











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 MetaTaxogenomic 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.