

## L'INDICE BIOLOGIQUE DE PRODUCTIVITÉ : MISE EN PLACE EN CONDITION RÉELLE DE PRODUCTION

Richard Hogue, Thomas Jeanne

**Projet :** IA113102

**Durée :** 05/2014 – 03/2017

### FAITS SAILLANTS

La précision de l'évaluation de la productivité du sol est améliorée par l'ajout des caractéristiques biologiques aux caractéristiques physico-chimiques, agronomiques et environnementales du sol. Un projet de recherche, comprenant 64 zones de gestion du sol (ZGS) réparties sur seize sites de production de pommes de terre, a permis la mise en place d'une base de données regroupant ces variables. La caractérisation de la structure et des fonctions des communautés microbiennes et microfauniques du sol a permis d'identifier des indicateurs biologiques de la qualité des cultures et de la productivité des sols. La base de données a permis de calculer un indice biologique de productivité (IBP) des sols qui identifie les groupes microbiens corrélés avec le rendement. Cette nouvelle approche fournit un outil supplémentaire d'aide à la décision aux producteurs qui effectuent des actions correctives dans des champs en perte de rendement ou qui veulent maintenir une bonne qualité biologique des sols concernant la productivité en pommes de terre. Lors d'échanges avec les producteurs partenaires du projet, il a été jugé pertinent d'utiliser la même base de données pour identifier les microorganismes pathogènes présents dans les sols analysés. Les mêmes analyses de sols ont alors détecté plusieurs des agents pathogènes de la pomme de terre. Un indice global de pathogénicité (IGP) a ainsi été ajouté à l'IBP. Il serait intéressant de poursuivre le développement de cette approche innovante d'indicateurs biologiques (IBP et IGP) par la mise en place d'essais de validation impliquant un nombre beaucoup plus élevé de sites de production de pommes de terre et de zones de gestion du sol. Cette approche innovante d'indicateurs biologiques peut être appliquée à d'autres cultures, dont les cultures de rotation utilisées dans les systèmes de production de pommes de terre étudiés au cours du projet. La base de données pourra ainsi s'accroître et améliorer la précision des corrélations entre les divers indicateurs biologiques et le rendement, ou la texture du sol ou le degré de compaction ou toutes autres variables agronomiques, environnementales ou physico-chimiques pour lesquelles des corrélations significatives peuvent être démontrées. L'adoption des indicateurs biologiques IBP et IGP améliorera notre compréhension de l'influence ces indicateurs sur la biologie, la productivité et la santé des sols agricoles.

### OBJECTIF ET MÉTHODOLOGIE

Le projet visait deux objectifs : 1- Déterminer les caractéristiques biologiques structurales et fonctionnelles de sols sous divers systèmes de cultures de pommes de terre. 2- Élaborer une base de données regroupant les caractéristiques biologiques, physico-chimiques, agronomiques et environnementales pour accroître le rendement et la qualité des cultures et préserver la productivité des sols.

Parmi les seize sites regroupant 64 ZGS, huit sites (32 ZGS) étaient en rotation maïs-grain/pomme de terre. Pour chaque site, quatre ZGS ont été étudiées. Un composite de quatre sols par ZGS, prélevés (0-20 cm) à la mi-saison, a été analysé en 2013 et 2014. Les ADN des sols ont été extraits en utilisant la trousse FastDNA SPIN pour le sol

(MPBiomedicals) et les bibliothèques de séquençage ont été préparées en ciblant les communautés bactériennes et eucaryotes. L'analyse du microbiome du sol a été réalisée par un séquençage haut débit effectué sur la plateforme Illumina MiSeq suivi du traitement bio-informatique effectué sous la plateforme QIIME avec les bases de références GreenGenes 13.8 et SILVA119 pour créer des matrices d'OTUs. Il est convenu qu'à chaque OTU correspond théoriquement une espèce de micro-organismes. Finalement, des corrélations ont été déterminées par une analyse Spearman non paramétrique des matrices d'OTUs bactériennes et eucaryotes. Les indices de productivité (IBP) du sol basés sur des OTUs bactériens ou eucaryotes corrélés au rendement en pommes de terre ou en maïs ont été calculés. De plus, un indice global de pathogénécité (IGP) a été calculé pour chacune des communautés bactérienne et eucaryote basé sur la conversion taxonomique des OTUs.

## **RETOMBÉES SIGNIFICATIVES POUR L'INDUSTRIE**

La biodiversité ou la richesse microbienne d'un sol réfère au nombre total d'OTUs au sein des matrices d'OTUs bactériennes et eucaryotes générées par l'analyse du microbiome de ce sol. Il est généralement admis qu'un sol en santé a une biodiversité plus élevée qu'un sol moins en santé. Nous avons constaté, dans cette étude, que la richesse microbienne globale n'est pas en lien avec le rendement en pommes de terre, lorsque le rendement est utilisé comme étalon de la productivité du sol. Les valeurs globales moyennes de richesse bactérienne et eucaryotique les plus faibles sont observées pour les 10 ZGS où les rendements de pommes de terre étaient les plus élevés (Tableau 1). Toutefois, lorsque la richesse moyenne de groupes microbiens spécifiques est calculée, on observe dans les sols les plus productifs (HAUT10) des valeurs moyennes de richesse en OTUs significativement plus élevées pour les bactéries Firmicutes, les champignons LKM11 et les nématodes. Par contre, la richesse des Actinobactéries et des Arthropodes était significativement plus élevée dans les sols les moins productifs (Tableau 1).

Les données métagénomiques ont permis d'identifier taxonomiquement les microorganismes bactériens, fongiques et autres eucaryotes présents dans les sols, de déterminer leur abondance respective et d'extrapoler leurs fonctions. En effectuant des corrélations avec le rendement des pommes de terre, nous avons calculé des indices biologiques de productivité (IBP) du sol (Tableau 2-A). Pour les huit sites ou 32 ZGS cultivées selon un système de production pommes de terre/maïs-grain, il existe une bonne relation entre le rendement et les indices IBP bactérien et eucaryotique et elle est meilleure lors de l'année pommes de terre.

Les analyses métagénomiques permettent de détecter simultanément les organismes pathogènes de la pomme de terre dans les sols. Un indice global de pathogénécité (IGP) associé soit aux agents pathogènes bactériens ou eucaryotiques a été calculé (Tableau 2-B). Ces indices permettent d'estimer le risque de maladies causées par des bactéries ou des eucaryotes dans les sols en culture de pommes de terre. L'approche d'indice global de pathogénécité sera validée par un prochain projet de recherche en 2017-2019.

## **APPLICATIONS POSSIBLES POUR L'INDUSTRIE ET SUIVI À DONNER**

L'industrie de la pomme de terre a désormais en main des outils permettant de déterminer précisément l'état de santé de leurs sols selon la productivité en pommes de terre. En guise d'exemple, la stratégie de correction employée par un producteur désirent corriger un champ en perte de rendement depuis plusieurs années peut faire intervenir plusieurs facteurs : des pratiques agronomiques de correction de la compaction, de la gestion de l'eau et de la fertilisation, la sélection des intrants, des cultures de rotation et des régies de protection des cultures.

Les données métagénomiques sont relativement stables au cours d'une saison agronomique, ainsi la détermination des indicateurs biologiques IBP et IGP des sols avant la correction deviennent des valeurs références. Puis, le calcul des IBP et IGP à chacune des saisons de mise en place des mesures de correction permet d'évaluer l'impact des pratiques agronomiques et des régies de culture sur la productivité des sols. Le producteur et ses conseillers peuvent modifier ou maintenir l'application des solutions envisagées pour moduler l'impact de la stratégie de correction de la productivité du sol.

Ces indices IBP et IGP de référence peuvent être utilisés à l'échelle d'un champ, de la ferme, d'un regroupement de fermes d'un bassin versant ou encore de régions agricoles pour estimer l'évolution de l'impact des pratiques et régies agricoles sur la richesse et la diversité microbienne et microfaunique des sols. Ces indices IBP et IGP peuvent aussi s'ajouter au suivi d'indices physico-chimiques, agronomiques et environnementaux pour, d'une part, mesurer l'impact des émissions de gaz à effet de serre et des changements climatiques et, d'autre part, mesurer l'efficacité des mesures d'atténuation mises en place.

Actuellement, les indices IBP et IGP sont calculés avec une base de données établie dans un contexte de huit sites (32 ZGS) d'un système cultural pommes de terre – maïs-grain en rotation. Les huit autres sites du projet regroupent des systèmes culturaux plus diversifiés, soit la pomme de terre en rotation avec soit du blé, de l'avoine, de l'orge, du canola, du sarrasin, du ray-grass, du millet perlé...). Cette grande diversité ne permet pas d'avoir assez de données répliquées. À l'automne 2016, nous avons soumis une demande de financement d'un projet qui vise à accroître substantiellement le nombre d'essais pour chacun des systèmes culturaux pommes de terre – cultures de rotation pour valider cette approche innovante des indices biologiques IBP et IGP appliquée à la productivité des sols cultivés.

**Tableau 1 :** Valeurs moyennes de la richesse microbienne, soit la moyenne d'OTUs observées, pour les communautés bactériennes et eucaryotes des 10 zones de gestion de sol montrant les plus faibles rendements de pommes de terre (BAS10), ou les meilleurs rendements (HAUT10), ou au total des 32 ZGS (Moyenne32) localisées dans les huit sites (32 ZGS) d'un système de production pommes de terre – maïs-grain en rotation.

| Groupe microbien | BAS10         | HAUT10          | Moyenne32     |
|------------------|---------------|-----------------|---------------|
| <b>Bacteria</b>  | <b>1152.8</b> | <b>979.7</b>    | <b>1066.3</b> |
| Acidobacteria    | 99.4          | 85.4            | 92.4          |
| Actinobacteria   | <b>297.7*</b> | 200.8           | 249.3         |
| Bacteroides      | 71.2          | 74.4            | 72.8          |
| Firmicutes       | 78.8          | <b>112.8***</b> | 95.8          |
| Proteobacteria   | 430.6         | 379.8           | 405.2         |
| <b>Eukaryota</b> | <b>452.9</b>  | <b>405.6</b>    | <b>429.3</b>  |
| Arthropoda       | <b>1.7*</b>   | 0.7             | 1.2           |
| Ascomycota       | 245.7         | 215.0           | 230.4         |
| Basal fungi      | 41.5          | 32.7            | 37.1          |
| Basidiomycota    | 4.9           | 6.9             | 5.9           |
| Cercozoa         | 116.3         | 99.2            | 107.8         |
| LKM11            | 13.7          | <b>19.3**</b>   | 16.5          |
| Nematoda         | 1.9           | <b>4.7**</b>    | 3.3           |

**Tableau 2 :** IBP bactéries ou eucaryotes calculés à partir de corrélations de Spearman avec le rendement en pommes de terre (A). IGP bactéries ou eucaryotes calculés par la sommation des proportions des agents pathogènes de la pomme de terre détectés dans les zones de gestion de sol (B). L'intensité de la coloration s'accroît avec la valeur du rendement ou des indices.

| A | CAT   | Rendement- | IB_PDT_bac | IB_PDT_eu | B     | ind_patho | ind_patho |
|---|-------|------------|------------|-----------|-------|-----------|-----------|
|   |       | PDT (t/ha) | téries     | caryotes  |       | bact (%)  | euc (%)   |
|   | BAS10 | 15,94      | -2,19      | -5,43     |       | 0,58      | 1,9       |
|   |       | 18,75      | -1,79      | -4,70     |       | 0,28      | 2,12      |
|   |       | 19,29      | -1,89      | -5,02     |       | 0,92      | 1,38      |
|   |       | 23,11      | -2,03      | -3,65     |       | 0,2       | 0,58      |
|   |       | 23,44      | -1,82      | -4,94     |       | 1,04      | 2,4       |
|   |       | 25,10      | -1,51      | -3,88     |       | 0,76      | 3,52      |
|   |       | 26,73      | -2,58      | -3,43     |       | 0,56      | 1,26      |
|   |       | 28,23      | -1,62      | -4,17     |       | 0,82      | 5,6       |
|   |       | 29,18      | -1,85      | -3,79     |       | 1,42      | 4,6       |
|   |       | 29,35      | -1,67      | -2,86     |       | 0,68      | 2,1       |
|   |       | HAUT10     | 40,39      | 0,99      | -3,43 |           | 0,4       |
|   | 44,36 |            | -0,40      | -2,61     |       | 0,02      | 0,86      |
|   | 49,81 |            | 0,17       | -2,07     |       | 0,22      | 0,16      |
|   | 51,08 |            | 0,60       | 0,88      |       | 0,22      | 2,14      |
|   | 51,34 |            | 0,37       | -0,38     |       | 0,1       | 0,8       |
|   | 53,48 |            | 0,62       | -0,20     |       | 0,62      | 7,5       |
|   | 54,25 |            | 0,27       | 0,14      |       | 0,6       | 6,1       |
|   | 56,21 |            | 0,32       | -1,00     |       | 0,34      | 3,62      |
|   | 58,06 |            | 1,47       | 0,61      |       | 0,12      | 3,16      |
|   | 62,97 |            | -0,21      | -1,20     |       | 0,1       | 1,06      |

## POINT DE CONTACT

Nom du responsable du projet : Richard Hogue

Téléphone : (418) 643-2380, poste 420

Télécopieur : (418) 644-6855

Courriel : [richard.hogue@irda.qc.ca](mailto:richard.hogue@irda.qc.ca)

## REMERCIEMENTS AUX PARTENAIRES FINANCIERS

Ces travaux ont été réalisés grâce à une aide financière du Programme Innov'Action agroalimentaire, un programme issu de l'accord du cadre Cultivons l'avenir 2 conclu entre le ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec, et Agriculture et Agroalimentaire Canada.