



## UN REFERENTIEL DEPARTEMENTAL POUR LA BIOMASSE MOLECULAIRE MICROBIENNE

Halska J.<sup>1</sup>, Palabaud A.<sup>1</sup>, Moretty-Verdet P.<sup>1</sup>, Dequiedt S.<sup>2</sup>, Chemidlin Prévost-Bouré N.<sup>3</sup>, Horrigue W.<sup>3</sup>, Ranjard L.<sup>2</sup>

### Objectif : interpréter les mesures de biomasse moléculaire microbienne

L'évaluation de la fertilité biologique des sols en complément des dimensions physique et chimique est une préoccupation croissante. L'enjeu est de s'appuyer sur les fonctions assurées par les êtres vivants du sol pour la production agricole dans une perspective agro-écologique. Une diversité de bioindicateurs a été mise au point dans cet objectif, en lien avec la diversité des êtres vivants qui peuplent les sols. Parmi eux, ceux qui concernent les microorganismes sont essentiels car champignons et bactéries constituent une forte part de la biomasse des sols, un important réservoir génétique et contribuent à des services écosystémiques primordiaux (Bouchez et al. 2016).

Depuis 2012, la Chambre d'Agriculture de Saône-et-Loire et l'UMR Agroécologie (Dijon – INRA, Université de Bourgogne, CNRS, AgroSup Dijon) construisent des référentiels d'interprétation d'indicateurs microbiologiques à l'échelle départementale en grande culture et prairie permanente. L'objectif est de disposer de références locales en complément des références nationales existantes. Les indicateurs concernés sont la biomasse moléculaire microbienne et la diversité taxonomique des champignons et des bactéries (Dequiedt et al. 2011; Terrat et al. 2015).

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

Des échantillons de sol ont été prélevés selon un échantillonnage stratifié qui visait à être représentatif des situations rencontrées en Saône-et-Loire. Les critères de stratification étaient le type de sol, son usage (seules les grandes cultures et les prairies permanentes sont concernées par l'étude) et les pratiques : rotation, pâturage, fertilisation minérale et organique, travail du sol. Le caractère pluriannuel du projet a permis de prendre en compte la variabilité climatique interannuelle.

Les données recueillies ont permis l'élaboration d'un modèle polynomial paramétrique d'interprétation de la biomasse moléculaire microbienne selon la méthode développée par Horrigue et al. (2016). Ce modèle calcule des valeurs de référence à partir des paramètres physico-chimiques des parcelles étudiées. Elles constituent la base du diagnostic de qualité microbiologique des sols dans une approche d'évaluation des pratiques. Ce diagnostic est établi en les comparant aux valeurs mesurées, la différence mesure-référence étant essentiellement liée aux pratiques.

Dans le jeu de données retenu pour la construction du modèle, les types de sol du département sont bien représentés. Les écarts cumulés entre pourcentage de surface du sol dans le département et pourcentage d'échantillons sur les différents sols sont de 8,3 points. Le jeu de données comporte 55% de prairies permanentes, qui représentent 67% de la surface agricole du département. La pertinence du modèle départemental a été évaluée en comparant les valeurs obtenues selon les deux modèles sur un échantillon de sols non utilisés pour la conception des modèles.

Une carte a été produite afin de visualiser les valeurs références à l'échelle de la Saône-et-Loire. Cette carte s'appuie sur les unités cartographiques des sols définies dans le cadre du programme Inventaire, Gestion et Conservation des Sols (I.G.C.S., Arrouays et al. 2004). Pour chaque unité cartographique, une valeur de référence moyenne a été calculée pour les surfaces en cultures assolées et en prairie permanente. La carte ne fait donc pas apparaître toutes les variations locales car cette valeur moyenne masque parfois des disparités au sein d'une même unité cartographique. De plus, une application en ligne a été créée afin de diffuser largement le modèle. Ce dernier est composé d'instructions lisibles via le logiciel R (R Core Team 2015), et l'application a été mise au point grâce au package Shiny (Chang et al. 2017).

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

La comparaison des modèles national et local montre que les tendances sont préservées. Des écarts significatifs existent cependant (+ 31% pour le modèle local en moyenne) et démontrent l'intérêt de

<sup>1</sup> Chambre d'Agriculture de Saône-et-Loire, jhalska@sl.chambagri.fr

<sup>2</sup> INRA, UMR 1347 Agroécologie

<sup>3</sup> AgroSup Dijon, UMR 1347 Agroécologie

disposer d'un référentiel à l'échelle départementale. Cet écart positif peut s'expliquer par une proportion de prairies permanentes en Saône-et-Loire plus forte que dans le RMQS, prairies qui abritent une plus grande quantité de microorganismes que les systèmes en grande culture.

La cartographie produite permet de visualiser les biomasses moléculaires microbiennes de référence à l'échelle du département. 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 chalonnaise 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 chalonnaise et la Bresse présentent en majorité des valeurs intermédiaires à faibles.

L'application mise au point à partir du modèle, disponible sur [microbiosol.sl.chambagri.fr](http://microbiosol.sl.chambagri.fr), permet de charger les données d'entrée nécessaires et de récupérer les valeurs de biomasse moléculaire microbienne prédites sur cette base, ainsi que d'accéder à une visualisation graphique des résultats.

## Conclusion et perspectives

L'étude a permis d'obtenir un modèle d'interprétation de la biomasse moléculaire microbienne adapté à l'échelle locale, qui a été décliné sous la forme d'une carte et d'une application en ligne. Des modèles similaires doivent être développés pour les diversités taxonomiques bactérienne et fongique.

Les données acquises sont également valorisées à travers l'étude des effets des pratiques sur les indicateurs. Par exemple une Analyse Factorielle sur Données Mixtes et une classification statistique ont permis d'identifier un effet favorable en tendance des couverts d'interculture, d'un travail du sol modéré et de la fertilisation des prairies permanentes sur la biomasse moléculaire microbienne. Ce travail mérite d'être approfondi et appliqué aux indicateurs de diversité. Le jeu de données permettra également d'explorer les évolutions pluriannuelles des indicateurs.

Outre les résultats présentés ici, le projet a permis une appropriation de la thématique de la biologie des sols et des indicateurs par les conseillers de la Chambre d'Agriculture de Saône-et-Loire. Ces connaissances et compétences ont été partagées avec des agriculteurs à diverses reprises. Aujourd'hui, la mobilisation des indicateurs de fertilité biologique des sols passe notamment par l'accompagnement de groupes d'agriculteurs à travers un projet régional relié au REVA (Réseau d'Expérimentation et de Veille à Innovation Agricole), porté par l'Observatoire Français des Sols Vivants. Ce travail doit contribuer à la dynamique autour des nouveaux outils et à la remobilisation des diagnostics de fertilité biologique qui seront produits pour adapter les pratiques agricoles.

## Références bibliographiques

- Arrouays Dominique, Renaud Hardy, Nathalie Schnebelen, Christine Le Bas, Micheline Eimberck, Emmanuel Grolleau, A. Pelletier, et al. 2004. « Le programme inventaire gestion et conservation des sols en France ». *Etude et Gestion des Sols* 11 (3): 187-97.
- Bouchez, T., A. L. Bliex, S. Dequiedt, I. Domaizon, A. Dufresne, S. Ferreira, J. J. Godon, et al. 2016. « Molecular Microbiology Methods for Environmental Diagnosis ». *Environmental Chemistry Letters* 14 (4): 423-41. doi:10.1007/s10311-016-0581-3.
- Chang, Winston, Joe Cheng, JJ Allaire, Yihui Xie, et Jonathan McPherson. 2017. *shiny: Web Application Framework for R. R package version 1.0.3*. <http://CRAN.R-project.org/package=shiny>.
- Dequiedt, S., N. P. A. Saby, M. Lelievre, C. Jolivet, J. Thioulouse, B. Toutain, D. Arrouays, A. Bispo, P. Lemanceau, et L. Ranjard. 2011. « Biogeographical Patterns of Soil Molecular Microbial Biomass as Influenced by Soil Characteristics and Management: Biogeography of Soil Microbial Biomass ». *Global Ecology and Biogeography* 20 (4): 641-52. doi:10.1111/j.1466-8238.2010.00628.x.
- Horrigue, Walid, Samuel Dequiedt, Nicolas Chemidlin Prévost-Bouré, Claudy Jolivet, Nicolas P. A. Saby, Dominique Arrouays, Antonio Bispo, Pierre-Alain Maron, et Lionel Ranjard. 2016. « Predictive model of soil molecular microbial biomass ». *Ecological Indicators* 64 (mai): 203-11.
- R Core Team. 2015. *R: A language and environment for statistical computing*. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing. URL <http://www.R-project.org/>.
- Terrat, S., S. Dequiedt, W. Horrigue, M. Lelievre, C. Cruaud, N. P. A. Saby, C. Jolivet, et al. 2015. « Improving Soil Bacterial Taxa–area Relationships Assessment Using DNA Meta-Barcoding ». *Heredity* 114 (5): 468-75. doi:10.1038/hdy.2014.91.