

# Quel est l'impact des pratiques d'épandage des effluents d'élevages mixtes « Porcin-Bovin » en zone herbagère du Massif Central sur la microbiologie des sols ?

Christophe DJEMIEL (1), Samuel DEQUIEDT (1), Anna BELSIC (1), Virginie NOWAK (1), Florian VON KERSSENBROCK (3), Catherine HUSSON (2,3), Bruno DOUNIES (4), Sylvie MUGNIER (2,3), Sophie SADET-BOURGETEAU (1,3)

(1) UMR1347 Agroécologie INRAE-AgroSup Dijon-Université de Bourgogne-CNRS, 17 Rue Sully, 21000 Dijon

(2) Université Clermont Auvergne, AgroParisTech, INRAE, VetAgro Sup, Territoires, 63000 Clermont-Ferrand, France

(3) AgroSup Dijon, 26 Boulevard Dr Petitjean, 21079 Dijon, France

(4) Association Porc Montagne, Cité régionale de l'agriculture, 9 Allée Pierre de Fermat, 63170 Aubière, France

*christophe.djemiel@inrae.fr ; sophie.bourgeteau-sadet@agrosupdijon.fr*

*Avec la collaboration du comité de pilotage du projet APORTHE*

## **Quel est l'impact des pratiques d'épandage des effluents d'élevages mixtes « Porcin-Bovin » en zone herbagère du Massif Central sur la microbiologie des sols ?**

L'élevage porcin du Massif Central concerne 1 000 éleveurs répartis sur le territoire. Le maintien ou le renouvellement des ateliers est de moins en moins assuré pour des raisons sociales, économique et, environnementales. Dans le Massif Central, l'élevage porcin est souvent associé à l'élevage bovin. Les effluents porcins issus de ces systèmes mixtes peuvent être un réel atout pour la fertilisation organique des prairies, étant elles-mêmes en retour une ressource alimentaire essentielle pour l'élevage bovin. Cependant, l'impact du retour au sol des effluents d'élevage issus de ces systèmes mixtes sur la qualité biologique des sols est actuellement peu ou pas étudié. La présente étude propose, pour la première fois, d'évaluer l'impact des pratiques d'épandage des effluents d'élevages mixtes « Porcin-Bovin » en zone herbagère du Massif Central sur la qualité des sols afin de mieux objectiver l'empreinte environnementale de ces systèmes et contribuer à la mise en lumière de pratiques vertueuses de gestion des effluents. Pour cela, quarante exploitations mixtes « Porcin-Bovin » ont été enquêtées sur leurs pratiques de gestion des effluents. Sur ces mêmes exploitations, des prélèvements de sols ont été effectués. Des analyses physico-chimiques et microbiologiques (biomasse et diversité, méta-génomique) des sols ont été réalisées afin de les confronter aux différentes pratiques de gestion des effluents. Les premiers résultats montrent des différences significatives de biomasse microbienne entre des groupes d'éleveurs ayant des logiques différentes de gestion de leurs effluents. Ainsi, une pratique plus extensive de la gestion des effluents induirait une biomasse significativement plus importante au niveau des sols et s'avérerait donc plus vertueuse, en permettant d'avoir des sols de meilleure qualité. Cependant, des analyses complémentaires restent nécessaires pour évaluer l'impact des effluents sur le fonctionnement du sol et *in fine* les services écosystémiques rendus par ce dernier.

## **What is the impact of manure spreading practices of mixed "pig-cattle" systems in Massif Central grasslands on soil microbiology?**

In the Massif Central, pig farming involves 1,000 farmers spread across the region. The maintenance or renewal of types of production is becoming less assured for social, economic and environmental reasons. In the Massif Central, pig production is often combined with cattle production, and pig manure from these mixed systems can be an asset for organic fertilization of grasslands. These grasslands are in turn an essential food resource for the cattle. However, the influence of returning livestock manure to the soil in these mixed systems on biological soil quality is currently little studied. For the first time, this study assessed the influence of manure management practices on mixed pig-cattle systems in mountain areas on soil quality, to assess the environmental footprint of these systems better and help to highlight virtuous manure management practices. To this end, 40 mixed pig-cattle farms were surveyed about their manure management practices. Soil was sampled on these farms. Physico-chemical and microbiological soil analysis, i.e. biomass and diversity (meta-genomic), were performed and related to the manure management practices. Initial results showed significant differences in microbial biomass among different farmer groups. More extensive manure management would induce significantly higher biomass in the soil, thus being more virtuous, by improving soil quality. However, additional analyses are needed to assess impacts of manure on the soil ecosystem and more specifically on the ecological services it provides.

## INTRODUCTION

Les communautés microbiennes présentes dans le sol jouent un rôle important dans les processus biogéochimiques et notamment dans le turnover de la matière organique. À ce titre, l'étude des communautés microbiennes telluriques (essentiellement bactéries et champignons) permet d'apprécier l'impact de certaines pratiques agricoles, comme l'apport des effluents d'élevage, sur la qualité biologique du sol.

La valorisation des effluents d'élevage dans une perspective d'amélioration de la qualité du sol passe donc par l'étude de la diversité de ces communautés, comme indicateurs de la qualité des sols. Des travaux antérieurs ont montré que l'apport de Produits Résiduels Organiques (dont font partie les effluents d'élevage) induisait une augmentation de la biomasse microbienne et une modification des structures des communautés microbiennes des sols (Sadet-Bourgeteau et al. 2018; Sadet-Bourgeteau et al. 2019). Ces effets sont dépendants de plusieurs paramètres : (i) le nombre de répétitions de cet apport, (ii) le temps écoulé entre l'apport et le prélèvement de sol et (iii) le type de Produit Résiduel Organique épandu et le contexte pédoclimatique.

Dans le Massif central, les effluents porcins issus de systèmes mixtes (bovins-porcins) peuvent représenter un réel atout pour la fertilisation organique des prairies, qui sont elles-mêmes en retour une ressource alimentaire essentielle pour l'élevage bovin. Cependant, l'impact du retour au sol des effluents d'élevage issus de ces systèmes mixtes sur la qualité biologique des sols est actuellement peu ou pas étudié. Or, l'évaluation de l'impact de ces pratiques sur la qualité biologique des sols permettrait de mieux objectiver l'empreinte environnementale de ces systèmes et de promouvoir les pratiques de gestion des effluents vertueuses.

## 1. MATÉRIEL ET MÉTHODES

### 1.1. Stratégie d'échantillonnage

Un réseau de 40 exploitations mixtes bovins-porcins a été constitué, sur la base du volontariat. Ces exploitations étaient situées dans le Massif Central et, plus précisément, dans quatre zones d'étude : Allier (n=10), Aveyron (n=10), Corrèze (n=10) et Haute-Loire (n=10).

Dans chaque exploitation, des enquêtes semi-directives ont été effectuées à l'automne 2019. Ces enquêtes portaient sur l'organisation du parcellaire, l'assolement, les pratiques d'entretien des prairies, leur fertilisation, les modes de logement des animaux, leur alimentation et les modalités de pâturage, le stockage des effluents et, enfin, le devenir de ces derniers. À l'issue de cette collecte de données, des variables ont été construites afin, notamment, de décrire les pratiques de gestion des effluents. À partir de ces variables, une typologie des exploitations a été réalisée par analyse multivariée, pour identifier les différentes logiques de gestion à l'œuvre. Le détail du matériel et méthodes et les résultats obtenus sont présentés dans le poster de (von Kerssenbrock *et al.*, 2021). Cette typologie a été construite à partir de paramètres tels que : la quantité et la nature (fumier, lisier ; porcine, bovine) d'effluents produits et apportés au sol, la quantité d'engrais de synthèse également apportés au sol, l'assolement et le mode d'alimentation des porcins. Trois groupes d'exploitations ont

ainsi pu être discriminés. Ces groupes sont équilibrés avec, respectivement, 13 exploitations pour les groupes 1 et 2, et 14 exploitations pour le groupe 3.

En parallèle des enquêtes, des prélèvements de sol ont été effectués sur une parcelle représentative du système (prairies de plus de 4 ans, sans apport d'effluent depuis au moins 4 mois, horizon 0-20 cm). Pour chaque parcelle, une partie de l'échantillon de sol prélevé a été utilisée pour des analyses physico-chimiques, l'autre partie a été lyophilisée puis congelée pour une analyse ultérieure de la qualité microbiologique, via des indicateurs spécifiques.

L'interprétation des résultats obtenus pour ces différents indicateurs s'appuie sur la typologie d'exploitations précédemment décrite. Cependant, les prélèvements de sols ayant été réalisés au niveau de la parcelle, les groupes seront formés selon la gestion des effluents propre à cette parcelle. Ainsi, le groupe 2 se caractérise par des exploitations épandant les plus grandes quantités d'azote issus des effluents (152 kg/ha) et d'engrais de synthèse (28 kg/ha) sur les prairies ; le groupe 1 par de grandes exploitations épandant, comme le précédent, une quantité d'effluents importante (148 kg/ha), mais s'en distinguant en apportant moins d'engrais de synthèse (12 kg/ha) ; enfin, le groupe 3 se caractérise par un apport moindre d'effluents sur les prairies (125 kg/ha) et le non recours aux engrais de synthèse. Un gradient dans l'azote total apporté est observé sur les prairies entre les différents groupes : Groupe 2 (180 kg/ha) > Groupe 1 (160 kg/ha) > Groupe 3 (125 kg/ha).

### 1.2. Analyses physico-chimiques des sols

Les analyses physico-chimiques ont été confiées au laboratoire Auréa AgroSciences (<https://www.aurea.eu/>). Différents paramètres ont ainsi été mesurés : granulométrie, pH de l'eau, teneurs en carbone organique, azote et phosphore assimilable.

### 1.3. Analyses microbiologiques des sols

La stratégie retenue pour caractériser les communautés microbiennes des sols était basée sur l'utilisation d'outils moléculaires, qui permettent de s'affranchir des biais liés à la culture des micro-organismes telluriques : on estime en effet que seulement 0,1 à 10 % d'entre eux sont cultivables sur des milieux synthétiques (Hugenholtz, 2002). C'est pourquoi des outils de méta-génomique environnementale (ou « méta-génomique ciblée ») basés sur l'extraction et la caractérisation de l'ADN du sol, ont été mobilisés ; ils ont permis de mettre en évidence l'abondance, la densité et la diversité des communautés microbiennes des sols. Plus précisément, la biomasse moléculaire microbienne (abondance) a été estimée par la quantité d'ADN extraite (Terrat *et al.*, 2012). La densité des communautés procaryotes (bactéries et archées) et de champignons a aussi été évaluée en quantifiant, respectivement, le nombre de copies des gènes ribosomiques 16S et 18S dans les sols par la méthode de *Polymerase Chain Reaction* quantitative (PCRq) en temps réel (Chemidlin Prévost-Bouré *et al.*, 2011). Un ratio 18S/16S a été calculé pour appréhender l'équilibre microbien. Enfin, la diversité procaryotique et fongique a été caractérisée par un séquençage massif (Illumina MiSeq, prestataire GenoScreen) des gènes ribosomiques (16S pour les procaryotes et 18S pour les champignons).

#### 1.4. Analyses bio-informatiques et statistiques

Les analyses bio-informatiques ont été effectuées à l'aide du pipeline BIOCUM-PIPE. (cf détails de toutes les étapes dans (Djemiel *et al.*, 2020). Plusieurs étapes de nettoyage et de filtrage sont nécessaires afin de ne garder que les séquences de bonne qualité ; l'enjeu étant (i) d'éliminer les séquences dites chimériques correspondant à de « fausses » séquences générées lors de l'étape de PCR, (ii) de réduire le jeu de données en n'utilisant que des séquences uniques et (iii) de réaliser une agrégation (*clustering*) des séquences afin de former des UTOs (Unités Taxonomiques Opérationnelles) correspondant à nos genres bactériens et fongiques.. La base de données SILVA r132 a été utilisée afin d'assigner une taxonomie aux séquences.

Une analyse de variance (ANOVA) a été réalisée sur les paramètres physico-chimiques et microbiologiques (biomasse, densité et diversité) des sols en comparant les trois groupes d'exploitations issus de la typologie générée. L'analyse de la diversité a été effectuée en deux temps avec l'évaluation de la richesse microbienne (nombre d'UTOs par échantillon) dans un premier temps puis l'assignation taxonomique.

## 2. RÉSULTATS

### 2.1. Propriétés physico-chimiques

La figure 1 ci-après présente les propriétés granulométriques des sols, visualisant un positionnement de chaque sol analysé dans un « triangle des textures », permettant ainsi de déterminer sa classe texturale. Les échantillons des sols du projet se positionnent dans 4 classes texturales de sols : (i) limoneux (35 %), (ii) limono-sableux (25 %), (iii) limono-argilo-sableux (22,5 %), (iv) limono-argileux (5 %) et pour quelques-uns, un mix de deux classes : limono-argilo-sableux et limono-sableux (12,5 %). Nous observons une dispersion des différents échantillons au sein de ces classes, liée principalement à une variabilité de la teneur en argile et en sables. Les échantillons de sols appartenant au groupe 1 sont majoritairement distribués (60%) au sein deux classes : « limoneux » et « limono-sableux ». Les échantillons du groupe 2 sont distribués aussi majoritairement au sein deux classes : « limono-sableux » et « limono-argilo-sableux » (~70%). Quant aux échantillons du groupe 3, ils se positionnent majoritairement dans la classe « limoneux » (~60%).

Le tableau 1 présente, pour les différents groupes d'exploitations de la typologie, les valeurs des principaux paramètres physico-chimiques mesurés dans les sols. Un gradient est observé pour les teneurs en azote total et en matière organique. Les teneurs en azote total et en matière organique sont significativement différentes entre les groupes 1 et 3 (respectivement  $P < 0,01$  et  $P < 0,05$ ). Le groupe 2 est significativement différent des autres groupes ( $P < 0,01$  avec le groupe 1 et  $P < 0,05$  avec le groupe 3) avec une plus forte teneur en phosphore assimilable (0,15 g/kg). Le pH des sols des prairies se situe aux alentours de 6 et est donc considéré comme modérément acide.

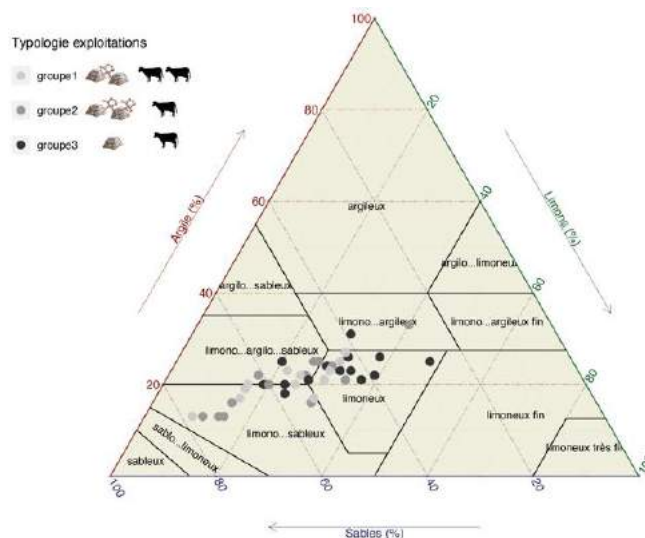


Figure 1 – Propriétés granulométriques des sols pour chaque groupe issu de la typologie du projet APORTHE.

Tableau 1 – Principaux paramètres physico-chimiques des sols issus des différents groupes de la typologie du projet APORTHE

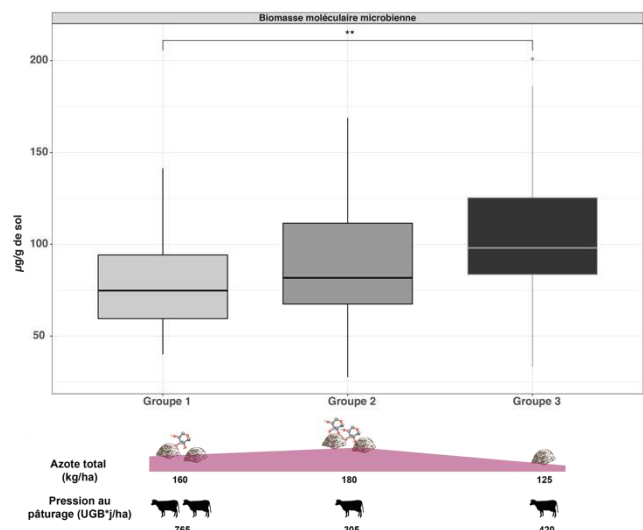
Typologie exploitation	Azote total (g/kg)	Matière organique (g/kg)	C/N	pH	Phosphore assimilable (g/kg)
Groupe 1	2,51 ± 6,81	42,94 ± 11,74	9,85 ± 0,65	6,13 ± 0,32	0,07 ± 0,03
Groupe 2	3,09 ± 1,08	60,04 ± 24,54	11,16 ± 1,55	6,08 ± 0,43	0,15 ± 0,07
Groupe 3	4,1 ± 1,61	76,45 ± 36,15	10,59 ± 0,82	5,94 ± 0,51	0,08 ± 0,06

### 2.2. Microbiologie des sols

#### 2.2.1. Biomasse moléculaire microbienne

La figure 2 illustre la valeur de biomasse moléculaire microbienne présente dans les sols, pour chacun des groupes de la typologie, sous forme de « boîtes à moustaches ». Pour chaque groupe, la hauteur de chaque boîte représente la dispersion des valeurs mesurées de chaque échantillon. Le trait visible dans chaque boîte correspond à la valeur médiane de la biomasse pour chaque groupe. D'une manière générale, une forte hétérogénéité est observée dans chacun des groupes, probablement liée à une forte hétérogénéité spatiale puisque les prélèvements de sol ont été réalisés sur une large part du territoire du massif central.

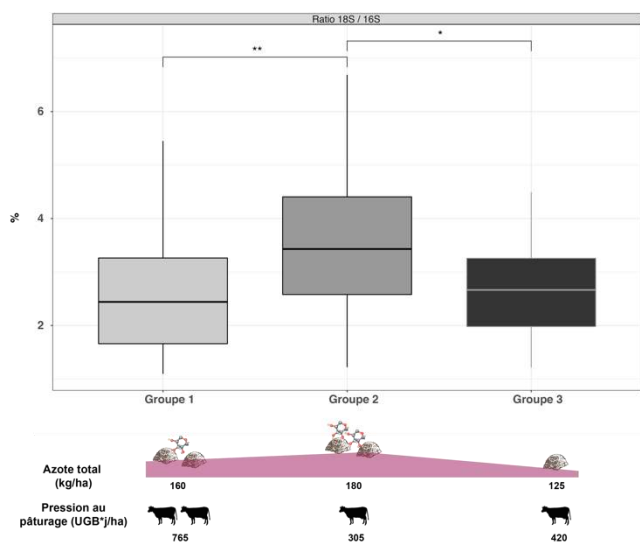
La biomasse moléculaire microbienne augmente à l'inverse de la quantité d'azote total apportée. Les sols du groupe 1 présentent une biomasse moléculaire microbienne significativement plus faible (80 µg d'ADN par gramme de sol) que les sols du groupe 3 (115 µg d'ADN par gramme de sol) (Figure 2 ;  $P < 0,01$ ). La biomasse moléculaire des sols du groupe 2, intermédiaire (90 µg d'ADN par gramme de sol), ne se distingue pas statistiquement de celle des sols des groupes 1 et 3.



**Figure 2** – Biomasse microbienne mesurée dans les sols pour chaque groupe issu de la typologie du projet APORTHE.

### 2.2.2. Analyses des équilibres microbiens

La figure 3 présente les valeurs du ratio 18S/16S mesuré dans les sols de chaque groupe, sous forme de boîtes à moustaches. La moyenne des échantillons de chaque groupe se situe à l'état d'équilibre microbien (se situe entre 1 et 5%). Les sols du groupe 2 possèdent le ratio 18S/16S le plus élevé (3,6 %). Les sols des groupes 1 et 3 présentant des ratios significativement plus faibles ( $P < 0,01$  et  $P < 0,05$  respectivement). Ce ratio indique que les communautés bactériennes sont légèrement favorisées dans les sols des groupes 1 et 3 et que, à l'inverse, les communautés fongiques sont légèrement favorisées dans les sols du groupe 2.

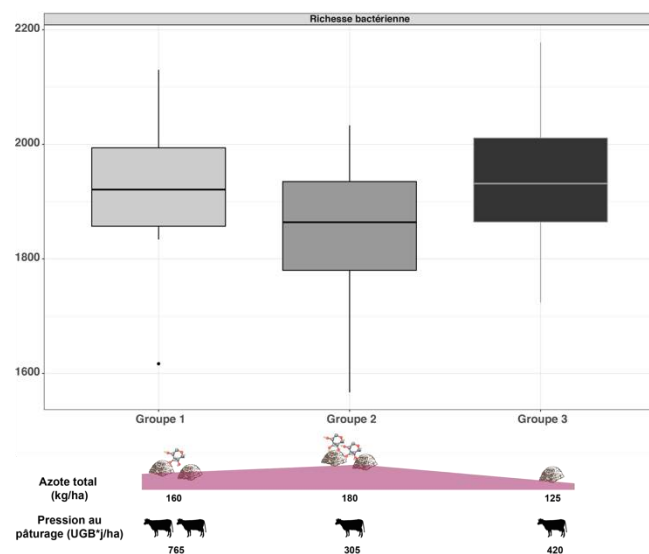


**Figure 3** – Équilibres microbiens évalués par le calcul du ratio de densité 18S/16S dans les sols de chaque groupe issu de la typologie du projet APORTHE.

### 2.2.3. Diversité microbienne

#### Diversité bactérienne

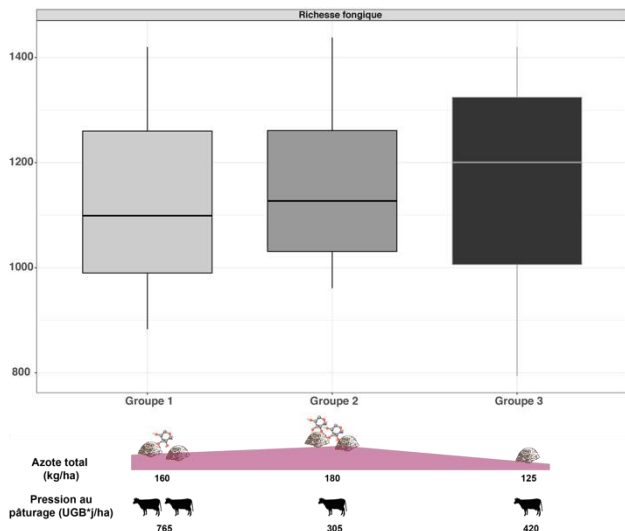
La figure 4 ci-dessous représente les valeurs de richesse (nombre d'UTOs par échantillon) mesurées dans les sols des différents groupes issus de la typologie. Comme pour la biomasse moléculaire microbienne, la distribution au sein de chaque groupe est très hétérogène. La richesse moyenne se situe entre 1 842 UTOs (groupe 2) et 1 940 UTOs (groupe 3). Cette forte dispersion des échantillons au sein de chaque groupe ne permet pas de mettre en évidence des différences significatives de niveau de la richesse bactérienne entre groupes.



**Figure 4** – Richesse bactérienne (nombre d'UTOs) mesurée dans les sols pour chaque groupe de la typologie du projet APORTHE.

#### Diversité fongique

La figure 5 ci-dessous représente les valeurs de richesse fongique (nombre d'UTOs par échantillon) mesurées dans les sols des différents groupes. Comme pour la richesse bactérienne, la distribution au sein de chaque groupe est très hétérogène. La richesse moyenne se situe entre 1 117 UTOs (groupe 1) et 1 159 UTOs (groupe 3). Cette forte dispersion des échantillons intra-groupe ne permet pas de mettre en évidence des différences significatives de niveau de richesse fongique entre groupes. Toutefois, une tendance semble se dessiner avec une légère augmentation de la richesse fongique entre les sols des groupes 1, 2 et 3.



**Figure 5** – Richesse fongique (nombre d’UTOs) mesurée dans les sols des groupes issus de la typologie du projet APORTHE.

### 3. DISCUSSION

Un des objectifs de cette étude était de caractériser l’impact des pratiques d’épandages d’effluents d’élevage mixtes porcine – bovine sur la microbiologie des sols de prairies en zone de montagne. Pour la première fois, différents indicateurs microbiologiques ont été utilisés pour répondre à cet objectif.

La biomasse moléculaire microbienne (BMM) est l’indicateur quantitatif le plus global mobilisé dans le cadre de ce projet. Il rend compte de la quantité totale de micro-organismes du sol. Cet indicateur de la qualité du sol est aujourd’hui reconnu par l’Observatoire National de la Biodiversité comme « indicateur national sol » (Dequiedt *et al.*, 2020). La BMM est sensible au type de sol mais aussi aux usages du sol et, notamment, aux pratiques agricoles. Le labour et l’utilisation de pesticides ont généralement un impact négatif sur la BMM (Dequiedt *et al.*, 2020). À l’inverse, une bonne couverture du sol (diversité floristique) (Dequiedt *et al.*, 2020) et des apports répétés d’amendements organiques ont généralement un effet positif sur la BMM (Sadet-Bourgeteau *et al.*, 2018). Dans le cadre de ce projet, la BMM est d’autant plus importante que l’apport en azote total est faible. Ce résultat peut sembler contradictoire au regard de la littérature existante mais doit être replacé dans le contexte plus général des pratiques agricoles et de l’échantillonnage. En effet, les sols ont été ici prélevés au moins 4 mois après le dernier apport d’effluents. Il est donc probable qu’au moment du prélèvement, l’effet de l’apport ne soit plus visible sur cet indicateur. Par ailleurs, le nombre de répétitions d’apports et la qualité de l’apport sont également connus pour influencer la BMM (Sadet-Bourgeteau *et al.*, 2018). Les valeurs de BMM observées dans les sols du groupe 3 pourraient s’expliquer par cet historique de pratiques d’apport ; cependant, actuellement, nous ne disposons pas des informations permettant de confirmer ou infirmer cette hypothèse. Enfin, les variations de BMM entre les différents groupes d’exploitations peuvent s’expliquer par des stratégies variables de gestion des prairies. En effet, les parcelles prélevées dans le groupe 1 sont très majoritairement sujettes aux pratiques de fauche et de pâture. Ceci suggère une gestion intensive de la prairie pour ce groupe d’exploitations, où l’exportation de la biomasse végétale ne permet pas une stimulation de la BMM du sol. Autre

élément, le pâturage plus intensif sur les parcelles prélevées du groupe 1 : 765 UGB<sup>j</sup>/ha, contre 305 et 420 UGB<sup>j</sup>/ha pour les parcelles des groupes 2 et 3 respectivement, pourrait induire une diminution du carbone présent dans le sol (Klump *et al.*, 2009) et expliquer une BMM plus faible.

Le ratio densité de champignons/densité de bactéries (ratio 18S/16S) permet de détecter un éventuel déséquilibre microbien pouvant avoir des répercussions négatives sur le fonctionnement biologique du sol (p. ex. minéralisation de la matière organique). Dans les sols naturels, ce ratio présente un optimum entre 1 % et 5 %. Une valeur au-delà indique une trop grande abondance en champignons et une valeur en deçà indique une trop grande abondance en bactéries. Ce ratio peut être influencé par différents facteurs comme le labour, l’apport de pesticides antimicrobiens, la quantité et la nature des apports organiques ou encore une contamination du sol par certains métaux, tel le cuivre (Dequiedt *et al.*, 2020). Dans le cadre du projet APORTHE, le ratio 18S/16S indique globalement pour les sols des 3 groupes, un bon équilibre microbien. Les exploitations du groupe 2 se distinguent des deux autres groupes par un ratio significativement supérieur illustrant une légère tendance à favoriser les communautés fongiques. Les champignons étant connus pour avoir un arsenal enzymatique plus complet pour dégrader les matières plus récalcitrantes, il est possible que les exploitations du groupe 2 épandent des effluents comprenant une plus large part de fumier (par rapport au lisier), plus difficile à dégrader.

L’analyse de la diversité microbienne par notamment le nombre d’UTOs permet de définir la richesse taxonomique (Terrat *et al.*, 2017). La richesse bactérienne est aujourd’hui validée comme un indicateur de référence de la qualité du sol (cf ci-avant). La diversité bactérienne est sensible au type de sol mais aussi aux usages du sol et notamment aux pratiques agricoles. Le labour, la bonne couverture du sol et l’apport d’amendements organiques ont généralement un effet positif sur la diversité des bactéries (Constancias *et al.*, 2015; Terrat *et al.*, 2017; Viaud *et al.*, 2018; Sadet-Bourgeteau *et al.*, 2018). Les nombres d’espèces procaryotes (~1 900 UTOs) et fongiques (1 100 UTOs) ne varient pas dans les sols des différents groupes d’exploitations. Toutefois, un autre aspect de la diversité microbienne consiste à assigner une taxonomie aux séquences afin de connaître le nom de l’espèce ou du genre microbien correspondant. Or une analyse discriminante linéaire des abondances relatives des taxa (Segata *et al.*, 2011) a permis d’observer des différences significatives entre groupes. Ainsi, dans les sols appartenant au groupe 1, de nombreux taxa sont affiliés aux archées, connues pour être des acteurs importants dans le cycle de l’azote. Par exemple, plusieurs membres de la famille *Nitrososphaeraceae* (Domaine Archaea, phylum *Thaumarchaeota*) sont présents en plus grande proportion dans le groupe 1, groupe ayant des apports azotés importants. Ceci est cohérent avec la littérature, où cette famille a déjà été identifiée comme significativement présente lors d’ajout important de nutriments azotés (Leff *et al.*, 2015). Concernant les bactéries, l’ordre des *Bacillales* (phylum *Firmicutes*) est lui aussi significativement plus présent dans le groupe 1. Cet ordre est connu pour être présent dans les effluents porcins (Lin *et al.*, 2019).

Chez les champignons, le genre *Paraglomus* est préférentiellement présent dans le groupe 3. Le fait que ce groupe soit constitué des exploitations épandant les quantités

d'effluent les plus faibles est en cohérence avec la littérature qui décrit la présence du genre *Paraglomus* dans les systèmes agricoles utilisant le moins d'intrants organiques (Zhu *et al.*, 2016).

Une autre façon d'évaluer l'impact des pratiques de gestion des effluents porcins-bovins sur la microbiologie des sols est de comparer les résultats obtenus dans le cadre du projet APORTHE avec ceux d'un référentiel adapté, tel le Réseau de Mesures de la Qualité des Sols (RMQS). Le RMQS a permis la genèse de référentiels pour différents indicateurs microbiologiques des sols, à partir de 2 200 sols représentant la France métropolitaine et ses quatre grands modes d'usage (forêts, prairies, grandes cultures et vignes), caractérisés par la BMM, le ratio 18S/16S, la diversité bactérienne (Dequiedt *et al.*, 2020). Les valeurs de BMM mesurées sur l'ensemble des échantillons du projet APORTHE sont équivalentes ou supérieures à la moyenne des sols du RMQS ( $\bar{x}$  = 60  $\mu$ g) et notamment à celle de ses sols de prairies ( $\bar{x}$  = 85  $\mu$ g). Ceci peut indiquer que, quel que soit le groupe d'exploitations considéré, les pratiques de gestion des effluents n'altèrent pas, voire stimulent, la BMM (Dequiedt *et al.*, 2020). En revanche, concernant la richesse bactérienne, les valeurs obtenues pour les échantillons de sol du projet APORTHE sont plus faibles (~1 900 UTOs) que la moyenne des prairies du RMQS ( $\bar{x}$  = 2014 UTOs). Ceci suggère que, bien que stimulant la BMM, les pratiques de gestion des effluents d'élevage ont induit ici une

diminution de la richesse bactérienne. Cette baisse de richesse peut potentiellement affecter le fonctionnement des sols et les services écosystémiques rendus par ces derniers. Des analyses supplémentaires seront nécessaires pour infirmer ou confirmer cette dernière hypothèse.

## CONCLUSION

Pour la première fois, l'impact des pratiques d'épandage des effluents d'élevages mixtes « Porcin-Bovin » en zone herbagère du Massif Central sur la qualité microbiologique des sols a pu être étudié. Grâce aux indicateurs microbiologiques, il semblerait qu'une pratique plus vertueuse, c'est-à-dire extensive avec moins d'apports d'effluents et d'engrais de synthèse et une pression au pâturage plus faible, induise une augmentation significative de la biomasse microbienne. Pour aller plus loin, il serait intéressant d'effectuer des analyses de partition de variance afin de connaître le « poids » des différentes variables de gestion des effluents et des paramètres environnementaux sur les variations de l'ensemble des indicateurs microbiologiques. De même, des outils d'inférence fonctionnelle, en cours de validation, permettront également d'avoir une idée du potentiel fonctionnel (abondance des gènes du microbiome) des communautés microbiennes des sols. Une attention toute particulière sera portée aux cycles du carbone, de l'azote et du phosphore.

## RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Prevost-Boure, N.C., Christen, R., Dequiedt, S., Mougél, C., Lelièvre, M., Jolivet, C., Shahbazkia, H.R., Guillou, L., Arrouays, D. and Ranjard, L., 2011. Validation and application of a PCR primer set to quantify fungal communities in the soil environment by real-time quantitative PCR. *PLoS one*, 6(9), p.e24166.
- Constancias, F., Terrat, S., Saby, N.P., Horrigue, W., Villerd, J., Guillemain, J.P., Biju-Duval, L., Nowak, V., Dequiedt, S., Ranjard, L. and Chemidlin Prévost-Bouré, N., 2015. Mapping and determinism of soil microbial community distribution across an agricultural landscape. *MicrobiologyOpen*, 4(3), pp.505-517.
- Dequiedt, S., Karimi, B., Prévost-Bouré, N.C., Terrat, S., Horrigue, W., Djemiel, C., Lelièvre, M., Nowak, V., Wincker, P., Jolivet, C. and Saby, N.P., 2020. Le RMQS au service de l'écologie microbienne des sols français. *Etude et Gestion des Sols*, 27(1), pp.51-71.
- Djemiel, C., Dequiedt, S., Karimi, B., Cottin, A., Girier, T., El Djoudi, Y., Wincker, P., Lelièvre, M., Mondy, S., Chemidlin Prévost-Bouré, N., Maron, P.A., Ranjard, L. and Terrat, S., 2020. BIOCOP-PIPE: a new user-friendly metabarcoding pipeline for the characterization of microbial diversity from 16S, 18S and 23S rRNA gene amplicons. *BMC bioinformatics*, accepted.
- Hugenholtz, P., 2002. Exploring prokaryotic diversity in the genomic era. *Genome biology*, 3(2), pp.reviews0003-1.
- Klumpp, K., Fontaine, S., Attard, E., Le Roux, X., Gleixner, G. and Soussana, J.F., 2009. Grazing triggers soil carbon loss by altering plant roots and their control on soil microbial community. *Journal of Ecology*, 97(5), pp.876-885.
- Leff, J.W., Jones, S.E., Prober, S.M., Barberán, A., Borer, E.T., Firn, J.L., Harpole, W.S., Hobbie, S.E., Hofmockel, K.S., Knops, J.M. and McCulley, R.L., 2015. Consistent responses of soil microbial communities to elevated nutrient inputs in grasslands across the globe. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112(35), pp.10967-10972.
- Lin, Y., Ye, G., Kuzyakov, Y., Liu, D., Fan, J. and Ding, W., 2019. Long-term manure application increases soil organic matter and aggregation, and alters microbial community structure and keystone taxa. *Soil Biology and Biochemistry*, 134, pp.187-196.
- Sadet-Bourgeteau, S., Houot, S., Dequiedt, S., Nowak, V., Tardy, V., Terrat, S., Montenach, D., Mercier, V., Karimi, B., Prévost-Bouré, N.C. and Maron, P.A., 2018. Lasting effect of repeated application of organic waste products on microbial communities in arable soils. *Applied Soil Ecology*, 125, pp.278-287.
- Segata, N., Izard, J., Waldron, L., Gevers, D., Miropolsky, L., Garrett, W.S. and Huttenhower, C., 2011. Metagenomic biomarker discovery and explanation. *Genome biology*, 12(6), pp.1-18.
- Terrat, S., Horrigue, W., Dequiedt, S., Saby, N.P., Lelièvre, M., Nowak, V., Tripied, J., Régnier, T., Jolivet, C., Arrouays, D. and Wincker, P., 2017. Mapping and predictive variations of soil bacterial richness across France. *PLoS one*, 12(10), p.e0186766.
- Terrat, S., Christen, R., Dequiedt, S., Lelièvre, M., Nowak, V., Régnier, T., Bachar, D., Plassart, P., Wincker, P., Jolivet, C. and Bispo, A., 2012. Molecular biomass and MetaTaxonomic assessment of soil microbial communities as influenced by soil DNA extraction procedure. *Microbial biotechnology*, 5(1), pp.135-141.
- Viaud, V., Santillán-Carvantes, P., Akkal-Corfini, N., Le Guillou, C., Prévost-Bouré, N.C., Ranjard, L. and Menasseri-Aubry, S., 2018. Landscape-scale analysis of cropping system effects on soil quality in a context of crop-livestock farming. *Agriculture, ecosystems & environment*, 265, pp.166-177.
- von Kerssenbrock, F., Husson, C., Dequiedt, S., Djemiel, C., Dounies B., Sadet-Bourgeteau, S., Mugnier and S., 2021. Comment les éleveurs des exploitations mixtes « Porcin-Bovin » du Massif Central gèrent-ils leurs effluents porcins ? Journées Rech. Porcine, Poster.
- Zhu, C., Ling, N., Guo, J., Wang, M., Guo, S. and Shen, Q., 2016. Impacts of fertilization regimes on arbuscular mycorrhizal fungal (AMF) community composition were correlated with organic matter composition in maize rhizosphere soil. *Frontiers in microbiology*, 7, p.1840.