

Oberholzer, H.-R., Scheid, S. (2007). Paramètres microbiologiques des sols. Évaluation de l'état des sols agricoles dans le réseau de mesure de référence NABO à l'aide de paramètres biologiques (NABO-bio). *Connaissances sur l'environnement* 0723. Office fédéral de l'environnement (OFEV), Berne.

UNA Atelier für Naturschutz und Umweltfragen AG, Berne (2023). Observation cantonale des sols KABO – Relevés de végétation 2022 et chimie des sols. Service spé-

cialisé des sols, 3052 Zollikofen, rapport interne.

VBBio (2025). Guide pratique pour le relevé et l'évaluation des paramètres biologiques des sols:

<https://www.bafu.admin.ch/dam/fr/sd-web/xmWQiUJQqWRp/arbeitshilfe-monitoring-bodenbiologie.pdf>

Bulletins BioSA:

[Groupe de travail Biologie du sol - application \(BioSA\)](#)

3.3 Microbiote du sol au fil du temps – étude de l'évolution temporelle des communautés microbiennes sur les sites NABObio sur une période de dix ans

Janine Moll-Mielewczik¹, Florian Walder¹ et Florian Gschwend²

¹ Agroscope, Qualité des sols et utilisation des terres, 8046 Zurich

² Agroscope, Écologie moléculaire, 8046 Zurich

Les communautés bactériennes et fongiques du sol évoluent au cours de l'année, sous l'influence des saisons, de la composition de la communauté végétale et de l'état des plantes qui y poussent. Ce processus peut entraîner des modifications tant de la diversité des bactéries et des champignons que de la composition des communautés et de la fréquence des différents taxons (Lauber et al., 2013). Mais comment la composition et la structure des communautés microbiennes évoluent-elles sur plusieurs années? Il n'existe que quelques études isolées ayant examiné les communautés microbiennes sur plusieurs années dans des conditions non expérimentales. Deux études ont examiné les communautés bactériennes et fongiques dans les sols sur une période de 5 ans et comptent parmi les études les plus longues menées dans ce domaine : en étudiant des sols forestiers tchèques entre 2013 et 2017, il a été démontré que les communautés bactériennes et fongiques évoluent lé-

gèrement au fil du temps et s'écartent ainsi de plus en plus de la communauté d'origine (Martinovic et al., 2021). La deuxième étude a été menée dans le cadre de l'Observatoire national des sols de la Suisse (NABO) de 2012 à 2016 (Gschwend et al., 2021) et s'est ensuite poursuivie.

Les relevés biologiques menés chaque année en Suisse depuis plus de 10 ans dans le cadre du NABO (NABObio), qui permettent de recueillir les paramètres globaux «respiration basale» et «biomasse microbienne», ainsi que les données sur la diversité basées sur l'ADN (métabarcoding), peuvent désormais contribuer de manière significative à combler cette lacune dans les connaissances – et ce, pour différents types d'utilisation des sols. Dans la présente étude, nous montrons que les changements temporels des communautés microbiennes du sol varient en fonction de l'utilisation des sols. L'étude NABObio menée de 2012 à 2016 a fourni de premiers

indices: sur les 30 sites étudiés, seuls trois ont montré des signes de changements significatifs dans les communautés microbiennes du sol sur une période de cinq ans (Gschwend et al., 2021). Grâce à la poursuite de ces recherches, des données sur une période de 10 ans sont désormais disponibles pour 19 des 30 sites initiaux de NABObio (Moll-Mielewicz et al., en préparation). Ces sites comprennent neuf terres arables, sept prairies permanentes, deux sites changeant d'utilisation de prairies permanentes aux terres arables, ainsi qu'un site où l'herbe a été réensemencée à deux reprises au fil des ans après un travail du sol. À partir des analyses des communautés microbiennes de ces sites, on a cherché à déterminer (i) comment les communautés bactériennes et fongiques évoluent dans les sols des sites de terres arables et de prairies permanentes sur une période de 10 ans avec des mesures annuelles, (ii) quel est le rapport entre ces changements temporels et les propriétés du sol ainsi que les utilisations des terres, (iii) quels taxons bactériens et fongiques évoluent, et (iv) si les variations temporelles restent dans une fourchette attendue. Les principaux résultats de la publication scientifique de Moll-Mielewicz et al. (en préparation) sont résumés ici.

Les indicateurs microbiens montrent une évolution temporelle marquée sur la période étudiée (Fig.1): la biomasse microbienne diminue chaque année de 0.7 % sur les sites de terres arables et de prairies permanentes, et l'indice de Simpson inverse bactérien (indicateur de diversité alpha) recule de 1.6 % par an par rapport à la valeur de 2012. Les communautés bactériennes et fongiques des sites de terres arables et de prairies permanentes s'écartent de 0.6 % et 1 % par an par rapport aux communautés de 2012. En revanche, aucun changement n'a pu être constaté au niveau de la respiration basale et de la diversité alpha des champignons sur l'ensemble des sites

de terres arables et de prairies permanentes sur une période de 10 ans. Au niveau taxonomique, des taxons spécifiques dont l'abondance relative a varié au cours de la période d'étude ont pu être identifiés. Parmi les bactéries, 28 familles sur 183 (15%) et parmi les champignons, 5 familles sur 257 (2 %) ont été identifiées qui évoluent en termes d'abondance relative au fil du temps.

On observe donc, pour plusieurs des paramètres microbiens étudiés, des changements temporels continus sur une période de 10 ans. Ceux-ci peuvent être dus à une adaptation aux variations des paramètres pédoclimatiques, tels que la température, les précipitations, la teneur en nutriments ou l'humidité du sol, qui diffèrent légèrement d'une année à l'autre, au travail du sol, ainsi qu'à la variabilité naturelle des microorganismes et à la sélection écologique. Cependant, si l'on compare ces variations temporelles à l'influence des caractéristiques pédoclimatiques sur les communautés bactériennes et fongiques, on constate que le facteur temps n'explique que 5 % de la variation chez les bactéries et 4 % chez les champignons. Les principaux facteurs sont le site (bactéries: 39 %, champignons: 45 %), le type d'utilisation des sols (22 % chacun) ainsi que le pH (bactéries: 22 %, champignons: 17 %). Les communautés bactériennes et fongiques évoluent donc relativement peu sur une période de 10 ans, ce qui souligne la spécificité des communautés microbiennes en fonction du site.

Afin de déterminer quels paramètres pédo-logiques et caractéristiques météorologiques influencent les variations temporelles des paramètres biologique, l'influence de ces paramètres a été analysée à l'aide de modèles linéaires hiérarchiques (modèles à effets mixtes). Une partie de l'effet temporelle de la biomasse microbienne s'explique par les changements du carbone organique, ainsi que, dans une

moindre mesure, par la température annuelle moyenne et la teneur en eau du sol. L'évolution dans le temps de la diversité alpha bactérienne ne constitue qu'une tendance et n'est pas significative après ajustement de la valeur p pour tenir compte des tests multiples; elle semble toutefois dépendre fortement de la température annuelle moyenne et de la densité de la terre fine. L'évolution des communautés bactériennes et fongiques pendant les années dépendait de manière significative de la température annuelle moyenne.

Afin de déterminer si les variations temporelles observées s'inscrivent dans la fourchette des fluctuations naturelles ou si elles la dépassent, des plages normales ont été définies pour chaque paramètre microbien. Ces plages dites NOR (normal operating ranges) se basent sur l'intervalle de confiance à 95 % des valeurs mesurées et ont été calculées séparément pour chaque type d'utilisation des sols à partir des moyennes des mesures de 2012 à 2016, période durant laquelle les communautés étaient stables. Un site a été considéré comme présentant une évolution dans le temps lorsque les trois réplicats par paramètre de mesure se situaient en dehors des NOR pendant au moins trois années consécutives et ne revenait pas dans la NOR avant la fin de la série de mesures. Selon cette définition, quatre sites de terres arables et un site de prairies permanentes ont évolué au fil du temps et ont dépassé les limites de la NOR. Les raisons de cette situation ne sont toutefois pas connues à l'heure actuelle et devraient être clarifiées au cas par cas.

Les sites ayant connu un changement d'utilisation des sols constituent une base permettant de tester la NOR et d'identifier les indicateurs qui mettent en évidence ce changement dans la gestion. Le passage des prairies permanentes aux cultures arables a entraîné des dépassements de la

NOR pour la biomasse microbienne ainsi que pour les communautés bactériennes et fongiques. De plus, la NOR de la diversité alpha bactérienne a été dépassée pendant au moins trois ans après le changement, mais est revenue à la normale au fil des années. Le changement plus progressif, sur un site, de prairie permanente en prairie permanente avec des rangées de chanvre semées a entraîné un dépassement de la NOR de la biomasse microbienne. Sur le troisième site, l'herbe a été réensemencée deux fois au cours des dix années et, lors de la dernière année analysée, en 2021, du blé d'hiver a été cultivé. Sur ce site, la NOR relative à la modification de la communauté bactérienne par rapport à 2012 n'a été dépassée que trois fois, avec un certain retard par rapport à la première mesure de 2018 à 2021, à l'exception de 2019. On peut donc supposer que, malgré le non-respect des règles strictes de la NOR, il existe des indices forts indiquant que ce site est en déséquilibre. Dans l'ensemble, les sites ayant connu un changement d'utilisation des sols montrent que la biomasse microbienne et les communautés bactériennes et fongiques sont mieux adaptées pour détecter les changements dans les écosystèmes du sol que la respiration basale ou la diversité alpha. La définition de la NOR constitue une première étape vers une évaluation de la mesure dans laquelle les communautés bactériennes et fongiques peuvent évoluer avant que la pression ne devienne si forte qu'elles basculent dans un autre état.

Grâce à cet échantillonnage annuel intensif et à l'analyse approfondie des communautés microbiennes par DNA métabarcoding, combinés aux paramètres globaux sur une période de 10 ans, il a été possible de mener des tests rigoureux visant à déterminer dans quelle mesure ces indicateurs sont capables de refléter de manière fiable les changements au fil du temps. Les séries de données NABObio ont permis de montrer que les communautés microbiennes et la

biomasse microbienne sont plus adaptées pour détecter les changements que la respiration basale et les mesures de diversité alpha. De plus, il est clairement apparu que la spécificité des communautés microbiennes à un site donné est très marquée et que les changements sur dix ans sont relativement faibles. Cependant, comme les changements observés dans les communautés microbiennes sont en corrélation avec la hausse des températures, il faut s'attendre à ce que le changement clima-

tique entraîne des bouleversements plus importants dans les écosystèmes microbiens du sol au cours des prochaines décennies. Il n'est pas encore possible de prévoir dans quelle mesure cela se traduira par des modifications des fonctions des écosystèmes microbiens du sol; des études supplémentaires visant à caractériser le potentiel fonctionnel des microorganismes du sol sur les sites NABO permettront d'apporter des premiers éclaircissements à ce sujet.

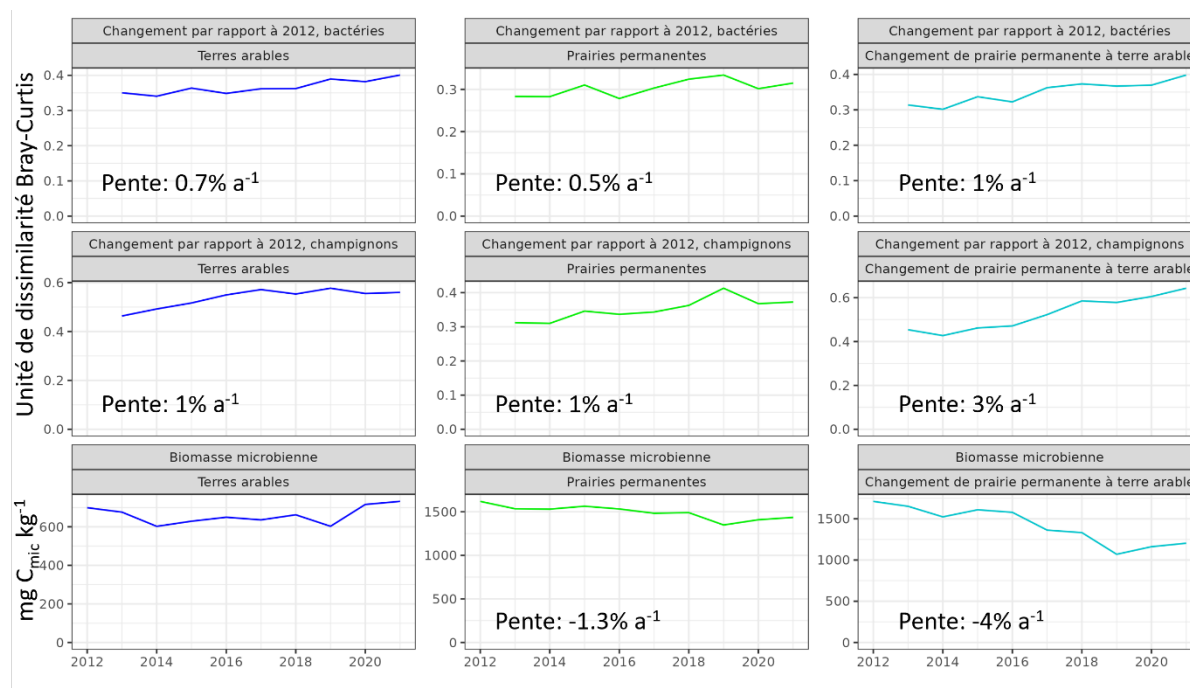


Figure 1: Évolution dans le temps des valeurs moyennes sur les sites de terres arables (bleu), les sites de prairies permanentes (vert) et les sites ayant subi un changement d'utilisation (turquoise) concernant les communautés bactériennes (en haut) et fongiques (au milieu), ainsi que la biomasse microbienne (en bas). La pente des modèles linéaires à effets mixtes est exprimée en pourcentage de variation par an (a⁻¹) par rapport à la mesure initiale de 2012, lorsque la variation était statistiquement significative (valeur $p < 0,001$)

Références

Gschwend, F., Hartmann, M., Hug, A. S., Enkerli, J., Gubler, A., Frey, B., Meuli, R.G., & Widmer, F. (2021). Long-term stability of soil bacterial and fungal community structures revealed in their abundant and rare fractions. *Molecular Ecology* 30, 4305-4320.

Lauber, C. L., Ramirez, K. S., Aanderud, Z., Lennon, J., & Fierer, N. (2013). Temporal variability in soil microbial communities across land-use types. *The ISME Journal* 7, 1641-1650.

Martinović, T., Odriozola, I., Mašínová, T., Doreen Bahnmann, B., Kohout, P., & Baldrian, P. (2021). Temporal turnover of the soil microbiome composition is guild-specific. *Ecology Letters* 24, 2726-2738.

Moll-Mielewicz, J., Durand-Maniclas, F., Widmer, F., Walder, F., & Gschwend, F. Long-term dynamics of soil bacterial and fungal communities over ten years (in preparation).