 observations
- Classe 7 : Colza. 20 observations

Une mise en relation entre la classe et l'écart de BMM à la référence (référence nationale car les données ont été utilisées pour partie pour la création du modèle départemental, qu'il ne serait donc pas rigoureux de leur appliquer) donne les principaux résultats tendanciels suivants (voir Figure 14) :

- La BMM est améliorée sur prairies temporaires. Ce résultat n'est pas inattendu, les prairies permanentes permettant une accumulation de matière organique, constituant un couvert permanent et un milieu stable (pas de travail du sol, pas de traitements), autant de facteurs favorables aux organismes du sol.
- Elle est très variable dans les autres situations, il y a donc des facteurs de variabilité qui ne sont pas pris en compte.
- Elle est cependant moins variable lorsque le maïs est précédé d'un couvert végétal et en semis direct. Il est possible que cela s'explique par les effets bénéfiques pour les couverts (apports de nutriments et structuration du milieu) et du semis direct (absence de perturbation par le travail du sol). Le nombre d'observations est cependant réduit pour la classe « semis direct ».

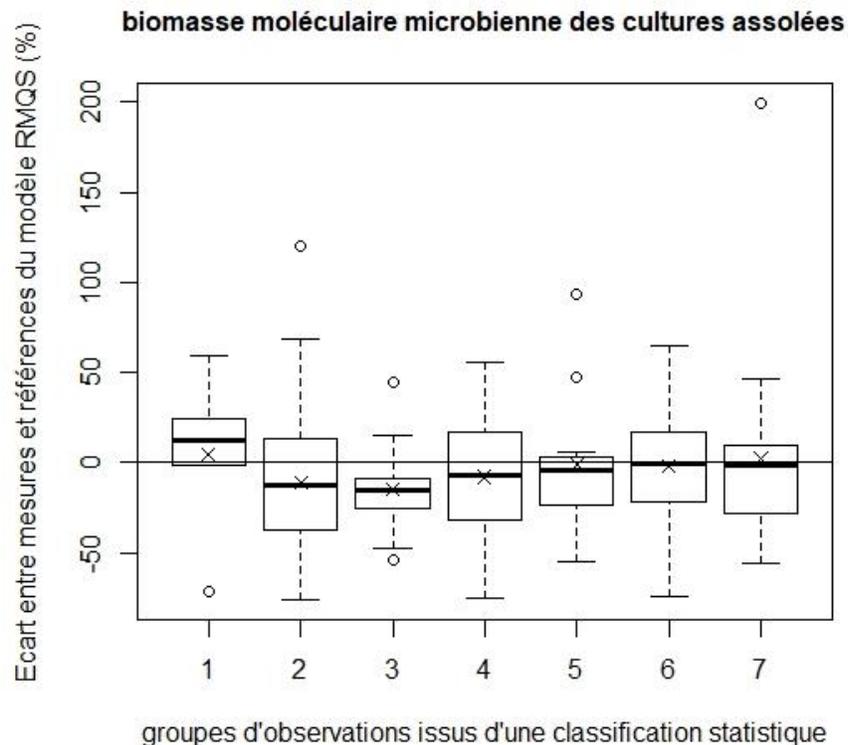


Figure 14. Ecart entre biomasse moléculaire microbienne mesurée et référence RMQS selon des classes basées sur les pratiques pour les cultures assolées. 1 : majorité de parcelles en prairie temporaire. 5 observations ; Classe 2 : majorité de parcelles en maïs avec labour. 31 observations ; Classe 3 : Maïs avec couvert intermédiaire. 17 observations ; Classe 4 : Céréales d'hiver avec labour. 24 observations ; Classe 5 : Céréales d'hiver semées en direct. 11 observations ; Classe 6 : Céréales d'hiver avec travail du sol superficiel. 24 observations ; Classe 7 : Colza. 20 observations.

## Pratiques sur les prairies permanentes

Comme pour les cultures assolées, l'étude des effets de pratiques a été renouvelée sur les prairies permanentes avec un jeu de données plus important. Le codage des pratiques a également pu légèrement évoluer. Il est présenté dans le

## Tableau 2.

Le nouveau jeu de données est composé de 94 observations (couples parcelle x année) contre 49 en 2015. On constate que les variables « déprimage » et « fréquence déprimage » sont redondantes car corrélées sauf exception. Le nombre d'espèces moyen est de 18 espèces environ. Le nombre de fauches est un peu inférieur à 1 en moyenne. Les données sont très partagées entre les parcelles avec un déprimage annuel et celles sans aucun déprimage, y compris pour la campagne considérée. La durée moyenne de pâturage est de 5 mois. Le hersage est pratiqué en moyenne presque un an sur deux. Il l'a été à environ un tiers pour la campagne considérée. Les amendements basiques sont rares, les apports minéraux un peu moins, et les apports organiques plus fréquents (presque un tiers des individus).

Tableau 2. Codage des pratiques pour les prairies permanentes.

critère	facteurs	valeurs possibles / variables
Caractérisation du couvert	nombre d'espèces	Nombre. Valeurs manquantes remplacées par valeur observée une autre année ou valeur moyenne observée si plusieurs années quand disponibles.
Modalités d'exploitation	Répartition fauche - pâture	Nombre de fauches / an
	Déprimage campagne	Oui/non
	Déprimage fréquence	Tous les ans / régulièrement / rarement / jamais
	Durée de pâturage	En mois, valeur approximative d'après périodes habituelles de présence des animaux
Travail du sol	Hersage campagne	Oui/non
	Fréquence hersage	Donnée de base transformée en fréquences entre 0 et 1 (rarement = 0,1, jamais = 0, tous les ans = 1, etc.).
fertilisation	Fertilisation organique campagne	oui/non
	Fertilisation minérale campagne	oui/non
	Amendement basique campagne	Oui/non

Une analyse factorielle sur données mixtes montre que fauche et hersage sont corrélés entre eux, et plutôt inversement corrélés avec la durée de pâturage, ce qui est logique. Les pratiques qui discriminent le plus les données sont le déprimage, la fauche, la durée de pâturage et la fréquence du hersage.

Les classes constituées par classification statistique sont les suivantes :

- Classe 1 : durée de pâturage légèrement supérieure à la moyenne, déprimage fréquent. 53 observations.
- Classe 2 : durée de pâturage légèrement supérieure à la moyenne, fauche et hersage peu fréquents, nombre d'espèces plutôt plus faible. Pas de déprimage ni de hersage, pas d'apport organique. 11 observations.
- Classe 3 : plus de fauche et de hersage, moins de pâturage. Pas de déprimage et pas d'apport minéral. 30 observations

Une mise en relation entre la classe et l'écart de BMM à la référence (référence nationale car les données ont été utilisées pour partie pour la création du modèle départemental, qu'il ne serait donc pas rigoureux de leur appliquer) donne les principaux résultats tendanciels suivants (voir Figure 14) :

- Les biomasses moléculaires microbiennes des prairies sont en général supérieures à la référence (à peine un quart des parcelles présentent des valeurs inférieures).
- Les écarts à la référence sont en tendance supérieurs dans les parcelles de fauche. Une explication possible est que ces parcelles bénéficient souvent d'amendements organiques et que ce sont généralement de bonnes parcelles qui permettent de constituer des stocks et qui sont mécanisables.
- De même, ces écarts sont également supérieurs dans la classe du pâturage dominant avec déprimage par rapport à celle du pâturage dominant sans déprimage. Il est difficile d'identifier un mécanisme qui permettrait de l'expliquer.

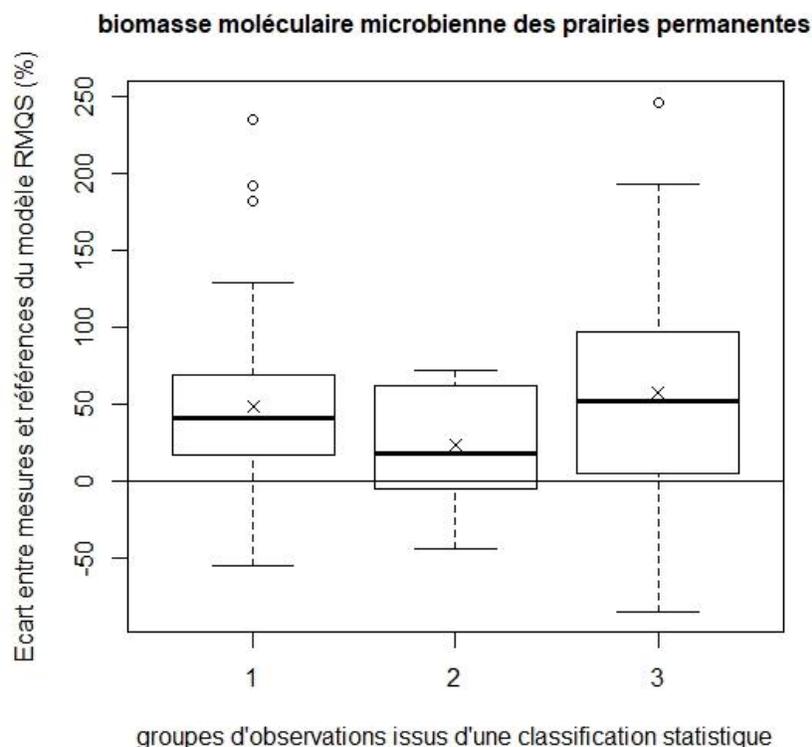


Figure 15. Ecart entre biomasse moléculaire microbienne mesurée et référence RMQS selon des classes basées sur les pratiques pour les prairies permanentes. 1 : pâturage dominant avec déprimage. 53 observations ; Classe 2 : pâturage dominant sans déprimage. 11 observations ; Classe 3 : fauche dominante, pas de déprimage ni d'apport minéral. 30 observations.

## Effets relatifs et combinés des différents facteurs

La méthode statistique de la partition de variance permet d'évaluer les effets statistiques de différents facteurs. Il s'agit d'identifier des liens de corrélation, pas de cause à effet. Cette méthode a été appliquée à l'échantillon de référence et aux données du RMQS pour la BMM et la richesse.

Pour la BMM, on constate que les interactions ont un effet majoritaire dans les deux jeux de données, ce qui semble logique puisque le mode d'usage est fortement lié aux caractéristiques des sols (les vignes, les prairies ou les cultures ne sont pas situées aléatoirement sur le territoire). Au niveau des paramètres physico-chimiques et pour l'échantillon de référence, la teneur en carbone ressort comme facteur favorable, alors que la teneur en sables et le C/N ressortent comme facteurs défavorables. C'est en partie cohérent avec les résultats nationaux. Ces éléments sont illustrés sur la Figure 16.

Pour la richesse bactérienne dans l'échantillon de référence, les paramètres physico-chimiques et les interactions expliquent chacun une part quasi similaire de la variabilité (Figure 17). Parmi les caractéristiques physico-chimiques le C/N ressort positivement tandis que la teneur en argile ressort très négativement (et dans une moindre mesure les teneurs en sable et en  $P_2O_5$ ). Ces résultats sont relativement différents de ceux obtenus pour le RMQS et laissent présager un modèle d'interprétation sensiblement différent également.

Pour la richesse fongique, toujours dans l'échantillon de référence, seule une faible part de la variabilité est expliquée (13,8%, Figure 18). Le seul facteur qui ressort est l'influence positive de la teneur en sables.

## Partition de variance

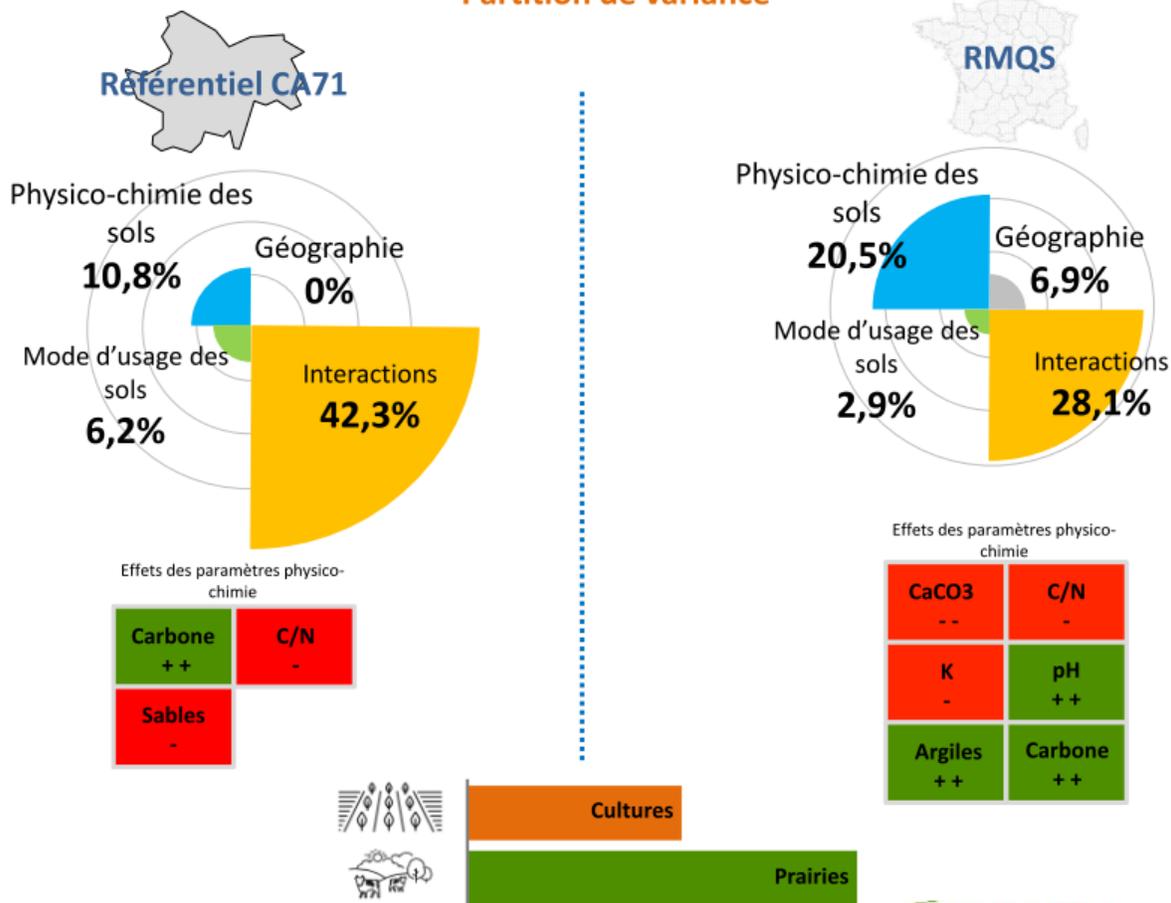


Figure 16. Partition de variance sur la biomasse moléculaire microbienne dans deux jeux de données.

## Partition de variance Diversité des Bactéries

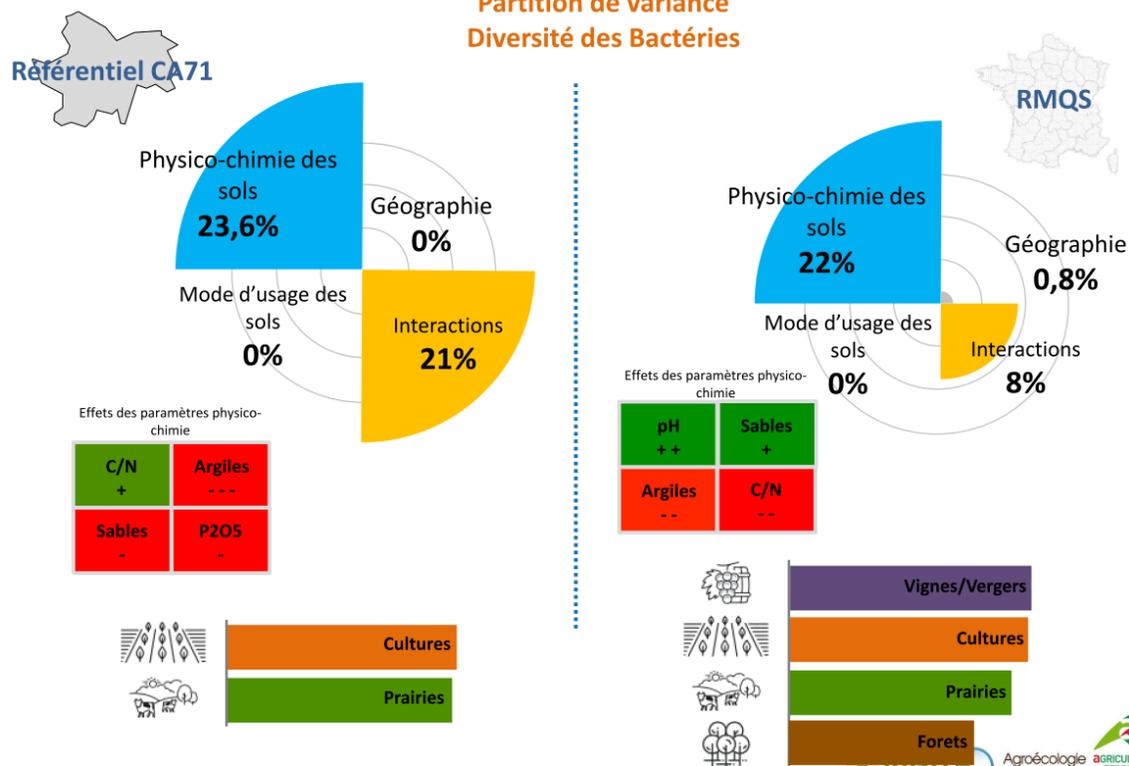


Figure 17. Partition de variance pour évaluer les effets de différents facteurs sur la diversité bactérienne dans deux jeux de données.

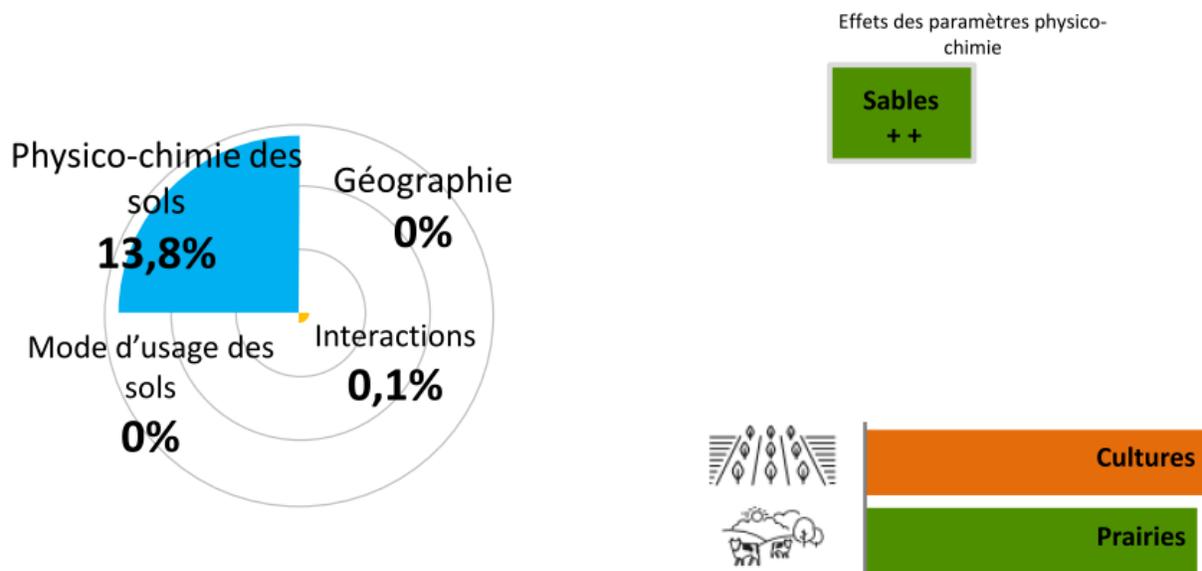


Figure 18. Partition de variance pour la richesse fongique dans l'échantillon de référence.

## Modèles d'interprétation des indicateurs

En 2017, une nouvelle version du modèle d'interprétation de la **biomasse moléculaire microbienne** a été réalisée et il a été implémenté dans une application en ligne disponible gratuitement sur [www.microbiosol.sl.chambagri.fr](http://www.microbiosol.sl.chambagri.fr). Les modifications ont concerné des aspects mathématiques du modèle informatique.

Un modèle départemental a été mis au point pour interpréter la **richesse bactérienne**. Les variables sélectionnées statistiquement comme variables d'entrée du modèle sont par ordre d'influence décroissante : teneur en argile, C/N, teneur en CaO, teneur en P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> (Figure 19). Il est étonnant que le pH ne ressorte pas alors qu'il est très important dans le modèle national, qui repose sur les données du RMQS.

Il y a des peu d'interactions entre les variables, le modèle a donc une forme plus simple que celui sur la biomasse ou que celui du RMQS sur la diversité bactérienne. Le R<sup>2</sup> ajusté est d'environ 52% (53 à 54% si on ajoute les interactions, autrement dit on ne gagne pas beaucoup), ce qui est plutôt satisfaisant. Ce modèle sera très prochainement mis en ligne dans l'application mentionnée ci-dessus.

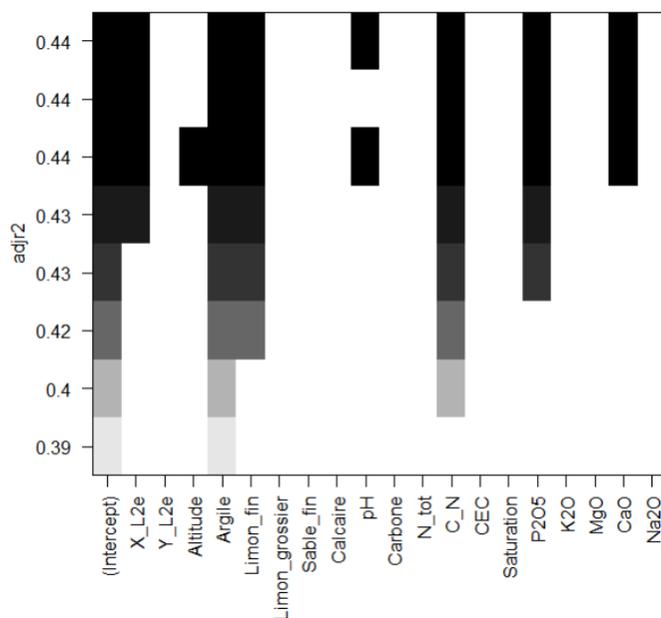


Figure 19. Sélection de variables par R<sup>2</sup> ajusté pour la richesse bactérienne.

Le modèle portant sur la **diversité fongique** n'est malheureusement pas d'une qualité satisfaisante pour être valorisé dans un outil à destination des utilisateurs ( $R^2$  ajusté de 32%). Les variables les plus influentes statistiquement sont la CEC (capacité d'échange cationique), la teneur en limons fins, la teneur en  $K_2O$  et la latitude.

Des données supplémentaires seraient nécessaires pour améliorer la qualité prédictive du modèle. Il serait envisageable d'essayer à nouveau lorsque de nouvelles données seront disponibles grâce à des travaux en cours. Quelques ajustements vont cependant être testés d'ici là comme l'intégration du mode d'usage, voire de pratiques dans ce modèle, ou encore en utilisant l'indice d'équitabilité plutôt que la richesse (l'équitabilité prend en compte les abondances relatives des différents taxons, ainsi si certains taxons sont très abondants par rapport aux autres l'indice diminue, au contraire si les abondances sont semblables entre taxons et qu'aucun ne domine, l'équitabilité augmente).

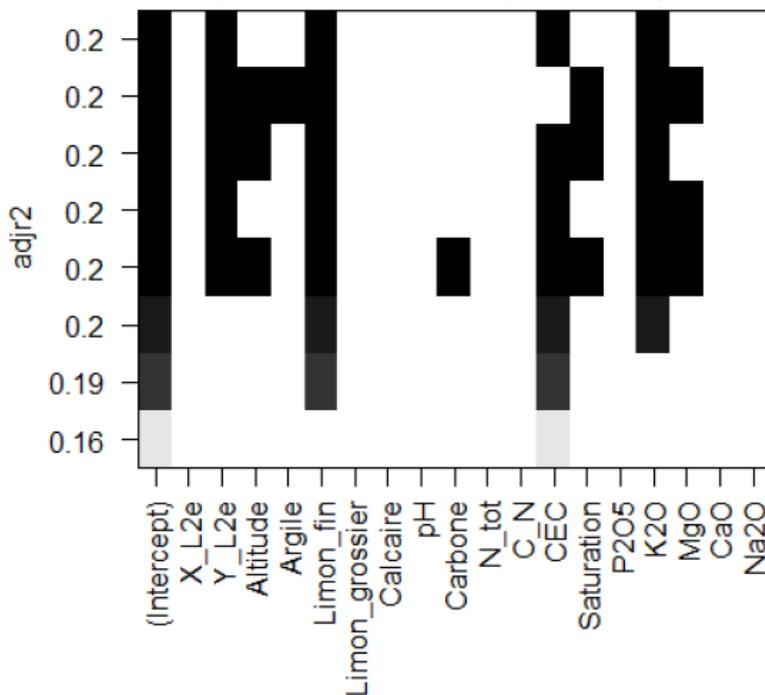


Figure 20. Sélection de variables par  $R^2$  ajusté pour la richesse fongique.

## Communication et valorisation des résultats

Un article a été publié dans l'Exploitant Agricole de Saône-et-Loire du vendredi 3 novembre 2017 (voir Annexe 1 : article de presse) et des documents relatifs au projet sont disponibles sur le [site de la Chambre d'Agriculture](#).

Une fiche a été rédigée pour le site de l'Observatoire National de la Biodiversité. Elle est consultable [ici](#).

Un poster a été présenté lors des Rencontres du Comifer Gemas en novembre 2017 à Nantes (voir ci-contre).

Une large contribution a été apportée à l'organisation d'une journée régionale interne aux Chambres d'Agriculture sur la biologie de sols organisée le 25 janvier 2018. Cette journée a connu un certain succès avec 40 participants (sans compter les 10 organisateurs).

Un document multimédia valorise également le projet. Il fait suite à la conférence de septembre 2016 « L'information sur les sols de France : quels outils disponibles pour quelles utilisations ? » organisée par le GIS Sol et le RMT

**Un référentiel départemental pour la biomasse microbienne**

**Objectif : interpréter les mesures de biomasse microbienne**

- Les microorganismes du sol...
  - constituent un patrimoine vivant à préserver,
  - présentent un intérêt pour des diagnostics en parcelles agricoles,
  - sont sensibles aux pratiques culturales,
  - peuvent être appréciés par un indicateur simple : la biomasse microbienne microbienne qui représente la quantité de microorganismes et leur diversité.
- Mais un référentiel est nécessaire pour interpréter les mesures.
  - Il existe un référentiel national basé sur le Réseau de Mesure de la Qualité des Sols (RSQS) 200 sites répartis uniformément à l'échelle nationale.
  - Le projet : construire un référentiel départemental pour affiner les diagnostics à cette échelle.

**Méthode : modélisation prédictive à partir d'un échantillon de sols de référence**

Entre 2012 et 2016, 5 campagnes de prélèvements dans des situations représentatives du département : type de sol, situation agricole (parcelles calcaires ou granitiques perméables et imperméables, travail du sol, amendements, mode d'irrigation des prairies, etc.).

- une base de caractérisation, de la physico-chimie et des pratiques.
- 200 échantillons de sols prélevés sur 120 parcelles agricoles différentes.
- sélection d'un échantillon de référence par parcelles agricoles calcaires : 124 sols.

**Conception d'un modèle d'interprétation :**

- Approche : centrale à cette échelle sur les données nationales (modèles pré-existants).
- En entrée, des paramètres physico-chimiques du sol (statif, teneur en carbone et en azote, pH et limon) (voir annexe de la méthodologie).
- En sortie : une valeur de biomasse microbienne exprimée en référence pour le sol considéré à laquelle on peut comparer une valeur mesurée pour l'interpréter.
- Un modèle adapté aux systèmes de production locaux pour un meilleur diagnostic.

**Résultats : modèle, cartographie et application en ligne**

Application disponible librement sur [microbiosol.duchambagri.fr](http://microbiosol.duchambagri.fr)

Entrez vos données. Découvrez instantanément le résultat.

**Conclusion et perspectives**

- Un modèle départemental pour l'interprétation des mesures de biomasse microbienne.
- Une appropriation des indicateurs et de la méthodologie par les conseillers de la Chambre d'Agriculture.
- Des résultats sur les effets des pratiques (non mesurés).
- Continuez à valider le modèle : étude des effets des pratiques, évolutions géographiques des indicateurs.
- Mettre à jour des modèles d'interprétation pour les différents systèmes de production.
- Appliquez les indicateurs de fertilité biologique des sols (Réseau d'Évaluation des Sols - Réseau d'Évaluation des Sols - Réseau d'Évaluation des Sols) à l'Observatoire Français des Sols (OFS).

Sols et Territoires. Il est disponible sur <https://www.ademe.fr/information-sols-france> et notre contribution spécifique est accessible [ici](#).

**Une présentation** des travaux sur le référentiel départemental a eu lieu dans le cadre du colloque « [Quels outils pour évaluer le fonctionnement biologique des sols agricoles ?](#) » à Agropolis Museum le 6 novembre 2018.

**La restitution finale du projet** a eu lieu dans le cadre de la conférence grandes cultures annuelle de la Chambre d'Agriculture de Saône-et-Loire du 14 décembre 2018 au lycée agricole de Fontaines. Les présentations ont associé Lionel Ranjard, Samuel Dequiedt et Nicolas Chemidlin de l'UMR Agroécologie de Dijon, qui ont contribué au projet. François Dumoulin, conseiller en grandes cultures à la Chambre d'Agriculture de l'Oise a également fait bénéficier les participants de son cheminement vers des actions concernant la biologie des sols dans son département et des actions qu'il a mené avec des agriculteurs. Les diaporamas présentés sont disponibles sur [le site de la chambre d'agriculture](#).

En prolongement des travaux, Julien Halska (pilote du projet) participe à **l'étude nationale ADEME** sur la qualité des sols menée par l'INRA et les bureaux d'étude Ekolog et Ecosustain. Cette étude a pour objectif d'identifier des outils de diagnostic de la qualité des sols et des stratégies de déploiement associées. Elle fait appel à des acteurs impliqués dans ces questionnements lors d'une série d'ateliers.



2018 voit le démarrage d'une dynamique qui fait suite à ce projet de référentiel via le **nouveau projet régional** qui s'inscrit dans le REVA (Réseau de Veille à l'Innovation Agronomique). Prévu sur 6 ans, il consiste à former des groupes d'agriculteurs aux indicateurs de biologie des sols et à établir des diagnostics pour améliorer les performances des systèmes de culture. Trois groupes d'agriculteurs ont démarré leur activité en 2018, dont un en Saône-et-Loire. Les membres de ce dernier ont été sensibilisés notamment via le projet de référentiel, qui donne aussi des éléments pour interpréter leurs données spécifiquement. Ces trois groupes seront rejoints en 2020 par deux autres.

## Conclusion

Ce rapport, associé aux bilans intermédiaires des années précédentes, a présenté les méthodes employées et les résultats obtenus concernant le projet de création d'un référentiel départemental en microbiologie des sols. L'objectif du projet est atteint en grande partie puisqu'aujourd'hui un modèle d'interprétation de la biomasse moléculaire microbienne est accessible en ligne pour tous les utilisateurs (sols de prairie permanente et de grandes cultures). Il sera complété dans les semaines à venir par un modèle d'interprétation de la richesse bactérienne. Par contre il n'a pas été possible de mettre au point de modèle équivalent pour la richesse fongique.

Les données ont également été exploitées afin d'étudier les facteurs déterminants de l'abondance et de la diversité des microorganismes. Outre les facteurs connus et mobilisés dans les modèles (teneurs en argile et en carbone organique, pH notamment), c'est l'effet des pratiques agricoles que l'on souhaite connaître afin de guider les utilisateurs des sols. Quelques tendances ont pu être tirées du jeu de données constitué et relient des biomasses moléculaires microbiennes supérieures à la pratique des couverts végétaux avant une culture d'été et au travail du sol réduit. Ces tendances sont confirmées par la bibliographie. Des travaux supplémentaires sur les données pourraient encore être entrepris afin d'en tirer encore des enseignements complémentaires.

Enfin, un autre résultat indirect du projet est la montée en compétences de conseillers de la Chambre d'Agriculture de Saône-et-Loire sur la thématique de la biologie des sols. Il s'agit d'un sujet d'avenir sur lequel ils seront en capacité d'accompagner les agriculteurs grâce au travail qui a été mené. De manière très concrète des formations ont déjà été proposées aux agriculteurs, le projet REVA BFC a été lancé (voir en dernière partie du document) et les travaux sur le renouvellement de l'offre de services à destination des grandes cultures intègrent la biologie des sols.

## Référentiel microbiologie des sols Une appli disponible

Depuis 2012 la Chambre d'agriculture mène un projet de création de références en microbiologie des sols. Les micro-organismes sont en effet essentiels au fonctionnement des sols agricoles et s'appuient sur leur activité pour la production s'inscrit dans une démarche agro-écologique. Ce projet est dans sa phase finale et les premières productions sont aujourd'hui disponibles.

**M**inéralisation, recyclage des matières organiques, production de "colles" qui contribuent à la structure du sol, dégradation de polluants, autant de processus nécessaires au bon fonctionnement du sol dont les micro-organismes sont responsables. Champignons et bactéries sont en effet de véritables usines chimiques qui réagissent très vite aux conditions de milieu et aux pratiques culturales, ce qui en fait de bons bio-indicateurs.

### MÉTHODE : UN ÉCHANTILLONNAGE PLURIANNUEL

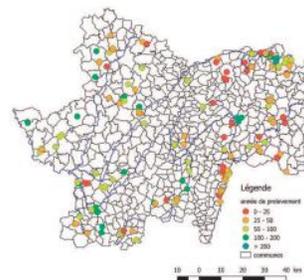
Depuis 2012, la Chambre d'agriculture a réalisé 300 prélèvements de sol dans 179 parcelles de culture ou de prairie pour y mesurer l'abondance et la diversité des micro-organismes via l'étude de leur ADN (respectivement la biomasse moléculaire microbienne et les richesses bactérienne et fongique). Les analyses de laboratoire sont réalisées à l'INRA de Dijon, dont l'unité de recherche Agroécologie est partenaire du projet.

### UNE IMPRESSIONNANTE VARIABILITÉ DES RÉSULTATS À L'ÉCHELLE DU DÉPARTEMENT !

Les valeurs d'abondance de microorganismes observées sont présentées sur la carte. Elles varient de quelques microgrammes d'ADN/g de sol à plus de 300 !



En tendance, les valeurs sont plus élevées à l'ouest du département, où elles ont été essentiellement mesurées dans des prairies, qu'à l'est où les prélèvements ont majoritairement concerné des parcelles en culture. Ceci n'est cependant qu'une tendance et dépend aussi du type de sol, ainsi que des pratiques comme le mode d'exploitation de la prairie, le travail du sol ou les apports organiques.



Carte des valeurs de biomasse moléculaire microbienne mesurées entre 2012 et 2016 en µg d'ADN/g de sol.

### UNE APPLI EN LIGNE

L'objectif principal du référentiel est d'aider à l'interprétation des futures mesures effectuées sur le terrain. Pour cela, un modèle a été développé par Walid Horrigue, statisticien à l'INRA, et ses collègues écologues du sol Lionel Ranjard, Nicolas Chemidlin et Samuel Dequiedt. Sa conception a reposé sur les données locales accumulées depuis 2012. Il permet de calculer une valeur de référence à partir de paramètres physico-chimiques du sol accessibles à tous. Le résultat d'une mesure est alors interprété par rapport à cette valeur. Ce modèle est aujourd'hui disponible via une application web mise au point par la Chambre d'agriculture. Vous pouvez calculer votre biomasse moléculaire microbienne de référence librement sur [microbiosol.sl.chambagri.fr](http://microbiosol.sl.chambagri.fr) ! La fin de l'année 2017 et le début de l'année 2018 seront consacrés à la conception de modèles similaires pour l'interprétation des diversités bactérienne et fongique, ainsi que pour étudier plus en détail les données accumulées : effets des pratiques avec prise en compte de l'historique, évolutions pluriannuelles des bio-indicateurs, hiérarchisation des facteurs ayant un effet sur les indicateurs mesurés. Enfin en 2018 le projet Reva Bourgogne Franche-Comté devrait démarrer avec la mise en œuvre d'un ensemble de bio-indicateurs dans les parcelles de groupes d'agriculteurs sur 5 ans, et dont l'objectif est de construire le conseil lié aux bio-indicateurs pour

une meilleure prise en compte de la fertilité biologique des sols.

Projet bénéficiant du soutien financier du Conseil départemental de Saône-et-Loire, de l'Ademe, du Conseil régional de Bourgogne et du ministère en charge de l'agriculture.



Julien Halska, Agronome, tél. : 03.85.29.56.54 [jhalska@sl.chambagri.fr](mailto:jhalska@sl.chambagri.fr)

Pour approfondir le sujet, nous vous invitons à la conférence Grandes cultures de la Chambre d'agriculture de Saône-et-Loire à la salle des fêtes de Lans, le mardi 5 décembre de 9 h 30 à 17 h 00. La matinée sera consacrée à la biologie des sols avec des intervenants de l'INRA, d'AgroSup Dijon et de la Chambre d'agriculture de l'Oise. Inscriptions et renseignements auprès d'Émilie Chaumont : [echaumont@sl.chambagri.fr](mailto:echaumont@sl.chambagri.fr); tél. : 03.85.29.55.72.

un seul sol  plusieurs sols

Entrez les valeurs de votre sol (les décimales doivent être indiquées par une virgule et non par un point).

teneur en argile (comprise entre 25 et 750 g/kg)

teneur en carbone organique (comprise entre 4 et 70 g/kg)

pH (compris entre 4 et 9)

longitude en Lambert 2 étendu (comprise entre 705 000 et 834 000 mètres)

biomasse moléculaire microbienne mesurée en µg/g (optionnel)

Zone de saisie de l'application de calcul de la biomasse moléculaire microbienne de référence de la Chambre d'agriculture.

### Formation Apprivoiser le stress avec la pleine conscience



Trois jours pour apprivoiser le stress, les émotions, entraîner son corps et son esprit à accéder à des ressources intérieures de croissance et de mieux être. L'intervenante utilisera les techniques de la réduction du stress en pleine conscience (MBSR). Des exercices d'entraînement entre les journées pour ancrer ces nouveaux apprentissages dans votre vie quotidienne. Dates et lieu : 12, 19 et 26 mars 2018.

Contact : Maud Gouy, tél. : 03.85.29.55.63; 06.75.35.19.37; courriel : [mgouy@sl.chambagri.fr](mailto:mgouy@sl.chambagri.fr)

### Les accidents en technologie lactique : du concret pour les résoudre



Une journée de formation, pour gagner en autonomie et en réactivité face aux accidents et défauts de fabrication et ainsi sécuriser l'équilibre économique de l'atelier... Date et lieu : 10 janvier à Bourbon-Lancy.

Contact : Guillemette Allut tél. : 03.85.35.89.40; courriel : [guillemette.allut@bfc.chambagri.fr](mailto:guillemette.allut@bfc.chambagri.fr)

### CA 71, service Formation



Programme, tarifs, conditions générales envoyés sur demande. Toutes nos formations sur : [www.sl.chambagri.fr](http://www.sl.chambagri.fr)

Retrouvez-nous sur notre page Facebook et suivez toute notre actualité :



facebook