

UNIVERSITÉ DU QUÉBEC À MONTRÉAL

IMPACT DES RÉGIES D'AGRICULTURE DE CONSERVATION SUR LES
COMMUNAUTÉS MICROBIENNES DES SOLS ET LA PERSISTANCE DES
HERBICIDES À BASE DE GLYPHOSATE DANS LES GRANDES CULTURES
AU QUÉBEC

MÉMOIRE
PRÉSENTÉ
COMME EXIGENCE PARTIELLE
DE LA MAÎTRISE EN SCIENCES DE L'ENVIRONNEMENT

PAR
BLANDINE GIUSTI

DÉCEMBRE 2021

UNIVERSITÉ DU QUÉBEC À MONTRÉAL
Service des bibliothèques

Avertissement

La diffusion de ce mémoire se fait dans le respect des droits de son auteur, qui a signé le formulaire *Autorisation de reproduire et de diffuser un travail de recherche de cycles supérieurs* (SDU-522 – Rév.04-2020). Cette autorisation stipule que «conformément à l'article 11 du Règlement no 8 des études de cycles supérieurs, [l'auteur] concède à l'Université du Québec à Montréal une licence non exclusive d'utilisation et de publication de la totalité ou d'une partie importante de [son] travail de recherche pour des fins pédagogiques et non commerciales. Plus précisément, [l'auteur] autorise l'Université du Québec à Montréal à reproduire, diffuser, prêter, distribuer ou vendre des copies de [son] travail de recherche à des fins non commerciales sur quelque support que ce soit, y compris l'Internet. Cette licence et cette autorisation n'entraînent pas une renonciation de [la] part [de l'auteur] à [ses] droits moraux ni à [ses] droits de propriété intellectuelle. Sauf entente contraire, [l'auteur] conserve la liberté de diffuser et de commercialiser ou non ce travail dont [il] possède un exemplaire.»

REMERCIEMENTS

J'aimerais tout d'abord remercier mon directeur de recherche Marc Lucotte d'avoir cru en moi dès le début de la réalisation de ce mémoire et de m'avoir permis à arriver plus loin que je ne l'aurais pu sans ses encouragements. Merci de m'avoir donné cette chance d'explorer le monde de la recherche, mais aussi d'en apprendre plus sur moi personnellement.

Je remercie Richard Hogue mon co-directeur de m'avoir accueillie dans son laboratoire et de m'avoir accompagnée pour avancer par petits pas quand la confiance me faisait défaut. J'ai beaucoup appris grâce à ses précieux conseils.

J'aimerais remercier tous ceux qui ont été présents sur les terrains et au laboratoire de l'UQAM. Jérôme Bernier-Brillon, Ariane Bernier, Benoît Terrier, Clara Pin, Myriam Fontaine et Guy Martial Takam Fongang pour votre bonne humeur et pour m'avoir fait découvrir un peu le Québec à l'extérieur de Montréal. Un merci particulier à Matthieu Moingt pour avoir été très présent au laboratoire et toujours prêt à m'aider, notamment (trop) tôt le matin. Je remercie aussi Louis Pérusse, Mike Verdonck et René Tétu pour avoir partagé leurs connaissances et rendu possibles les échantillonnages sur le terrain.

Un grand merci à Thomas Jeanne pour m'avoir accompagné dans l'analyse des données, et d'avoir toujours été très disponible, surtout dans le dernier rush. Merci à Joël D'Astous-Pagé et à toute l'équipe du laboratoire d'écologie microbienne de l'IRDA de m'avoir accueillie.

Je remercie spécialement Geneviève Crisafi qui est devenue une amie proche au fil des mois passés ensemble. Merci d'avoir été un soutien pendant ces années, à distance depuis le début de la pandémie et dans les moments les plus difficiles.

Merci à ma « bulle », Margaux Dubé, Mathieu Lins, Alex Kérouack, Maxence Lorrain (et Kuro) de m'avoir aidé à traverser ces premiers mois de pandémie difficiles, et à tenir bon jusqu'au bout. Merci à ma famille pour son soutien depuis l'autre côté de l'Atlantique. Merci particulièrement à Francis Savignac de m'avoir aidée à garder l'équilibre dans les moments les plus difficiles et de m'avoir permis d'arriver au bout de ce travail par ses encouragements

AVANT-PROPOS

Ce mémoire a été réalisé dans le cadre du programme de recherche en partenariat stratégique MYFROG (Maintaining high Yields in Québec Field crops while Reconsidering the Option of using Glyphosate) financé par le CRSNG sous la direction de Marc Lucotte et la co-direction Richard Hogue. Il est présenté sous forme de deux articles (Chapitres 1 et 2) qui seront soumis pour publication dans leur version anglaise dans la revue *Applied Soil Ecology*. Je suis l'auteur principale des deux articles pour lesquels j'ai réalisé la grande majorité des échantillonnages, des analyses de laboratoire, de l'analyse de données et de la rédaction.

Pour le Chapitre 1 : effets de la rotation des cultures et des plantes de couverture sur la diversité microbienne de sols de grandes cultures, j'ai réalisé les échantillonnages de sol avec les autres étudiants du projet, les analyses microbiologiques, l'analyse des données de métagénomique et la rédaction. Marc Lucotte et Richard Hogue ont supervisé les différentes étapes et participé à la rédaction. Thomas Jeanne a participé à l'analyse des données.

Pour le Chapitre 2 : persistance du glyphosate et de l'AMPA en grandes cultures dans différentes régions en lien avec les communautés microbiennes, j'ai réalisé les échantillonnages de sol avec les autres étudiants du projet, les analyses de teneurs en glyphosate et en AMPA, les analyses microbiologiques et la rédaction. Marc Lucotte et Richard Hogue ont supervisé les différentes étapes et participé à la rédaction. Thomas Jeanne a réalisé l'analyse des données de métagénomique. Matthieu Moingt a contribué à la réalisation des analyses de teneurs en glyphosate et en AMPA.

TABLE DES MATIÈRES

AVANT-PROPOS	iv
LISTE DES FIGURES.....	ix
LISTE DES TABLEAUX.....	xi
LISTE DES ABRÉVIATIONS, DES SIGLES ET DES ACRONYMES	xiii
LISTE DES ABRÉVIATIONS SPÉCIFIQUES AUX ÉQUATIONS DU CHAPITRE II.....	xvi
LISTE DES SYMBOLES ET DES UNITÉS.....	xviii
RÉSUMÉ GÉNÉRAL.....	xx
INTRODUCTION	1
0.1 Utilisation des herbicides à base de glyphosate	1
0.2 Mobilité du glyphosate et impacts sur la santé humaine	2
0.3 Agriculture de conservation	3
0.3.1 Diversification végétale par rotation des cultures	3
0.3.2 Diversification végétale par les couverts végétaux	4
0.4 Indicateurs de santé des sols.....	4
0.5 Biologie du sol.....	5
0.6 Utilisation d'analyses métagénomiques pour étudier le microbiome des sols....	6
0.7 Sites expérimentaux et objectifs de recherche	6
CHAPITRE I EFFETS DE LA ROTATION DES CULTURES ET DES PLANTES DE COUVERTURE SUR LA DIVERSITÉ MICROBIENNE DE SOLS CULTIVÉS EN GRANDES CULTURES	9

1.0	Résumé.....	10
1.1	Introduction.....	11
1.1.1	Le labour en agriculture conventionnelle.....	11
1.1.2	L’agriculture de conservation.....	12
1.1.3	Objectifs de recherche.....	13
1.2	Matériel et méthodes.....	14
1.2.1	Régies de culture des parcelles expérimentales.....	14
1.2.2	Échantillonnages des sols.....	16
1.2.3	Analyses physico-chimiques des sols des deux sites.....	16
1.2.4	Analyse de la diversité microbienne des sols.....	17
1.2.5	Bio-informatique.....	18
1.2.6	Analyses statistiques.....	18
1.3	Résultats.....	19
1.3.1	Quantification par qPCR des bactéries et des champignons totaux.....	19
1.3.2	Rapport bactéries/champignons.....	20
1.3.3	Estimation de la richesse des bactéries et des eucaryotes.....	22
1.3.4	Composition microbienne.....	22
1.4	Discussion.....	31
1.4.1	Impact des régies de culture sur la biomasse des microorganismes.....	31
1.4.2	Influence des régies sur la diversité bactérienne.....	34
1.4.3	Effet des régies de culture sur la diversité eucaryote.....	38
1.5	Conclusion.....	39
CHAPITRE II PERSISTANCE DU GLYPHOSATE ET DE L’AMPA EN GRANDES CULTURES DANS DIFFÉRENTES RÉGIES EN LIEN AVEC LES COMMUNAUTÉS MICROBIENNES.....		41
2.0	Résumé.....	42
2.1	Introduction.....	43
2.1.1	Structure du sol et résidus végétaux.....	43
2.1.2	Dégradation microbienne.....	45
2.1.3	Objectifs et hypothèses.....	46
2.2	Matériel et méthodes.....	47
2.2.1	Régies de culture des parcelles expérimentales.....	47
2.2.2	Applications d’herbicides.....	48
2.2.3	Échantillonnages des sols.....	49
2.2.4	Mesure des teneurs en glyphosate et AMPA dans les sols.....	50

2.2.5	Équations utilisées pour le traitement des données de glyphosate et d'AMPA.....	51
2.2.6	Analyses microbiennes des sols	53
2.2.7	Analyses statistiques	53
2.3	Résultats	54
2.3.1	Applications d'HBG et teneurs en glyphosate et AMPA par régie.....	54
2.3.2	Teneurs en Glyphosate et AMPA mesurés et FDEG par parcelle.....	55
2.3.3	Effet des communautés microbiennes sur la dissipation du glyphosate..	61
2.4	Discussion	66
2.4.1	Teneurs en glyphosate et en AMPA mesurées dans les sols.....	66
2.4.2	Effet des régies sur la persistance du glyphosate et de l'AMPA après deux années d'applications de différentes doses	66
2.4.3	Effet des régies sur la persistance du glyphosate et de l'AMPA durant l'année 2019 avec applications similaires d'HBG	68
2.4.4	Rôle des communautés microbiennes sur la dissipation du glyphosate ..	69
2.5	Conclusion.....	71
	CONCLUSION	73
	ANNEXE A CHRONOLOGIE DÉTAILLÉE DES OPÉRATIONS AGRICOLES PAR PARCELLE	75
	ANNEXE B TEXTURE DU SOL DANS LES PARCELLES	92
	ANNEXE C TENEURS EN ELEMENTS DANS LES PARCELLES.....	94
	ANNEXE D ANOVA DE LA QUANTIFICATION MICROBIENNE ET DU RAPPORT BACTÉRIES/CHAMPIGNONS PAR PARCELLE À 2019 T1	97
	ANNEXE E ANOVA DE LA RICHESSE BACTÉRIENNE ET EUCARYOTE PAR PARCELLE À 2019 T1	100
	ANNEXE F COMPOSITION MICROBIENNE À 2019 T1.....	103
	ANNEXE G HERBICIDES NON HBG APPLIQUÉS SUR LES PARCELLES ...	105
	ANNEXE H ANOVA DE LA RICHESSE BACTÉRIENNE ET EUCARYOTE PAR PARCELLE À 2019 T3	107

ANNEXE I PERMANOVA DES COMPOSITIONS MICROBIENNES ENTRE LES PARCELLES À 2019 T3.....	110
BIBLIOGRAPHIE.....	115

LISTE DES FIGURES

Figure	Page
1.1 Parcelles expérimentales mises en place en 2016 chez les producteurs	15
1.2 Quantification par qPCR (U.A. g ⁻¹ sol sec) du nombre des bactéries (A) et des champignons (B) détectés dans le sol au printemps 2019 en fonction des régies de culture appliquées depuis 2016 aux deux sites d'étude lorsque les parcelles des cultures d'intérêt sont confondues. Les couleurs correspondent aux régies SCV (vert), SD3C (orange) et SD2C (violet)	20
1.3 Rapport du log des biomasses moléculaires bactéries/champignons dans les sols prélevés au printemps 2019 aux deux sites d'étude entre les trois régies par précédent cultural.....	21
1.4 Estimation de la richesse par les indices de Shannon et de Chao1 des bactéries (respectivement A et B) et des eucaryotes (respectivement C et D) en fonction des régies de culture aux deux sites d'étude pour les sols prélevés au printemps 2019. Les couleurs correspondent aux régies SCV (vert), SD3C (orange) et SD2C (violet)	23
1.5 NMDS de la distance de Bray-Curtis des bactéries à Sainte-Marthe (A) et à Montmagny (B) et des eucaryotes à Sainte-Marthe (C) et à Montmagny (D) dans les sols prélevés au printemps 2019 dans les parcelles mises en place en 2016. Les couleurs correspondent à la régie de culture soit SCV (vert), SD3C (rose) et SD2C (bleu), la forme et le dégradé représentent la culture de l'année précédente (soya, maïs et blé).....	26

- 1.6 Analyse *DESeq2* de comparaison des ASV bactériens impactés par la rotation à trois cultures (SD3C) par rapport à la rotation à deux cultures (SD2C) à Sainte-Marthe (A) et à Montmagny (B) et des ASV bactériens impactés par le couvert végétal (SCV) par rapport à la même rotation sans couvert végétal (SD3C) à Sainte-Marthe (C) et à Montmagny (D) pour les sols prélevés au printemps 2019. Les ASV ont été regroupés par phylum pour simplifier la visualisation. 29
- 1.7 Analyse *DESeq2* de comparaison des ASV eucaryotes impactés par la rotation à trois cultures (SD3C) par rapport à la rotation à deux cultures (SD2C) à Sainte-Marthe (A) et à Montmagny (B) et des ASV impactés par le couvert végétal (SCV) par rapport à la même rotation sans couvert végétal (SD3C) à Sainte-Marthe (C) et à Montmagny (D) pour les sols prélevés au printemps 2019. Les ASV ont été regroupés par phylum pour simplifier la visualisation..... 30
- 2.1 Analyse différentielle des ASV corrélés positivement et des ASV corrélés négativement à la fraction de dissipation de glyphosate (équivalent-glyphosate mesuré par rapport à la teneur théoriquement quantifiable à la suite du cumul des doses appliquées d'HBG à 2019 T1 aux deux sites..... 64
- 2.2 Log-ratio (logarithme népérien des ratios) de l'abondance des ASV positivement corrélés sur les abondances des ASV négativement corrélés à la dissipation du glyphosate à 2019 T1 entre les régions à Sainte-Marthe (A) et à Montmagny (B) 65

LISTE DES TABLEAUX

Tableau	Page
1.1 PERMANOVA de la composition des bactéries à Sainte-Marthe entre les parcelles des sols prélevés au printemps 2019, l'astérisque (*) représente une différence statistiquement significative (p-value < 0.05).....	24
1.2 PERMANOVA de la composition des bactéries à Montmagny entre les parcelles des sols prélevés au printemps 2019, l'astérisque (*) représente une différence statistiquement significative (p-value < 0.05)	24
1.3 PERMANOVA de la composition des eucaryotes à Sainte-Marthe entre les parcelles des sols prélevés au printemps 2019, l'astérisque (*) représente une différence statistiquement significative (p-value < 0.05).....	25
1.4 PERMANOVA de la composition des eucaryotes à Montmagny entre les parcelles des sols prélevés au printemps 2019, l'astérisque (*) représente une différence statistiquement significative (p-value < 0.05)	25
1.5 PERMANOVA de la composition microbienne entre les régions des sols prélevés au printemps 2019 aux deux sites d'étude, l'astérisque (*) représente une différence statistiquement significative (p-value < 0.05).....	27
1.6 PERMANOVA de la composition microbienne entre les précédents culturaux des sols prélevés au printemps 2019 aux deux sites d'étude, l'astérisque (*) représente une différence statistiquement significative (p-value < 0.05)	28
2.1 Quantité de glyphosate (en teneurs d'ingrédient actif en kg ha ⁻¹) appliquée dans chaque parcelle annuellement et depuis le début du projet sur le site de Sainte-Marthe. La culture indiquée est celle de la dernière année de culture (2019) et chaque culture annuelle est indiquée avec (s) soya, (m) maïs et (b) blé	48

- 2.2 Quantité de glyphosate (en teneurs d'ingrédient actif en kg ha^{-1}) appliquée dans chaque parcelle annuellement et depuis le début du projet sur le site de Montmagny. La culture indiquée est celle de la dernière année de culture (2019) et chaque culture annuelle est indiquée avec (s) soya, (m) maïs et (b) blé 49
- 2.3 Moyennes des teneurs mesurées ($\mu\text{g g}^{-1}$) en Glyphosate et en AMPA (rapportées en équivalent-glyphosate) et des estimations de glyphosate appliqué par parcelle ($n=3$) et par régie à Sainte-Marthe, les groupes statistiques ont été attribués pour une p -value < 0.05 . Les lignes indiquant une p -value sont les résultats des tests statistiques entre les teneurs à 2019 T1 et à 2019 T3, en glyphosate, en AMPA et en équivalent-glyphosate, l'astérisque (*) indique une différence significative ($p < 0.05$) 56
- 2.4 Moyennes des teneurs ($\mu\text{g g}^{-1}$) en Glyphosate et en AMPA (rapportées en équivalent-glyphosate) et des estimations de glyphosate appliqué par parcelle ($n=3$) et par régie à Montmagny, les groupes statistiques ont été attribués pour une p -value < 0.05 . Les lignes indiquant une p -value sont les résultats des tests statistiques entre les teneurs à 2019 T1 et à 2019 T3, en glyphosate, en AMPA et en équivalent-glyphosate, l'astérisque (*) indique une différence significative ($p < 0.05$) 57
- 2.5 Moyennes des fractions de dissipation d'équivalent-glyphosate (FDEG) aux différents temps par parcelle ($n=3$) et par régie à Sainte-Marthe et à Montmagny, les groupes statistiques ont été attribués pour une p -value < 0.05 58
- 2.6 Test de corrélation de Spearman entre la FDEG et la richesse microbienne mesurée par l'indice de Shannon ($n = 23$ à Sainte-Marthe et $n = 24$ à Montmagny), l'astérisque (*) représente une différence statistiquement significative (p -value < 0.05)..... 61
- 2.7 Test de corrélation de Mantel entre la FDEG et la matrice de distance de Bray-Curtis de la composition microbienne ($n = 23$ à Sainte-Marthe et $n = 24$ à Montmagny), l'astérisque (*) représente une différence statistiquement significative (p -value < 0.05)..... 62
- 2.8 Scores Q^2 de l'analyse différentielle de corrélation des ASV en lien avec la dissipation du glyphosate par rapport aux doses d'HBG appliquées 63

LISTE DES ABRÉVIATIONS, DES SIGLES ET DES ACRONYMES

ADN	Acide désoxyribonucléique
ADNase	Désoxyribonucléase
AMPA	Acide aminométhylphosphonique
APPA	Acide aminophosphonopropionique
ARN	Acide ribonucléique
ARNr	Acide ribonucléique ribosomique
ASV	<i>Amplicon Sequence Variant</i> (Variant de séquence d'amplicon)
CA	Californie
CN	Caroline du Nord
CT	Connecticut
EPSP	5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate
E.U.	Etats-Unis
FDEG	Fraction de dissipation d'équivalent-glyphosate
GC-ECD	<i>Gas chromatograph – electron capture detector</i> (Chromatographe à phase gazeuse couplé à un détecteur à capture d'électrons)

GPS	Géo-positionnement par satellite
HBG	Herbicides à base de glyphosate
IBIS	Institut de biologie intégrative et des systèmes
ICP-OES	<i>Inductively coupled plasma - optical emission spectrometry</i> (Spectrométrie d'émission atomique à plasma à couplage inductif)
IRDA	Institut de recherche et de développement en agroenvironnement
KH ₂ PO ₄	Dihydrogénophosphate de potassium
LD	Limite de détection
LEM	Laboratoire d'écologie microbienne
LQ	Limite de quantification
MBC	<i>Microbial biomass carbon</i> (Carbone de la biomasse microbienne)
N	Nord
NH ₄ OH	Ammoniaque
NMDS	<i>Non-metric multidimensional scaling</i> (Positionnement multidimensionnel non métrique)
O	Ouest
OH	Ohio
ON	Ontario
PCR	<i>Polymerase Chain Reaction</i> (Réaction en chaîne par polymérase)
PLFA	<i>Phospholipid fatty acid</i> (Acides gras phospholipidiques)

QIIME	<i>Quantitative Insights Into Microbial Ecology</i>
qPCR	PCR quantitative
SCV	Systèmes de semis direct sur Couverture Végétale permanente
SD	Semis direct
SD2C	Semis direct avec rotation à deux cultures (maïs-soya)
SD3C	Semis direct avec rotation à trois cultures (maïs-soya-blé)
TFAA	Trifluoroacétique anhydre
TFE	Trifluoroéthanol

LISTE DES ABRÉVIATIONS SPÉCIFIQUES AUX ÉQUATIONS
DU CHAPITRE II

Dans l'ordre d'utilisation :

1. Valeurs de base des calculs : Données numériques et glyphosate appliqué (en kg ha^{-1})

D_{sol} Densité apparente du sol (1.4 g cm^3 à Sainte-Marthe et 1.3 g cm^3 à Montmagny)

M_{AMPA} Masse molaire de l'AMPA ($111.04 \text{ g mol}^{-1}$)

M_{Gly} Masse molaire du glyphosate ($169.07 \text{ g mol}^{-1}$)

$\text{App}_{\text{Gly } 19 \text{ T1}}$ Quantité de glyphosate appliquée entre 2017 T1 et 2019 T1 (kg ha^{-1})

$\text{App}_{\text{Gly } 19 \text{ T3}}$ Quantité de glyphosate appliquée entre 2019 T1 et 2019 T3 (kg ha^{-1})

$\text{App}_{\text{Gly } 19 \text{ Tot}}$ Quantité de glyphosate appliquée entre 2017 T1 et 2019 T3 (kg ha^{-1})

2. Teneurs en glyphosate et en AMPA mesurées (en $\mu\text{g g}^{-1}$ de sol)

$T_{\text{Gly obs } 17 \text{ T1}}$ Teneur en glyphosate mesurée dans le sol à 2017 T1 ($\mu\text{g g}^{-1}$ de sol)

$T_{\text{Gly obs } 19 \text{ T1}}$ Teneur en glyphosate mesurée dans le sol à 2019 T1 ($\mu\text{g g}^{-1}$ de sol)

$T_{\text{Gly obs } 19 \text{ T3}}$ Teneur en glyphosate mesurée dans le sol à 2019 T3 ($\mu\text{g g}^{-1}$ de sol)

$T_{\text{AMPA obs } 17 \text{ T1}}$ Teneur en AMPA mesurée dans le sol à 2017 T1 ($\mu\text{g g}^{-1}$ de sol)

$T_{\text{AMPA obs 19 T1}}$ Teneur en AMPA mesurée dans le sol à 2019 T1 ($\mu\text{g g}^{-1}$ de sol)

$T_{\text{AMPA obs 19 T3}}$ Teneur en AMPA mesurée dans le sol à 2019 T3 ($\mu\text{g g}^{-1}$ de sol)

3. Valeurs calculées : Teneurs théoriques dans le sol ($\mu\text{g g}^{-1}$ de sol), teneurs totales en équivalent-glyphosate ($\mu\text{g g}^{-1}$ de sol) et fraction de dissipation (%)

$T_{\text{Gly the 19 T1}}$ Valeur théorique des quantités cumulées de glyphosate appliquées au sol entre 2017 T1 et 2019 T1 ($\mu\text{g g}^{-1}$ de sol)

$T_{\text{Gly the 19 T3}}$ Valeur théorique des quantités cumulées de glyphosate appliquées au sol entre le 2019 T1 et 2019 T3 ($\mu\text{g g}^{-1}$ de sol)

$T_{\text{Gly the 19 Tot}}$ Valeur théorique des quantités cumulées de glyphosate appliquées au sol entre 2017 T1 et 2019 T3 ($\mu\text{g g}^{-1}$ de sol)

$T_{\text{Eq-gly obs 17 T1}}$ Teneur équivalent-glyphosate cumulée de glyphosate et d'AMPA mesurée par gramme de sol à 2017 T1 ($\mu\text{g g}^{-1}$ de sol)

$T_{\text{Eq-gly obs 19 T1}}$ Teneur équivalent-glyphosate cumulée de glyphosate et d'AMPA mesurée par gramme de sol à 2019 T1 ($\mu\text{g g}^{-1}$ de sol)

$T_{\text{Eq-gly obs 19 T3}}$ Teneur équivalent-glyphosate cumulée de glyphosate et d'AMPA mesurée par gramme de sol à 2019 T3 ($\mu\text{g g}^{-1}$ de sol)

$\%_{\text{Tot 19 T1}}$ Fraction de dissipation d'équivalent-glyphosate (FDEG) par rapport au glyphosate appliqué sur les sols entre 2017 T1 et 2019 T1

$\%_{\text{Tot 19 T3}}$ Fraction de dissipation d'équivalent-glyphosate (FDEG) par rapport au glyphosate appliqué sur les sols entre 2019 T1 et 2019 T3

$\%_{\text{Tot 19 Tot}}$ Fraction de dissipation d'équivalent-glyphosate (FDEG) par rapport au glyphosate appliqué sur les sols entre 2017 T1 et 2019 T3

LISTE DES SYMBOLES ET DES UNITÉS¹

U.A.	Unité d'amplification
cm	Centimètre
cm ³	Centimètre cube
ρ	Corrélation de Spearman
°C	Degré Celsius
g	Gramme
<i>g</i>	Accélération centrifuge
ha	Hectare
kg	Kilogramme
l	Litre
log	logarithme
m	Mètre

¹ Système international d'unités utilisé d'après Bureau international des poids et mesures, «Le Système international d'unités, The International System of Units», (Sèvres : BIPM, 2019)

m ³	Mètre cube
ml	Millilitre
mm	Millimètre
mol	Mole
µg	Microgramme
µl	Microlitre
%	Pourcentage
p/v	Poids volume
rpm	Rotation par minute

RÉSUMÉ GÉNÉRAL

L'agriculture de conservation consiste à réduire le travail du sol et à intégrer une diversité végétale et une couverture du sol. Les herbicides à base de glyphosate (HBG) sont couramment utilisés comme pratique de gestion des adventices en l'absence de travail du sol. L'objectif de ce mémoire est d'évaluer les impacts de trois régies de culture de conservation sur les communautés microbiennes des sols et la persistance du glyphosate et son principal produit de dégradation, l'AMPA, dans les sols agricoles en lien avec ces communautés. Deux types de rotation (maïs-soya et maïs-soya-blé) et l'implantation de plantes de couverture dans les sols de deux sites ont été étudiés. Nous avons observé que l'augmentation de diversité végétale n'a pas eu d'effet sur la biomasse microbienne et très peu sur la richesse microbienne. En revanche, la composition microbienne a été modifiée par les rotations et les plantes de couverture. Les variants de séquence d'amplicon (ASV) des principaux phyla bactériens (Protéobactéries, Actinobactéries et Acidobactéries) et eucaryotes (Ascomycètes et Cercozoaires) sont les principaux indicateurs observés. Les applications d'HBG ont été différentes entre les trois régies de culture, avec des apports plus élevés dans les régies avec moins de diversité végétale, mais les teneurs en glyphosate et en AMPA mesurées dans les sols sont similaires. Des différences significatives de teneurs ont toutefois été observées entre les parcelles sans lien direct avec la culture ou la régie. Les variations de dissipation du glyphosate et de l'AMPA dans les sols ont été reliées à la composition bactérienne en début de saison aux deux sites et à la composition des eucaryotes en fin de saison sur un site. Des ASV des principaux phyla bactériens (Protéobactéries, Actinobactéries et Acidobactéries), mais aussi de plusieurs phyla plus rares (Bacteroidetes et Firmicutes notamment) ont été mis en lien positivement et d'autres négativement avec cette dissipation et pourraient être responsables d'une dégradation plus soutenue du glyphosate. Ces informations sont d'autant plus importantes que le glyphosate est de plus en plus retrouvé dans l'environnement et que son efficacité diminue avec l'émergence de plantes résistantes.

Mots clés : agriculture de conservation, herbicides à base de glyphosate, plantes de couverture, communautés microbiennes, séquençage 16S

INTRODUCTION

0.1 Utilisation des herbicides à base de glyphosate

Le labour profond cause une dégradation des sols agricoles en altérant mécaniquement leur structure, favorisant leur érosion et la compaction au niveau de la semelle de labour, diminuant la quantité de matière organique et perturbant également la biologie du sol (Baumhardt *et al.*, 2015; Ding *et al.*, 2002; Kladivko, 2001). Le labour permet cependant de gérer l'émergence des adventices en champs. L'utilisation d'herbicides, pesticides ciblant les végétaux, dont ceux à base de glyphosate (HBG) est aujourd'hui une alternative couramment utilisée (Benbrook, 2016). Cette pratique s'est généralisée à partir de 1996 avec la commercialisation des plantes génétiquement modifiées pour résister aux herbicides. En effet, elles rendent possible l'utilisation de ces herbicides en présence de la culture d'intérêt et facilitent ainsi la gestion des adventices (Dill *et al.*, 2008). En 2019, la culture de plantes génétiquement modifiées était autorisée dans 29 pays et représentait 190.4 millions d'hectares, soit 74 % des surfaces en soya et 31 % de celles en maïs dans le monde (ISAAA, 2019). Au Québec pour la période 2014-2018, elles représentent 85 % des surfaces cultivées en maïs et 63 % des surfaces en soya (Ministère de l'Agriculture des Pêcheries et de l'Alimentation, 2020). Les HBG sont les herbicides les plus vendus dans le monde (Benbrook, 2016). Ils représentent 27.25 % des ventes de pesticides au Québec en 2018, et 69.4 % de ces pesticides sont utilisés en milieu agricole. (Ministère de l'Environnement et de la Lutte contre les Changements Climatiques, 2020). Cependant, l'utilisation d'HBG comme mode de gestion des adventices est aujourd'hui menacée par l'émergence d'espèces végétales acquérant une résistance à ces herbicides. En 2017, on recensait 37 espèces végétales

d'adventices résistantes aux HBG, et on estimait leur augmentation à 2 par année (Heap et Duke, 2018). En 2021, on retrouve 53 espèces à travers le monde, dont 6 au Canada et une seule au Québec (Heap, 2021). De plus, les plantes génétiquement modifiées ne sont pas résistantes au principal produit de dégradation du glyphosate, l'acide aminométhylphosphonique (AMPA) qui peut se retrouver dans les tissus végétaux (Smedbol *et al.*, 2019). L'AMPA pourrait être responsable de maladies dans les plantes génétiquement modifiées, mais ses effets sur la physiologie des plantes sont encore mal connus (Gomes *et al.*, 2014; Martinez *et al.*, 2018; Reddy *et al.*, 2004).

0.2 Mobilité du glyphosate et impacts sur la santé humaine

Le glyphosate et l'AMPA peuvent se retrouver dans l'environnement. Les dernières données au Québec montrent que les concentrations de glyphosate et d'AMPA dans les cours d'eau sont en augmentation, du glyphosate a été retrouvé dans 97.7 % des cours d'eau échantillonnés en 2015-2017 et on le retrouve également plus rarement dans les eaux souterraines (Giroux, 2019). Les pics de concentration dans les eaux environnantes des surfaces agricoles sont souvent détectés lors des pluies printanières survenant après les applications d'HBG (Giroux, 2019; Pérez *et al.*, 2017). L'AMPA détecté dans l'eau peut également provenir de pollution par les phosphonates présents notamment dans les détergents (Grandcoin *et al.*, 2017). Au Canada, des résidus de glyphosate ont été détectés dans 42.3 % des produits alimentaires analysés (Kolakowski *et al.*, 2020). Sa présence avérée dans l'eau potable et la nourriture pose aujourd'hui question de son danger pour la santé humaine (Cuhra *et al.*, 2016; Van Bruggen *et al.*, 2018). À des doses d'exposition environnementales, le glyphosate a été classifié comme « probablement cancérigène pour l'humain » par le Centre international de recherche sur le cancer, alors que l'Agence de protection de l'environnement des États-Unis le considère comme « non susceptible d'être cancérigène pour l'humain » (Benbrook, 2019). Ces deux agences sont arrivées à des conclusions divergentes en se basant principalement sur des types d'études différents

(études évaluées par des pairs ou études réglementaires), en n'accordant pas la même importance aux études portant sur le glyphosate par rapport aux études sur les HBG formulées ou prenant en compte l'AMPA et en évaluant des scénarios d'exposition de la population au glyphosate plus ou moins élevés (Benbrook, 2019).

0.3 Agriculture de conservation

Les pratiques d'agriculture de conservation consistent, en l'absence de travail du sol, à augmenter la diversité végétale et à mettre en place une couverture du sol. Ces pratiques sont de plus en plus adoptées et représentent 12.5 % de la totalité des surfaces cultivées dans le monde (Kassam *et al.*, 2018). Elles peuvent permettre de conserver de bons rendements agricoles et de diminuer les émissions de CO₂, ce qui bénéficie plus largement à l'environnement dans un contexte de changements climatiques (Hobbs *et al.*, 2008).

0.3.1 Diversification végétale par rotation des cultures

La diversification des rotations de cultures permet d'apporter une plus grande diversité végétale dans les champs avec le temps. Elle peut aider à diminuer la compaction et améliorer le contenu du sol en carbone organique (Karlen *et al.*, 2006; McDaniel *et al.*, 2014). Les systèmes de culture diversifiés sont également plus résilients aux variations climatiques et peuvent permettre de réduire les risques de pertes de rendement (Bowles *et al.*, 2020). Les monocultures conventionnelles sont en effet plus susceptibles d'être atteintes de maladies que les cultures diversifiées (Mundt, 2002). Les études conduites au Québec et en Ontario ont montré que la rotation maïs-soya peut améliorer les rendements par rapport aux monocultures, de même que l'ajout d'une culture de blé dans la rotation des cultures maïs-soya (Gagnon *et al.*, 2019; Gaudin *et al.*, 2015). De plus l'ajout d'une culture de blé ou d'autres céréales, non résistantes aux HBG, permet

de réduire l'utilisation de ce type d'herbicide puisqu'il n'y a pas d'application durant l'année de culture de ces céréales.

0.3.2 Diversification végétale par les couverts végétaux

L'implantation de plantes de couverture qui couvrent le sol en plus d'augmenter la diversité végétale présente dans les champs durant l'année peut avoir de nombreux avantages. En couvrant le sol habituellement laissé à découvert en agriculture conventionnelle, elles permettent de diminuer l'érosion du sol, en stabilisant la structure du sol et diminuant la compaction (Kaspar et Singer, 2011). La diversité des systèmes racinaires peut améliorer la disponibilité en nutriments (Baumhardt *et al.*, 2015) et réduire les risques de maladies présents dans les monocultures (Han *et al.*, 2016). L'ajout de plantes de type légumineuses dans le couvert végétal permet d'augmenter la teneur du sol en carbone et en azote organique (Balota *et al.*, 2014; Verzeaux *et al.*, 2016), et améliorer la disponibilité en azote pour les plantes de culture (Gabriel *et al.*, 2012). De plus, les plantes de couverture peuvent améliorer la rétention de l'eau dans le sol (Basche *et al.*, 2016) mais par contre entrer en compétition avec la culture d'intérêt en période de sécheresse (Unger et Vigil, 1998). Les plantes de couverture présentent un potentiel de compétition avec les adventices, surtout lorsqu'elles sont semées en mélange (Baraibar *et al.*, 2017; Dorn *et al.*, 2015). Cette compétition accrue peut permettre de diminuer l'utilisation d'herbicides. Cependant, les bénéfices apportés varient avec les conditions environnementales comme le climat, la diversité apportée par le couvert végétal doit être adaptée à chaque site (Daryanto *et al.*, 2018; Trivedi *et al.*, 2020).

0.4 Indicateurs de santé des sols

La santé des sols est un concept qui n'a longtemps pas eu de définition claire. L'Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture (2020) a

récemment proposé : « La capacité du sol à soutenir la productivité, la diversité et les services environnementaux des écosystèmes terrestres », soulignant la nécessité de définir une série d'indicateurs clairs permettant de mesurer la santé des sols mondialement. Actuellement, la santé des sols peut être étudiée à l'aide d'indicateurs physiques (structure du sol, densité, infiltration de l'eau), chimiques (pH, capacité de sorption et d'échange cationique, nutriments disponibles pour les plantes) et biologiques (biomasse microbienne, carbone et azote potentiellement minéralisables, respiration du sol, activité enzymatique) (Allen *et al.*, 2011; Lehmann *et al.*, 2020a). Cependant, étant donné la variabilité des pratiques affectant les sols, différents indicateurs peuvent être envisagés en fonction des contextes (Cardoso *et al.*, 2013). La méthode d'évaluation de la santé des sols développée par l'université Cornell est aujourd'hui couramment utilisée et inclut des indicateurs physiques, chimiques et biologiques (Moebius-Clune *et al.*, 2017). Récemment, l'émergence de l'étude des communautés microbiennes par des outils de métagénomique peut notamment permettre la sélection de nouveaux indicateurs microbiens de la santé des sols (Lehman *et al.*, 2015; Sahu *et al.*, 2018; Trivedi *et al.*, 2020).

0.5 Biologie du sol

La composante biologique du sol regroupe les virus, les procaryotes (archées et bactéries), et les eucaryotes (champignons, les micro-, les méso- et macro-organismes). Les parties souterraines des végétaux qui croissent dans le sol sont aussi incluses dans la composante biologique du sol. Les procaryotes, les champignons, les organismes de micro- et méso-faune contribuent à la dégradation de la matière organique du sol. La dégradation microbienne participe à la disponibilité du carbone organique dans les sols, par l'excretion ou la libération dans le sol à leur mort de produits issus de cette dégradation (Kallenbach *et al.*, 2016). Cette dégradation améliore l'acquisition et le cycle des nutriments essentiels au maintien de la vie des végétaux et des fonctions écosystémiques du sol. Une partie de la matière organique partiellement dégradée peut

aussi s'adsorber sur les particules minérales formant des complexes argilo-humiques. Ces complexes stabilisent le carbone dans les sols et contribuent à la structure d'un sol en santé (Kleber, 2010; Lehmann *et al.*, 2020b; Lehmann et Kleber, 2015). Les microorganismes du sol jouent également un rôle dans la dégradation d'éléments polluants comme les pesticides. Les entités biologiques du sol représentent autant de microbiotes qui par leurs interactions et leurs fonctions constituent le microbiome du sol agricole (Kibblewhite *et al.*, 2008; Lehman *et al.*, 2015).

0.6 Utilisation d'analyses métagénomiques pour étudier le microbiome des sols

L'étude du microbiome des sols consiste notamment à estimer la biomasse, l'activité ou la diversité microbienne. Les estimations ont longtemps reposé sur des méthodes de culture des microorganismes. Toutefois, ces méthodes ne détectent que les microorganismes cultivables, soit une très faible fraction des communautés microbiennes du sol. Dans la dernière décennie, le développement des analyses métagénomiques, dont celles basées sur le séquençage haut débit d'amplicons des gènes ribosomiques 16S des procaryotes, 18S des eucaryotes ou des régions ITS des champignons, permettent d'étudier plus précisément les communautés microbiennes. Ces analyses facilitent l'évaluation des impacts des pratiques agricoles et des systèmes culturels sur les communautés microbiennes (Wall *et al.*, 2019).

0.7 Sites expérimentaux et objectifs de recherche

L'objectif de ce mémoire est d'évaluer les effets de la mise en place de trois régies de culture de conservation en semis direct sur la microbiologie du sol et sur la dégradation et la persistance du glyphosate et de l'AMPA dans les sols agricoles au Québec. Les régies étudiées comprennent l'augmentation de diversité végétale dans le temps par deux types de rotation et par l'intégration de plantes de couverture. La première régie est une rotation de maïs-soya composée exclusivement de plantes génétiquement

modifiées pour résister aux HBG et requérant un usage élevé de ces herbicides (SD2C). La deuxième régie est une rotation à trois cultures maïs-soya-blé. Elle inclut l'intégration d'une culture céréalière, le blé, non résistante aux HBG (SD3C). L'ajout du blé peut accroître les rendements subséquents du maïs et du soya (Gagnon *et al.*, 2019; Gaudin *et al.*, 2015). La troisième régie consiste en l'ajout de plantes de couverture dans une rotation maïs-soya-blé par la mise en place d'un système de semis direct sur couverture végétale (SCV) (Séguy *et al.*, 2012). Pour répondre aux objectifs du projet, des parcelles expérimentales ont été mises en place chez deux producteurs québécois, l'un en Montérégie Ouest et l'autre dans Chaudière-Appalaches.

Le premier chapitre porte sur la caractérisation des microbiomes des sols associés aux trois régies de culture mises en place. L'objectif était de déterminer si l'augmentation de la diversité végétale apportée par la rotation des cultures et par les plantes de couverture pouvait contribuer à augmenter la diversité microbienne de ces sols agricoles. L'amplification quantitative spécifique à une région du gène 16S des bactéries totales et du 18S des champignons totaux ont permis d'estimer leur dénombrement. Le séquençage haut débit d'amplicons de gènes a été utilisé pour évaluer l'abondance relative et la diversité de la richesse et de la composition des communautés bactériennes et eucaryotes après un cycle de rotation trisannuel.

Le deuxième chapitre porte sur l'évaluation des effets des applications d'HBG dans les différentes régies sur la persistance du glyphosate et de l'AMPA en lien avec les communautés microbiennes. Les objectifs étaient de vérifier deux hypothèses : (1) les teneurs en glyphosate et en AMPA dans les sols sont proportionnelles aux doses des épandages d'HBG des différentes régies, et (2) les communautés microbiennes des sols influent sur la persistance du glyphosate et de l'AMPA dans les sols. Les teneurs en glyphosate et en AMPA dans les sols ont été mesurées par chromatographie en phase gazeuse couplée à un détecteur à capture d'électrons (GC-ECD) et les communautés

microbiennes en lien avec la dissipation des deux composés ont été étudiées à l'aide du séquençage haut débit d'amplicons de gènes.

CHAPITRE I

EFFETS DE LA ROTATION DES CULTURES ET DES PLANTES DE COUVERTURE SUR LA DIVERSITÉ MICROBIENNE DE SOLS CULTIVÉS EN GRANDES CULTURES

Blandine Giusti¹, Richard Hogue², Thomas Jeanne², Marc Lucotte²

Ce chapitre sera soumis dans sa version anglaise pour publication dans la revue
Applied Soil Ecology.

¹ Université du Québec à Montréal, GEOTOP et Institut des Sciences de l'environnement, C.P. 8888, Succ. Centre-Ville, Montréal, H3C3P8, Québec, Canada

² Institut de recherche et de développement en agroenvironnement (IRDA), 2700 Rue Einstein, Ville de Québec, G1P 3W8, Québec, Canada

1.0 Résumé

Le labour est une pratique agricole connue pour dégrader les propriétés structurales, chimiques et biologiques des sols. Cela peut causer l'érosion et la compaction des sols. Les pratiques d'agriculture de conservation qui comprennent la diminution du travail du sol, mais aussi l'augmentation de la diversité végétale et la mise en place d'une couverture végétale du sol se répandent à travers le monde. L'objectif de cette étude était d'observer si l'augmentation de la diversité végétale par la rotation et les régies des cultures et par la présence de plantes de couverture de plusieurs espèces appartenant à plusieurs familles peut affecter les communautés microbiennes du sol. L'hypothèse était que cette augmentation de diversité végétale par des modifications aux rotations et aux régies de cultures pourrait à son tour accroître la diversité du microbiome du sol. Pour cela, des parcelles ont été mises en place dans deux champs du Québec avec deux types de rotation (maïs-soya et maïs-soya-blé) et avec ou sans couverts végétaux composés d'une seule ou de plusieurs espèces végétales de familles différentes. Les effets de ces cultures et leurs régies agricoles sur les communautés microbiennes ont été évalués par le dénombrement moléculaire (qPCR) et par un séquençage de l'ARNr (16S des bactéries et 18S des eucaryotes). La biomasse moléculaire des bactéries et des champignons totaux (quantifiée par qPCR) n'a pas été influencée par l'augmentation de la diversité végétale, mais le rapport bactéries/champignons a varié entre les différentes parcelles sans lien clair avec cette augmentation. La richesse bactérienne n'est pas affectée par les traitements, mais la richesse des eucaryotes a diminué avec les plantes de couverture sur l'un des sites. La composition microbienne a été l'indicateur le plus sensible, variant à la fois avec les rotations et avec la présence de plantes de couverture. Des variants de séquence d'amplicon (ASV) des principaux phyla bactériens ont été impactés par l'apport de la diversité végétale. Le phylum des Protéobactéries a eu des ASV impactés positivement et d'autres négativement à la fois par les rotations et par la présence de couverts végétaux. Les rotations ont également impacté positivement des ASV des Actinobactéries tandis que les couverts végétaux ont impacté négativement des ASV des Acidobactéries. Pour les eucaryotes, des ASV appartenant aux phyla des Ascomycètes et des Cercozoaires ont été impactés négativement par l'augmentation de la diversité végétale par les rotations et par la présence de couverts végétaux. Cette étude montre que les choix des pratiques agricoles de conservation mises en place peuvent impacter les communautés microbiennes. Les variations d'ASV observées peuvent avoir des implications fonctionnelles sur la décomposition de la matière organique ou la croissance des plantes et sur le bon fonctionnement des services écosystémiques et la durabilité des grandes cultures.

Mots clés : rotation des cultures, plantes de couvertures, santé des sols, diversité microbienne, communautés microbiennes, séquençage haut débit d'amplicons MiSeq 16S et 18S

1.1 Introduction

La santé des sols a été définie par l'Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture (2020) par : « La capacité du sol à soutenir la productivité, la diversité et les services environnementaux des écosystèmes terrestres ». La biologie du sol participe au maintien de nombreuses fonctions des sols. Elle intervient à la fois dans les processus chimiques en dégradant la matière organique permettant d'améliorer l'acquisition et le cycle des nutriments indispensables aux plantes de culture. Cette dégradation et les produits d'origines microbiennes qui en découlent permettent également la formation de complexes argilo-humiques qui participent au maintien du carbone dans les sols et à la stabilité physique des sols (Kibblewhite *et al.*, 2008; Lehman *et al.*, 2015). La santé des sols est souvent évaluée par des indicateurs physico-chimiques et plus rarement par des indicateurs biologiques (Lehmann *et al.*, 2020a). Les propriétés biologiques du sol peuvent être évaluées à l'aide d'indicateurs comme la matière organique, la biomasse microbienne, la respiration du sol et l'activité enzymatique (Allen *et al.*, 2011). Le microbiote des sols agricoles est composé de communautés microbiennes complexes, le développement récent des analyses de métagénomique permet d'étudier plus précisément le comportement de ces communautés présentes dans des sols soumis à différentes pratiques agricoles (Lehman *et al.*, 2015; Wall *et al.*, 2019). La détermination de la richesse et de la composition des communautés bactériennes et eucaryotes notamment pourrait permettre la sélection de bons indicateurs biologiques de la santé des sols agricoles (Lehman *et al.*, 2015; Sahu *et al.*, 2018; Trivedi *et al.*, 2016).

1.1.1 Le labour en agriculture conventionnelle

Le labour profond des sols agricoles est une pratique de gestion des adventices qui altère mécaniquement leur structure et favorise à la fois leur érosion en surface et leur compaction au niveau de la semelle de labour (Baumhardt *et al.*, 2015). Ce labour

impacte directement les communautés microbiennes des sols, et peut avoir pour effet de diminuer la biomasse et l'activité microbienne (Lupwayi *et al.*, 2012; Sapkota *et al.*, 2012). Les différentes pratiques de labour peuvent également modifier la composition des communautés bactériennes (Jiménez-Bueno *et al.*, 2016; Navarro-Noya *et al.*, 2013).

1.1.2 L'agriculture de conservation

L'agriculture de conservation regroupe les pratiques que sont la perturbation minimale du sol, l'augmentation de la diversité végétale et l'implantation d'un couvert végétal (Kassam *et al.*, 2018). Le système de semis direct sur Couverture Végétale (SCV) qui repose sur ces trois principes a été au départ utilisé principalement dans l'hémisphère sud pour lutter contre l'érosion des sols (Carpentier *et al.*, 2020; Séguy *et al.*, 2012). Dans les grandes cultures, la combinaison d'herbicides à base de glyphosate (HBG) et de plantes génétiquement modifiées pour y résister est couramment utilisée pour gérer plus facilement les adventices en l'absence de labour (Benbrook, 2016; Dill *et al.*, 2008).

1.1.2.1 La rotation des cultures

Dans les monocultures conventionnelles, le risque de maladies augmente à cause de la faible diversité génétique des végétaux couvrant le sol et celle des microorganismes du sol, ce qui favorise la persistance des agents pathogènes (Mundt, 2002). L'augmentation de la diversité végétale promue par la rotation des cultures peut avoir comme effets positifs d'augmenter la biomasse, d'améliorer la richesse et de modifier la composition des communautés microbiennes (Li, C. *et al.*, 2009; McDaniel *et al.*, 2014; Tiemann *et al.*, 2015; Venter *et al.*, 2016; Xuan *et al.*, 2011), même si toutes les études ne détectent pas de modifications sur tous les indicateurs étudiés (Li, C. *et al.*, 2009; Peralta *et al.*, 2018; Tiemann *et al.*, 2015). La rotation peut également avoir des

effets divergents sur l'équilibre entre les bactéries et les champignons (Muhammad *et al.*, 2021).

1.1.2.2 Les couverts végétaux

L'implantation de plantes de couverture peut aussi modifier les caractéristiques physico-chimiques des sols. D'une part en stabilisant la structure des sols par leurs systèmes racinaires (Kaspar et Singer, 2011). D'autre part, les légumineuses ajoutées dans le couvert végétal peuvent augmenter la disponibilité en carbone et en azote organique (Balota *et al.*, 2014; Verzeaux *et al.*, 2016). Les plantes de couverture ont également des effets sur le microbiome des sols. Elles peuvent augmenter la biomasse microbienne (Balota *et al.*, 2014; Hartwig et Ammon, 2002; Kim *et al.*, 2020) ou ne pas l'impacter (Romdhane *et al.*, 2019; Sapkota *et al.*, 2012). Elles peuvent aussi avoir des effets positifs (Manici *et al.*, 2018), négatifs (Peralta *et al.*, 2018) ou neutres (Chamberlain *et al.*, 2020; Romdhane *et al.*, 2019) sur la diversité microbienne.

1.1.3 Objectifs de recherche

Les plantes de couverture dans les grandes cultures ont été développées et utilisées en premier dans les pays du sud. Leur implantation dans des contextes plus nordiques a été privilégiée en agriculture biologique. Leur utilisation en grandes cultures au Québec est encore peu répandue. Les connaissances de leurs effets sur les communautés microbiennes dans ce cadre restent donc à améliorer. De plus, les études utilisant des outils de métagénomique sont encore peu nombreuses et très peu d'études sont disponibles sur les effets des couverts végétaux et des régies de rotation sur les bactéries et les eucaryotes, particulièrement les champignons et les protistes.

L'objectif principal de cette étude est d'évaluer l'effet de l'augmentation de la diversité végétale sur les communautés microbiennes du sol, dans le contexte des grandes cultures au Québec. Le premier objectif spécifique est de déterminer l'effet sur la

diversité du microbiome du sol d'une plus grande rotation des cultures en ajoutant une céréale après la culture du soya dans un cycle de rotation maïs-soya. Le deuxième objectif spécifique est de déterminer l'effet sur la diversité du microbiome du sol de la mise en place ou non de plantes de couverture au sein des cultures principales. L'hypothèse est que l'augmentation de la diversité végétale apportée par les régies mises en place peut influencer la quantité et la diversité des communautés microbiennes du sol. Les effets des régies sur la quantité des microorganismes, sur la richesse et sur la composition des communautés bactériennes et eucaryotes ont été évalués.

1.2 Matériel et méthodes

1.2.1 Régies de culture des parcelles expérimentales

Les échantillonnages de sol ont été réalisés sur les terres agricoles de deux producteurs de grandes cultures dans le sud du Québec, l'un à Sainte-Marthe en région Montérégie Ouest (45°24,025' N, -74°20,890' O) et l'autre à Montmagny en région Chaudière-Appalaches (46°57,326' N, 70°33,775' O). Les coordonnées GPS ont été enregistrées avec l'application mobile « GPS and maps ». Neuf parcelles expérimentales de 12 m x 200 m ont été mises en place en 2016 à chaque site d'étude. Elles ont été établies côte à côte dans un même champ à chacun des deux sites, sur un sol argileux à Sainte-Marthe et un sol loameux-limoneux à Montmagny selon Info-Sols (MAPAQ, 2011). Les opérations agricoles sur chaque parcelle ont été répertoriées depuis 2016 et sont présentées en détail en Annexe A. Les régies de culture mises en place sont basées sur la rotation de maïs (*Zea mays* (L.)), de soya (*Glycine max* (L.) Merr. 1917) et de blé tendre (*Triticum aestivum* (L.)). Elles comprennent des semis directs sans plante de couverture avec rotation à deux cultures maïs-soya (SD2C) ou à trois cultures maïs-soya-blé (SD3C), ou avec plantes de couverture et rotation des trois cultures (SCV) (Séguy *et al.*, 2012) (Figure 1.1).

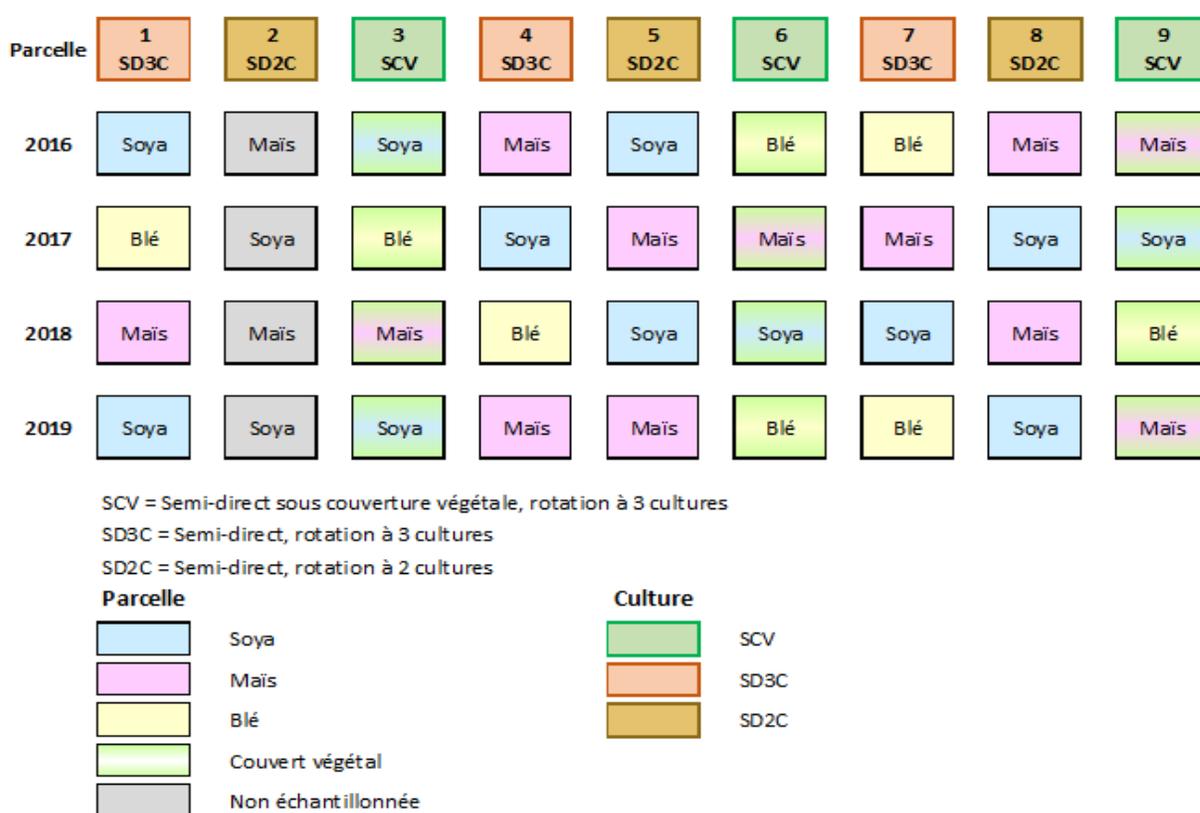


Figure 1.1 Parcelles expérimentales mises en place en 2016 chez les producteurs

Les plantes de couverture dans le système SCV diffèrent en fonction de la culture d'intérêt annuelle (Annexe A), les couverts végétaux de l'année de culture précédant l'échantillonnage des sols au printemps 2019 sont détaillés ci-dessous. À Sainte-Marthe en 2018, un couvert de seigle (*Secale cereale* (L.)) a été semé en fin de saison dans la parcelle 3 cultivée en maïs et dans la parcelle 6 cultivée en soya, le couvert a été composé de luzerne (*Medicago sativa* (L.)) au printemps et de blé tendre d'automne en fin de saison. Dans la parcelle 9 cultivée en blé tendre d'automne, un couvert multi-espèces composé de luzerne, tournesol (*Helianthus annuus* (L.)), phacélie (*Phacelia* Juss., 1789), millet perlé (*Pennisetum glaucum* (L.) R.Br., 1810), sorgho (*Sorghum bicolor* (L.) Moench, 1794), sarrasin (*Fagopyrum esculentum* Moench, 1794), avoine (*Avena sativa* (L.)), radis (*Raphanus sativus* (L.)), trèfle incarnat (*Trifolium incarnatum*

(L.) et pois autrichien (*Pisum sativum* (L.)) a été semé en début d'été. À Montmagny en 2018, il n'y a pas eu de semis de couverts végétaux en début de saison dans la parcelle 3 cultivée en maïs et dans la parcelle 6 cultivée en soya, mais la luzerne semée les années précédentes a produit des semences qui ont germé. De plus, du blé tendre d'automne a été semé dans la parcelle 6 en fin de saison. Dans la parcelle 9 cultivée en blé tendre d'automne 2018, le couvert multi-espèces semé à l'automne était composé d'avoine, vesce velue (*Vicia villosa* Roth, 1793), féverolle (*Vicia faba* (L.)), pois 4010, radis fourrager (*Raphanus sativus* (L.) var. *oleifera*), tournesol et vesce commune (*Vicia sativa* (L.)).

1.2.2 Échantillonnages des sols

L'échantillonnage des sols a été réalisé au début du printemps 2019 (2019 T1) avant le semis de la culture d'intérêt (Annexe A). Les carottes de sol ont été récoltées au sein de chaque parcelle à l'aide d'une tarière de 20 cm de longueur et de 3 cm de diamètre, à la profondeur 0-20 cm. Dans chaque parcelle, trois échantillons distincts ont été prélevés. Chacun de ces échantillons est un composite de trois carottes prélevées à moins d'un mètre d'un point GPS d'échantillonnage. Les carottes de chaque échantillon ont ensuite été bien homogénéisées avant d'être conservées à -20 °C jusqu'à l'analyse.

1.2.3 Analyses physico-chimiques des sols des deux sites

La texture du sol a été déterminée par sédimentation (Gee et Bauder, 1986), les teneurs en sable, limon et argile sont présentés en Annexe B. Les teneurs des sols en éléments phosphore, potassium, calcium, magnésium, aluminium, bore, cuivre, fer, manganèse, zinc, sodium, nickel, cadmium, chrome, cobalt et palladium sols ont été déterminées par extraction Mehlich 3 (Mehlich, 1984) suivie d'une détermination au spectromètre d'émission optique à plasma induit (ICP-OES, Perkin Elmer Optima 4300DV, Shelton, CT, E.U.). Les teneurs du sol en éléments sont présentées en Annexe C.

1.2.4 Analyse de la diversité microbienne des sols

1.2.4.1 Extraction d'ADN et contrôle qualité

Pour les analyses du microbiome, les échantillons de sol congelés ont été séchés à température ambiante pendant 72 heures puis broyés, homogénéisés et tamisés à 2 mm. Puis, un sous-échantillon de 400 mg de sol a été utilisé pour extraire l'ADN, selon le protocole de la trousse commerciale FastDNATM Spin Kit For Soil (MP Biomedicals, Solon, OH, E.U.). Les ADN ont été élués dans 100 µl de la solution d'éluion (eau distillée sans ADNase, sans pyrogène). Le contrôle de la qualité des échantillons d'ADN a été réalisé par une électrophorèse sur gel d'agarose 1.6 % (p/v) puis visualisé par une coloration fluorescente observée avec une caméra GelDoc XR+ (Biorad, Hercules, CA, E.U.). La quantification des ADN a été réalisée par spectrophotométrie sur un Biophotometer D30 (Eppendorf, Hambourg, Allemagne) et avec les mesures d'absorbance à 260 nm, à 280 nm et le rapport A260/A280.

1.2.4.2 Dénombrement moléculaire des bactéries et des champignons par qPCR

La qPCR a ciblé les régions V6-V8 de l'ARNr 16S des bactéries et 18S des eucaryotes. L'amplification a été réalisée en utilisant les amorces eub338/eub518 pour cibler les bactéries (Fierer *et al.*, 2005) et FF390/FR1 pour cibler les champignons totaux (Emerson *et al.*, 2015), dans un mélange réactionnel SYBR[®] green qPCR (Qiagen, Toronto, ON, Canada). La détection a été réalisée avec deux répétitions sur un appareil CFX96 Touch System (Biorad, Hercules, CA, E.U.). Les résultats sont exprimés en unité d'amplification (U.A.) par gramme de sol sec. Il est important de noter que plusieurs copies des gènes ciblés peuvent être détectées au sein d'un même organisme et en nombre variable entre les organismes lors du processus de quantification, et cela autant au niveau des organismes bactériens (16S ARNr) que fongiques (18S ARNr) (Smith et Osborn, 2009). Les systèmes de détection sont basés sur une gamme de détection de 4 log, l'efficacité est de 89.1 % ($R^2=0.99$) pour les bactéries totales et de 91.7 % ($R^2=1$) pour les champignons totaux.

1.2.4.3 Séquençage d'amplicons d'ADNr sur Illumina MiSeq

Les analyses de métagénomique permettant d'évaluer la diversité ont ciblé les régions d'ARNr V4-V5 du 16S des procaryotes et V4 du 18S des eucaryotes. L'amplification a été faite par PCR en deux étapes (*dual-indexed PCR approach*) en utilisant les amorces 515F (Parada *et al.*, 2016) et 806RB (Apprill *et al.*, 2015) pour les procaryotes et E572F/E1009R (Comeau *et al.*, 2011) pour les eucaryotes, selon la méthode décrite par Jeanne *et al.* (2019). Les bibliothèques ont été séquencées en format apparié (*paired-end*), avec une lecture de 300 paires de bases de chaque côté du brin d'ADN, sur séquenceur haut débit Illumina MiSeq. Ces analyses ont été réalisées au sein de la plateforme d'analyses génomiques de l'Institut de biologie intégrative et des systèmes (IBIS) de l'Université Laval (Québec, Canada).

1.2.5 Bio-informatique

Les analyses bio-informatiques ont été réalisées à la plateforme bio-informatique du laboratoire d'écologie microbienne (LEM) de l'IRDA. L'approche DADA2 (Callahan *et al.*, 2016) a été utilisée pour valider la qualité des séquences et déterminer les variants de séquence d'amplicon (ASV) sur la plateforme QIIME 2™ (Bolyen *et al.*, 2019). L'identification taxinomique des ASV a été réalisée en utilisant les bases de référence Greengenes 13.5 pour l'ARNr 16S (DeSantis *et al.*, 2006), PR² pour l'ARNr 18S (Guillou *et al.*, 2013) et SILVA pour les ARNr 16S et 18S (Quast *et al.*, 2013). Les séquences ont été normalisées à 10 000 par échantillon avant d'effectuer les analyses statistiques.

1.2.6 Analyses statistiques

Les analyses statistiques ont été faites avec le logiciel R (R Core Team, 2020), grâce au progiciel *phyloseq* (McMurdie et Holmes, 2013) et les visualisations ont été réalisées avec le progiciel *ggplot2* (Wickham, 2011). Les analyses statistiques des données de quantification microbienne et du log bactéries/champignons ont été

réalisées à l'aide du progiciel *agricolae* (De Mendiburu et Simon, 2015). La normalité des données a été déterminée à l'aide d'un test de Shapiro-Wilk. Les comparaisons des données normales ont été réalisées par des ANOVA suivies de tests de Tukey pour les contrastes, et par un test non paramétrique de Kruskal-Wallis avec une correction BH pour les données non normales. La diversité microbienne a été étudiée en mesurant d'une part la richesse microbienne et d'autre part la composition microbienne. Les indices de Shannon et de Chao1 des bactéries et des eucaryotes ont été utilisés pour estimer la richesse microbienne, avec le traitement statistique décrit précédemment. La composition bactérienne ou eucaryote a été visualisée par positionnement multidimensionnel non métrique de la matrice de distance de Bray-Curtis. Les analyses statistiques de différence de composition ont été réalisées par des PERMANOVA sur la plateforme QIIME 2™ en utilisant la fonction *adonis* (Anderson, 2001; Oksanen *et al.*, 2018). Les abondances relatives des 10 principaux phyla ont été déterminées à l'aide du progiciel *ampvis2* dans R (Andersen *et al.*, 2018). Une analyse différentielle de l'abondance des ASV bactériens et eucaryotes a été réalisée avec le progiciel *DESeq2* dans R (Love *et al.*, 2014). Elle permet de visualiser les contrastes entre deux traitements au niveau des ASV qui ont été regroupés par phylum pour faciliter la visualisation. Le seuil contraignant de significativité statistique a été fixé à 0.05 pour toutes les analyses effectuées.

1.3 Résultats

1.3.1 Quantification par qPCR des bactéries et des champignons totaux

Lors de la comparaison des nombres totaux (U.A. g⁻¹ sol sec) de bactéries et de champignons détectés dans les sols des deux sites d'étude au printemps 2019 (2019 T1), aucune différence significative ($p > 0.05$) n'a été observée entre les trois régions, toutes cultures d'intérêt confondues (Figure 1.2).

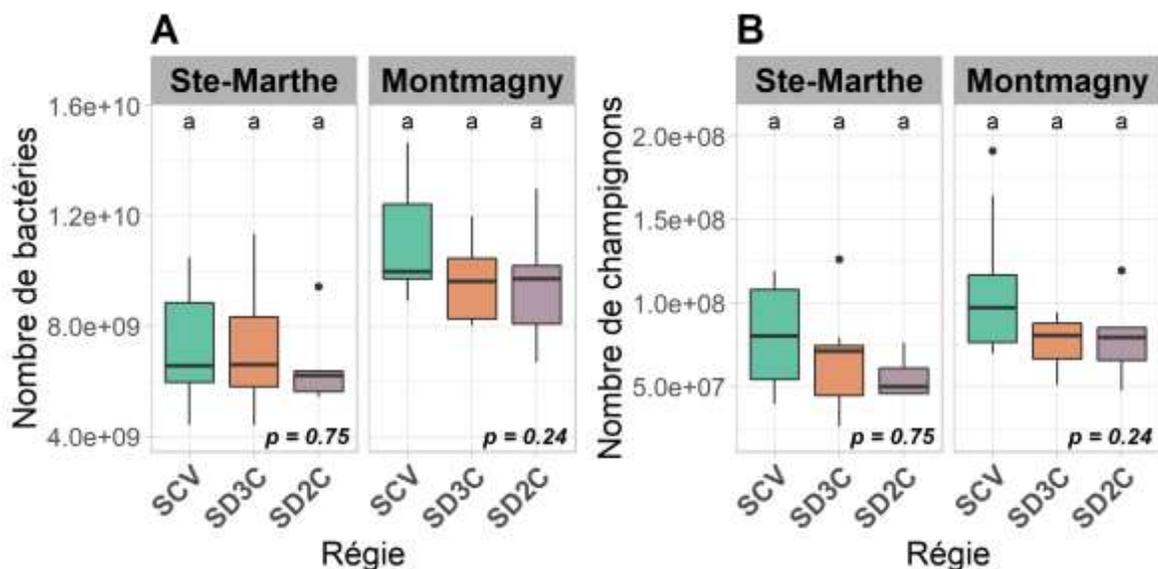


Figure 1.2 Quantification par qPCR (U.A. g⁻¹ sol sec) du nombre des bactéries (A) et des champignons (B) détectés dans le sol au printemps 2019 en fonction des régions de culture appliquées depuis 2016 aux deux sites d'étude lorsque les parcelles des cultures d'intérêt sont confondues. Les couleurs correspondent aux régions SCV (vert), SD3C (orange) et SD2C (violet)

L'analyse détaillée par parcelle montre que seul le nombre (U.A g⁻¹ sol sec) de champignons dans la parcelle 6 (SCV blé, précédent soya) à Montmagny est significativement supérieur aux autres ($p < 0.05$) (Annexe D).

1.3.2 Rapport bactéries/champignons

Aux deux sites d'étude, on n'observe pas pour le rapport des dénombrements moléculaires bactéries/champignons de différence significative entre les trois régions de culture lorsque les parcelles des cultures d'intérêt sont confondues ($p = 0.23$ à Sainte-Marthe et $p = 0.29$ à Montmagny). À Sainte-Marthe, le rapport des dénombrements moléculaires bactéries/champignons dans les sols prélevés au printemps 2019 n'est pas statistiquement différent entre les 8 traitements ($p = 0.31$). À Montmagny au printemps 2019, dans les parcelles cultivées en soya en 2018, le rapport est plus faible dans la parcelle avec couvert végétal (SCV) comparativement aux parcelles sans couverts

végétaux (SD2C et SD3C), et également plus faible dans la rotation à trois cultures (SD3C) comparativement à la rotation à deux cultures (SD2C) (Figure 1.3).

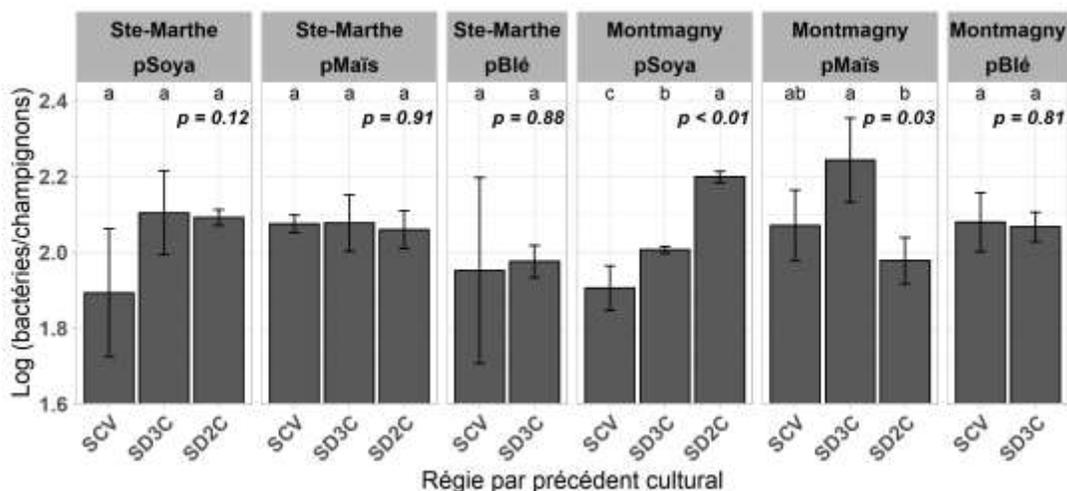


Figure 1.3 Rapport du log des biomasses moléculaires bactéries/champignons dans les sols prélevés au printemps 2019 aux deux sites d'étude entre les trois régies par précédent cultural

On peut noter que la même tendance non statistiquement significative est observée à Sainte-Marthe dans les parcelles ayant eu le soya comme précédent cultural, le rapport bactéries/champignons dans la parcelle en régie SCV est plus faible que dans les autres parcelles. À Montmagny, dans les parcelles cultivées en maïs en 2018, le rapport est plus faible dans la parcelle en régie SD2C par rapport à la régie SD3C, mais la parcelle en régie SCV n'est pas différente des deux autres. Il n'y a pas de différence entre les parcelles qui ont été cultivées en blé en 2018 (Figure 1.3). Lorsqu'on compare les parcelles d'une même régie, le rapport bactéries/champignons est significativement plus faible dans la parcelle cultivée en soya en 2018 que dans le maïs pour la régie SD3C, alors que l'inverse est observé dans la régie SD2C. Aucune différence n'est observée entre les parcelles cultivées en SCV (Annexe D).

1.3.3 Estimation de la richesse des bactéries et des eucaryotes

Les indices de Shannon et de Chao1 pour estimer la richesse des espèces bactériennes des sols prélevés au printemps 2019 ne montrent pas de différence statistiquement significative entre les 8 différents traitements aux deux sites d'étude ($p > 0.05$) (Annexe E). En revanche, des différences statistiquement significatives sont observées entre les régies lorsque toutes les cultures d'intérêt sont confondues. À Sainte-Marthe, les indices de Shannon et de Chao1 des eucaryotes sont plus faibles dans les sols de la régie avec couvert végétal (SCV) par rapport aux régies en semis direct (SD2C et SD3C) (Figure 1.4). Dans les parcelles cultivées en soya en 2018, l'indice de Chao1 des eucaryotes est plus faible dans la parcelle cultivée en SCV par rapport à la régie SD2C. On n'observe pas d'autre différence de richesse par les indices de Shannon et de Chao1 des eucaryotes entre les différentes régies pour un même précédent cultural. De plus, le précédent cultural ne montre pas d'effet significatif sur la richesse estimée par ces indices entre les parcelles d'une même régie. Aucune différence significative des indices pour les eucaryotes entre les 8 traitements n'est observée à Montmagny ($p > 0.05$) (Annexe E). Les indices de richesse des bactéries sont significativement supérieurs aux indices de richesse des eucaryotes aux deux sites d'étude ($p < 0.05$).

1.3.4 Composition microbienne

L'analyse par PERMANOVA de la matrice des distances de Bray-Curtis ne montre pas de différence significative ($p > 0.05$) de composition entre les parcelles une à une pour les bactéries comme pour les eucaryotes des sols prélevés au printemps 2019 (Tableaux 1.1, 1.2, 1.3 et 1.4).

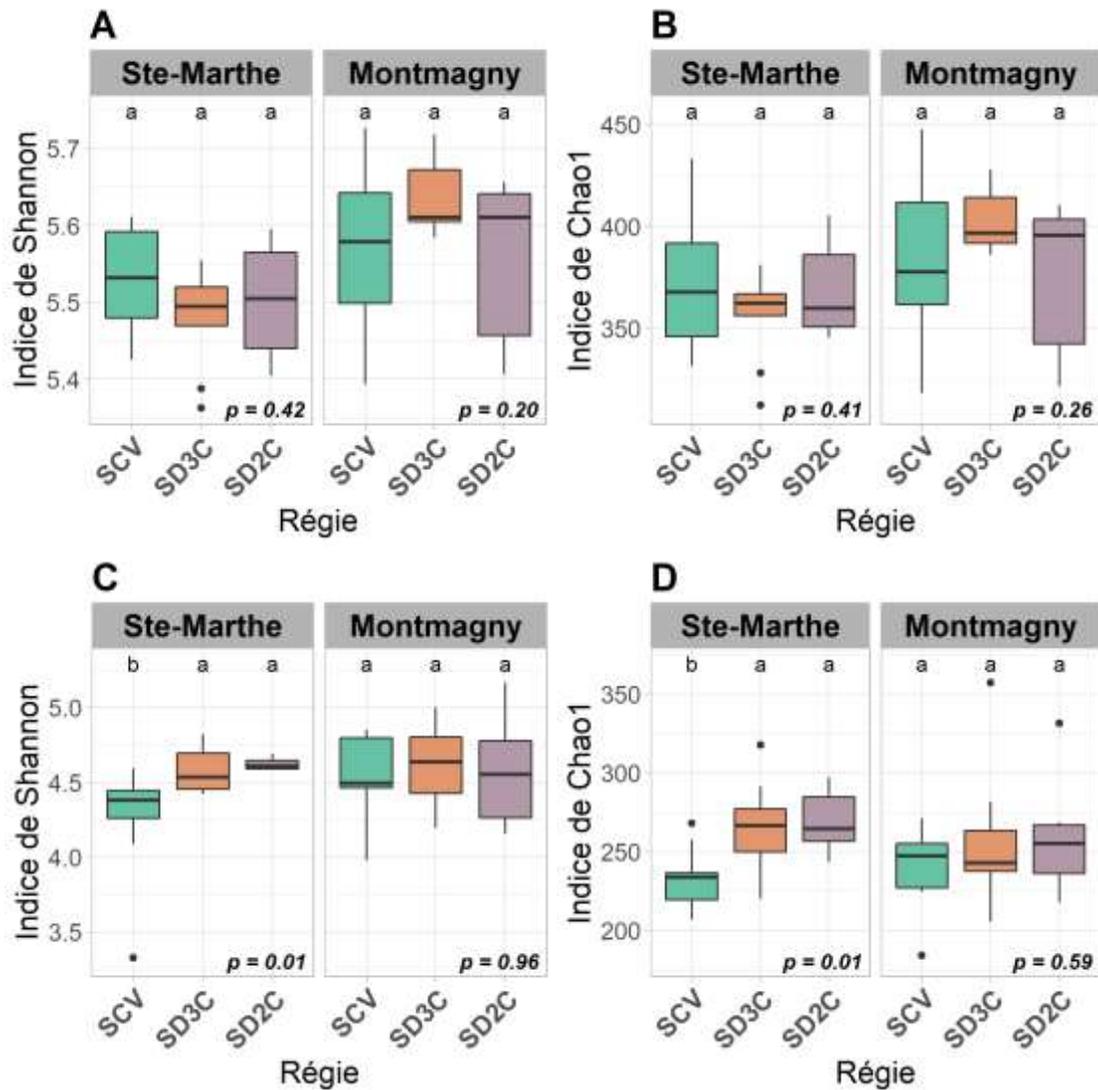


Figure 1.4 Estimation de la richesse par les indices de Shannon et de Chao1 des bactéries (respectivement A et B) et des eucaryotes (respectivement C et D) en fonction des régions de culture aux deux sites d'étude pour les sols prélevés au printemps 2019. Les couleurs correspondent aux régions SCV (vert), SD3C (orange) et SD2C (violet)

Tableau 1.1 PERMANOVA de la composition des bactéries à Sainte-Marthe entre les parcelles des sols prélevés au printemps 2019, l'astérisque (*) représente une différence statistiquement significative (p-value < 0.05) 24

Parcelle	SCV pSoya		SCV pMaïs		SCV pBlé		SD3C pSoya		SD3C pMaïs		SD3C pBlé		SD2C pSoya	
	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>
SCV pMaïs	2.27	0.11	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/
SCV pBlé	2.90	0.10	1.23	0.29	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/
SD3C pSoya	1.49	0.10	2.29	0.10	2.87	0.10	/	/	/	/	/	/	/	/
SD3C pMaïs	1.30	0.11	1.56	0.11	1.82	0.11	1.10	0.22	/	/	/	/	/	/
SD3C pBlé	1.74	0.11	1.13	0.32	1.24	0.09	1.65	0.19	1.31	0.18	/	/	/	/
SD2C pSoya	2.10	0.10	1.56	0.11	1.63	0.21	1.48	0.10	1.11	0.32	1.36	0.20	/	/
SD2C pMaïs	1.37	0.11	2.21	0.13	2.29	0.10	1.55	0.19	1.24	0.20	1.56	0.10	1.40	0.21

Tableau 1.2 PERMANOVA de la composition des bactéries à Montmagny entre les parcelles des sols prélevés au printemps 2019, l'astérisque (*) représente une différence statistiquement significative (p-value < 0.05)

Parcelle	SCV pSoya		SCV pMaïs		SCV pBlé		SD3C pSoya		SD3C pMaïs		SD3C pBlé		SD2C pSoya	
	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>
SCV pMaïs	1.84	0.10	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/
SCV pBlé	1.98	0.10	2.10	0.12	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/
SD3C pSoya	2.39	0.10	2.30	0.09	1.55	0.09	/	/	/	/	/	/	/	/
SD3C pMaïs	2.70	0.11	1.56	0.11	1.89	0.10	1.89	0.10	/	/	/	/	/	/
SD3C pBlé	2.29	0.10	1.43	0.12	1.85	0.09	1.84	0.10	1.41	0.10	/	/	/	/
SD2C pSoya	2.94	0.10	2.08	0.11	1.45	0.09	1.70	0.10	1.44	0.10	1.80	0.11	/	/
SD2C pMaïs	1.84	0.10	2.01	0.11	1.45	0.11	1.44	0.11	1.91	0.10	1.74	0.11	1.68	0.10

Tableau 1.3 PERMANOVA de la composition des eucaryotes à Sainte-Marthe entre les parcelles des sols prélevés au printemps 2019, l'astérisque (*) représente une différence statistiquement significative (p-value < 0.05) 25

Parcelle	SCV pSoya		SCV pMaïs		SCV pBlé		SD3C pSoya		SD3C pMaïs		SD3C pBlé		SD2C pSoya	
	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>
SCV pMaïs	1.71	0.10	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/
SCV pBlé	1.54	0.10	1.70	0.11	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/
SD3C pSoya	1.35	0.10	1.08	0.27	1.36	0.19	/	/	/	/	/	/	/	/
SD3C pMaïs	1.72	0.10	1.47	0.11	1.65	0.10	1.40	0.10	/	/	/	/	/	/
SD3C pBlé	1.48	0.21	1.37	0.10	1.62	0.09	1.08	0.30	1.67	0.11	/	/	/	/
SD2C pSoya	1.37	0.23	1.73	0.11	1.74	0.11	1.35	0.09	1.25	0.08	1.67	0.11	/	/
SD2C pMaïs	1.59	0.10	1.87	0.11	1.66	0.08	1.33	0.10	1.97	0.12	1.56	0.10	1.58	0.10

Tableau 1.4 PERMANOVA de la composition des eucaryotes à Montmagny entre les parcelles des sols prélevés au printemps 2019, l'astérisque (*) représente une différence statistiquement significative (p-value < 0.05)

Parcelle	SCV pSoya		SCV pMaïs		SCV pBlé		SD3C pSoya		SD3C pMaïs		SD3C pBlé		SD2C pSoya	
	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>
SCV pMaïs	2.29	0.09	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/
SCV pBlé	2.13	0.10	1.19	0.22	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/
SD3C pSoya	1.58	0.10	2.07	0.12	1.66	0.10	/	/	/	/	/	/	/	/
SD3C pMaïs	2.14	0.10	0.97	0.51	1.28	0.39	1.58	0.12	/	/	/	/	/	/
SD3C pBlé	1.96	0.09	2.06	0.10	2.03	0.10	1.39	0.10	1.77	0.10	/	/	/	/
SD2C pSoya	1.96	0.08	1.82	0.12	1.71	0.08	1.43	0.09	1.46	0.08	1.86	0.11	/	/
SD2C pMaïs	1.55	0.11	1.83	0.12	1.61	0.10	1.20	0.20	1.73	0.10	1.48	0.11	1.26	0.19

Des différences de composition sont cependant visibles en regroupant les parcelles par région ou par précédent culturel similaire (Figure 1.5).

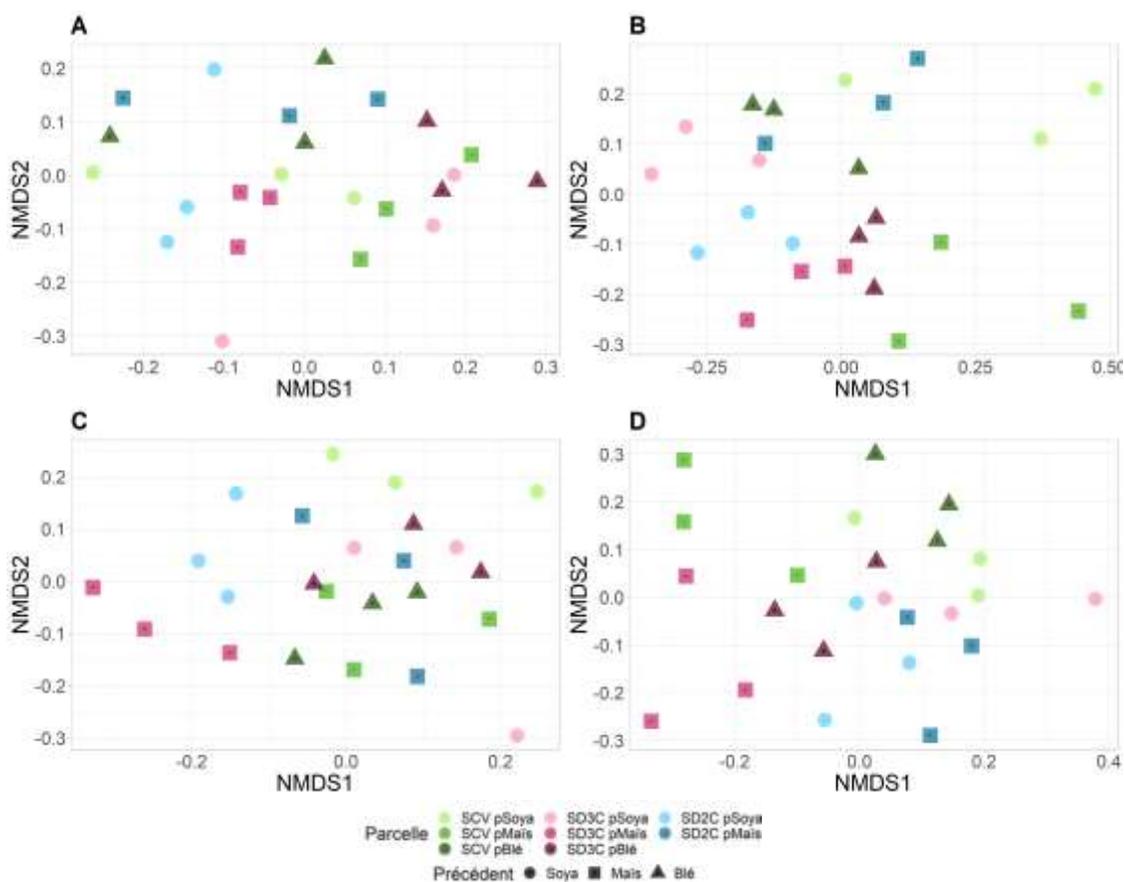


Figure 1.5 NMDS de la distance de Bray-Curtis des bactéries à Sainte-Marthe (A) et à Montmagny (B) et des eucaryotes à Sainte-Marthe (C) et à Montmagny (D) dans les sols prélevés au printemps 2019 dans les parcelles mises en place en 2016. Les couleurs correspondent à la région de culture soit SCV (vert), SD3C (rose) et SD2C (bleu), la forme et le dégradé représentent la culture de l'année précédente (soya, maïs et blé)

Pour les bactéries à Sainte-Marthe, les régions en semis direct sans couvert végétal en rotation à trois cultures ou à deux cultures sont statistiquement différentes l'une de l'autre ($F = 1.706$). Cependant, la composition des bactéries et celle des eucaryotes des sols de la région SCV ne se distinguent pas des deux régions SD2C et SD3C (Tableau 1.5, Figure 1.5). À Montmagny, les compositions des trois régions sont statistiquement différentes, avec une distance des centroïdes plus importante entre les régions en rotation

à trois cultures (SCV et SD3C) qu'entre les deux régies sans couverts végétaux (SD2C et SD3C) (F=1.920 et F=1.407). L'analyse de composition des eucaryotes montre des différences entre la régie SD2C et les régies en rotation trois cultures aux deux sites d'étude, mais pas entre la présence et l'absence de couvert végétal dans les deux régies en rotation à trois cultures (Tableau 1.5, Figure 1.5).

Tableau 1.5 PERMANOVA de la composition microbienne entre les régies des sols prélevés au printemps 2019 aux deux sites d'étude, l'astérisque (*) représente une différence statistiquement significative (p-value < 0.05)

Régies	SCV-SD3C		SD3C-SD2C		SCV-SD2C	
Facteur	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>
<i>Sainte-Marthe</i>						
Bactéries	0.98	0.43	1.71	0.04*	1.18	0.19
Eucaryotes	1.18	0.14	1.42	0.03*	1.39	0.03*
<i>Montmagny</i>						
Bactéries	1.92	<0.01*	1.41	0.02*	1.77	0.02*
Eucaryotes	1.45	0.11	1.47	0.01*	1.71	0.01*

Le précédent cultural en revanche ne montre pas d'impact sur la composition bactérienne, et seules les parcelles cultivées en soya en 2018 se distinguent des autres en termes de composition des eucaryotes (Tableau 1.6, Figure 1.5). L'Annexe F présente en détail les abondances relatives des 10 premiers phyla bactériens et eucaryotes, on observe peu de différences entre les huit parcelles à ce niveau taxonomique. Les phyla bactériens les plus abondants (> 10 %) à Sainte-Marthe et Montmagny respectivement sont les Actinobactéries (29.3-33.6 % et 20.1-25.4 %), les Protéobactéries (18.1-22.4 % et 25.2-28.6 %), les Acidobactéries (9.9-11.5 % et 13-16.3 %) et les Chloroflexes (11.2-13.6 % et 10.9-12.8 %). Les phyla eucaryotes les plus abondants aux deux sites d'étude appartiennent aux champignons, les Ascomycètes (39.3-52.6 % et 26.2-49.1 %) et les Mucoromycètes (12.3-28.9 % et 5.7-16.6 %), et

aux protistes, les Cercozoaires (8.6-46.5 % et 12.4-24.9 %). L'analyse *DESeq2* montre des effets des traitements sur des ASV de ces phyla.

Tableau 1.6 PERMANOVA de la composition microbienne entre les précédents culturaux des sols prélevés au printemps 2019 aux deux sites d'étude, l'astérisque (*) représente une différence statistiquement significative (p-value < 0.05)

Précédent	pSoya-pMaïs		pSoya-pBlé		pMaïs-pBlé	
	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>
<i>Sainte-Marthe</i>						
Bactéries	1.02	<i>0.37</i>	1.39	<i>0.10</i>	1.07	<i>0.34</i>
Eucaryotes	1.25	<i>0.09</i>	1.32	<i>>0.05</i>	1.29	<i>0.06</i>
<i>Montmagny</i>						
Bactéries	1.24	<i>0.13</i>	1.03	<i>0.35</i>	1.15	<i>0.16</i>
Eucaryotes	1.79	<i>0.01*</i>	1.48	<i>0.02*</i>	1.11	<i>0.29</i>

L'analyse des bactéries montre que les ASV ont été plus impactés par la rotation (SD3C par rapport à SD2C) que par le couvert végétal (SCV par rapport à SD3C). La plupart des ASV impactés appartiennent aux principaux phyla, mais n'ont pas été affectés de la même manière par les traitements aux deux sites. Des ASV des Protéobactéries ont été impactés par la rotation, positivement à Sainte-Marthe et négativement à Montmagny, et par le couvert végétal positivement et négativement à Sainte-Marthe et négativement à Montmagny. La rotation a impacté des ASV appartenant aux Actinobactéries, positivement à Sainte-Marthe et positivement et négativement à Montmagny et les plantes de couverture ont affecté négativement des ASV des Acidobactéries (Figure 1.6). L'analyse des eucaryotes montre également que la rotation a impacté plus d'ASV que les plantes de couverture, mais les deux traitements ont peu impacté les phyla les plus abondants dont les champignons. La rotation a eu un impact négatif sur des ASV des Ascomycètes à Sainte-Marthe et des ASV des Cercozoaires à Montmagny (Figure 1.7).

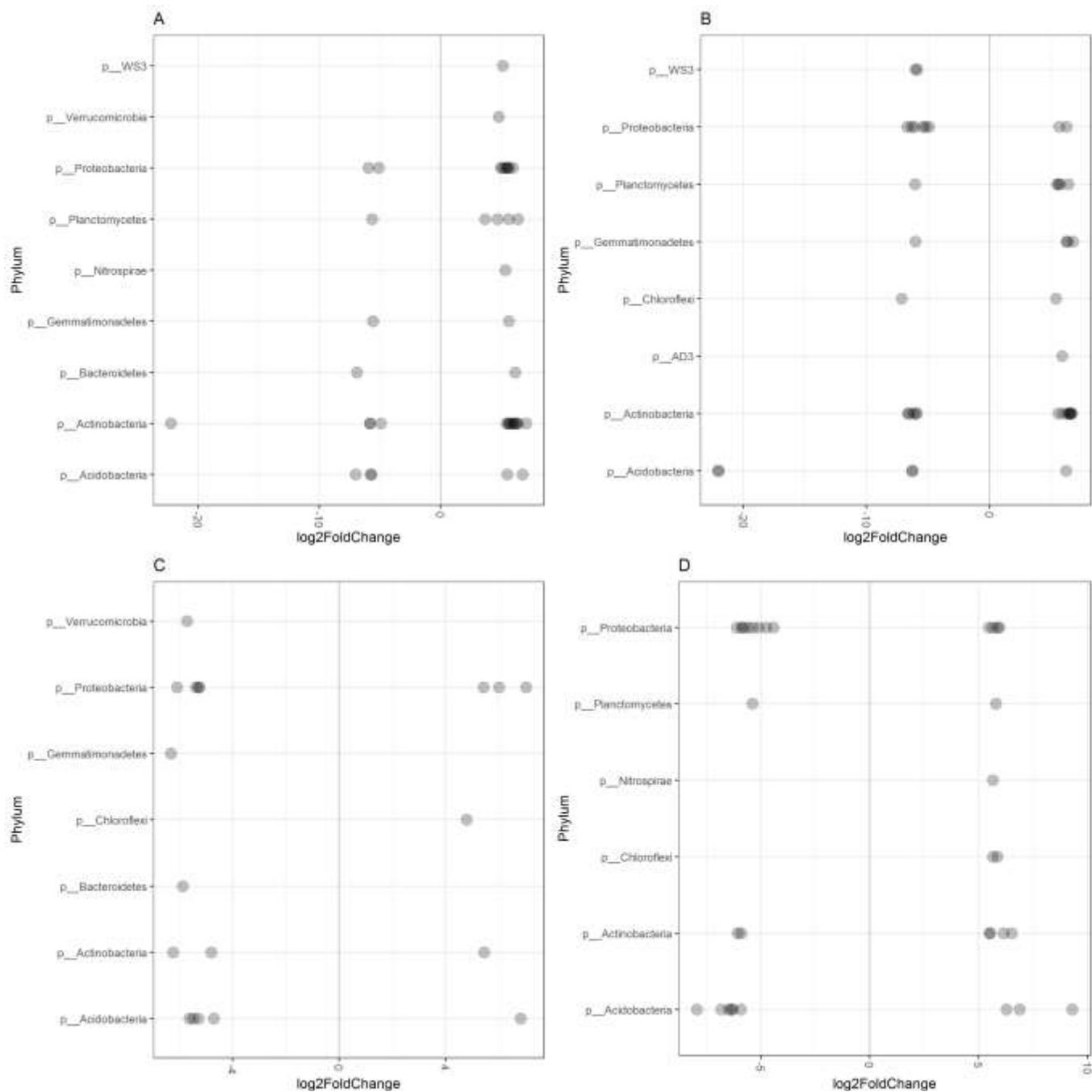


Figure 1.6 Analyse *DESeq2* de comparaison des ASV bactériens impactés par la rotation à trois cultures (SD3C) par rapport à la rotation à deux cultures (SD2C) à Sainte-Marthe (A) et à Montmagny (B) et des ASV bactériens impactés par le couvert végétal (SCV) par rapport à la même rotation sans couvert végétal (SD3C) à Sainte-Marthe (C) et à Montmagny (D) pour les sols prélevés au printemps 2019. Les ASV ont été regroupés par phylum pour simplifier la visualisation.

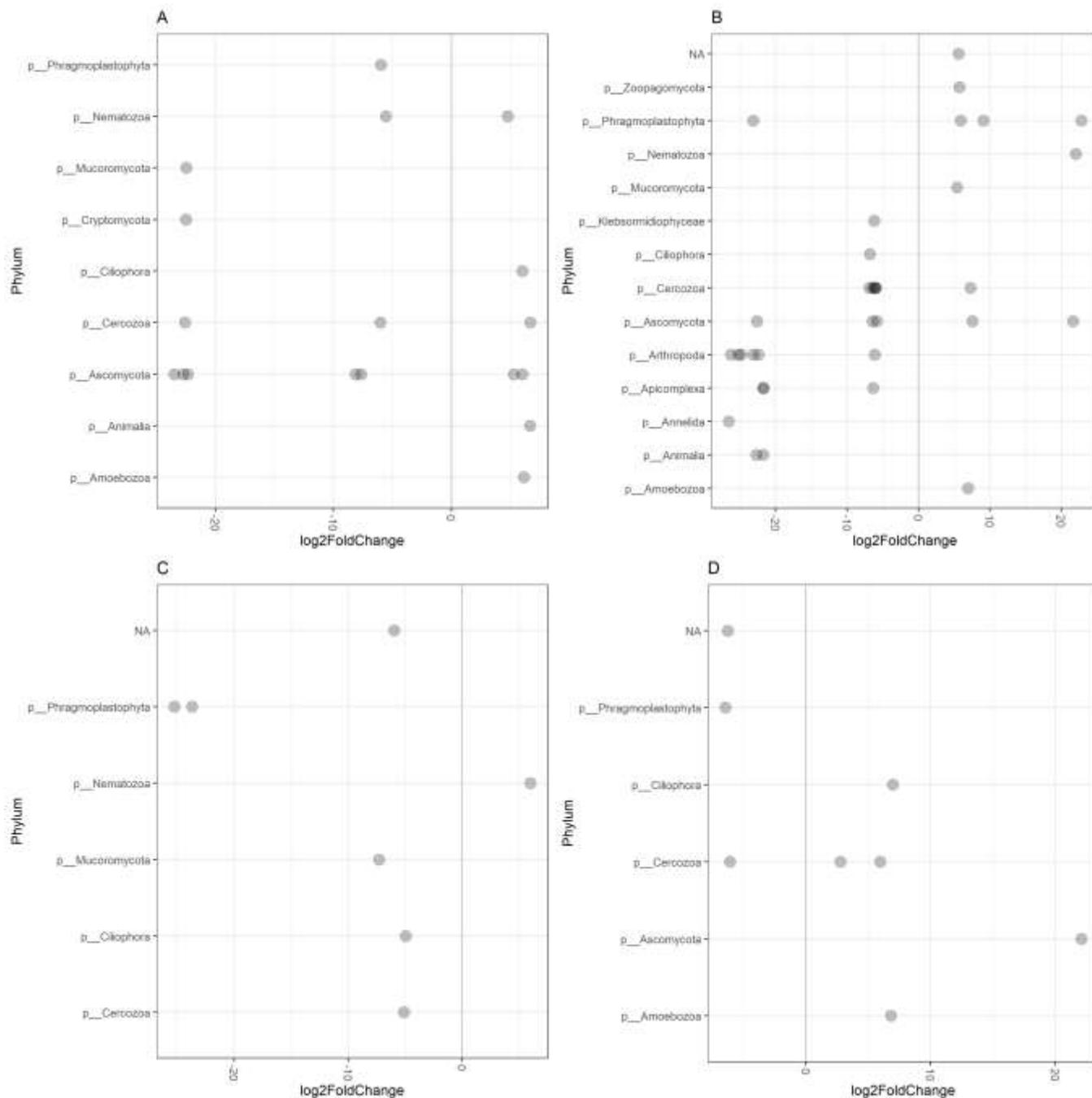


Figure 1.7 Analyse *DESeq2* de comparaison des ASV eucaryotes impactés par la rotation à trois cultures (SD3C) par rapport à la rotation à deux cultures (SD2C) à Sainte-Marthe (A) et à Montmagny (B) et des ASV impactés par le couvert végétal (SCV) par rapport à la même rotation sans couvert végétal (SD3C) à Sainte-Marthe (C) et à Montmagny (D) pour les sols prélevés au printemps 2019. Les ASV ont été regroupés par phylum pour simplifier la visualisation.

1.4 Discussion

1.4.1 Impact des régies de culture sur la biomasse des microorganismes

1.4.1.1 Pas d'effet visible des régies

La biomasse microbienne est couramment estimée par des méthodes comme l'analyse du carbone de la biomasse microbienne (MBC), de l'azote de la biomasse microbienne (MBN) ou des acides gras phospholipidiques (PLFA). Les méta-analyses ont montré que la biomasse microbienne a tendance à augmenter avec les plantes de couverture (Kim *et al.*, 2020) ou la rotation des cultures (McDaniel *et al.*, 2014). Quelques études ont toutefois montré qu'elle peut ne pas être impactée par cette augmentation de diversité végétale (Sapkota *et al.*, 2012; Tiemann *et al.*, 2015), en effet la diversité des familles de plantes peut être un facteur plus important que seulement le nombre d'espèces présentes. Cela pourrait être relié à la diversité des exsudats racinaires provenant d'espèces fonctionnellement différentes (Steinauer *et al.*, 2016). La quantification par qPCR a commencé à être utilisée pour estimer le dénombrement microbien moléculaire (Albright *et al.*, 2020; Kuske *et al.*, 2019). Il existe encore peu de données concernant l'emploi du dénombrement moléculaire pour évaluer les effets des plantes de couverture sur la communauté microbienne. Les résultats de la présente étude suggèrent que ni la rotation des cultures ni le couvert végétal n'ont eu d'impact sur le dénombrement microbien moléculaire extraite de sols prélevés au printemps 2019. Romdhane *et al.* (2019), en utilisant la même méthode, n'ont également pas observé de différence d'abondance bactérienne par la présence de plantes de couverture ni par les différents degrés de diversité végétale allant de deux à huit espèces de plusieurs familles différentes (légumineuses, graminées, crucifères et autres). Les différentes méthodes utilisées pour estimer la biomasse peuvent aboutir à des résultats divergents, particulièrement entre l'analyse de biomasse par la méthode MBC, couramment utilisée par le passé pour estimer la biomasse microbienne, par rapport

aux méthodes PLFA et qPCR. L'utilisation de l'analyse par MBC serait en effet moins reproductible (Zhang *et al.*, 2017).

Notre échantillonnage a été réalisé au printemps, avant le semis des plantes de couverture et de la culture principale. Les résultats reflètent donc l'absence d'effets visibles à long terme après l'hiver, malgré un cycle trisannuel de culture en rotation et en système SCV. La méta-analyse de Kim *et al.* (2020) a montré que les effets des plantes de couverture sur la biomasse microbienne sont plus ou moins visibles selon la période de l'échantillonnage et la présence ou l'absence des plantes de couverture et de la culture commerciale. En revanche, le moment où les effets des plantes de couverture sont les plus visibles diffèrent en fonction de la méthode d'estimation de la biomasse utilisée (MBC ou PLFA). De plus, le climat peut influencer les résultats observés, les plantes de couverture ont été développées pour lutter contre l'érosion des sols dans les pays du sud, ce qui peut expliquer en partie les différences observées par rapport à notre étude. En effet, sous un climat tempéré froid, les effets des plantes de couverture sur la biomasse auraient tendance à être moins importants que sous des climats tropicaux ou tempérés (Kim *et al.*, 2020). Les précipitations annuelles et la structure du sol ont aussi une influence sur les effets observés des plantes de couverture sur la biomasse microbienne (Muhammad *et al.*, 2021).

1.4.1.2 Effets des régies de culture sur le rapport bactéries/champignons

Dans les parcelles sans couvert végétal à Montmagny, nous avons observé un rapport bactéries/champignons plus faible dans le précédent soya que dans le précédent maïs pour les parcelles cultivées en SD3C. Dans ces parcelles, le soya avait été précédé par du maïs, et le maïs par du blé, ce qui peut expliquer la présence plus importante de champignons dans les sols de précédent soya. En effet, le soya est dégradé plus rapidement et favorise les bactéries mais le maïs favorise la présence des champignons à long terme (Broder et Wagner, 1988). Les résidus de blé peuvent également favoriser la présence des champignons (Li, D. *et al.*, 2019), mais la quantité plus abondante de

résidus de maïs pourrait expliquer cette différence. Dans les parcelles cultivées en SD2C en revanche, les champignons ont été favorisés dans le précédent maïs par rapport au précédent soya. Dans ces parcelles, seuls le maïs et le soya ont été mis en rotation. Le précédent maïs a été cultivé en maïs deux fois durant les trois dernières années, notamment durant la première année du projet. La décomposition des résidus de maïs plus anciens dans le précédent maïs a pu favoriser les champignons dans cette parcelle par rapport au précédent soya où les résidus de soya de l'année précédente ont pu à l'inverse favoriser les bactéries à court terme.

Les effets de la rotation des cultures sur le rapport bactéries/champignons sont différents entre les précédents culturaux à Montmagny et ne sont pas visibles à Sainte-Marthe. Dans les parcelles sans couvert végétal, c'est dans la rotation à trois cultures SD3C que le rapport est le plus faible dans le précédent soya, alors que dans le précédent maïs, c'est dans la rotation à deux cultures SD2C. Pourtant, on aurait pu s'attendre à ce que la rotation des cultures favorise les champignons par rapport aux bactéries. En effet, Six *et al.* (2006) ont montré qu'une plus grande rotation des cultures peut favoriser les champignons. Cependant, dans notre cas, les parcelles avec la plus faible diversité végétale sont déjà minimalement en rotation à deux cultures et l'ajout de blé dans la rotation à trois cultures n'est survenu qu'une fois dans la rotation depuis la mise en place des parcelles en 2016. Après dix années de cultures allant de monoculture à rotation à cinq cultures, Tiemann *et al.* (2015) n'ont pas observé de différences d'équilibre entre bactéries et champignons liées à la diversité végétale dans les agrégats supérieurs à 0.25 mm, mais ils ont observé un rapport plus faible dans les rotations ayant le plus de diversité végétale dans les microagrégats. En effet, les bactéries sont plus abondantes et diversifiées dans les microagrégats (Bach *et al.*, 2018).

Dans notre étude, les champignons ont été favorisés par les plantes de couverture dans le précédent soya, significativement à Montmagny, avec la même tendance observée à

Sainte-Marthe. Les champignons peuvent être favorisés par rapport aux bactéries avec l'augmentation de diversité fonctionnelle des plantes (Finney *et al.*, 2017; Lange *et al.*, 2014). Ceci peut être liée à l'augmentation de la biomasse racinaire et aux variations d'exsudats racinaires (Eisenhauer *et al.*, 2017). Cependant, dans les autres précédents de culture, cette différence de rapport n'est pas observée, ce qui est surprenant, notamment dans les parcelles précédemment cultivées en blé où on aurait pu s'attendre à un impact du fait de la diversité de plantes de couvertures apportées durant l'année précédente (10 espèces de 6 familles différentes à Sainte-Marthe et 7 espèces de 4 familles à Montmagny). Bien que quelques variations d'équilibre microbien champignon/bactéries soient observées, il est peu probable que celles-ci aient un impact significatif à ce niveau sur les fonctions du sol comme l'accumulation de matière organique par les champignons en l'absence de variation de biomasse microbienne (Kallenbach *et al.*, 2016; Six *et al.*, 2006).

1.4.2 Influence des régies sur la diversité bactérienne

1.4.2.1 Effet des rotations

Nous n'avons pas observé d'effet significatif de la rotation des cultures sur la richesse bactérienne mesurée par les indices de Shannon et de Chao1. Dans la méta-analyse de Venter *et al.* (2016), l'augmentation de la diversité végétale a montré des effets positifs sur l'indice de Shannon des bactéries, champignons et archées. En revanche, les résultats sont dépendants de la méthode utilisée, et les études utilisant le séquençage ont plutôt montré une diminution de l'indice de Shannon mais les données disponibles par cette méthode sont encore rares. D'autres études n'ont pas observé de modification de la richesse bactérienne en passant de monoculture à une rotation de maïs-soya (Chamberlain *et al.*, 2020), ni en ajoutant du blé dans la rotation maïs-soya (Peralta *et al.*, 2018).

Notre étude a montré des différences significatives de composition entre la rotation à deux cultures et la rotation à trois cultures aux deux sites d'étude. Les effets de l'ajout du blé dans le système de rotation maïs-soya sur la composition microbienne sont déjà présents après seulement un cycle trisannuel de rotation. L'étude des ASV spécifiques au sein de chaque phylum permet de détecter des différences, bien que les abondances relatives des phyla soient similaires entre les parcelles. En revanche, il n'y a pas de différences entre les précédents culturaux. Dans l'étude de Chamberlain *et al.* (2020), des différences de composition ont également été observées entre les rotations autant à l'automne qu'au printemps à des niveaux taxonomiques plus faibles, mais les compositions entre les cultures d'intérêt pour la même rotation ne diffèrent pas. Ceci indique que la rotation a un effet sur la composition sans que celle-ci soit très différente d'une culture à l'autre. Peralta *et al.* (2018) en revanche n'ont pas rapporté de variations de la composition microbienne entre les rotations maïs-soya et maïs-soya-blé après 12 années de culture.

1.4.2.2 Effet des plantes de couverture

L'implantation des couverts végétaux n'a pas eu d'impact sur la richesse bactérienne observée en début de saison. Bien que des couverts végétaux aient été présents durant les années de culture précédentes, l'échantillonnage a été réalisé avant les nouveaux semis de plantes de couverture, et la surface couverte par les végétaux était similaire entre les parcelles à ce moment-là (Chapitre 2). Romdhane *et al.* (2019) ont obtenu les mêmes résultats, autant au début qu'en fin de saison agricole. Dans une autre étude où les échantillonnages ont été réalisés en début de saison après le semis des plantes de couverture, mais avant leur germination, les indices de diversité dans les rotations ne comprenant pas de couverts végétaux étaient les plus élevés. Cette observation pourrait s'expliquer par la présence d'adventices en plus grande quantité dans les traitements sans plantes de couverture, qui peuvent également impacter les communautés microbiennes (Peralta *et al.*, 2018). D'autres études ont montré que la richesse

bactérienne peut être affectée positivement par les plantes de couverture, mais les effets sont plus visibles en condition de labour qu'en pratiques d'agriculture de conservation, puisque celles-ci pourraient protéger les communautés microbiennes des effets néfastes du labour (Kim *et al.*, 2020). L'absence de travail du sol dans toutes nos parcelles pourrait expliquer l'absence de différence de richesse observée comparativement à ces études.

La composition bactérienne diffère significativement entre la présence et l'absence de plantes de couvertures à Montmagny. Cette différence n'est pas visible à Sainte-Marthe, mais les couverts végétaux ont eu plus de difficulté à s'implanter. Chamberlain *et al.* (2020) n'ont pas observé d'influence des plantes de couverture sur la composition bactérienne lors de leur première année d'implantation. En revanche, dans leur étude, les variations de communautés du sol ont été reliées à des variations de pH et de matière organique. Dans les différents mélanges de plantes de couverture testés, seuls ceux à deux espèces ne comprenant pas de légumineuses ont eu un effet sur la composition microbienne par rapport au sol nu dans l'étude de Romdhane *et al.* (2019). En revanche, ils ont montré que les différences de stratégies de terminaison des couverts végétaux (gel, roulage ou glyphosate) ont un plus gros effet sur les communautés bactériennes, en modifiant la composition du sol en carbone organique et azote total. Peralta *et al.* (2018) ont montré que les modifications de composition liées à l'augmentation de diversité végétale peuvent également avoir un effet positif sur le potentiel de réduction des maladies. Cependant, dans leur étude, la composition a principalement pu être expliquée par les caractéristiques physico-chimiques du sol (texture et humidité).

1.4.2.3 Implications fonctionnelles potentielles

Les deux composantes de gestion des cultures, les rotations et la présence de couverts végétaux, ont affecté positivement et négativement des ASV des Protéobactéries. Ce phylum est le plus abondant dans les sols. Bien qu'il comprenne de nombreuses espèces cultivables, beaucoup de séquences ne sont pas encore assignées à un genre et les

connaissances sur ce groupe bactérien sont à améliorer (Janssen, 2006; Spain *et al.*, 2009). Elles ont par exemple été reliées positivement à la minéralisation du carbone (Fierer *et al.*, 2007). Certains genres comme les *Pseudomonas* peuvent être utilisés en tant que rhizobactéries favorisant la croissance des plantes et aider la résistance aux maladies provenant du sol (Lugtenberg et Kamilova, 2009). Les rotations ont affecté surtout positivement certains ASV du phylum des Actinobactéries. Les Actinobactéries sont retrouvées dans de nombreux écosystèmes différents et comptent pour une moyenne de 13 % des bactéries (Janssen, 2006). Elles se retrouvent plus en abondance dans les sols au pH élevé (Lauber *et al.*, 2009) ou riches en matière organique (Barka *et al.*, 2016). Elles jouent un rôle important dans la décomposition de la matière organique, notamment par leur capacité à détruire la cellulose des plantes et sont donc essentielles dans le cycle du carbone (Lewin *et al.*, 2016). Elles sont aussi connues pour avoir des interactions bénéfiques avec les plantes mais elles peuvent être aussi pathogènes (Barka *et al.*, 2016). Les couverts végétaux ont plutôt affecté négativement des ASV des Acidobactéries. Les Acidobactéries représentent en moyenne 20 % des communautés bactériennes. Malgré leur grande abondance, elles ont longtemps été méconnues car difficiles à cultiver en laboratoire (Janssen, 2006). Les différents groupes qui composent ce phylum sont sensibles notamment au pH (Jones *et al.*, 2009). Les études des génomes de ces sous-groupes peuvent indiquer de grandes différences dans le métabolisme du carbone et de l'azote, et les différentes études environnementales se basant souvent sur le niveau taxonomique du phylum ne permettent pas de connaître précisément les implications écologiques (Kielak *et al.*, 2016). Par exemple, les Acidobactéries ont été reliées à de faibles taux de minéralisation du carbone (Fierer *et al.*, 2007) ou au contraire à une plus grande disponibilité du carbone organique (Jones *et al.*, 2009). D'autres différences de composition entre les deux systèmes de rotation et la présence des couverts végétaux peuvent également se situer au niveau des ASV des phyla plus rares. De plus, dans notre étude les ASV des différents phyla ont très peu pu être attribuées à des espèces ou à des genres en particulier. L'amélioration de l'attribution des séquences à des rangs

taxonomiques inférieurs et des connaissances sur ces rangs taxonomiques permettrait dans le futur d'améliorer la compréhension des implications fonctionnelles des changements de composition observés (Fierer, 2017).

1.4.3 Effet des régies de culture sur la diversité eucaryote

L'implantation des plantes de couverture a montré un effet sur la richesse des eucaryotes avec une diminution des indices de Shannon et de Chao1 entre les parcelles avec couverts végétaux par rapport aux parcelles sans couverts. L'indice de Chao1 est influencé par les groupes plus rares, ce qui peut expliquer pourquoi la PERMANOVA ne montre pas de modification de composition. La rotation des cultures en revanche a montré quelques effets sur des ASV appartenant aux phyla les plus abondants des champignons, les Ascomycètes, et des microfaunes, les Cercozoaires. La PERMANOVA ayant montré une différence significative de composition des eucaryotes, il se pourrait que les phyla plus rares aient aussi été affectés. Dans l'étude de Liu, H. *et al.* (2019), l'apport de diversité végétale par rotation des cultures a diminué les indices de diversité des champignons, affectant la composition à la fois des groupes pathogènes et bénéfiques, pouvant affecter positivement les plantes en culture. À l'inverse Liu, J. *et al.* (2019) ont observé une augmentation de diversité avec la rotation des cultures et avec également des effets sur les champignons pathogènes. Dans leur étude, Ai *et al.* (2018) ont comparé la composition des champignons entre une rotation soya-blé et une rotation maïs-soya. Comme dans notre étude, la rotation des cultures n'a pas eu d'effet sur l'abondance relative du phylum le plus abondant, les Ascomycètes, mais a montré des effets au niveau de plusieurs familles. Les Ascomycètes sont connus pour être particulièrement impliqués dans la dégradation de la cellulose (De Boer *et al.*, 2005). Schmidt *et al.* (2019) ont montré un impact négatif des plantes de couverture sur l'abondance relative des Ascomycètes, avec une augmentation de la diversité phylogénétique. Dans leur étude, les taxons les plus abondants ont cependant été peu affectés par les couverts végétaux, mais plus par le

labour, indiquant également que les autres pratiques agricoles peuvent avoir plus d'impact sur les champignons. Les Cercozoaires représentent un des taxons dominants des protistes (Bates *et al.*, 2013). Ils peuvent être phagotrophes, autotrophes ou parasitaires (Cavalier-Smith et Chao, 2003). Comme les autres protistes, leurs implications dans les sols agricoles sont encore peu étudiées, pourtant, ils sont importants dans le microbiome du sol et peuvent être affectés par les pratiques agricoles comme la fertilisation (Xiong *et al.*, 2018).

1.5 Conclusion

Cette étude est une première évaluation des impacts de l'augmentation de la diversité végétale par l'implantation de plantes de couvertures, sur les communautés microbiennes dans le contexte agricole des grandes cultures québécoises, où les connaissances sont pour le moment absentes. L'ajout de blé dans la rotation maïs-soya et celui des plantes de couverture n'ont pas eu d'effet ni sur la biomasse microbienne totale ni sur la richesse bactérienne. En revanche, le rapport bactéries/champignons et la richesse des eucaryotes ont été légèrement impactés par les traitements. De plus, l'apport de diversité végétale a eu un effet sur la composition bactérienne et eucaryote après seulement un cycle de rotation. Cela confirme notre hypothèse que l'apport de diversité végétale peut influencer la diversité des communautés microbiennes du sol. En revanche, cela n'a pas confirmé que cette augmentation de diversité végétale influence la quantité des microorganismes. L'étude de la composition microbienne, à la fois bactérienne mais aussi eucaryote, pourrait ainsi être un indicateur de santé des sols plus sensible que d'autres couramment utilisés comme la biomasse microbienne. Notre étude montre que les pratiques d'agriculture de conservation qui augmentent la diversité végétale par des rotations plus diversifiées et l'implantation de plantes de couverture ont un impact sur les communautés microbiennes des sols agricoles dans les grandes cultures du Québec. L'étude plus précise des implications fonctionnelles des observations actuelles sur les différents groupes microbiens étudiés permettrait de

comprendre comment ces pratiques d'agriculture de conservation influent sur la capacité de production et de maintien des services écosystémiques de ces sols agricoles. Le Chapitre 2 évalue l'effet des régies et des applications d'HBG associées sur la persistance du glyphosate et de l'AMPA en lien avec ces communautés microbiennes.

CHAPITRE II

PERSISTANCE DU GLYPHOSATE ET DE L'AMPA EN GRANDES CULTURES DANS DIFFÉRENTES RÉGIES EN LIEN AVEC LES COMMUNAUTÉS MICROBIENNES

Blandine Giusti¹, Marc Lucotte⁴, Matthieu Moingt⁴, Thomas Jeanne²,
Richard Hogue²

Ce chapitre sera soumis dans sa version anglaise pour publication dans la revue
Applied Soil Ecology.

¹ Université du Québec à Montréal, GEOTOP et Institut des Sciences de l'environnement, C.P. 8888,
Succ. Centre-Ville, Montréal, H3C3P8, Québec, Canada

² Institut de recherche et de développement en agroenvironnement (IRDA), 2700 Rue Einstein, Ville de
Québec, G1P 3W8, Québec, Canada

2.0 Résumé

Avec la commercialisation des plantes génétiquement modifiées et l'utilisation des herbicides à base de glyphosate (HBG), les pratiques d'agriculture de conservation s'imposent de plus en plus souvent comme un choix pour les producteurs de grandes cultures dans le monde, en particulier au Québec. L'objectif de cette étude était d'observer si l'implantation de régies d'agriculture de conservation peut influencer la persistance du glyphosate et de son principal produit de dégradation, l'AMPA, dans les sols. La première hypothèse était que les régies de culture peuvent influencer la persistance du glyphosate et de l'AMPA. La deuxième hypothèse était que les communautés microbiennes des sols peuvent jouer un rôle dans la dissipation du glyphosate et de l'AMPA par leur capacité de dégradation. Nous avons mesuré les teneurs en glyphosate et en AMPA dans les sols de trois régies de culture comprenant deux types de rotation (maïs-soya et maïs-soya-blé) et la présence ou l'absence de plantes de couverture dans la rotation à trois cultures, à deux sites, l'un en Montérégie (Sainte-Marthe) et l'autre dans la région Chaudière-Appalaches (Montmagny). Nous avons observé des teneurs moyennes en glyphosate de 0.17 et 0.08 $\mu\text{g g}^{-1}$ et en AMPA de 0.50 et 0.42 $\mu\text{g g}^{-1}$ à Sainte-Marthe et à Montmagny respectivement. Les teneurs en glyphosate et en AMPA dans les sols sont restées équivalentes entre les trois régies même si des variations significatives ont été observées entre les parcelles surtout en début de saison de la dernière année de culture. Des teneurs en glyphosate et en AMPA supérieures aux quantités correspondant aux applications de l'année d'HBG ont été observées dans la première couche de sol (0-20 cm) dans certaines parcelles, indiquant une persistance de ces deux composés. Les variations de teneurs observées pourraient provenir d'une plus grande rétention par la présence plus importante de résidus dans la régie avec plantes de couverture. Les variations de dissipation du glyphosate et de l'AMPA dans les sols ont également pu être influencées par la composition des communautés microbiennes des sols de ces régies, surtout en début de saison. Les phyla les plus abondants dans les sols ont montré des variants de séquence d'amplicon (ASV) corrélés à la fois positivement et négativement à la dissipation de ces composés. Des ASV des phyla des Protéobactéries et des Firmicutes notamment, dont certaines espèces sont connues pour dégrader le glyphosate, ont été reliés à cette dissipation. La composition des eucaryotes pourrait aussi jouer un rôle dans la dissipation du glyphosate et de l'AMPA.

Mots clés : herbicides à base de glyphosate, glyphosate, AMPA, séquençage 16S, communautés microbiennes, agriculture de conservation

2.1 Introduction

Les herbicides à base de glyphosate (HBG) sont les plus vendus dans le monde notamment depuis la commercialisation des plantes génétiquement modifiées en 1996, la grande majorité étant conçues pour y être résistantes (Benbrook, 2016). Les HBG se sont imposés comme une alternative au travail du sol pour la gestion des adventices dans ces cultures (Dill *et al.*, 2008). Le glyphosate étant un herbicide à large spectre, il a longtemps été considéré comme idéal pour la gestion des adventices, et réputé biodégradable rapidement (Duke et Powles, 2008). En conséquence de leur utilisation massive, on retrouve aujourd'hui 53 espèces végétales d'adventices devenues résistantes aux HBG dans le monde et ce nombre augmente rapidement (Heap, 2021; Heap et Duke, 2018). De plus, le glyphosate et l'AMPA sont fréquemment détectés dans les sols et les eaux de surface ainsi que dans une moindre mesure dans les eaux souterraines (Aparicio *et al.*, 2013; Battaglin *et al.*, 2014; Giroux, 2019; Struger *et al.*, 2008). Dans les sols, le glyphosate peut avoir un temps de demi-vie variant de quelques jours à plusieurs années (Carlisle et Trevors, 1988). Ces variations peuvent provenir du type de sol (Nguyen *et al.*, 2018), des conditions climatiques (Aparicio *et al.*, 2013; Lupi *et al.*, 2019), des pratiques agricoles (Primost *et al.*, 2017; Silva *et al.*, 2018) et de l'efficacité de la dégradation microbienne (la Cecilia et Maggi, 2018; Zhan *et al.*, 2018).

2.1.1 Structure du sol et résidus végétaux

Le glyphosate a une forte capacité d'adsorption aux particules de sol, les argiles et les oxydes de fer et d'aluminium, c'est pourquoi on a d'abord considéré qu'il était très peu mobile une fois incorporé dans les sols. Cependant, cette adsorption dépend de plusieurs facteurs notamment le pH du sol qui peut influencer sur la charge du glyphosate, la capacité d'échange cationique, la compétition avec le phosphore et la matière organique qui peut bloquer les sites de surface (Borggaard et Gimsing, 2008; Dollinger

et al., 2015; Okada *et al.*, 2016; Vereecken, 2005). Son principal produit de dégradation, l'acide aminométhylphosphonique (AMPA) va également s'adsorber aux particules de sol (Rampazzo *et al.*, 2013). Les pratiques d'agriculture de conservation consistant en l'absence de travail du sol, l'augmentation de diversité végétale et la mise en place d'une couverture du sol sont de plus en plus adoptées (Kassam *et al.*, 2018). La diversification par l'ajout d'une culture de blé dans les rotations maïs-soya ainsi que l'implantation de plantes de couverture entrent dans ce cadre. Le semis direct sous couverture végétale permanente (SCV) est une de ces pratiques développées pour limiter l'érosion du sol (Séguy *et al.*, 2012; Vincent-Caboud *et al.*, 2017). Les plantes de couverture présentent un potentiel de compétition avec les adventices (Baraibar *et al.*, 2017; Dorn *et al.*, 2015) et donc de diminution de l'utilisation des HBG. Elles peuvent augmenter la proportion de macropores dans le sol et favoriser l'infiltration de l'eau (Cercioglu *et al.*, 2018; Haruna *et al.*, 2018). Malgré leur forte capacité d'adsorption sur les particules de sol, le glyphosate et l'AMPA sont susceptibles d'être transportés notamment via ces macropores ou les fissures du sol à la suite d'évènements de pluie de forte intensité après application (Borggaard et Gimsing, 2008; Kjær *et al.*, 2005; Sorensen *et al.*, 2006; Vereecken, 2005). Les HBG appliqués sur les plantes vivantes peuvent être captés et atteindre le sol plus lentement (Doublet *et al.*, 2009). En absence de labour, les cultures des années antérieures laissent des résidus qui peuvent aussi avoir un impact sur la persistance des HBG dans les sols (Locke *et al.*, 2008). Le glyphosate peut être adsorbé par les résidus des plantes de culture et des plantes de couverture et en conséquence être minéralisé plus lentement que lorsqu'il entre en contact directement avec le sol, avec des variations en fonction du degré de dégradation des résidus végétaux de l'espèce végétale (Cassigneul *et al.*, 2015; Cassigneul *et al.*, 2016; Mamy *et al.*, 2016). La minéralisation du glyphosate en présence de résidus de maïs peut être plus rapide et plus importante qu'avec des résidus de soya (Rampoldi *et al.*, 2011). Différents couverts végétaux et différentes rotations de culture, comme l'ajout de blé dans la rotation maïs-soya, pourraient donc impacter la persistance du glyphosate dans le sol.

2.1.2 Dégradation microbienne

Dans le sol, la dégradation du glyphosate s'effectue par les microorganismes, principalement les bactéries, qui sont capables de dégrader le glyphosate et s'en servir comme source de nutriments (Lo, 2010; Schowanek et Verstraete, 1990; Zhan *et al.*, 2018). La dégradation du glyphosate par les microorganismes peut aboutir à la formation d'AMPA ou de sarcosine, l'AMPA étant le principal produit de dégradation retrouvé dans l'environnement (Sviridov *et al.*, 2015; Zhan *et al.*, 2018). Certaines espèces sont capables à leur tour de métaboliser l'AMPA en sous-produits de dégradation, méthylamine, formylphosphonate ou formaldéhyde (Sviridov *et al.*, 2015). Cette dégradation du glyphosate peut avoir lieu même lorsqu'il est adsorbé aux particules de sol (Schnürer *et al.*, 2006). Les couverts végétaux et les rotations apportant plus de diversité végétale peuvent influencer la composition de la diversité des communautés microbiennes (Chamberlain *et al.*, 2020; Manici *et al.*, 2018; Peralta *et al.*, 2018; Venter *et al.*, 2016) et potentiellement influencer cette capacité de dégradation du glyphosate. En revanche, le mode d'action du glyphosate consiste à bloquer la 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate (EPSP) synthase qui intervient dans la voie du shikimate chez les plantes, mais aussi chez certains microorganismes qui peuvent être sensibles au glyphosate (Funke *et al.*, 2007). Des études en laboratoire ont montré que l'utilisation de glyphosate peut avoir des effets sur la biomasse microbienne des sols (Gomez *et al.*, 2009; Haney *et al.*, 2002), l'activité microbienne des sols (Araújo *et al.*, 2003; Cherni *et al.*, 2015; Widenfalk *et al.*, 2008) et la composition microbienne des sols (Imparato *et al.*, 2016; Lancaster *et al.*, 2010; Lane *et al.*, 2012; Newman *et al.*, 2016). Les études en champ ont montré que le glyphosate peut avoir un impact sur la diversité des communautés microbiennes de la rhizosphère (Barriuso, 2012) et du sol (Guijarro *et al.*, 2018; Vazquez *et al.*, 2021). Seules quelques études mettent en lien les applications d'HBG avec les communautés microbiennes par les nouvelles méthodes d'analyse métagénomique en conditions agricoles réelles (Imfeld et Vuilleumier, 2012). Les effets réciproques des communautés microbiennes et de la

persistance du glyphosate et de l'AMPA dans les sols sont rares, à cause de la difficulté méthodologique de détecter ces deux composés dans l'environnement (Valle *et al.*, 2018).

2.1.3 Objectifs et hypothèses

L'objectif principal de cette étude est d'évaluer la persistance du glyphosate et de l'AMPA dans les sols de grandes cultures en lien avec les communautés microbiennes selon différentes régies de culture.

Le premier sous-objectif est d'observer si une corrélation existe entre les teneurs de glyphosate et d'AMPA mesurées dans les sols et les différentes régies de culture et les doses d'HBG appliquées. L'hypothèse première est que les teneurs de glyphosate et d'AMPA mesurées dans les sols sont liées aux différentes doses d'HBG appliquées dans les régies de culture. La deuxième hypothèse est que la structure du sol et les différents résidus peuvent impacter la persistance du glyphosate et de l'AMPA dans les sols.

Le deuxième sous-objectif est d'analyser si les communautés microbiennes peuvent avoir un effet positif ou négatif sur la dissipation du glyphosate et de l'AMPA. Cette dissipation peut provenir d'une part de la dégradation microbienne de ces composés et d'autre part de la lixiviation. L'hypothèse est que les régies et leur cumul des doses appliquées d'HBG peuvent modifier la composition microbienne des sols et leur capacité de dégradation du glyphosate et de l'AMPA.

2.2 Matériel et méthodes

2.2.1 Régies de culture des parcelles expérimentales

Les échantillonnages de sol ont été réalisés dans neuf parcelles expérimentales de 12 m x 200 m mises en place en 2016 chez deux producteurs de grandes cultures au Québec. Le site de Sainte-Marthe en région Montérégie Ouest (45°24,025' N, -74°20,890' O) est constitué d'un sol argileux, et celui de Montmagny en région Chaudière-Appalaches (46°57,326' N, 70°33,775' O) d'un sol loameux-limoneux (MAPAQ, 2011). Les parcelles sont toutes cultivées en semis direct, les rotations comprennent du soya (*Glycine max* (L.) Merr. 1917), du maïs (*Zea mays* (L.)) et du blé tendre (*Triticum aestivum* (L.)). Les parcelles sont soit en rotation à deux cultures maïs-soya (SD2C) soit en rotation à trois cultures maïs-soya-blé. Dans les rotations à trois cultures, les parcelles sont soit seulement en semis direct (SD3C) soit en semis direct avec plantes de couverture (SCV). Le dispositif détaillé est présenté dans le Chapitre 1, et les opérations agricoles depuis 2016 sont répertoriées en Annexe A. Les plantes de couverture de l'année 2019 dans les parcelles SCV sont détaillées ci-dessous. À Sainte-Marthe dans la parcelle 3 cultivée en soya, de la luzerne (*Medicago sativa* (L.)) a été semée au milieu de l'été ainsi que du blé d'automne deux semaines avant l'échantillonnage de fin de saison (2019 T3), ce blé d'automne a également été semé dans la parcelle 1 cultivée en soya SD3C. Dans la parcelle 6 cultivée en blé tendre, le couvert de luzerne a été semé au début de l'été, et un mélange de sarrasin (*Fagopyrum esculentum* Moench, 1794), féverole (*Vicia faba* (L.)), tournesol (*Helianthus annuus* (L.)), phacélie (*Phacelia* Juss., 1789), pois 4010 (*Pisum sativum* (L.)), radis fourrager (*Raphanus sativus* (L.) var. *oleifera*), avoine (*Avena sativa* (L.)) et luzerne a été semé un mois avant l'échantillonnage 2019 T3. Dans la parcelle 9 cultivée en maïs, un mélange de luzerne, trèfle incarnat (*Trifolium incarnatum* (L.)), radis (*Raphanus sativus* (L.)), et navet fourrager (*Brassica napus* subsp. *Rapifera* Metzg. 1833) a été semé en début d'été. À Montmagny, dans la parcelle 3 cultivée en soya, il n'y a pas eu

de plantes de couverture semées en début de saison, mais du blé d'automne a été semé une semaine avant l'échantillonnage 2019 T3 (également dans la parcelle 1 cultivée en soya SD3C). Dans la parcelle 6 cultivée en blé tendre, il n'y a pas non plus eu de plantes de couverture semées en fin de saison à cause de la récolte tardive. Dans la parcelle 9 cultivée en maïs, du radis fourrager, du navet fourrager, du trèfle incarnat et de la luzerne ont été semés durant l'été.

2.2.2 Applications d'herbicides

Les doses d'ingrédient actif des HBG utilisées dans les parcelles cultivées en maïs et soya ont été choisies par les producteurs chaque année en fonction des besoins pour gérer les adventices (Tableaux 2.1 et 2.2).

Tableau 2.1 Quantité de glyphosate (en teneurs d'ingrédient actif en kg ha⁻¹) appliquée dans chaque parcelle annuellement et depuis le début du projet sur le site de Sainte-Marthe. La culture indiquée est celle de la dernière année de culture (2019) et chaque culture annuelle est indiquée avec (s) soya, (m) maïs et (b) blé

Parcelle	2017	2018	2019	Cumul total
SCV Soya	0.00 (b)	0.00 (m)	2.70 (s)	4.59
SD3C Soya	1.08 (b)	2.70 (m)	2.70 (s)	8.37
SD2C Soya	0.73 (s)	2.70 (m)	2.70 (s)	8.02
SCV Maïs	0.73 (s)	0.00 (b)	2.59 (m)	5.21
SD3C Maïs	0.73 (s)	0.00 (b)	2.59 (m)	5.21
SD2C Maïs	1.46 (m)	2.59 (s)	2.59 (m)	8.53
SCV Blé	0.73 (m)	1.08 (s)	0.00 (b)	2.89
SD3C Blé	1.46 (m)	2.59 (s)	1.35 (b)	6.48

Tableau 2.2 Quantité de glyphosate (en teneurs d'ingrédient actif en kg ha⁻¹) appliquée dans chaque parcelle annuellement et depuis le début du projet sur le site de Montmagny. La culture indiquée est celle de la dernière année de culture (2019) et chaque culture annuelle est indiquée avec (s) soya, (m) maïs et (b) blé

Parcelle	2017	2018	2019	Cumul total
SCV Soya	0.00 (b)	0.00 (m)	1.81 (s)	1.81
SD3C Soya	0.00 (b)	1.57 (m)	1.81 (s)	3.38
SD2C Soya	0.72 (s)	1.57 (m)	1.57 (s)	3.86
SCV Maïs	0.72 (s)	0.00 (b)	1.57 (m)	2.29
SD3C Maïs	0.72 (s)	0.00 (b)	1.57 (m)	2.29
SD2C Maïs	0.72 (m)	1.57 (s)	1.57 (m)	3.86
SCV Blé	0.72 (m)	0.54 (s)	0.00 (b)	1.26
SD3C Blé	0.72 (m)	1.57 (m)	0.00 (b)	2.29

Les parcelles n'ont pas reçu d'application d'HBG durant la culture du blé puisque celui-ci n'est pas résistant au glyphosate. Cependant, des applications ont pu avoir lieu après la récolte du blé pour contrôler les adventices. En 2019, l'application dans le SD3C a eu lieu en fin de saison, mais avant l'échantillonnage de fin de saison 2019 T3. Des herbicides autres que des HBG ont été utilisés dans les parcelles en fonction des besoins des producteurs (Annexe G).

2.2.3 Échantillonnages des sols

Les échantillonnages des sols ont été réalisés au printemps avant que les cultures d'intérêt ne soient semées et que les HBG ne soient appliqués, en 2017 (2017 T1) et en 2019 (2019 T1) et en fin de saison avant la récolte du maïs et du soya mais après la récolte du blé en 2019 (2019 T3) (Annexe A). Les carottes de sol à la profondeur 0-20 cm ont été récoltées à l'aide d'une tarière (20 cm de profondeur et 3 cm de diamètre).

Dans chaque parcelle, trois échantillons ont été prélevés, chacun de ces échantillons est un composite de trois carottes homogénéisées dans un contenant avant d'être conservées à -20 °C.

2.2.4 Mesure des teneurs en glyphosate et AMPA dans les sols

Les teneurs en glyphosate et en AMPA dans les échantillons de sol ont été mesurées selon la méthode développée par Alferness et Iwata (1994). Pour cela, les trois échantillons composites de sols de chaque parcelle ont été lyophilisés à -50 °C pendant 48 heures puis broyés à 2 mm à l'aide d'un mortier et d'un pilon. Un sous-échantillon de 5 g de sol a été extrait pour chaque composite de sol par l'ajout de 40 ml de solution Alferness ($0.25 \text{ mol l}^{-1} \text{ NH}_4\text{OH}$ et $0.05 \text{ mol l}^{-1} \text{ KH}_2\text{PO}_4$) suivi d'une agitation de 30 secondes au Vortex puis d'une agitation orbitale à 200 rpm pendant 40 minutes. L'extrait a ensuite été centrifugé pendant 20 minutes à 2800 g et filtré à l'aide d'une seringue et d'un filtre de $0.22 \mu\text{m}$ en Nylon InnosepTM SF25N (Canadian Life Science Inc., Peterborough, ON, Canada). Ensuite, 40 μl d'extrait filtré ont été transférés dans une fiole d'injection en verre auquel 10 μl d'acide aminophosphonopropionique (APPA) ($1 \mu\text{g } \mu\text{l}^{-1}$) ont été ajoutés comme étalon interne. Le contenu des fioles d'injection a été évaporé à sec sous flux continu d'azote. Les échantillons ont été dérivatisés selon la méthode de Deyrup *et al.* (1985) par l'ajout de 500 μl de trifluoroéthanol (TFE) et de 1000 μl de trifluoroacétique anhydre (TFAA) et soumis au chauffage à 100 °C pendant 1 heure. Après refroidissement à température ambiante, le contenu des fioles a de nouveau été évaporé sous flux d'azote. Les échantillons ont finalement été dissous dans 1 ml d'acétate isopropylique et injectés sur un chromatographe à phase gazeuse couplé à un détecteur à capture d'électrons (GC-ECD) Varian 3800 (Varian Medical System, Palo Alto, CA, E.U.). La limite de détection (LD) du glyphosate est de $0.02 \mu\text{g g}^{-1}$ et celle de l'AMPA est de $0.03 \mu\text{g g}^{-1}$. La limite de quantification (LQ) du glyphosate est de $0.05 \mu\text{g g}^{-1}$ et celle de l'AMPA est de $0.09 \mu\text{g g}^{-1}$.

2.2.5 Équations utilisées pour le traitement des données de glyphosate et d'AMPA

2.2.5.1 Teneurs théoriques

L'HBG utilisé est le Roundup WeatherMAX® (Bayer, Leverkusen, Allemagne). Les applications d'HBG sont exprimées en kg ha⁻¹ d'ingrédient actif, et selon l'étiquette le fournisseur indique 0.54 kg l⁻¹ d'ingrédient actif. Pour calculer l'équivalent glyphosate présent dans le sol après application, nous avons supposé que tout le glyphosate appliqué rejoint le sol et est incorporé dans la première couche de sol (0-20 cm). Cette supposition constitue une surévaluation des quantités d'équivalent glyphosate présent dans la couche de surface des sols, puisque les HBG appliqués peuvent être captés par les plantes, mais permet de comparer les différentes parcelles entre elles. Ainsi, la formule (Eq 1) a été utilisée pour calculer la quantité d'ingrédient actif App_{Gly} (kg ha⁻¹) appliquée qui atteint totalement les 20 premiers cm du sol dans un hectare : $T_{Gly\ the} = App_{Gly} \times 10^9 \mu g / (10 \times 10^8 \text{ cm}^2 \times 20 \text{ cm} \times D_{sol} \text{ g cm}^3)$, soit :

$$T_{Gly\ the} = \frac{App_{Gly}}{2 \times D_{sol}} (\mu g \text{ g}^{-1} \text{ de sol}) \quad \text{Eq 1}$$

Les applications d'HBG en 2017 et en 2018 ont été additionnées pour déterminer la quantité cumulée d'HBG entre le début du projet en 2017 et l'échantillonnage 2019 T1 des sols, au printemps 2019 juste avant la première application d'HBG de 2019 (App_{Gly 19 T1}). Le cumul théorique de la quantité appliquée d'HBG permet de déterminer la teneur en équivalent-glyphosate théoriquement mesurable (T_{Gly the 19 T1}) entre le début du projet et l'échantillonnage 2019 T1. De même, la totalité des applications d'HBG du début du projet en 2017 à la fin de saison 2019 (2019 T3) a été calculée (App_{Gly 19 Tot}) pour calculer la teneur en équivalent-glyphosate théoriquement mesurable à 2019 T3 (T_{Gly the 19 Tot}) entre le début du projet et l'échantillonnage 2019 T3. Le cumul des applications d'HBG entre 2019 T1 et 2019 T3 (App_{Gly 19 T3}) a été utilisé pour calculer le cumul théorique de teneur en équivalent-glyphosate mesurable lors de l'année 2019

($T_{Gly\ the\ 19\ T3}$). Nous avons pris comme estimation une densité apparente de sol (D_{sol}) de $1.4\ g\ cm^3$ à Sainte-Marthe et $1.3\ g\ cm^3$ à Montmagny (Ménard, 2014).

2.2.5.2 Teneurs en équivalent-glyphosate

Les teneurs en AMPA sont exprimées en équivalent glyphosate en supposant que tout l'AMPA trouvé dans les sols provient de la dégradation de glyphosate et en rapportant les teneurs en AMPA ($T_{AMPA\ obs}$) aux teneurs en glyphosate auxquelles elles correspondent en utilisant des rapports de masse molaire entre l'AMPA et le glyphosate. Ceci permet l'addition des teneurs en glyphosate et en AMPA (en glyphosate-équivalent) ($T_{Eq-gly\ obs}$) pour être comparé avec les quantités de glyphosate appliquées par année ($T_{Gly\ the}$) avec la formule suivante (Eq 2) :

$$T_{Eq-gly\ obs} = T_{Gly\ obs} + \frac{T_{AMPA\ obs} \times M_{Gly}}{M_{AMPA}} \quad \text{Eq 2}$$

Avec $T_{Gly\ obs}$ la quantité mesurée de glyphosate dans le sol ($\mu g\ g^{-1}$ de sol) et $T_{AMPA\ obs}$ la quantité mesurée d'AMPA dans le sol ($\mu g\ g^{-1}$ de sol), M_{Gly} la masse molaire du glyphosate ($169.07\ g\ mol^{-1}$) et M_{AMPA} la masse molaire de l'AMPA ($111.04\ g\ mol^{-1}$). Le calcul a été fait à 2017 T1 ($T_{Eq-gly\ obs\ 17\ T1}$), 2019 T1 ($T_{Eq-gly\ obs\ 19\ T1}$) et 2019 T3 ($T_{Eq-gly\ obs\ 19\ T3}$).

2.2.5.3 Fractions de dissipation d'équivalent glyphosate

La fraction de dissipation d'équivalent-glyphosate (FDEG) correspond à la proportion de glyphosate et d'AMPA (en équivalent-glyphosate) qui s'est dissipée par rapport aux quantités de glyphosate reçues avec les applications d'HBG sur les sols. Les FDEG ont été calculées à 2019 T1 ($\%_{Tot\ 19\ T1}$) pour évaluer la situation après les deux premières années du projet, à 2019 T3 pour évaluer la situation après l'année 2019 d'ajout de glyphosate ($\%_{Tot\ 19\ T3}$) et pour évaluer l'évolution durant les trois années du projet (2017, 2018 et 2019) ($\%_{Tot\ 19\ Tot}$) avec les équations respectives suivantes (Eq 3, 4 et 5) :

$$\%_{Tot\ 19\ T1} = \frac{(T_{Eq-gly\ obs\ 17\ T1} + T_{Gly\ the\ 19\ T1}) - T_{Eq-gly\ obs\ 19\ T1}}{T_{Eq-gly\ obs\ 17\ T1} + T_{Eq-gly\ the\ 19\ T1}} \times 100 \quad Eq\ 3$$

$$\%_{Tot\ 19\ T3} = \frac{(T_{Eq-gly\ obs\ 19\ T1} + T_{Gly\ the\ 19\ T3}) - T_{Eq-gly\ obs\ 19\ T3}}{T_{Eq-gly\ obs\ 19\ T1} + T_{Gly\ the\ 19\ T3}} \times 100 \quad Eq\ 4$$

$$\%_{Tot\ 19\ Tot} = \frac{(T_{Eq-gly\ obs\ 17\ T1} + T_{Gly\ the\ 19\ Tot}) - T_{Eq-gly\ obs\ 19\ T3}}{T_{Eq-gly\ obs\ 17\ T1} + T_{Gly\ the\ 19\ T3}} \times 100 \quad Eq\ 5$$

La FDEG maximale peut être de 100 si l'intégralité du glyphosate appliqué a été dissipé et elle peut être négative si la quantité mesurée de glyphosate et d'AMPA en équivalent-glyphosate dans les 20 premiers centimètres de sol (Eq 2) est supérieure à la teneur en équivalent-glyphosate théoriquement mesurable (Eq 1) pour la période considérée.

2.2.6 Analyses microbiennes des sols

L'extraction d'ADN microbien, le contrôle qualité, le séquençage des amplicons d'ADNr par Illumina MiSeq et les analyses bio-informatiques des séquences ont été réalisées selon les méthodes décrites au Chapitre 1 pour chacun des sols prélevés lors des échantillonnages 2019 T1 et 2019 T3.

2.2.7 Analyses statistiques

Pour le traitement statistique des teneurs mesurées en glyphosate et en AMPA des échantillons dont les teneurs étaient inférieures à la LD, la valeur de la moitié de la LD soit $0.01\ \mu\text{g g}^{-1}$ pour le glyphosate et $0.02\ \mu\text{g g}^{-1}$ pour l'AMPA a été utilisée. Pour les échantillons dont les teneurs étaient inférieures à la LQ, la valeur de la moitié de la LQ a été utilisée soit $0.03\ \mu\text{g g}^{-1}$ pour le glyphosate et $0.05\ \mu\text{g g}^{-1}$ pour l'AMPA. Les analyses ont été réalisées sur le logiciel R (R Core Team, 2020) et les figures ont été construites avec le progiciel ggplot2. L'analyse statistique des mesures des teneurs en

glyphosate et AMPA (exprimées en équivalent-glyphosate), en glyphosate appliqué (théorique) et des FDEG a été réalisée avec le progiciel agricolae. La normalité des données a été déterminée à l'aide d'un test de Shapiro-Wilk, les comparaisons des données normales ont été réalisées par des ANOVA suivies de tests de Tukey pour les contrastes, et par un test non paramétrique de Kruskal-Wallis avec une correction BH pour les données non normales. La mise en lien des FDEG avec les variables de richesse et de composition microbienne a été réalisée sur la plateforme QIIME 2™ (Bolyen *et al.*, 2019). Le test de Spearman a été utilisé pour étudier la corrélation des FDEG avec les données de richesse microbienne à 2019 T1 et 2019 T3 mesurée par l'indice de Shannon. Le test de Mantel, avec corrélation de Spearman, a été effectué pour observer la corrélation de la matrice de distance de Bray-Curtis de la composition microbienne globale et la matrice de distance euclidienne des FDEG à 2019 T1 et 2019 T3. La composition spécifique identifiant les variants de séquence d'amplicon (ASV) en lien avec la FDEG à 2019 T1 a été étudiée selon la méthode « Songbird » décrite par Morton *et al.* (2019) dans QIIME 2™ : L'analyse différentielle a identifié les ASV qui sont en lien avec la dissipation du glyphosate par des régressions multinomiales de chacun des ASV avec la FDEG pour obtenir un classement différentiel relatif des ASV en lien avec cette variable correspondant au différentiel réel. Le log-ratio par régie est ensuite calculé par le logarithme népérien du rapport de l'abondance totale des ASV corrélés positivement sur l'abondance totale des ASV corrélés négativement.

2.3 Résultats

2.3.1 Applications d'HBG et teneurs en glyphosate et AMPA par régie

Les quantités maximales de glyphosate pouvant être mesurées dans les sols (Eq 1) en début d'année 2019 sont moindres pour le système SCV que pour les systèmes SD2C et SD3C aux deux sites, et inférieures pour le système SD3C que pour le système SD2C uniquement à Montmagny. Les quantités appliquées et théoriquement mesurables dans

les sols ont été différentes entre les régies en 2017 et en 2018 mais ont été similaires en 2019 entre les régies d'une même culture. Malgré ces différences d'application d'HBG, seule la quantité de glyphosate mesurée à 2019 T3 à Montmagny est significativement plus élevée dans le système SD2C que dans le système SCV (Tableaux 2.3 et 2.4). Aux deux sites, la FDEG à 2019 T1 (Eq 3) est négative dans les parcelles SCV, la quantité mesurée d'équivalent-glyphosate (Eq 2) est supérieure à ce qui aurait dû être mesurable à la suite des applications d'HBG de 2017 et 2018 (Eq 1). Ceci est d'autant plus notable que les estimations des apports d'équivalent-glyphosate dans les sols sont maximales, en supposant que tout le glyphosate appliqué est tombé sur le sol. Cette FDEG est significativement différente entre la régie SCV et les régies SD3C et SD2C à Montmagny (Tableau 2.5). Le site ayant reçu les doses d'application de glyphosate les plus élevées durant le projet est celui dans lequel les teneurs en glyphosate et en AMPA mesurées dans le sol sont les plus élevées, avec respectivement 0.17 et 0.50 $\mu\text{g g}^{-1}$ en moyenne à Sainte-Marthe et 0.08 et 0.42 $\mu\text{g g}^{-1}$ à Montmagny pour les sols prélevés en 2017 T1, 2019 T1 et 2019 T3.

2.3.2 Teneurs en Glyphosate et AMPA mesurés et FDEG par parcelle

2.3.2.1 Teneurs en Glyphosate et AMPA mesurés à 2017 T1

À 2017 T1, aucune différence significative de teneurs mesurées de glyphosate et d'AMPA dans les 8 parcelles n'était observée à Sainte-Marthe. Cependant, à Montmagny, on observe des différences entre les parcelles. Les teneurs mesurées à 2017 T1 ont été retranchées pour calculer la part de glyphosate reçue à la suite des applications d'HBG pour prendre en compte ces variations aux deux sites (Tableaux 2.3 et 2.4).

Tableau 2.3 Moyennes des teneurs mesurées ($\mu\text{g g}^{-1}$) en Glyphosate et en AMPA (rapportées en équivalent-glyphosate) et des estimations de glyphosate appliqué par parcelle (n=3) et par région à Sainte-Marthe, les groupes statistiques ont été attribués pour une p-value < 0.05. Les lignes indiquant une p-value sont les résultats des tests statistiques entre les teneurs à 2019 T1 et à 2019 T3, en glyphosate, en AMPA et en équivalent-glyphosate, l'astérisque (*) indique une différence significative ($p < 0.05$)

Prec (2016)	Soya	Soya	Maïs	Maïs	Maïs	Soya	Blé	Blé					
Prec (2018)	pMaïs	pMaïs	pMaïs	pBlé	pBlé	pSoya	pSoya	pSoya		Régie			
Parcelle (2019)	<i>p-value</i>	SCV Soya	SD3C Soya	SD2C Soya	SCV Maïs	SD3C Maïs	SD2C Maïs	SCV Blé	SD3C Blé	<i>p-value</i>	SCV	SD3C	SD2C
T _{Gly obs 17 T1}	> 0.05	0.14 a	0.09 a	0.14 a	0.23 a	0.27 a	0.11 a	0.21 a	0.22 a	0.36	0.19 a	0.19 a	0.13 a
T _{AMPA obs 17 T1}	0.15	0.32 a	0.19 a	0.31 a	0.40 a	0.59 a	0.08 a	0.51 a	0.43 a	0.26	0.41 a	0.40 a	0.22 a
T _{Eq-gly obs 17 T1}	0.10	0.63 a	0.38 a	0.62 a	0.83 a	1.16 a	0.24 a	0.99 a	0.87 a	0.25	0.82 a	0.80 a	0.47 a
T _{Gly the 19 T1}	/	0	1.35	1.22	.26	0.26	1.45	0.65	1.45	< 0.01	0.30 b	1.02 a	1.34 a
T _{Gly obs 19 T1}	0.04	0.08 c*	0.10 bc	0.16 a	0.11 abc	0.14 abc	0.16 ab	0.16 a	0.12 abc	> 0.05	<u>0.12 a*</u>	<u>0.12 a*</u>	0.16 a
T _{Gly obs 19 T3}	0.51	<u>0.19 a*</u>	0.24 a	0.15 a	0.23 a	0.21 a	0.18 a	0.11 a	0.20 a	0.34	<u>0.18 a*</u>	<u>0.22 a*</u>	0.17 a
Gly_{2019-T1/T3}	<i>p-value</i>	<u>< 0.05</u>	0.11	0.87	0.18	0.13	0.74	0.11	0.12	<i>p-value</i>	<u>< 0.05</u>	<u>< 0.01</u>	0.81
T _{AMPA obs 19 T1}	0.03	0.78 ab	0.41 bc	0.56 abc	0.33 c	0.96 a*	0.45 bc*	0.77 ab*	0.77 ab	0.31	0.63 a	0.72 a	0.50 a
T _{AMPA obs 19 T3}	0.04	0.59 ab	0.51 ab	0.60 ab	0.39 b	0.60 ab*	0.37 b*	0.50 ab*	0.78 a	0.14	0.49 a	0.63 a	0.49 a
AMPA_{2019-T1/T3}	<i>p-value</i>	0.08	0.35	0.51	0.55	<u>< 0.05</u>	<u>< 0.01</u>	<u>0.01</u>	0.97	<i>p-value</i>	0.14	0.53	0.84
T _{Eq-gly obs 19 T1}	0.03	1.27 abc	0.72 cd	1.01 abcd	0.61 d	1.60 a	0.84 bcd*	1.33 ab*	1.29 abc	0.43	1.07 a	1.21 a	0.92 a
T _{Eq-gly obs 19 T3}	0.13	1.08 a	1.02 a	1.07 a	0.82 a	1.13 a	<u>0.75 a*</u>	<u>0.87 a*</u>	1.39 a	0.10	0.92 a	1.18 a	0.91 a
Tot_{2019-T1/T3}	<i>p-value</i>	0.13	0.19	0.60	0.36	0.11	<u>0.03</u>	<u>< 0.01</u>	0.85	<i>p-value</i>	0.23	0.90	0.88
T _{Gly the 19 T3}	/	0.96	0.96	0.96	0.93	0.93	0.93	0	0.48	0.42	0.63 a	0.79 a	0.95 a
T _{Gly the 19 Tot}	/	0.96	2.31	2.19	1.19	1.19	2.37	0.65	1.93	< 0.01	0.93 c	1.81 b	2.28 a

Tableau 2.4 Moyennes des teneurs ($\mu\text{g g}^{-1}$) en Glyphosate et en AMPA (rapportées en équivalent-glyphosate) et des estimations de glyphosate appliqué par parcelle (n=3) et par région à Montmagny, les groupes statistiques ont été attribués pour une p-value < 0.05. Les lignes indiquant une p-value sont les résultats des tests statistiques entre les teneurs à 2019 T1 et à 2019 T3, en glyphosate, en AMPA et en équivalent-glyphosate, l'astérisque (*) indique une différence significative (p < 0.05)

Prec (2016)	Soya	Soya	Maïs	Maïs	Maïs	Soya	Blé	Blé					
Prec (2018)	pMaïs	pMaïs	pMaïs	pBlé	pBlé	pSoya	pSoya	pSoya		Régie			
Parcelle (2019)	<i>p-value</i>	SCV Soya	SD3C Soya	SD2C Soya	SCV Maïs	SD3C Maïs	SD2C Maïs	SCV Blé	SD3C Blé	<i>p-value</i>	SCV	SD3C	SD2C
T _{Gly obs 17 T1}	< 0.01	0.08 a	0.06 a	0.09 a	0.06 a	0.08 a	0.02 b	0.02 b	0.02 b	0.96	0.06 a	0.05 a	0.06 a
T _{AMPA obs 17 T1}	< 0.01	0.50 a	0.18 bc	0.26 abc	0.14 c	0.49 a	0.47 a	0.41 ab	0.52 a	0.85	0.35 a	0.40 a	0.37 a
T _{Eq-gly obs 17 T1}	< 0.01	0.84 a	0.33 bc	0.49 abc	0.27 c	0.83 a	0.74 ab	0.65 abc	0.80 a	0.86	0.59 a	0.65 a	0.61 a
T _{Gly the 19 T1}	/	0	0.60	0.88	0.28	0.28	0.88	0.48	0.88	< 0.01	0.25 c	0.59 b	0.88 a
T _{Gly obs 19 T1}	< 0.01	<u>0.07 bc*</u>	0.08 bc	0.05 bc	<u>0.03 c*</u>	<u>0.04 c*</u>	0.10 ab	<u>0.16 a*</u>	<u>0.03 c*</u>	0.30	0.08 a	<u>0.05 a*</u>	0.08 a
T _{Gly obs 19 T3}	0.03	<u>0.04 b*</u>	0.11 a	0.17 a	<u>0.08 ab*</u>	<u>0.08 ab*</u>	0.10 a	<u>0.09 ab*</u>	<u>0.09 ab*</u>	< 0.01	0.07 b	<u>0.10 ab*</u>	0.13 a
<i>Gly_{2019-T1/T3}</i>	<i>p-value</i>	<u>0.03</u>	0.11	0.50	< 0.01	<u>0.04</u>	0.85	<u>0.02</u>	<u>0.02</u>	<i>p-value</i>	0.48	< 0.01	0.06
T _{AMPA obs 19 T1}	< 0.01	0.43 bc	<u>0.48 bc*</u>	0.55 b	0.27 c	0.46 bc	<u>0.51 bc*</u>	<u>1.04 a*</u>	0.50 bc	0.65	0.58 a	<u>0.48 a*</u>	0.53 a
T _{AMPA obs 19 T3}	0.01	0.45 ab	<u>0.28 ab*</u>	0.59 a	0.18 b	0.28 ab	<u>0.25 ab*</u>	<u>0.49 ab*</u>	0.25 ab	0.23	0.37 a	<u>0.27 a*</u>	0.42 a
<i>AMPA_{2019-T1/T3}</i>	<i>p-value</i>	0.81	<u>0.02</u>	0.80	0.41	0.06	< 0.01	<u>0.02</u>	0.07	<i>p-value</i>	0.14	< 0.01	0.30
T _{Eq-gly obs 19 T1}	< 0.01	0.72 bc	<u>0.81 bc*</u>	0.90 b	0.44 c	0.74 bc	<u>0.87 bc*</u>	<u>1.74 a*</u>	0.78 bc	0.49	0.97 a	<u>0.78 a*</u>	0.88 a
T _{Eq-gly obs 19 T3}	0.02	0.72 ab	<u>0.54 ab*</u>	1.07 a	0.35 b	0.51 ab	<u>0.48 ab*</u>	<u>0.83 ab*</u>	0.47 ab	0.21	0.63 a	<u>0.51 a*</u>	0.78 a
<i>Tot_{2019-T1/T3}</i>	<i>p-value</i>	0.96	< 0.05	0.52	0.59	0.09	< 0.01	<u>0.01</u>	0.13	<i>p-value</i>	0.16	< 0.01	0.55
T _{Gly the 19 T3}	/	0.70	0.70	0.60	0.60	0.60	0.60	0	0	1	0.43 a	0.43 a	0.60 a
T _{Gly the 19 Tot}	/	0.70	1.30	1.49	0.88	0.88	1.49	0.48	0.88	< 0.01	0.69 c	1.02 b	1.49 a

Tableau 2.5 Moyennes des fractions de dissipation d'équivalent-glyphosate (FDEG) aux différents temps par parcelle (n=3) et par régie à Sainte-Marthe et à Montmagny, les groupes statistiques ont été attribués pour une p-value < 0.05

Prec (2016)	Soya	Soya	Maïs	Maïs	Maïs	Soya	Blé	Blé					
Prec (2018)	pMaïs	pMaïs	pMaïs	pBlé	pBlé	pSoya	pSoya	pSoya		Régie			
Parcelle (2019)	<i>p-value</i>	SCV Soya	SD3C Soya	SD2C Soya	SCV Maïs	SD3C Maïs	SD2C Maïs	SCV Blé	SD3C Blé	<i>p-value</i>	SCV	SD3C	SD2C
<i>Sainte-Marthe</i>													
%Tot 19 T1	0.02	-192.67 c	58.22 a	44.53 ab	42.41 ab	-14.47 c	49.76 ab	12.10 bc	43.34 ab	<i>0.11</i>	-46.06 a	29.03 a	46.63 a
%Tot 19 T3	<i>0.09</i>	51.43 a	40.44 a	45.45 a	46.88 a	55.60 a	57.58 a	34.52 a	11.15 a	<i>0.22</i>	44.28 a	35.73 a	51.52 a
%Tot 19 Tot	<i>0.11</i>	27.10 a	62.40 a	61.44 a	59.45 a	50.89 a	70.67 a	43.85 a	50.21 a	<i>0.08</i>	43.47 a	54.50 a	65.13 a
<i>Montmagny</i>													
%Tot 19 T1	< 0.01	9.44 a	12.19 a	35.43 a	21.21 a	32.14 a	45.46 a	-54.50 b	53.30 a	< 0.01	-7.95 b	32.54 a	40.44 a
%Tot 19 T3	<i>0.18</i>	48.72 a	63.88 a	25.85 a	67.22 a	61.42 a	67.31 a	53.02 a	39.51 a	<i>0.86</i>	56.32 a	54.94 a	46.58 a
%Tot 19 Tot	0.03	53.46 bcd	66.33 abc	45.55 cd	69.83 abc	70.32 abc	78.31 a	25.26 d	71.15 ab	<i>0.14</i>	49.52 a	69.27 a	61.93 a

2.3.2.2 Teneurs mesurées en Glyphosate et AMPA et FDEG à 2019 T1

Parmi les parcelles cultivées en soya en 2019 (précédent maïs), la parcelle SCV n'a pas reçu d'application d'HBG en 2017 et 2018 alors que celles en SD3C et en SD2C en ont reçu (Tableau 2.1). À 2019 T1 à Sainte-Marthe, la teneur en glyphosate mesurée dans la parcelle SD2C est supérieure aux teneurs des parcelles en régie SD3C et SCV, mais les teneurs en équivalent-glyphosate dans les sols ne diffèrent pas (Tableau 2.3). La FDEG est négative dans la parcelle SCV et diffère par rapport aux parcelles sans couverts végétaux, la quantité mesurée d'équivalent-glyphosate est supérieure à ce qui était quantifiable à la suite des applications de 2017 et 2018 (Tableau 2.5). Dans le maïs, le précédent cultural est différent dans la parcelle SD2C (soya) par rapport aux parcelles SCV et SD3C (blé), et les applications ont été plus élevées dans la parcelle SD2C. Pourtant, à Sainte-Marthe, la teneur en AMPA et en équivalent-glyphosate est supérieure dans la parcelle SD3C (Tableau 2.3), cette différence est également reliée à une FDEG négative (Eq 3, Tableau 2.5). À Montmagny, la teneur en glyphosate est supérieure dans la parcelle SD2C mais pas le total des teneurs en équivalent-glyphosate (Tableau 2.4). Dans les parcelles cultivées en blé en 2019 (précédent soya), à Montmagny, les teneurs en équivalent-glyphosate mesurées sont plus élevées dans la parcelle SCV que dans la parcelle SD3C (Tableau 2.4), elles correspondent aussi à une FDEG négative dans la parcelle SCV (Eq 3, Tableau 2.5). Les parcelles SD2C et SD3C dont le précédent cultural est le soya ont reçu la même dose d'HBG et la teneur en AMPA détectée est plus élevée dans la parcelle SD2C à Montmagny.

Dans les parcelles cultivées en SCV, celle en précédent soya présente des teneurs en glyphosate et en AMPA plus élevées que les autres parcelles à Montmagny, et celle en précédent blé a des teneurs en AMPA et en équivalent-glyphosate plus faibles que les autres à Sainte-Marthe. À l'inverse, la parcelle SD3C en précédent blé a une teneur en AMPA et en équivalent-glyphosate plus élevée que celle en précédent maïs à Sainte-Marthe. Cependant, les différences de FDEG (Eq 3) entre parcelles d'une même régie

sont observées uniquement avec les parcelles ayant une FDEG négative où les teneurs en équivalent-glyphosate mesurées (Eq 2) étaient plus élevées que celles théoriquement maximales (Eq 1) (Tableaux 2.3, 2.4 et 2.5).

2.3.2.3 Teneurs mesurées en Glyphosate et AMPA et FDEG à 2019 T3

Les variations des teneurs en glyphosate et AMPA entre les parcelles sont moins marquées à 2019 T3 par rapport à 2019 T1. À Sainte-Marthe, les teneurs en AMPA sont les plus élevées dans la parcelle SD3C cultivée en blé, elles diffèrent statistiquement seulement des parcelles de maïs SCV et SD2C (Tableau 2.3) À Montmagny, les teneurs en glyphosate sont plus élevées dans les parcelles soya SD3C et SCV et maïs SD2C que dans la parcelle SCV soya, et les teneurs d'AMPA et d'équivalent-glyphosate sont plus élevées dans la parcelle SD2C soya que la parcelle SCV maïs (Tableau 2.4). Contrairement à 2019 T1, aucune FDEG n'est négative à 2019 T3 (Tableau 2.5). On n'observe pas de différence de FDEG par rapport aux applications d'HBG de l'année 2019 (Eq 4) entre les parcelles aux deux sites. En revanche, la FDEG calculée par rapport aux applications d'HBG de 2017, 2018 et 2019 (Eq 5) diffère à Montmagny. Dans les parcelles cultivées en blé, elle est plus importante dans la parcelle SD3C que dans la parcelle SCV et dans les parcelles de précédent soya, elle est plus élevée dans la parcelle SD2C que dans la parcelle SCV. Dans les parcelles de régie SD2C, la FDEG est aussi plus faible que dans celle cultivée en soya que dans celle cultivée en maïs (Tableau 2.5).

2.3.2.4 Variations de teneurs en glyphosate et en AMPA durant la saison 2019

Avec les mêmes doses d'HBG appliquées dans le maïs en 2019, la teneur d'équivalent-glyphosate a diminué entre les deux échantillonnages annuels dans la parcelle SD2C aux deux sites, celle-ci est liée à une diminution de la teneur en AMPA, mais pas en glyphosate. La parcelle cultivée en SD3C a montré une diminution de la teneur en AMPA à Sainte-Marthe et une augmentation de la teneur en glyphosate, similaire à la

parcelle SCV à Montmagny. Dans les parcelles cultivées en blé, la teneur en équivalent-glyphosate a diminué dans la parcelle SCV qui n'a pas eu d'application d'HBG durant l'année, elle est liée à une diminution des teneurs en AMPA à Sainte-Marthe, et des teneurs en AMPA et glyphosate à Montmagny. À l'inverse, la teneur en glyphosate a augmenté dans la parcelle SD3C à Montmagny pourtant en l'absence d'application d'HBG. Dans le soya, la teneur en glyphosate a augmenté dans la parcelle SCV à Sainte-Marthe, mais diminué à Montmagny. La teneur en équivalent-glyphosate a diminué dans la parcelle SD3C à Montmagny, liée à une diminution de la teneur en glyphosate (Tableaux 2.3 et 2.4).

2.3.3 Effet des communautés microbiennes sur la dissipation du glyphosate

2.3.3.1 Corrélation avec la richesse et la composition microbienne en 2019

Le test de Spearman ne montre pas de corrélation entre la richesse microbienne des sols mesurée par l'indice de Shannon à 2019 T1 et 2019 T3 et la FDEG par rapport aux applications d'HBG avant 2019 T1 ($\%_{\text{Tot } 19 \text{ T1}}$), entre 2019 T1 et 2019 T3 ($\%_{\text{Tot } 19 \text{ T3}}$) et entre le début du projet et 2019 T3 ($\%_{\text{Tot } 19 \text{ Tot}}$) (Tableau 2.6).

Tableau 2.6 Test de corrélation de Spearman entre la FDEG et la richesse microbienne mesurée par l'indice de Shannon (n = 23 à Sainte-Marthe et n = 24 à Montmagny), l'astérisque (*) représente une différence statistiquement significative (p-value < 0.05)

Régie	$\%_{\text{Tot } 19 \text{ T1}} - 2019\text{-T1}$		$\%_{\text{Tot } 19 \text{ T3}} - 2019\text{-T3}$		$\%_{\text{Tot } 19 \text{ Tot}} - 2019\text{-T3}$	
Facteur	ρ	<i>p-value</i>	ρ	<i>p-value</i>	ρ	<i>p-value</i>
<i>Sainte-Marthe</i>						
Bactéries	0.09	0.69	-0.03	0.91	< -0.01	0.98
Eucaryotes	0.38	0.07	-0.27	0.22	-0.04	0.87
<i>Montmagny</i>						
Bactéries	0.17	0.42	0.24	0.27	0.08	0.73
Eucaryotes	0.33	0.12	0.03	0.91	0.17	0.44

À 2019 T1(Chapitre 1) et 2019 T3 (Annexe H), aucune différence significative de richesse (estimée par les indices de Shannon et Chao1) bactérienne et eucaryote n'est observée entre les 8 parcelles à chaque site ($p > 0.05$). Le test de Mantel permet de mettre en corrélation les matrices de distance euclidienne des FDEG (Eq 3, 4 et 5) et de distance de Bray-Curtis de la composition microbienne des échantillons individuels à 2019 T1 et 2019 T3 (Tableau 2.7).

Tableau 2.7 Test de corrélation de Mantel entre la FDEG et la matrice de distance de Bray-Curtis de la composition microbienne ($n = 23$ à Sainte-Marthe et $n = 24$ à Montmagny), l'astérisque (*) représente une différence statistiquement significative ($p\text{-value} < 0.05$)

Régie	%_{Tot 19 T1} – 2019-T1		%_{Tot 19 T3} – 2019-T3		%_{Tot 19 Tot} – 2019-T3	
Facteur	<i>r</i>	<i>p-value</i>	<i>r</i>	<i>p-value</i>	<i>r</i>	<i>p-value</i>
<i>Sainte-Marthe</i>						
Bactéries	0.27	< 0.01*	-0.06	0.69	0.09	0.42
Eucaryotes	0.08	0.56	-0.04	0.77	0.22	0.04
<i>Montmagny</i>						
Bactéries	0.37	< 0.01*	< 0.01	0.99	0.25	< 0.01*
Eucaryotes	0.08	0.51	< 0.01	1.00	-0.04	0.73

Aux deux sites d'étude, il existe une corrélation entre la composition bactérienne et la FDEG à 2019 T1 (Eq 3), elle est également observée en fin de saison (2019 T3) à Montmagny avec la dissipation d'équivalent-glyphosate depuis le début du projet (Eq 5). À Sainte-Marthe, la composition des eucaryotes à 2019 T3 est corrélée à la dissipation d'équivalent-glyphosate depuis le début du projet (Tableau 2.7). La composition microbienne à 2019 T3 ne diffère pas significativement entre les parcelles avec un seuil de $p\text{-value}$ de 0.05 (Annexe I).

2.3.3.2 Analyse différentielle de la composition bactérienne spécifique

L'analyse différentielle permet de corréler les ASV en lien avec la FDEG observée par rapport aux cumuls des doses appliquées d'HBG. Le score Q^2 associé permet de déterminer si les ASV mises en lien peuvent être effectivement prédictives de la proportion de dissipation du glyphosate calculée. Un Q^2 proche de 1 indique une bonne chance de prédiction, à l'inverse s'il est négatif ou proche de 0 il indique plutôt une mauvaise prédiction. Tous les Q^2 sont négatifs à Sainte-Marthe, cependant à Montmagny, les scores positifs indiquent une meilleure relation entre certains ASV bactériens et la FDEG à 2019 T1 (Eq 3) et à 2019 T3 (Eq 4) (Tableau 2.8).

Tableau 2.8 Scores Q^2 de l'analyse différentielle de corrélation des ASV en lien avec la dissipation du glyphosate du glyphosate par rapport aux doses d'HBG appliquées

Site	<i>Sainte-Marthe</i>			<i>Montmagny</i>		
Temps	%Tot 19 T1	%Tot 19 T3	%Tot 19 Tot	%Tot 19 T1	%Tot 19 T3	%Tot 19 Tot
Bactéries	-0.01	-0.24	-0.02	0.05	< 0.01	-0.08
Eucaryotes	0.01	-0.30	-0.01	-0.02	-0.02	-0.16

Les valeurs Q^2 demeurent faibles et présentent donc des limitations d'un point de vue prédictif. Pour les eucaryotes, seul le Q^2 à 2019 T1 à Sainte-Marthe est positif et faible également.

2.3.3.3 Corrélation de la composition bactérienne spécifique à 2019 T1

La relation entre la biologie du sol et la FDEG étant plus forte à 2019 T1 et pour les communautés bactériennes (Tableaux 2.7 et 2.8), les données de 2019 T1 ont été sélectionnées pour effectuer l'analyse différentielle. Sur la Figure 2.1, chaque point représente un ASV corrélié à la FDEG par rapport aux applications d'HBG à 2019 T1 (Eq 3). Les ASV qui sont corréliés positivement (en bleu) sont associés à des valeurs élevées de dissipation de glyphosate et ceux qui sont corréliés négativement (en rouge) sont associés à de faibles valeurs de dissipation du glyphosate. La plupart des phyla ont

à la fois des ASV corrélés positivement et des ASV corrélés négativement à la dissipation du glyphosate et de l'AMPA. À Sainte-Marthe, l'effet des ASV corrélés négativement semble plus faible que l'effet des ASV corrélés positivement, cependant, le score Q^2 de ce site est proche de zéro, mais négatif. Les phyla des Actinobactéries, des Acidobactéries des Protéobactéries et des Chloroflexes sont ceux pour lesquels on observe le plus d'ASV corrélés. Ces groupes représentent les phyla les plus abondants dans les sols étudiés (Annexe F). Certains groupes plus rares ont aussi des ASV corrélés positivement et négativement, les Bacteroidetes, les Firmicutes, les Nitrospirae et les Gemmatimonadetes (Figure 2.1).

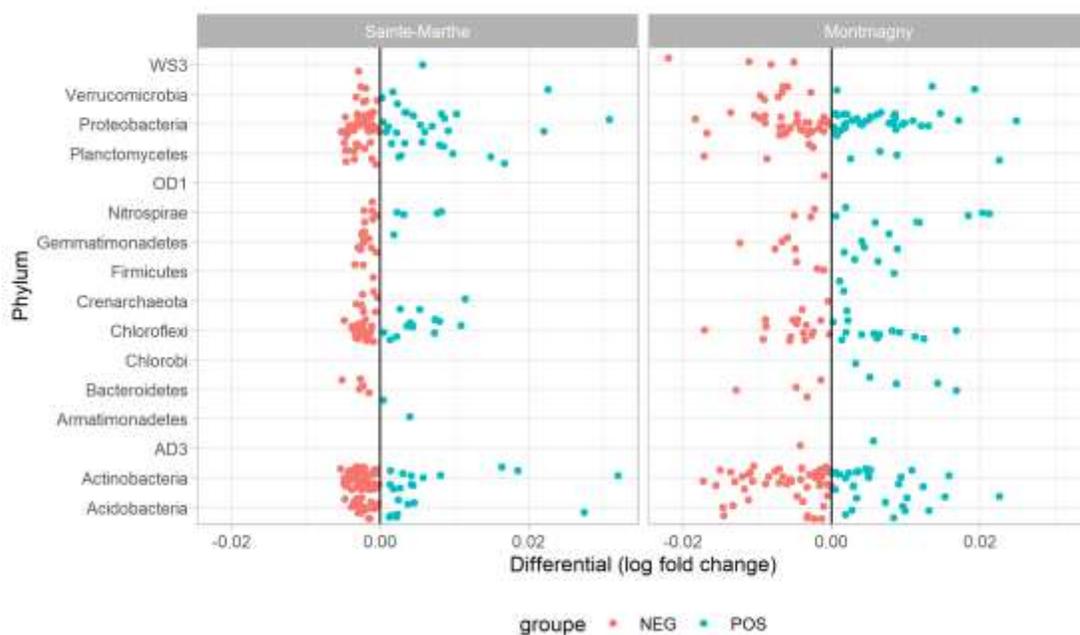


Figure 2.1 Analyse différentielle des ASV corrélés positivement et des ASV corrélés négativement à la fraction de dissipation de glyphosate (équivalent-glyphosate mesuré par rapport à la teneur théoriquement quantifiable à la suite du cumul des doses appliquées d'HBG à 2019 T1 aux deux sites

La distance des points avec l'axe représente la force du changement observé en unité logarithme (log). Lorsqu'elle est très marquée, elle peut être de plusieurs logs. Ici les variations observées (entre -0.02 et 0.03) montrent un effet relativement faible. On observe que ces variations sont un peu plus importantes pour le site de Montmagny. L'analyse log-ratio (Figure 2.2) représente le logarithme népérien du ratio des sommes des abondances des ASV corrélés positivement par rapport à ceux corrélés négativement avec la variable FDEG.

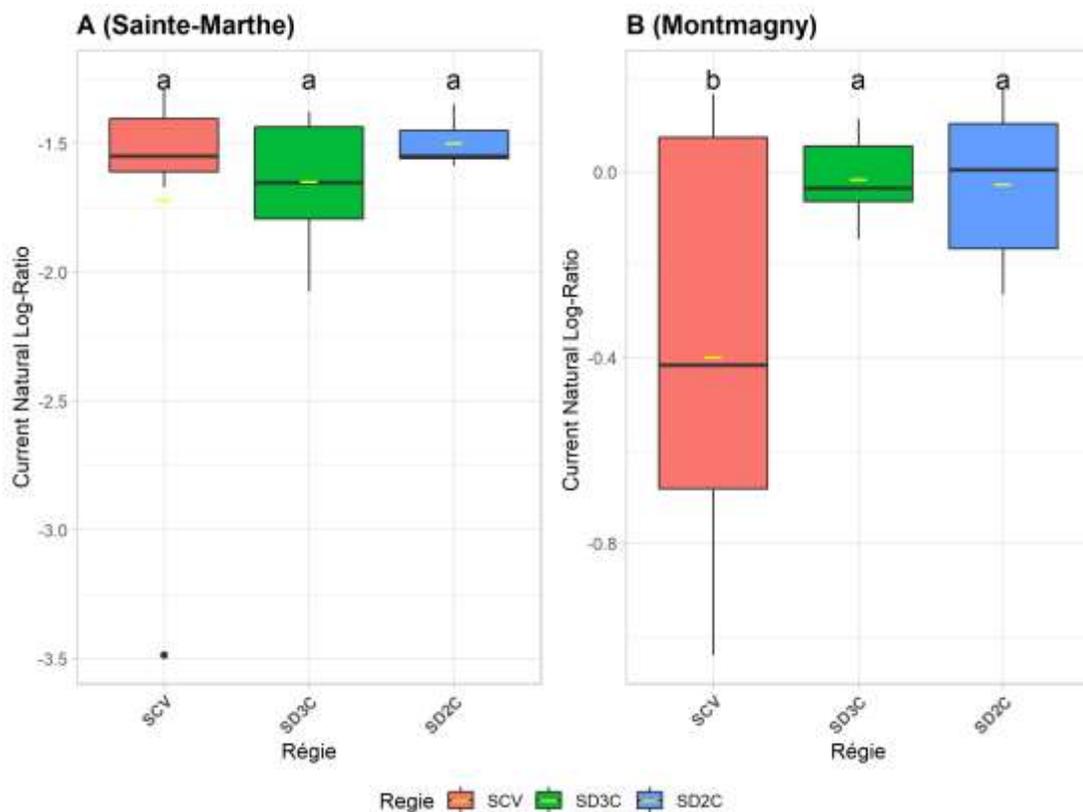


Figure 2.2 Log-ratio (logarithme népérien des ratios) de l'abondance des ASV positivement corrélés sur les abondances des ASV négativement corrélés à la dissipation du glyphosate à 2019 T1 entre les régions à Sainte-Marthe (A) et à Montmagny (B)

Plus le log-ratio est élevé, plus les populations (ASV) positivement reliées à la dissipation du glyphosate sont importantes par rapport aux populations négativement

en lien avec la dissipation du glyphosate. Pour le site de Montmagny, on observe que ce log-ratio est significativement plus faible dans la région SCV que dans les régions SD3C et SD2C à 2019 T1, mais les valeurs déterminées en parcelles SCV sont très hétérogènes.

2.4 Discussion

2.4.1 Teneurs en glyphosate et en AMPA mesurées dans les sols

Les teneurs de glyphosate et d'AMPA détectées dans le sol aux deux sites sont cohérentes avec les moyennes détectées dans des champs similaires au Québec où au moins l'un des deux composés a été retrouvé dans 91 % des échantillons (Maccario, 2020). Aux États-Unis, les deux composés sont également retrouvés dans plus de 90 % des échantillons de sol analysés, mais avec des teneurs en glyphosate et en AMPA inférieures aux nôtres (Battaglin *et al.*, 2014). Cependant, la méthode d'extraction de Battaglin *et al.* (2014) était adaptée pour l'analyse d'échantillons d'eau, ainsi la part des résidus adsorbés aux particules de sol n'est pas prise en compte alors que notre méthode d'extraction permet de les mesurer. Par rapport à d'autres endroits dans le monde, les teneurs en glyphosate et en AMPA sont supérieures à ce qui a été retrouvé dans des sols de grandes cultures en Europe (Silva *et al.*, 2018). À l'inverse, les moyennes des teneurs mesurées en Argentine sont 18 fois supérieures pour le glyphosate et 9 fois pour l'AMPA. Dans cette région cependant, les applications d'HBG sont parfois plus importantes avec des doses d'ingrédient actif appliquées annuellement allant de 1.9 à 9.1 kg ha⁻¹ (Primost *et al.*, 2017).

2.4.2 Effet des régions sur la persistance du glyphosate et de l'AMPA après deux années d'applications de différentes doses

À 2019 T1, aucune différence de teneurs en glyphosate et en AMPA entre les trois régions n'a été observée. À 2019 T3, seule la teneur en glyphosate à Montmagny était

plus faible dans les sols de la région SCV que la région SD2C. Pourtant, étant donné les applications plus faibles d'HBG dans les sols en région SCV par rapport aux sols en région SD3C, le calcul des quantités de glyphosate si toute l'application d'HBG avait atteint le sol (Eq 1) auraient pu montrer des teneurs en glyphosate et en AMPA inférieures. De la même manière, les applications plus faibles d'HBG sur les sols de région SD3C par rapport aux sols de la région SD2C auraient pu montrer des différences de teneurs de ces deux composés. Les parcelles ayant reçues les plus grosses quantités d'HBG, ayant donc la quantité théoriquement mesurable la plus élevée en équivalent-glyphosate (Eq 1) aux deux sites, sont celles cultivées en région SD2C ainsi que celle en région SD3C cultivée en soya en 2019. Pourtant, les teneurs en glyphosate et en AMPA sont similaires aux autres parcelles de même culture. Il est possible qu'une plus grande présence de résidus végétaux dans les parcelles cultivées en SCV par rapport aux parcelles SD2C et SD3C ait eu un impact sur la dissipation du glyphosate (Cassigneul *et al.*, 2015; Cassigneul *et al.*, 2016; Mamy *et al.*, 2016).

Des FDEG négatives ont été observées à 2019 T1 dans les parcelles SCV et dans une parcelle cultivée en SD3C. Les teneurs en équivalent-glyphosate (Eq 2) retrouvées dans ces parcelles sont supérieures à celles qui auraient dû être trouvées si on considère uniquement les apports dus aux applications d'HBG des années 2017 et 2018 (Eq 3). Ceci peut provenir d'une persistance du glyphosate et de l'AMPA plus importante dans ces sols provenant des années antérieures à 2017. Nous aurions pu nous attendre à ce que les plantes de couverture présentes dans le SCV aient augmenté le nombre de macropores dans le sol et ainsi favorisé l'infiltration de l'eau dans ces parcelles (Cercioglu *et al.*, 2018; Haruna *et al.*, 2018). Cette infiltration aurait pu à son tour entraîner le glyphosate et l'AMPA par les macropores et les fissures du sol (Borggaard et Gimsing, 2008; Kjær *et al.*, 2005; Sorensen *et al.*, 2006; Vereecken, 2005). Le semis direct, sans plantes de couverture comme dans les régions SD2C et SD3C, permet de diminuer l'érosion du sol en conservant les résidus végétaux des cultures, mais dans les premières années d'implantation, il peut augmenter la densité des couches

supérieures du sol et diminuer les macropores dans les sols argileux (Bogunovic *et al.*, 2018; Gao *et al.*, 2016). Il est alors possible que le ruissellement de surface ait entraîné horizontalement le glyphosate et l'AMPA entre les parcelles étant donné leur proximité et se soit retrouvé en quantité plus importante dans les parcelles en régie SCV. Cependant, les FDEG associées aux parcelles en régie SD2C et SD3C ne sont pas significativement plus élevées que celles des parcelles en régie SCV dans la plupart des cas. De plus, les inondations fréquentes des sols à Montmagny ont pu favoriser le transport du glyphosate et de l'AMPA entre les parcelles. Il est aussi possible que de petites quantités de glyphosate et d'AMPA retrouvées dans les sols proviennent d'autres sites agricoles, puisqu'il a été montré que ces deux composés peuvent être transportés par ruissellement et par le vent depuis les champs à proximité et être mesurés dans des sols où ils n'ont pas été appliqués originellement (Aparicio *et al.*, 2013; Lupi *et al.*, 2019).

2.4.3 Effet des régies sur la persistance du glyphosate et de l'AMPA durant l'année 2019 avec applications similaires d'HBG

Au cours de l'année 2019, les teneurs en glyphosate ont augmenté dans les parcelles cultivées en régie SCV et SD3C, mais pas dans celles cultivées en SD2C à Sainte-Marthe. A Montmagny, les quantités d'équivalent-glyphosate ont diminué dans la régie SD3C à cause de la diminution des teneurs en AMPA malgré une augmentation des teneurs en glyphosate. Aux deux sites, dans plusieurs parcelles, les teneurs en glyphosate ont augmenté ou diminué sans lien direct avec un type de culture ou un type de régie particulier. Ceci est en contradiction avec les études en laboratoire qui ont montré que l'adsorption du glyphosate sur les résidus de végétaux pouvait diminuer la vitesse de dissipation du glyphosate par rapport à un sol nu (Cassigneul *et al.*, 2015; Cassigneul *et al.*, 2016; Mamy *et al.*, 2016). Une petite fraction du glyphosate appliqué sur le sol et ses résidus de dégradation peut aussi être absorbée par les racines des plantes de culture cultivées durant l'année, ce qui pourrait exercer une influence également sur la dissipation du glyphosate (Simonsen *et al.*, 2008; Sprankle *et al.*,

1975; Wagner *et al.*, 2003). Certaines parcelles ont vu leur teneur en AMPA diminuer significativement, dont les parcelles SCV blé et SD2C maïs toutes deux en précédent soya. Il est possible que les parcelles en précédent soya mènent à une FDEG plus faible que d'autres parcelles du fait de la captation par les résidus (Rampoldi *et al.*, 2011). Cependant, les estimations calculées peuvent avoir varié en réalité entre les parcelles.

2.4.4 Rôle des communautés microbiennes sur la dissipation du glyphosate

2.4.4.1 Rôle des communautés bactériennes sur la dissipation du glyphosate

La richesse microbienne ne semble pas jouer un rôle dans la dissipation observée du glyphosate dans les sols. La corrélation des communautés microbiennes en lien avec la fraction de dissipation du glyphosate obtenue avec le test de Mantel et l'analyse différentielle varie en fonction des temps d'échantillonnages et des sites d'étude. La composition bactérienne est associée à la dissipation du glyphosate à 2019 T1 aux deux sites. C'est à 2019 T1 que les plus grandes variations de dissipation du glyphosate ont été observées (Tableau 2.5) à la suite de deux années d'application de doses différentes de glyphosate. Nous avons observé pour ce temps d'échantillonnage des différences significatives de composition bactérienne entre les régions (Chapitre 1). Les meilleurs scores Q^2 ont également été obtenus à 2019 T1, pour les ASV bactériens à Montmagny. Les ASV corrélés positivement pourraient être associés directement ou indirectement à plus de dégradation du glyphosate ou à une plus grande lixiviation. Plusieurs espèces de Bacteroidetes, de Protéobactéries et de Firmicutes ont été identifiées comme capables de dégrader le glyphosate en AMPA et en sarcosine (Zhan *et al.*, 2018). Parmi elles, on retrouve notamment des bactéries du genre *Flavobacterium* (Balthazor et Hallas, 1986) et *Bacillus* (Fan *et al.*, 2012) et de la famille des *Alcaligenaceae* (Ermakova *et al.*, 2017; McAuliffe *et al.*, 1990). Nous avons retrouvé des ASV de ces groupes taxonomiques corrélés positivement à la dissipation du glyphosate, sans différence de proportion entre les différentes régions. Ces groupes taxonomiques peuvent être affectés différemment par l'application d'HBG. Newman *et al.* (2016) ont

observé une augmentation de la proportion relative des Protéobactéries à la suite de l'application d'HBG. Schlatter *et al.* (2017) ont montré que plusieurs familles appartenant au phylum des Protéobactéries étaient impactées positivement et négativement par l'application de glyphosate, mais que les plus grosses variations de communautés microbiennes provenaient des différentes régions de culture et du lieu d'échantillonnage. La dégradation du glyphosate et de l'AMPA sont des processus non spécifiques à un phylum particulier, et des bactéries d'un même phylum peuvent être capables de le dégrader ou peuvent y être sensibles. Par exemple, le phylum des Actinobactéries a été impacté négativement par l'application d'HBG dans certaines études (Barriuso, 2012; Guijarro *et al.*, 2018), mais des espèces appartenant au phylum des Actinobactéries peuvent aussi dégrader le glyphosate (Zhan *et al.*, 2018).

2.4.4.2 Communautés bactériennes associées aux régions de culture

L'analyse log-ratio (Figure 2.2) montre que les régions SD3C et SD2C ont un ratio plus élevé que la région SCV à Montmagny. La région SCV pourrait être plus défavorable à la dissipation du glyphosate à ce site. Nous avons observé dans le Chapitre 1 que la région SCV a impacté négativement certains ASV des Protéobactéries et des Acidobactéries, qui pourraient être en lien avec cette corrélation négative avec la dissipation plus faible du glyphosate. Il n'y a pas de différence entre les régions à Sainte-Marthe peut-être parce que la corrélation observée par l'analyse différentielle était plus faible. De plus, malgré des différences de doses, les parcelles du projet ont toutes été exposées durant plusieurs années à des HBG. La répétition des applications de glyphosate peut mener à des variations de communautés microbiennes qui pourraient acquérir avec le temps une meilleure capacité de dissipation par dégradation du glyphosate (Lancaster *et al.*, 2010). Guijarro *et al.* (2018) n'ont pas observé de changement significatif des communautés bactériennes associées à la dissipation du glyphosate, indiquant une redondance fonctionnelle puisque plusieurs groupes microbiens sont capables de dégrader le glyphosate en AMPA, puis l'AMPA en d'autres produits de dégradation (Sviridov *et*

al., 2015; Zhan *et al.*, 2018). L'analyse différentielle permet d'observer les ASV reliés positivement et des ASV reliés négativement à la dissipation du glyphosate et de l'AMPA, ainsi que la force de cette corrélation. Elle peut permettre de mieux évaluer les variations microbiennes liées aux applications d'HBG par rapport à l'utilisation des abondances relatives des phyla qui est couramment rapportée.

2.4.4.3 Communautés eucaryotes et dissipation du glyphosate

À Sainte-Marthe, la composition des eucaryotes a été corrélée à la dissipation d'équivalent-glyphosate en fin de saison (Eq 5) et un Q^2 positif a été obtenu en début de saison. L'analyse différentielle des ASV eucaryotes permettrait d'approfondir la compréhension de la dissipation du glyphosate puisque les communautés de champignons et de protistes peuvent être impactées par les applications de glyphosate (Imparato *et al.*, 2016; Vazquez *et al.*, 2021) et certaines espèces de champignons sont capables de dégrader le glyphosate (Zhan *et al.*, 2018). L'utilisation des ASV, couplée à des approches d'analyse différentielle, permet de définir des indicateurs microbiens innovants pouvant contribuer au développement d'une agriculture durable (Jeanne *et al.*, 2019). Dans notre étude, les scores Q^2 rapportés sont faibles ou négatifs, et ont été obtenus sur seulement deux champs expérimentaux. L'augmentation du nombre de données récoltées sur plusieurs sites expérimentaux pourrait améliorer ces scores et la force prédictive de dissipation du glyphosate.

2.5 Conclusion

L'objectif de cette étude était d'évaluer l'impact de régies de culture comprenant des pratiques d'agriculture de conservation et des communautés microbiennes de ces sols sur la persistance du glyphosate et de l'AMPA dans les grandes cultures du Québec. Les différentes doses d'HBG appliquées dans les régies n'ont pas été reliées à des teneurs différentes de glyphosate et d'AMPA. En revanche, nous avons observé des

quantités indiquant une persistance dans le temps de ces deux composés dans certaines parcelles qui pourrait provenir d'une plus grande rétention par les résidus de plantes de couverture. La dissipation du glyphosate et de l'AMPA dans les sols est attribuable soit à des processus de lixiviation, soit à la dégradation bactérienne. Nous avons observé que la composition des communautés bactériennes des sols peut être reliée à la dissipation du glyphosate et de l'AMPA dans les sols en début de saison agricole. L'analyse différentielle suggère que le microbiome de la région SCV pourrait être moins favorable que les régions SD3C et SD2C à la dissipation de ces deux composés sur un des deux sites d'étude. Nous avons également trouvé dans les sols agricoles étudiés des ASV des phylum Bacteroidetes, Protéobactéries et de Firmicutes dont certaines espèces sont connues pour dégrader le glyphosate. La compréhension de l'importance de la dégradation microbienne dans la dissipation du glyphosate, par l'étude de l'expression des gènes intervenant dans la dégradation microbienne permettrait d'élucider la contribution microbienne par rapport à la lixiviation sur la persistance du glyphosate et de l'AMPA. Nous avons également obtenu une corrélation entre la composition eucaryote et la dissipation du glyphosate en début de saison., il serait également intéressant d'analyser l'implication de ces communautés eucaryotes, notamment des champignons et des protistes dans la dissipation du glyphosate.

CONCLUSION

Cette étude avait pour but d'étudier différentes régies d'agriculture de conservation incluant deux types de rotations et des couverts végétaux qui ont toutes été soumises à des applications d'HBG. Le chapitre 1 a permis d'évaluer le microbiome relié au sol de ces régies. L'utilisation d'analyses de métagénomique a permis d'observer que la biomasse moléculaire, des bactéries et des champignons, n'a pas été impactée par l'apport de diversité végétale dans les régies d'agriculture de conservation. En revanche, l'analyse de la composition microbienne a permis de confirmer l'hypothèse selon laquelle la diversification des rotations de culture et l'ajout de plantes de couverture influent sur la diversité microbienne. Ceci en fait l'indicateur le plus sensible aux variations de pratiques agricoles de conservation étudiées. Les ASV spécifiques de certains groupes microbiens en lien avec les différentes régies ont été identifiés. Elles peuvent avoir des implications fonctionnelles multiples qui restent à approfondir pour mieux comprendre les effets à court et à long terme de ces pratiques agricoles sur les fonctions des sols.

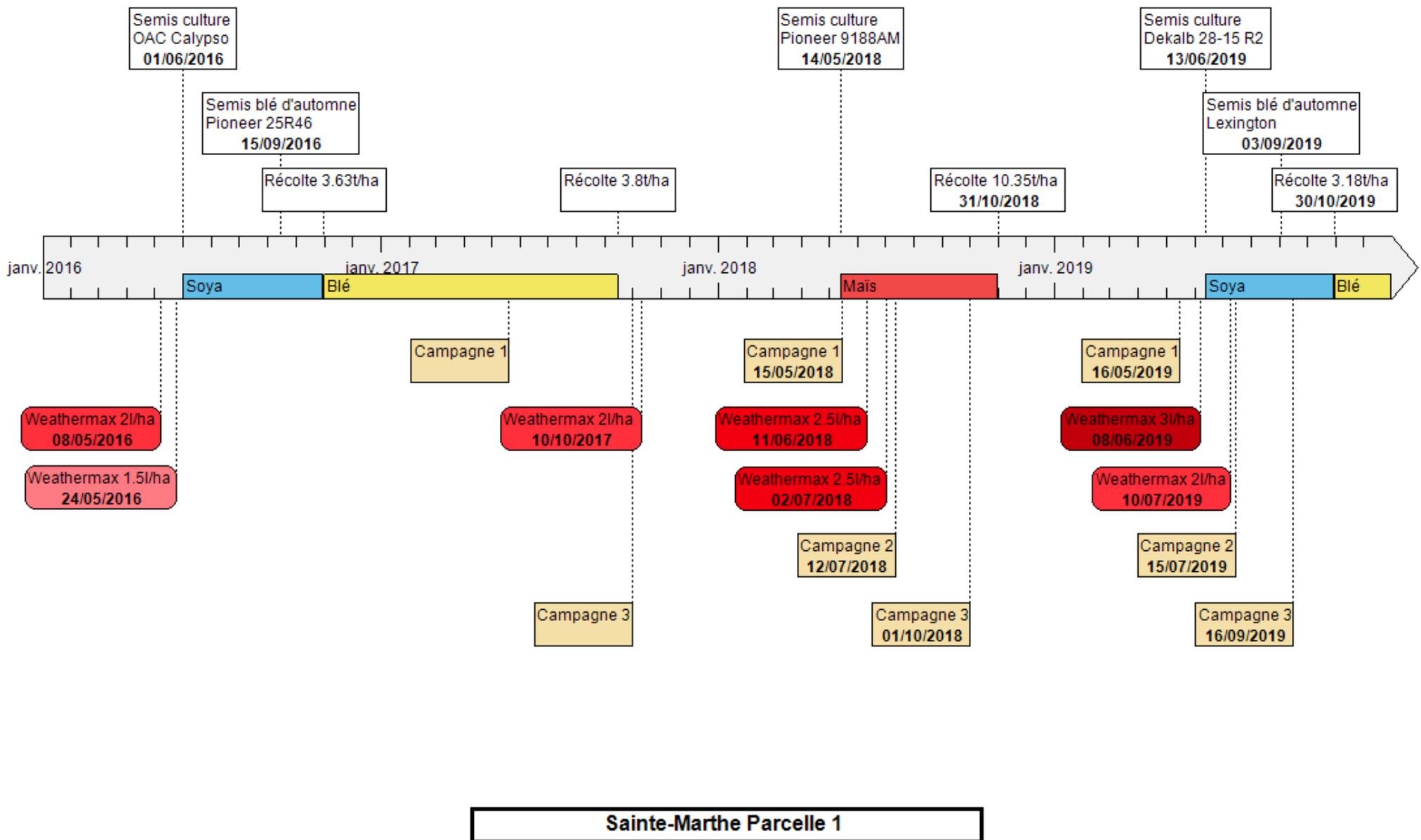
Le chapitre 2 a été axé sur les herbicides à base de glyphosate. Contrairement à ce qui était attendu, les teneurs en glyphosate et en AMPA détectées dans les sols n'ont pas varié significativement entre les trois régies agricoles malgré des doses d'application d'HBG différentes. Des quantités supérieures aux quantités attendues indiquent une persistance de ces deux composés dans les sols des parcelles en régie avec plus de diversité végétale. Cela pourrait provenir d'une plus grande rétention du glyphosate et de l'AMPA par les végétaux plus abondants dans ces régies ou de pertes plus élevées dans les sols où la faible couverture du sol pourrait augmenter la compaction. Les

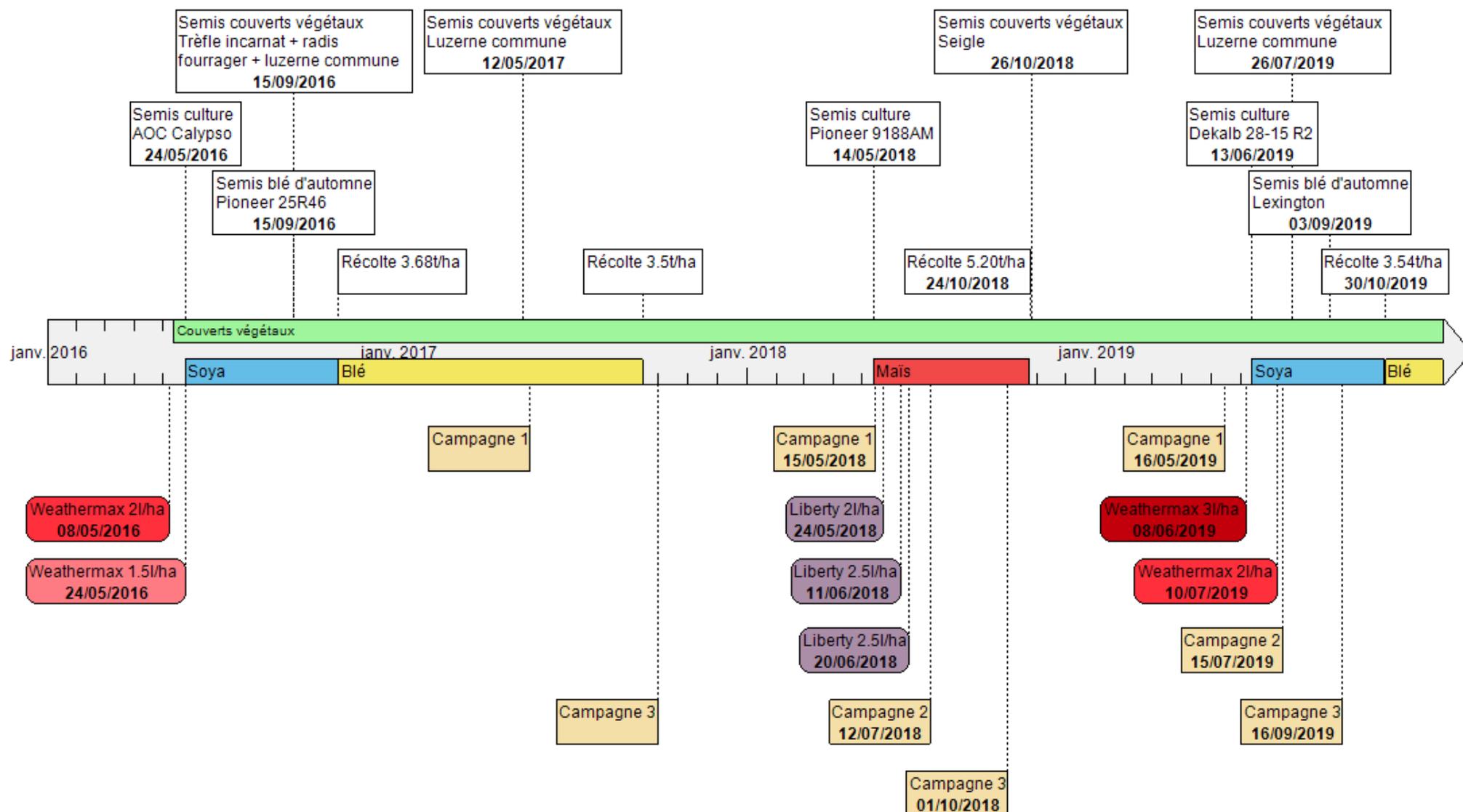
principaux phyla bactériens (Protéobactéries, Actinobactéries et Acidobactéries) ayant été affectés par les régies peuvent également avoir joué un rôle dans la dissipation du glyphosate et de l'AMPA. Plusieurs ASV de ces groupes, certains reliés positivement et d'autres reliés négativement à cette dissipation ont été identifiés. Des ASV des groupes plus rares (Bacteroidetes et Firmicutes notamment) ont également été corrélés à la dissipation. Certains appartiennent à des groupes taxonomiques connus pour dégrader le glyphosate et l'AMPA et pourraient avoir joué un rôle en participant à leur dégradation. L'importance relative de la lixiviation et de la dégradation dans la dissipation du glyphosate et de l'AMPA reste à élucider pour mieux comprendre ces mécanismes qui influent sur la persistance de ces deux composés dans les sols agricoles.

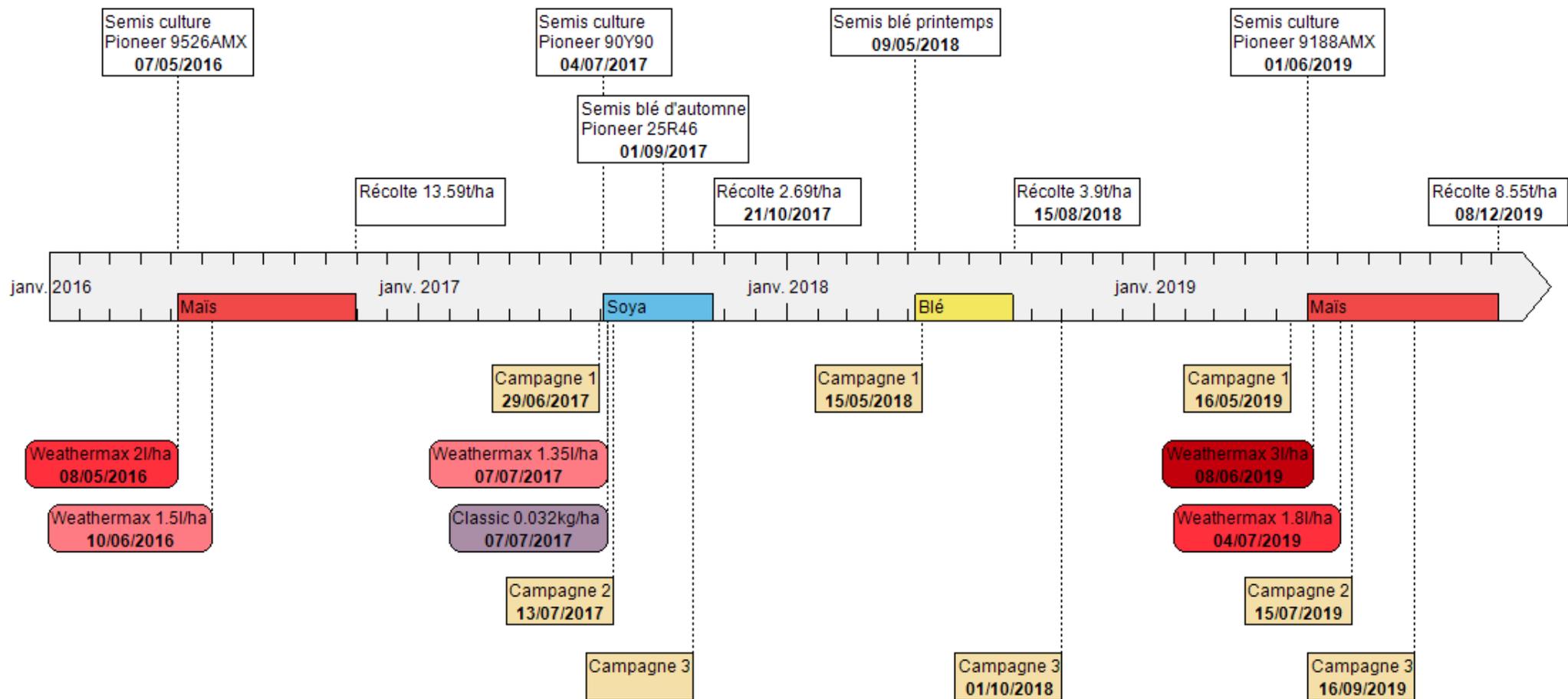
Les deux chapitres ont permis d'analyser à la fois le microbiome et la persistance du glyphosate et de l'AMPA dans des sols agricoles de grande culture. La combinaison de ces deux aspects est rarement utilisée et permet d'apporter un portrait plus complet des effets des régies sur les sols agricoles. Dans un contexte de diminution de l'efficacité des HBG et de la nécessité de trouver des alternatives viables pour la durabilité des grandes cultures, le semis direct sous couverture végétale permanente qui permet de réduire leur utilisation et potentiellement leur dispersion dans l'environnement peut être envisagé à plus large échelle dans les grandes cultures au Québec.

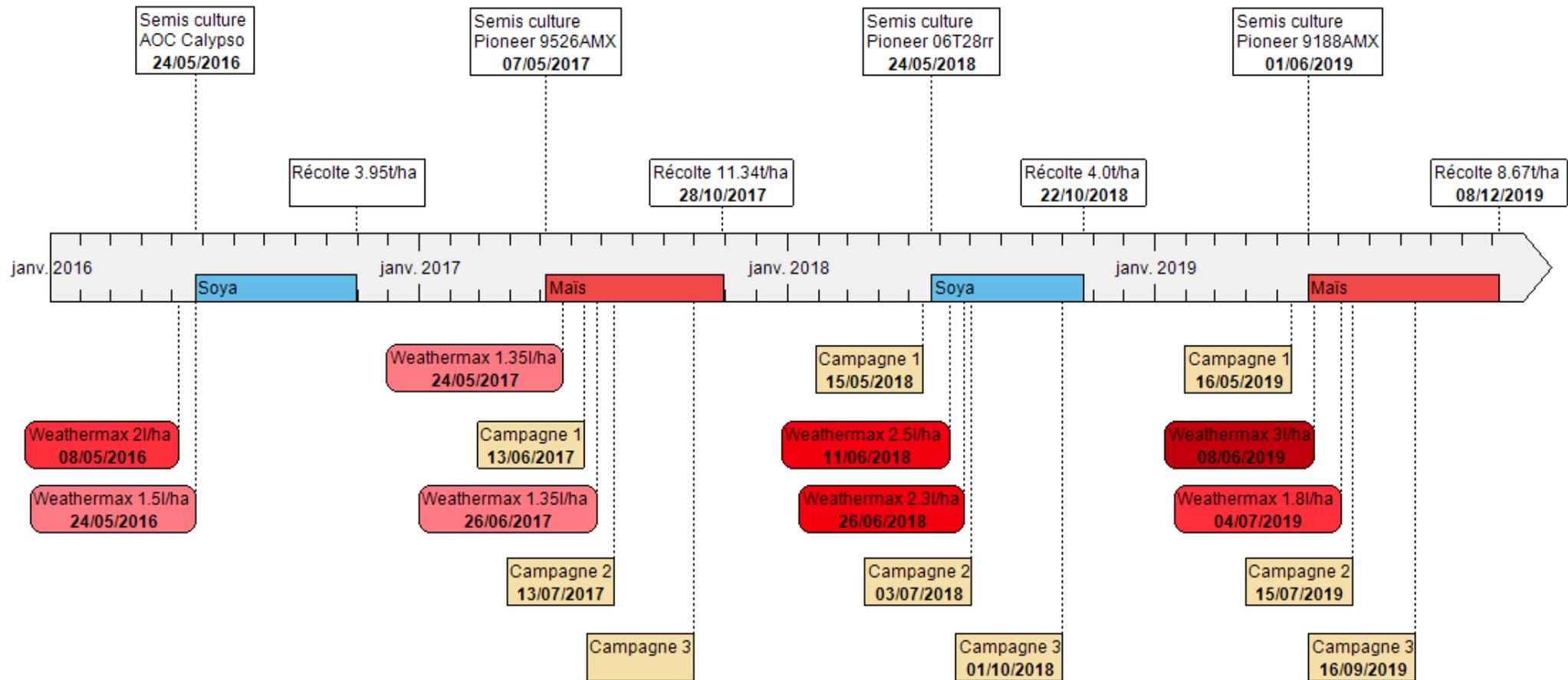
ANNEXE A

CHRONOLOGIE DÉTAILLÉE DES OPÉRATIONS AGRICOLES PAR PARCELLE

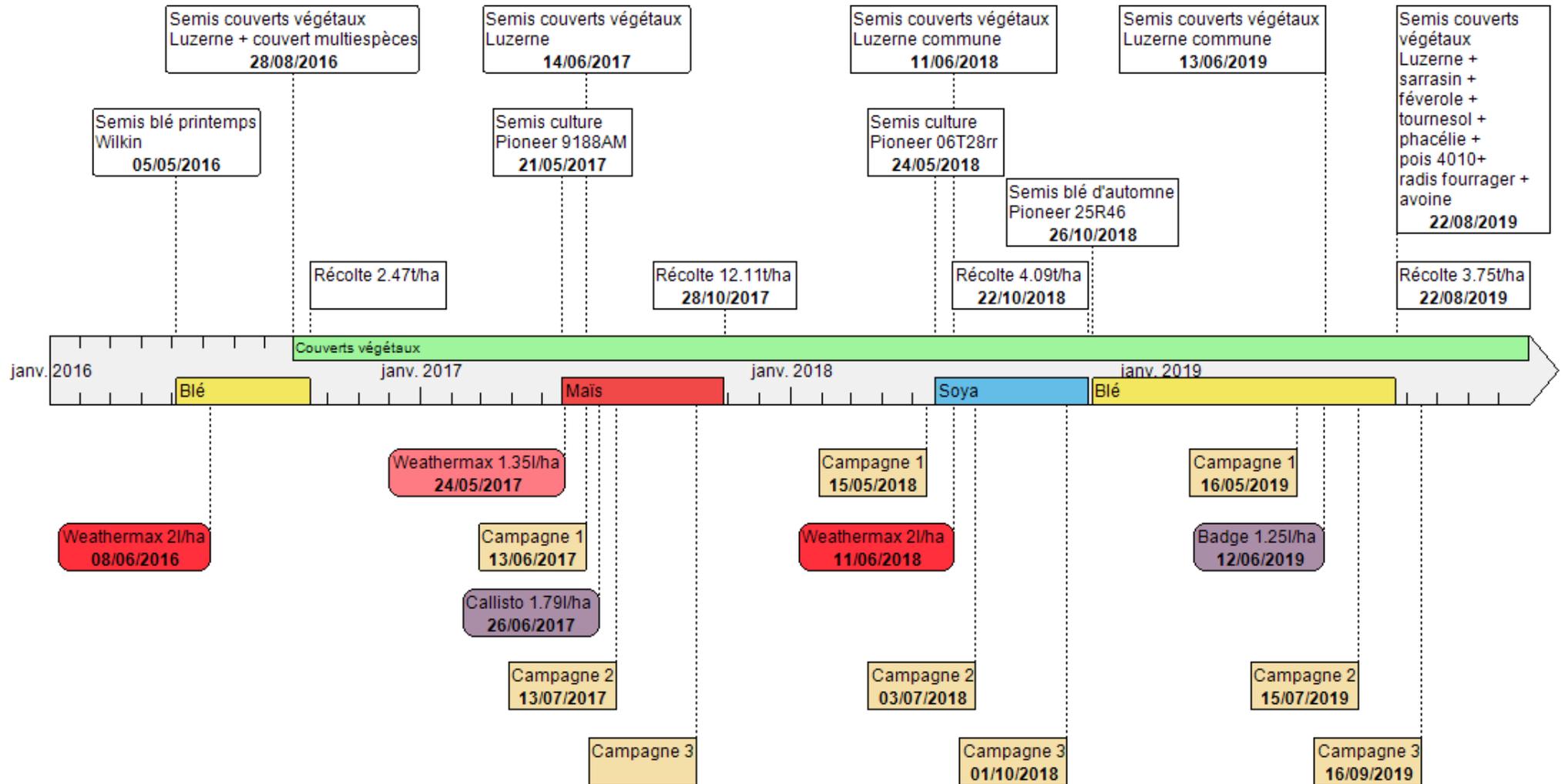


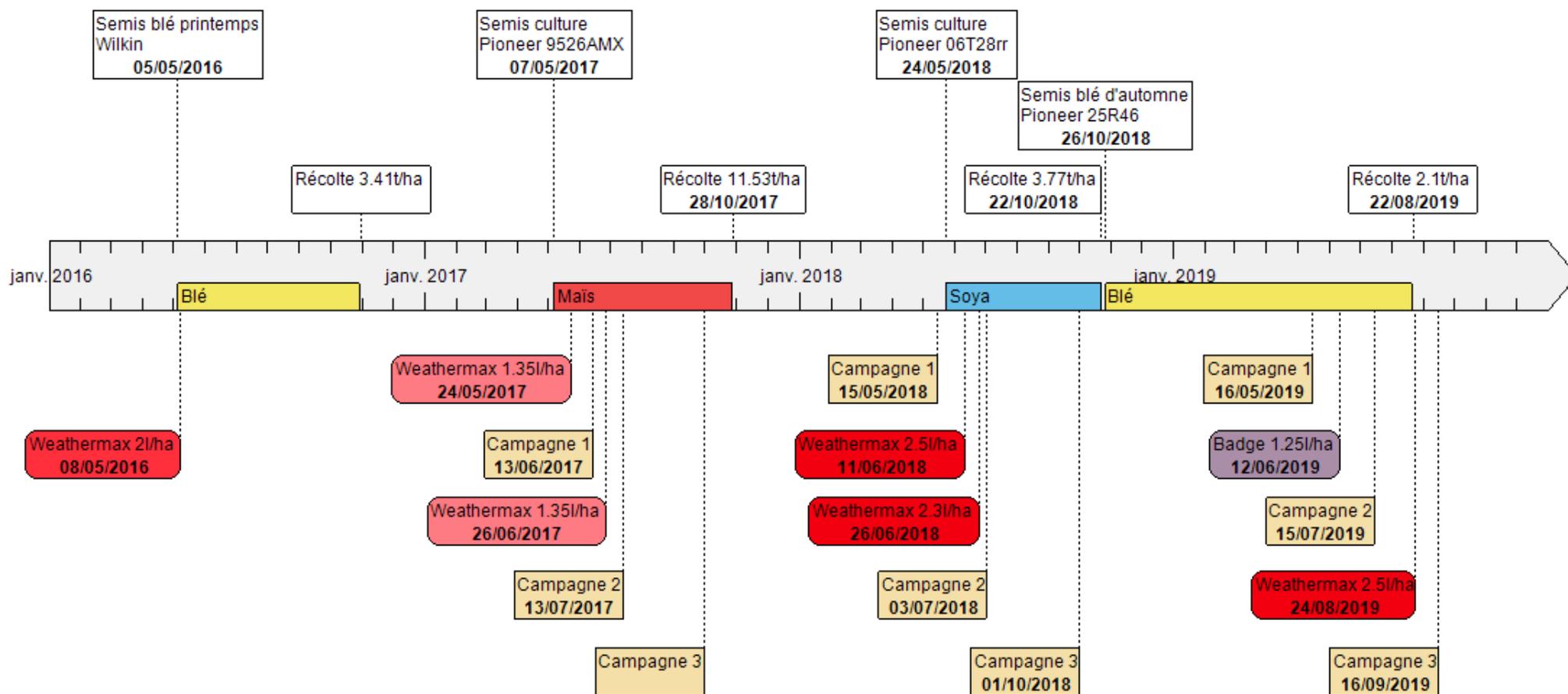




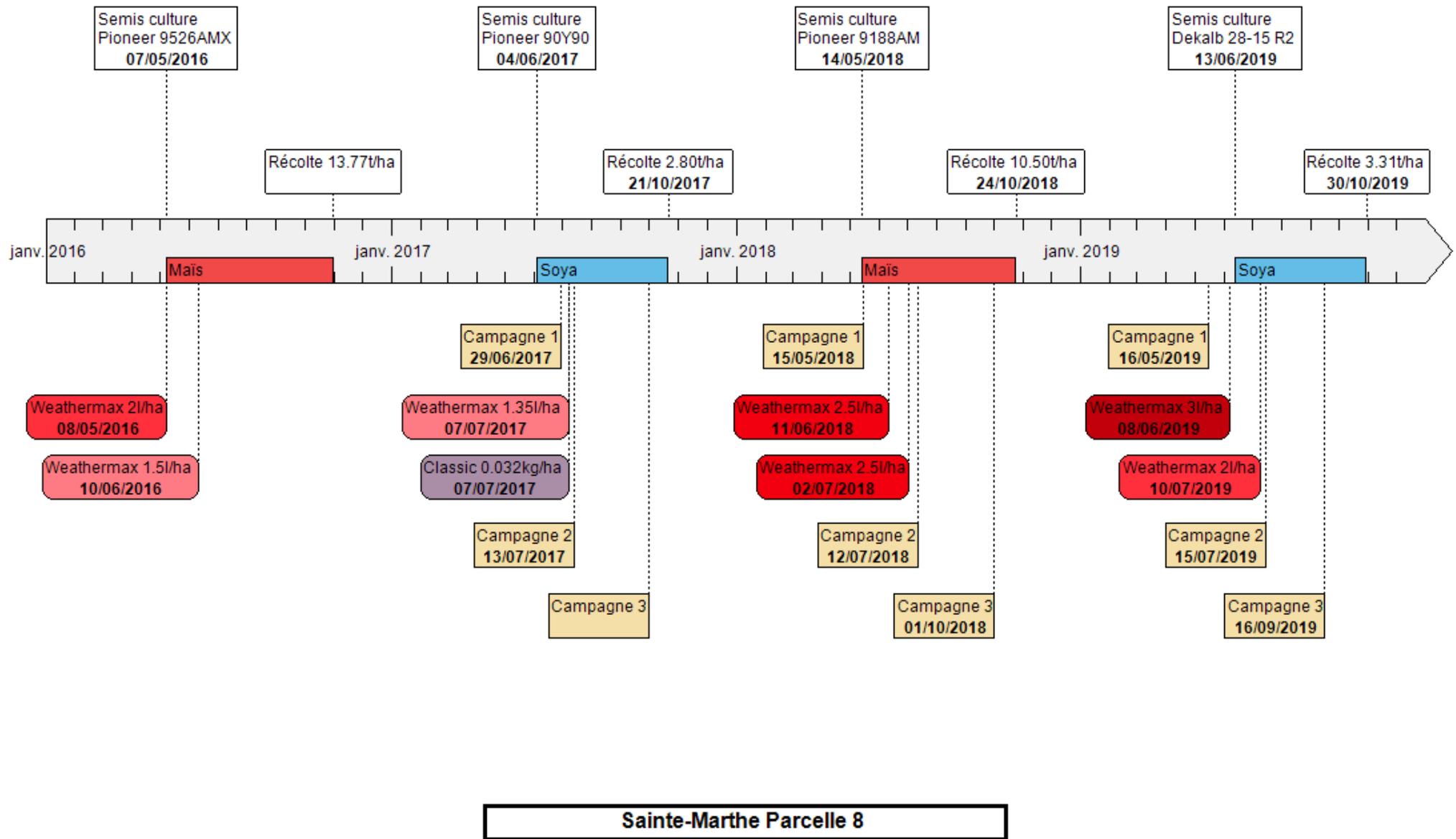


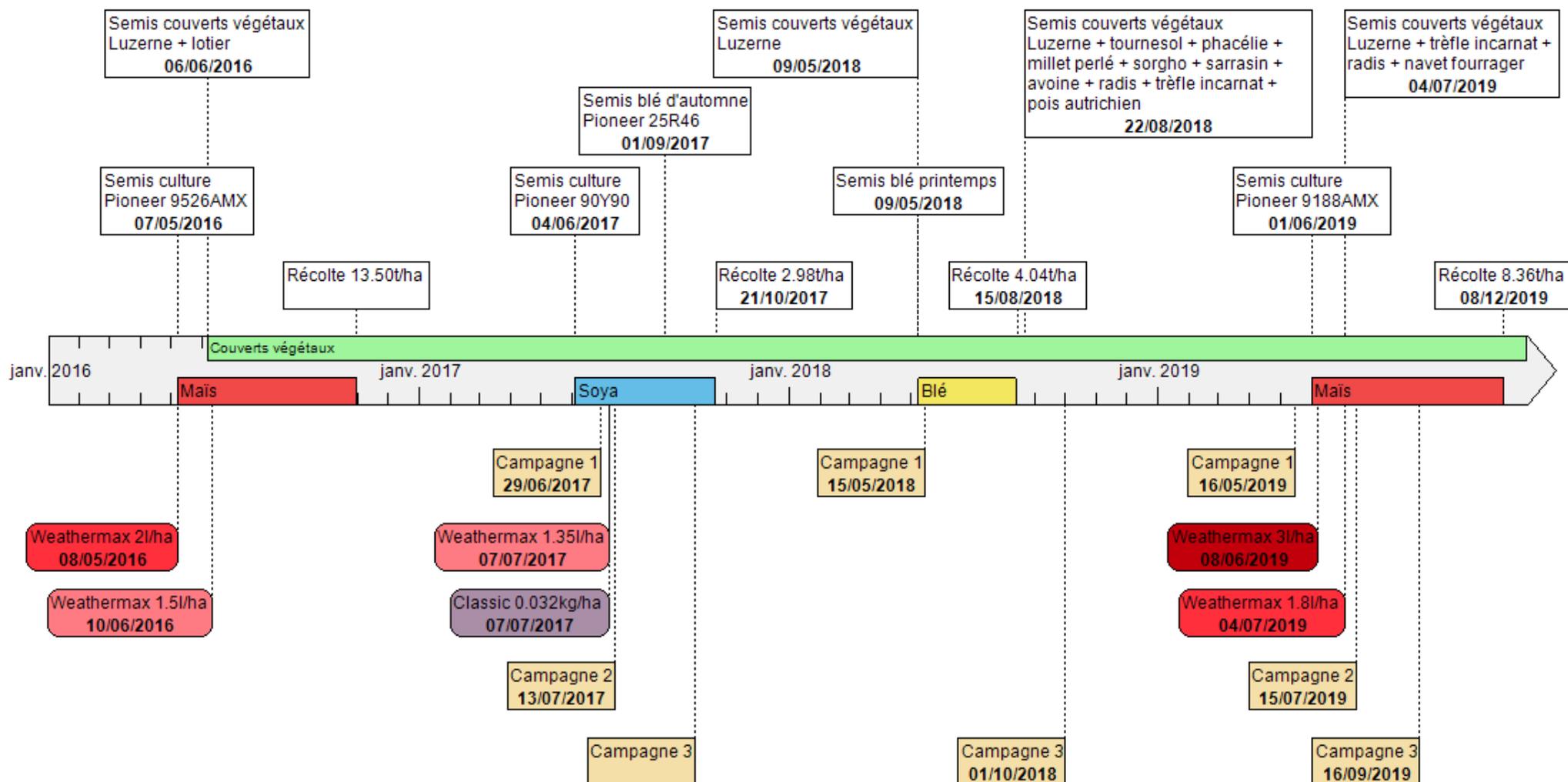
Sainte-Marthe Parcelle 5

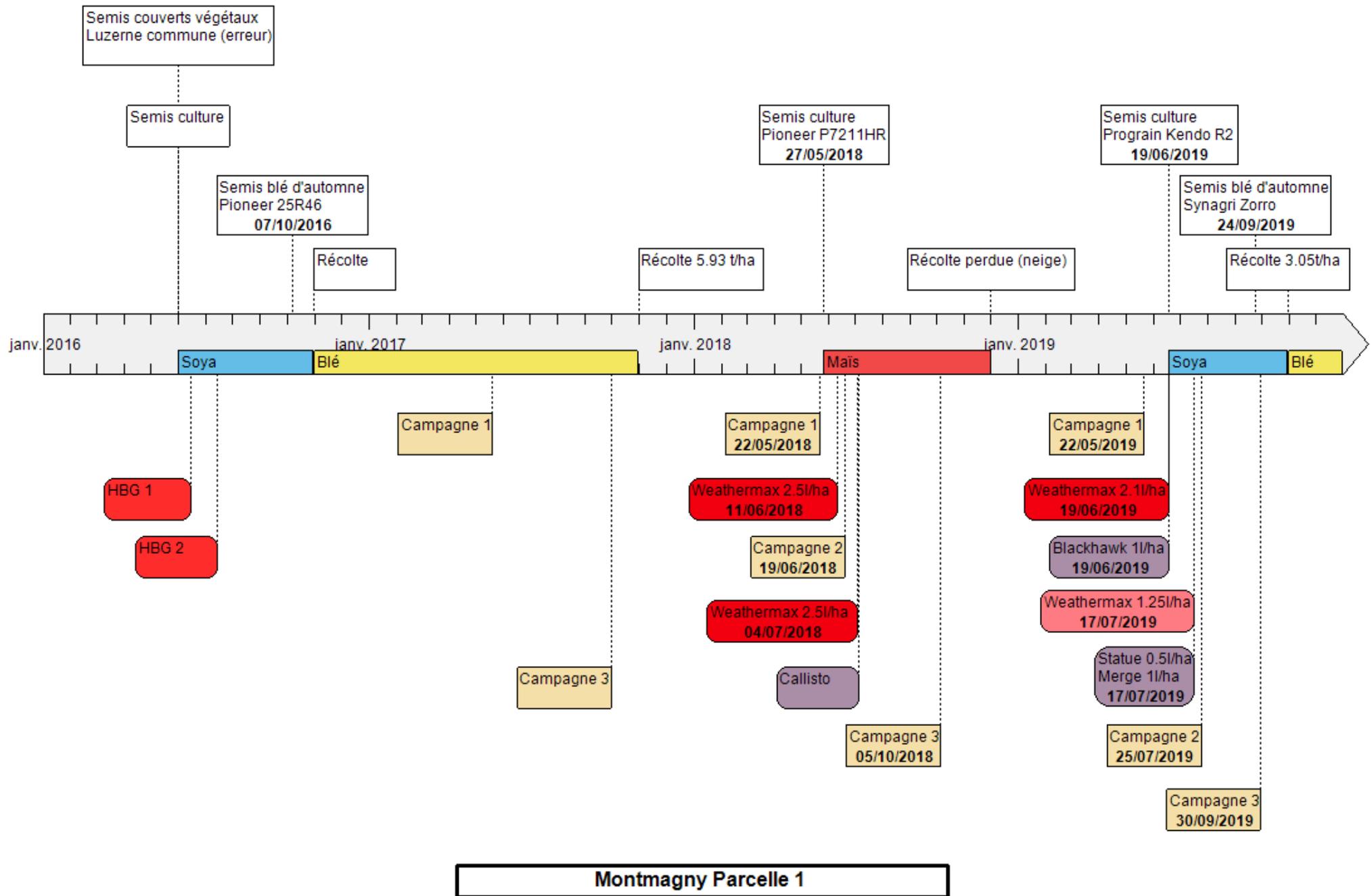


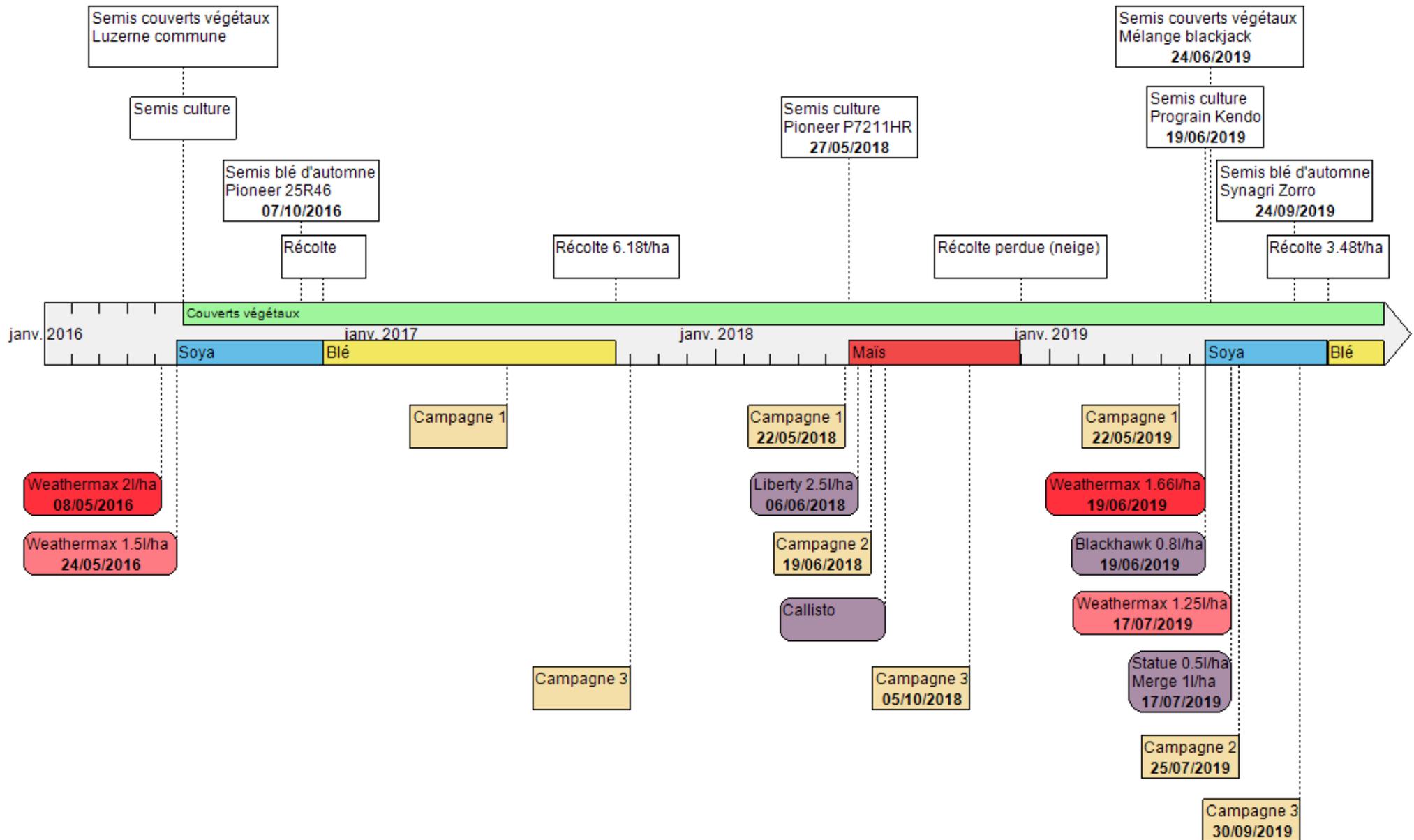


Sainte-Marthe Parcelle 7

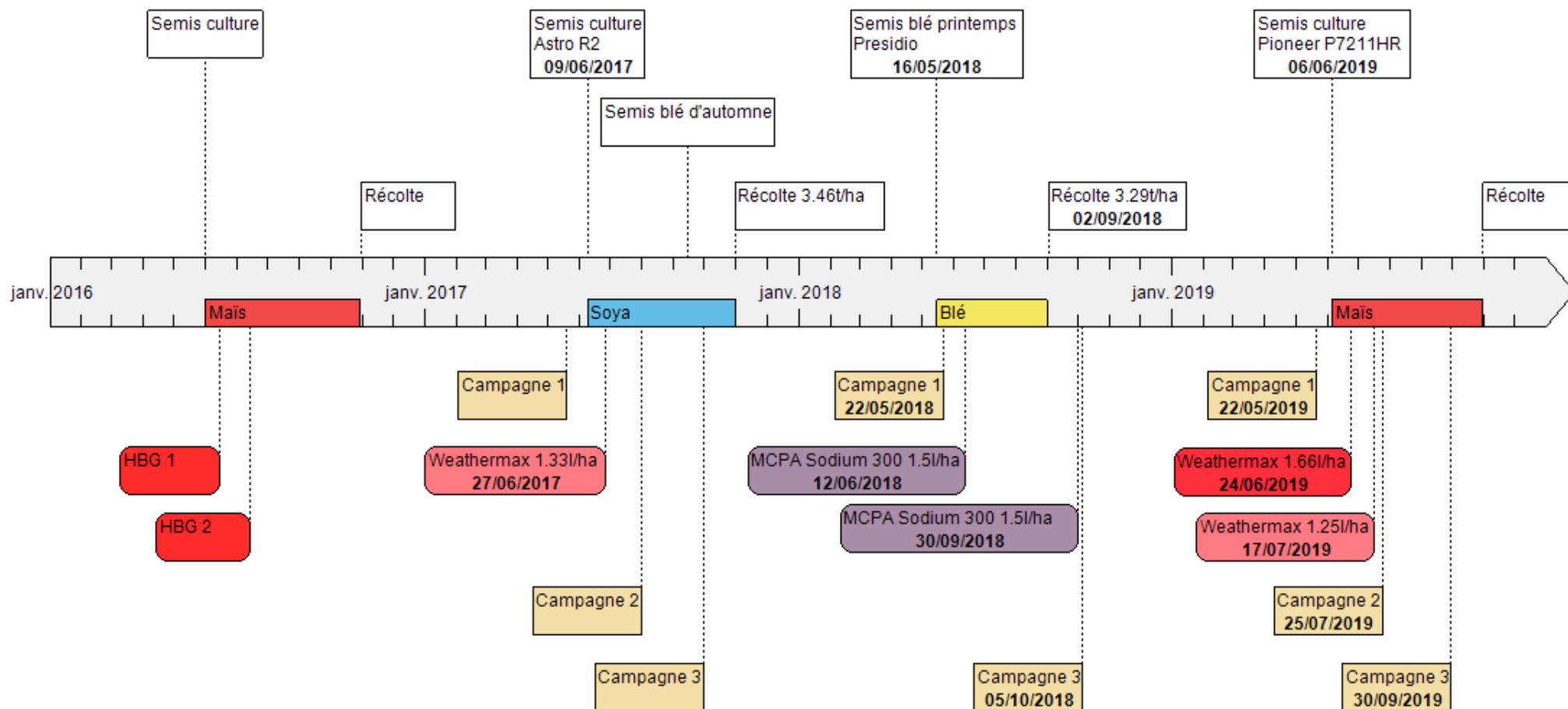


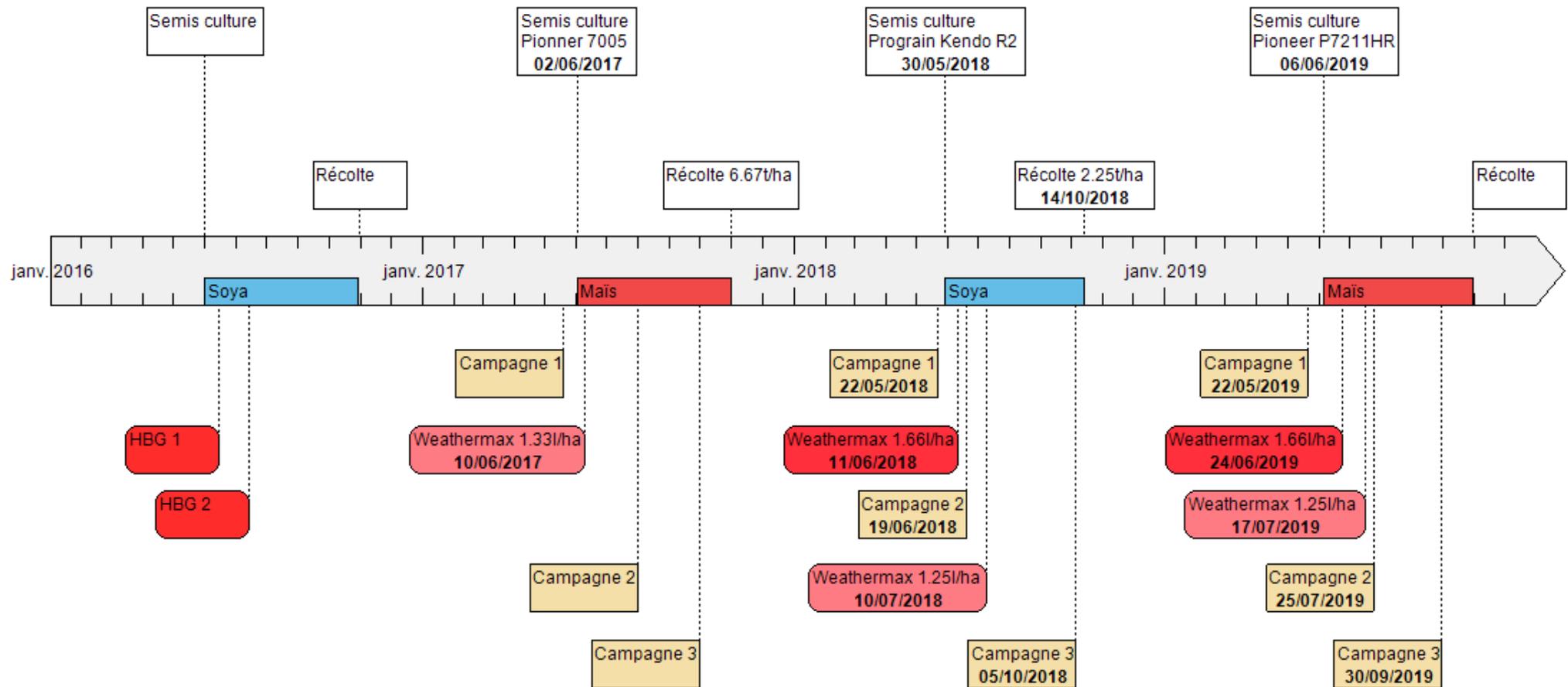




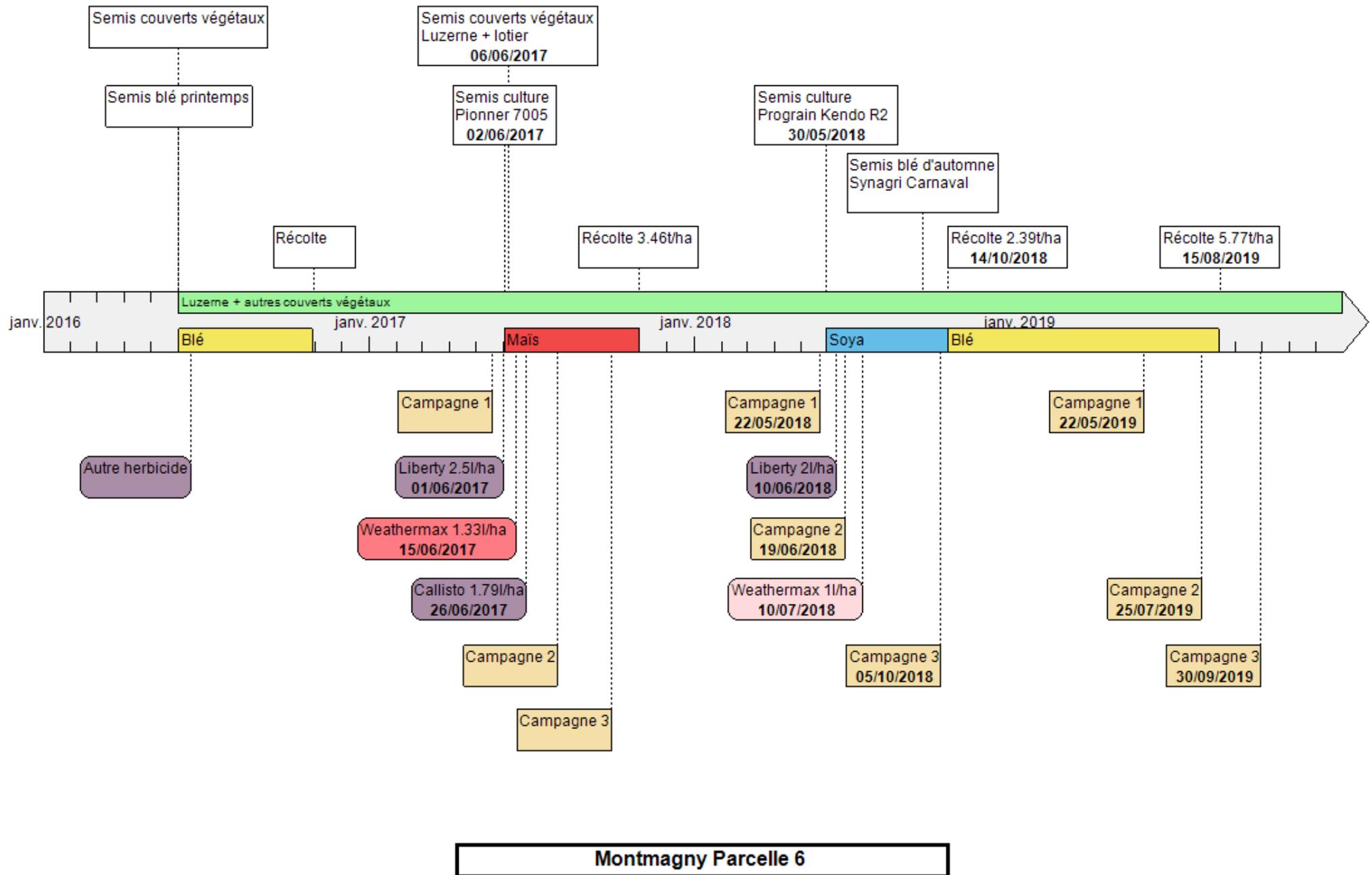


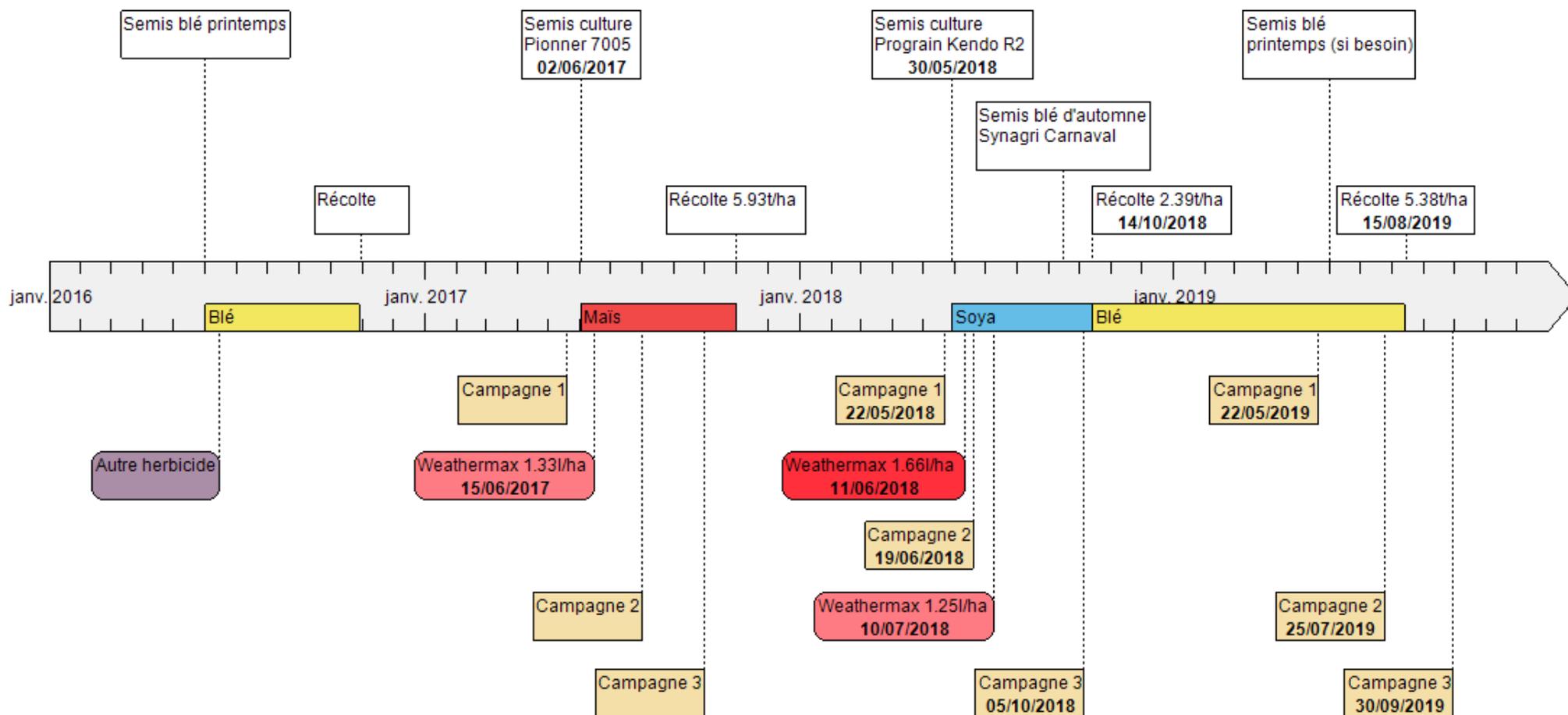
Montmagny Parcelle 3



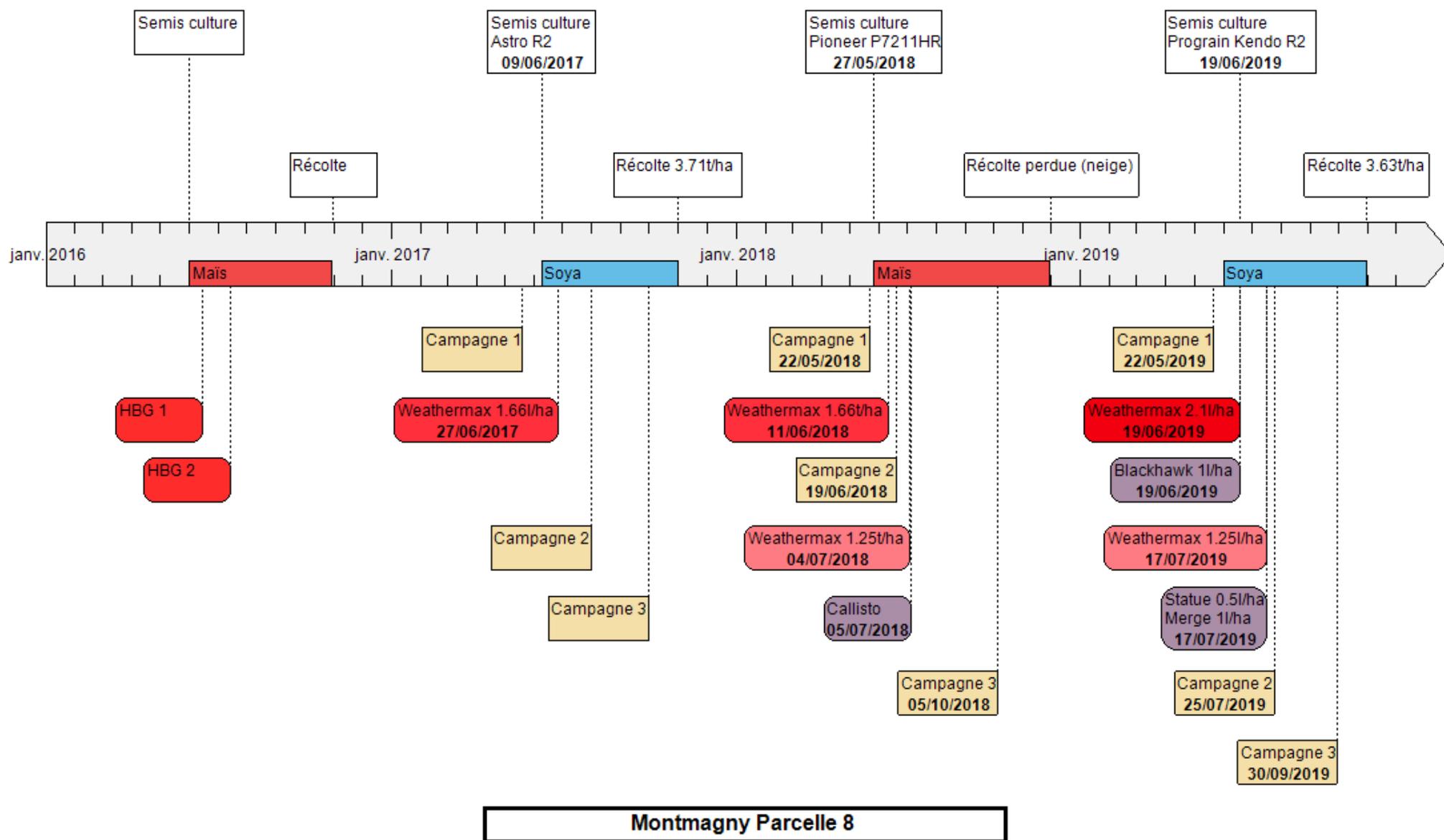


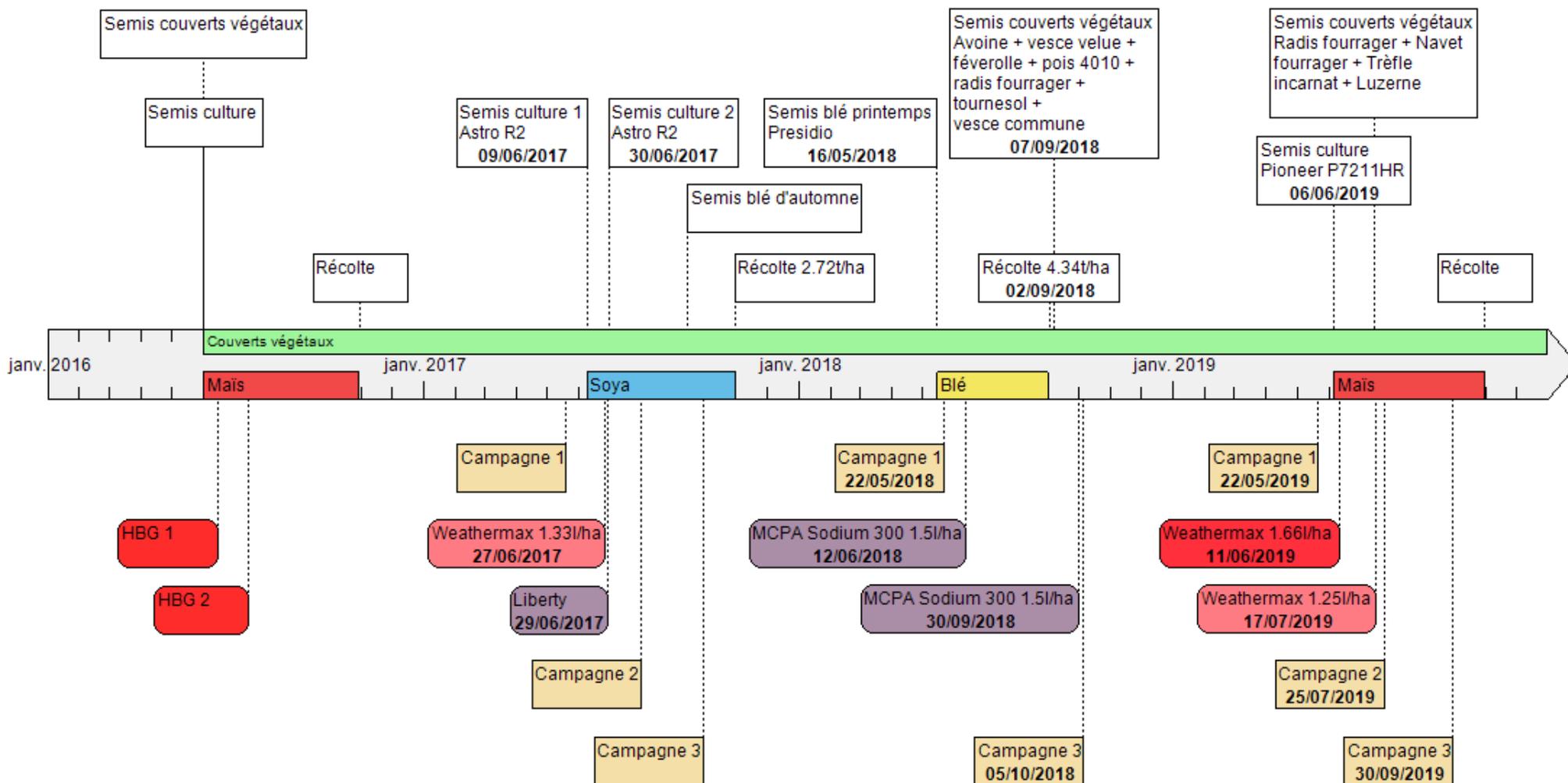
Montmagny Parcelle 5





Montmagny Parcelle 7





Montmagny Parcelle 9

ANNEXE B

TEXTURE DU SOL DANS LES PARCELLES

Teneurs en sable, limon et argile des différentes parcelles

	Sable (%)	Limon (%)	Argile (%)	Texture ¹
<i>Sainte-Marthe</i>				
SCV pSoya	4	47	49	Argile limoneuse
SCV pMaïs	4	45	51	Argile limoneuse
SCV pBlé	6	42	52	Argile limoneuse
SD3C pSoya	3	49	48	Argile limoneuse
SD3C pMaïs	0	50	50	Argile limoneuse
SD3C pBlé	2	44	54	Argile limoneuse
SD2C pSoya	2	47	51	Argile limoneuse
SD2C pMaïs	0	41	59	Argile limoneuse
<i>Montmagny</i>				
SCV pSoya	11	69	20	Loam limoneux
SCV pMaïs	8	71	21	Loam limoneux
SCV pBlé	17	65	18	Loam limoneux
SD3C pSoya	7	71	22	Loam limoneux
SD3C pMaïs	7	66	27	Loam limono-argileux
SD3C pBlé	6	71	23	Loam limoneux
SD2C pSoya	10	70	20	Loam limoneux
SD2C pMaïs	11	68	21	Loam limoneux

¹ Texture déterminée selon les familles de classes texturales définies par Agriculture Canada, «Famille et série de sols», dans *Le système canadien de classification des Sols* (Ottawa : Presses Scientifiques du CNRC, 2002)

ANNEXE C

TENEURS EN ELEMENTS DANS LES PARCELLES

Moyennes et écarts-types des teneurs en éléments dans chaque parcelle à Sainte-Marthe en début de saison agricole 2019 (T1), les groupes statistiques ont été attribués pour un seuil de p-value <0.05

Élément	<i>p-value</i>	SCV pSoya	SCV pMaïs	SCV pBlé	SD3C pSoya	SD3C pMaïs	SD3C pBlé	SD2C pSoya	SD2C pMaïs
P	<i>0.10</i>	12.97 ± 1.01 a	10.88 ± 2.36 a	15.87 ± 3.26 a	12.63 ± 6.16 a	8.76 ± 0.09 a	13.57 ± 0.61 a	9.76 ± 0.79 a	12.97 ± 1.8 a
K	< 0.01	114.00 ± 4.36 bc	158.33 ± 6.11 a	107.40 ± 7.26 bc	141.00 ± 21.52 ab	112.67 ± 8.14 bc	158.33 ± 17.90 a	99.09 ± 6.26 c	127.67 ± 17.21 abc
Ca	<i>0.05</i>	3164.33 ± 80.13 ab	3238.00 ± 54.53 ab	3084.00 ± 167.14 ab	3121.00 ± 128.31 ab	3297.33 ± 62.04 ab	3150.00 ± 72.96 ab	3369.67 ± 209.16 a	3013.67 ± 129.88 b
Mg	0.04	483.00 ± 11.79 a	547.67 ± 16.62 a	515.33 ± 2.89 a	554.00 ± 61.25 a	562.67 ± 13.32 a	534.33 ± 18.77 a	481.33 ± 34.56 a	511.67 ± 45.18 a
Al	<i>0.61</i>	1035.67 ± 13.05 a	1034.33 ± 16.44 a	1015.67 ± 15.50 a	1027.00 ± 34.51 a	1044.00 ± 20.22 a	1021.33 ± 18.58 a	1040.33 ± 20.13 a	1018.33 ± 18.90 a
B	<i>0.83</i>	0.48 ± 0.08 a	0.53 ± 0.03 a	0.52 ± 0.07 a	0.45 ± 0.07 a	0.49 ± 0.01 a	0.48 ± 0.07 a	0.50 ± 0.04 a	0.49 ± 0.06 a
Cu	<i>0.10</i>	2.47 ± 0.30 a	2.73 ± 0.43 a	2.10 ± 0.14 a	2.43 ± 0.13 a	2.82 ± 0.41 a	2.52 ± 0.31 a	2.41 ± 0.16 a	2.28 ± 0.12 a
Fe	< 0.05	181.00 ± 3.61 ab	179.67 ± 4.73 ab	188.00 ± 4.36 a	170.33 ± 6.66 b	183.00 ± 4.36 ab	180.67 ± 6.66 ab	178.67 ± 2.52 ab	178.33 ± 7.02 ab
Mn	0.01	35.63 ± 7.22 ab	42.97 ± 8.51 a	21.17 ± 3.97 b	37.17 ± 7.40 ab	36.07 ± 5.96 ab	45.40 ± 4.81 a	35.53 ± 4.19 ab	33.77 ± 1.29 b
Zn	<i>0.59</i>	2.58 ± 0.31 a	2.44 ± 0.32 a	2.59 ± 0.32 a	2.39 ± 0.67 a	2.37 ± 0.08 a	2.82 ± 0.30 a	2.27 ± 0.10 a	2.61 ± 0.20 a
Na	<i>0.06</i>	17.07 ± 1.65 a	15.07 ± 0.55 a	18.87 ± 1.80 a	18.77 ± 6.37 a	19.30 ± 1.15 a	15.93 ± 0.47 a	17.77 ± 0.91 a	14.93 ± 0.85 a
Ni	0.01	1.45 ± 0.02 ab	1.51 ± 0.01 a	1.27 ± 0.08 b	1.43 ± 0.03 ab	1.49 ± 0.09 a	1.54 ± 0.11 a	1.40 ± 0.08 ab	1.39 ± 0.09 b
Cd	<i>0.21</i>	0.11 ± 0.01 a	0.10 ± 0.01 a	0.12 ± 0.01 a	0.09 ± 0.02 a	0.10 ± 0.01 a	0.11 ± 0.00 a	0.11 ± 0.01 a	0.10 ± 0.01 a
Cr	0.04	0.20 ± 0.01 bc	0.24 ± 0.01 a	0.19 ± 0.01 c	0.24 ± 0.05 abc	0.23 ± 0.01 ab	0.22 ± 0.02 abc	0.22 ± 0.01 abc	0.21 ± 0.01 abc
Co	0.01	0.31 ± 0.03 ab	0.38 ± 0.02 a	0.24 ± 0.02 b	0.41 ± 0.10 a	0.31 ± 0.04 ab	0.39 ± 0.03 a	0.32 ± 0.01 ab	0.36 ± 0.03 ab
Pb	< 0.05	1.63 ± 0.16 a	1.29 ± 0.10 a	1.71 ± 0.21 a	1.29 ± 0.27 a	1.41 ± 0.16 a	1.35 ± 0.09 a	1.58 ± 0.13 a	1.64 ± 0.24 a

Moyennes et écarts-types des teneurs en éléments dans chaque parcelle à Montmagny en début de saison agricole 2019 T1, les groupes statistiques ont été attribués pour un seuil de p-value <0.05

Élément	<i>p-value</i>	SCV pSoya	SCV pMaïs	SCV pBlé	SD3C pSoya	SD3C pMaïs	SD3C pBlé	SD2C pSoya	SD2C pMaïs
P	0.02	69.83 ± 12.97 ab	62.43 ± 13.80 ab	43.07 ± 11.65 b	49.63 ± 2.25 ab	64.63 ± 10.14 ab	64.07 ± 7.45 ab	62.40 ± 2.33 ab	75.97 ± 9.56 a
K	< 0.01	100.40 ± 19.75 a	60.13 ± 14.26 b	62.60 ± 13.77 ab	74.77 ± 19.11 ab	51.07 ± 12.22 b	54.33 ± 10.59 b	47.77 ± 3.16 b	77.17 ± 10.23 ab
Ca	< 0.01	1249.33 ± 189.58 d	1386.33 ± 155.18 cd	1685.67 ± 149.25 abc	1598.33 ± 87.19 bcd	1837.33 ± 108.62 ab	1595.67 ± 57.49 bcd	2054.67 ± 136.43 a	1618.00 ± 153.26 bcd
Mg	0.22	86.93 ± 4.88 a	71.97 ± 10.91 a	83.20 ± 8.84 a	75.50 ± 6.24 a	82.43 ± 9.04 a	85.13 ± 10.07 a	89.53 ± 8.73 a	84.00 ± 2.81 a
Al	< 0.01	1064.67 ± 52.77 ab	1111.33 ± 77.31 a	804.33 ± 51.94 c	922.67 ± 69.57 bc	1045.33 ± 52.18 ab	1034.33 ± 11.59 ab	832.00 ± 13.23 c	942.67 ± 30.27 bc
B	< 0.01	0.30 ± 0.01 d	0.34 ± 0.04 cd	0.50 ± 0.06 ab	0.35 ± 0.01 bcd	0.58 ± 0.06 a	0.41 ± 0.04 bcd	0.57 ± 0.11 a	0.47 ± 0.04 abc
Cu	0.13	5.48 ± 0.78 a	5.03 ± 0.67 a	4.74 ± 0.43 a	4.73 ± 0.06 a	5.18 ± 0.05 a	5.72 ± 0.28 a	5.32 ± 0.20 a	5.00 ± 0.40 a
Fe	0.08	338.67 ± 37.02 a	294.33 ± 35.16 ab	308.67 ± 10.79 ab	286.33 ± 13.43 ab	293.33 ± 10.69 ab	271.33 ± 4.62 b	302.67 ± 25.11 ab	314.33 ± 23.07 ab
Mn	< 0.01	17.60 ± 7.75 b	20.80 ± 3.29 b	41.20 ± 6.86 a	23.57 ± 3.43 b	12.13 ± 3.37 b	16.17 ± 0.91 b	21.70 ± 3.98 b	25.73 ± 6.55 b
Zn	> 0.05	3.98 ± 0.59 a	3.47 ± 0.90 a	3.79 ± 0.75 a	2.57 ± 0.24 a	3.16 ± 0.14 a	2.79 ± 0.38 a	3.42 ± 0.16 a	3.66 ± 0.47 a
Na	< 0.01	13.30 ± 0.6 b	13.30 ± 1.35 b	9.84 ± 1.06 bc	12.77 ± 2.04 bc	20.23 ± 2.35 a	12.9 ± 1.00 bc	12.37 ± 2.18 bc	8.63 ± 0.59 c
Ni	< 0.01	0.57 ± 0.08 ab	0.56 ± 0.06 b	0.70 ± 0.04 a	0.46 ± 0.05 b	0.46 ± 0.03 b	0.54 ± 0.01 b	0.53 ± 0.03 b	0.51 ± 0.03 b
Cd	< 0.01	0.07 ± 0.00 b	0.09 ± 0.00 ab	0.10 ± 0.01 a	0.07 ± 0.01 b	0.09 ± 0.01 ab	0.09 ± 0.00 ab	0.1 ± 0.00 a	0.08 ± 0.01 b
Cr	0.01	0.27 ± 0.02 a	0.24 ± 0.02 abc	0.16 ± 0.01 d	0.25 ± 0.07 ab	0.27 ± 0.01 ab	0.26 ± 0.01 ab	0.19 ± 0.00 cd	0.22 ± 0.02 bcd
Co	< 0.01	0.16 ± 0.04 bc	0.16 ± 0.03 bc	0.30 ± 0.04 a	0.20 ± 0.02 bc	0.11 ± 0.01 c	0.15 ± 0.01 bc	0.19 ± 0.03 bc	0.21 ± 0.05 ab
Pb	< 0.01	2.24 ± 0.27 c	3.08 ± 0.27 a	2.93 ± 0.08 ab	2.34 ± 0.37 bc	2.91 ± 0.11 ab	2.65 ± 0.07 abc	3.04 ± 0.04 a	2.25 ± 0.22 c

ANNEXE D

ANOVA DE LA QUANTIFICATION MICROBIENNE ET DU RAPPORT BACTÉRIES/CHAMPIGNONS PAR
PARCELLE À 2019 T1

Moyennes et écart-types du nombre (U.A. g⁻¹ sol sec) de bactéries et de champignons détectés dans chaque parcelle en début de saison agricole 2019, les groupes statistiques ont été attribués pour un seuil de p-value <0.05

Parcelle	<i>Sainte-Marthe</i>						<i>Montmagny</i>					
	Bactéries			Champignons			Bactéries			Champignons		
	Moyenne	Écart-type	Groupe	Moyenne	Écart-type	Groupe	Moyenne	Écart-type	Groupe	Moyenne	Écart-type	Groupe
SCV pSoya	6.90E+9	3.19E+9	a	8.69E+7	3.25E+7	a	1.26E+10	2.46E+9	a	1.57E+8	3.77E+7	a
SCV pMaïs	7.85E+9	1.56E+9	a	6.62E+7	1.43E+7	a	9.32E+9	5.79E+8	a	8.01E+7	1.49E+7	b
SCV pBlé	7.13E+9	1.52E+9	a	8.72E+7	4.15E+7	a	1.10E+10	1.36E+9	a	9.23E+7	1.73E+7	b
SD3C pSoya	6.78E+9	2.16E+9	a	5.69E+7	2.67E+7	a	9.06E+9	8.91E+8	a	8.93E+7	7.05E+6	b
SD3C pMaïs	5.77E+9	2.63E+8	a	4.89E+7	9.04E+6	a	1.09E+10	9.24E+8	a	6.35E+7	1.52E+7	b
SD3C pBlé	8.76E+9	2.40E+9	a	9.31E+7	2.86E+7	a	9.05E+9	1.42E+9	a	7.76E+7	1.07E+7	b
SD2C pSoya	5.96E+9	4.50E+8	a	4.83E+7	3.79E+6	a	1.02E+10	2.67E+9	a	6.52E+7	1.92E+7	b
SD2C pMaïs	7.10E+9	2.08E+9	a	6.17E+7	1.55E+7	a	8.77E+9	1.86E+9	a	9.27E+7	2.37E+7	b
<i>p-value</i>			<i>0.64</i>			<i>0.20</i>			<i>0.15</i>			<i>< 0.01</i>

Moyennes et écart-types du log bactéries/champignons dans le sol de chaque parcelle en début de saison agricole 2019 T1, les groupes statistiques ont été attribués pour un seuil de p-value <0.05

Parcelle	<i>Sainte-Marthe</i>			<i>Montmagny</i>		
	Moyenne	Écart-type	Groupe	Moyenne	Écart-type	Groupe
SCV pSoya	1.89	0.17	a	1.90	0.06	b
SCV pMaïs	2.07	0.02	a	2.07	0.09	ab
SCV pBlé	1.95	0.25	a	2.08	0.08	ab
SD3C pSoya	2.10	0.11	a	2.01	0.01	b
SD3C pMaïs	2.08	0.07	a	2.24	0.11	a
SD3C pBlé	1.98	0.04	a	2.07	0.04	ab
SD2C pSoya	2.09	0.02	a	2.20	0.01	a
SD2C pMaïs	2.06	0.05	a	1.98	0.06	b
<i>p-value</i>			<i>0.31</i>			< 0.01

ANNEXE E

ANOVA DE LA RICHESSE BACTÉRIENNE ET EUCARYOTE PAR PARCELLE À 2019 T1

Moyennes et écart-types des indices de Shannon et de Chao1 pour les bactéries et les eucaryotes dans chaque parcelle en début de saison agricole 2019 T1 à Sainte-Marthe, les groupes statistiques ont été attribués pour un seuil de p-value <0.05

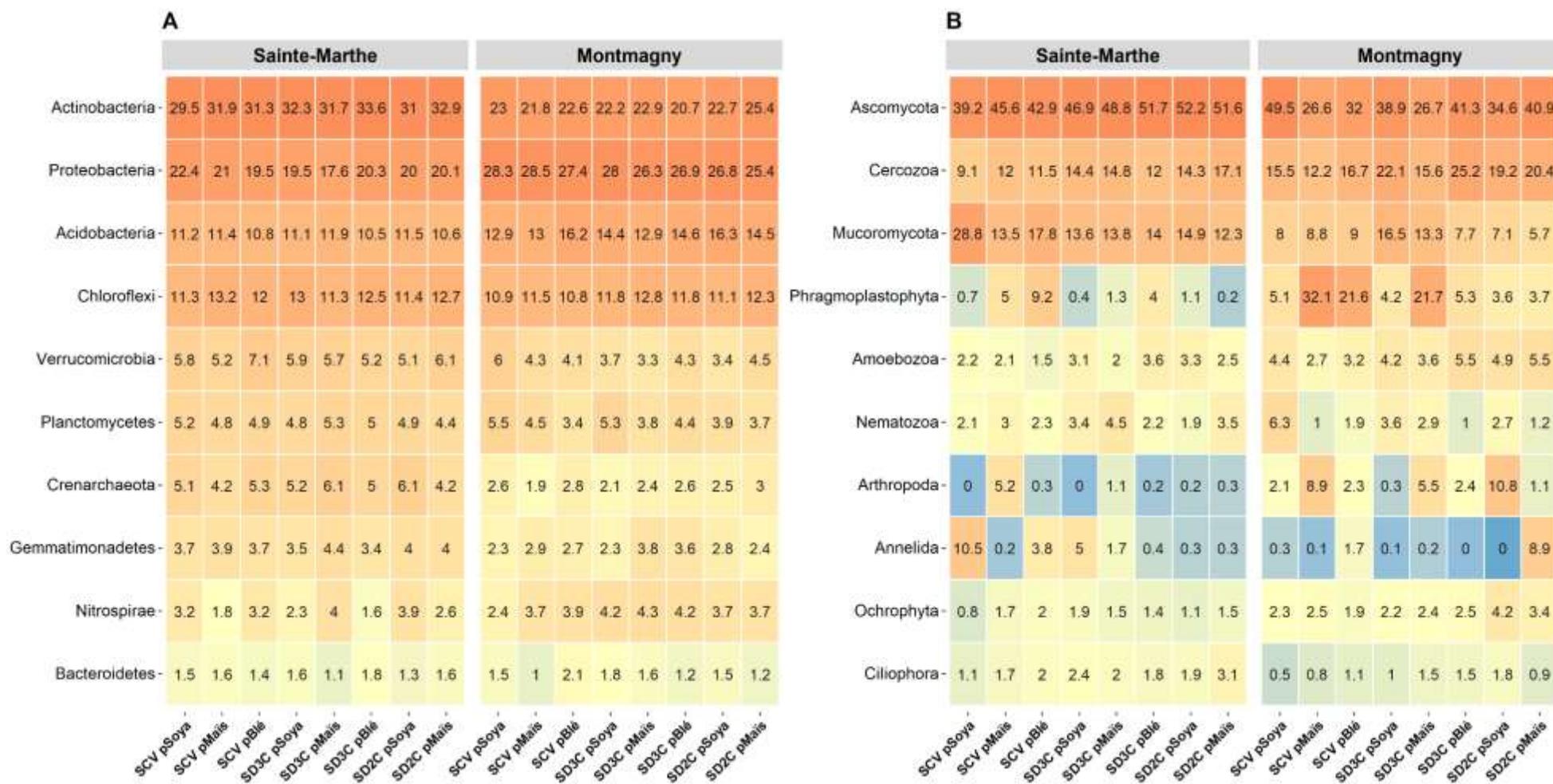
Parcelle	<i>Bactéries</i>						<i>Eucaryotes</i>					
	Indice de Shannon			Indice de Chao1			Indice de Shannon			Indice de Chao1		
	Moyenne	Écart-type	Groupe	Moyenne	Écart-type	Groupe	Moyenne	Écart-type	Groupe	Moyenne	Écart-type	Groupe
SCV pSoya	5.50	0.09	a	374.19	50.54	a	3.90	0.51	<i>b</i>	224.09	15.4	c
SCV pMaïs	5.50	0.03	a	353.78	25.57	a	4.48	0.19	<i>ab</i>	247.73	26.44	abc
SCV pBlé	5.58	0.04	a	397.51	33.06	a	4.42	0.03	<i>ab</i>	229.24	8.36	bc
SD3C pSoya	5.47	0.10	a	349.57	18.97	a	4.58	0.21	<i>a</i>	259.24	16.07	abc
SD3C pMaïs	5.50	0.03	a	368.57	7.44	a	4.67	0.13	<i>a</i>	291.90	25.54	a
SD3C pBlé	5.47	0.08	a	350.63	35.11	a	4.52	0.15	<i>a</i>	248.92	28.34	abc
SD2C pSoya	5.47	0.09	a	362.63	27.41	a	4.62	0.06	<i>a</i>	284.11	17.78	ab
SD2C pMaïs	5.53	0.06	a	374.96	26.26	a	4.62	0.03	<i>a</i>	254.36	10.88	abc
<i>p-value</i>			<i>0.55</i>			<i>0.57</i>			<i>0.01</i>			<i>< 0.01</i>

Moyennes et écart-types des indices de Shannon et Chao1 pour les bactéries et les eucaryotes dans chaque parcelle en début de saison agricole 2019 T1 à Montmagny, les groupes statistiques ont été attribués pour un seuil de p-value <0.05

Parcelle	<i>Bactéries</i>						<i>Eucaryotes</i>					
	Indice de Shannon			Indice de Chao1			Indice de Shannon			Indice de Chao1		
	Moyenne	Écart-type	Groupe	Moyenne	Écart-type	Groupe	Moyenne	Écart-type	Groupe	Moyenne	Écart-type	Groupe
SCV pSoya	5.54	0.14	a	373.78	53.61	a	4.44	0.07	a	234.73	15.61	a
SCV pMaïs	5.61	0.13	a	406.83	43.06	a	4.54	0.49	a	257.74	12.20	a
SCV pBlé	5.56	0.06	a	367.67	19.70	a	4.66	0.18	a	233.49	44.24	a
SD3C pSoya	5.64	0.03	a	403.49	10.94	a	4.44	0.22	a	247.67	13.75	a
SD3C pMaïs	5.67	0.06	a	413.91	21.05	a	4.72	0.29	a	274.36	72.37	a
SD3C pBlé	5.60	0.01	a	391.47	5.29	a	4.61	0.35	a	249.11	39.27	a
SD2C pSoya	5.64	0.01	a	403.07	8.76	a	4.73	0.49	a	270.26	57.37	a
SD2C pMaïs	5.47	0.11	a	348.17	42.91	a	4.42	0.25	a	249.73	18.44	a
<i>p-value</i>			<i>0.15</i>			<i>0.19</i>			<i>0.85</i>			<i>0.88</i>

ANNEXE F

COMPOSITION MICROBIENNE À 2019 T1



Abondances relatives des 10 principaux phyla bactériens (A) et eucaryotes (B) aux deux sites d'étude en début de saison agricole 2019 T1

ANNEXE G

HERBICIDES NON HBG APPLIQUÉS SUR LES PARCELLES

Nom commercial des herbicides et mélanges d'herbicides autres que des HBG appliqués dans chaque parcelle depuis le début du projet (quantité entre parenthèses)

Parcelle	2017	2018	2019
<i>Sainte-Marthe</i>			
SCV Soya	/	Liberty (7 l ha ⁻¹)	/
SCV Maïs	Classic (0.032 kg ha ⁻¹)	/	/
SCV Blé	Callisto (1.79 l ha ⁻¹)	/	Badge (1.25 l ha⁻¹)
SD3C Soya	/	/	/
SD3C Maïs	Classic (0.032 kg ha ⁻¹)	/	/
SD3C Blé	/	/	Badge (1.25 l ha⁻¹)
SD2C Soya	Classic (0.032 kg ha ⁻¹)	/	/
SD2C Maïs	/	/	/
<i>Montmagny</i>			
SCV Soya	/	Liberty (2.5 l ha ⁻¹) + Callisto (0.21 l ha ⁻¹)	Blackhawk (0.8 l ha⁻¹) + Statue (0.5 l ha⁻¹) + Merge (1 l ha⁻¹)
SCV Maïs	/	MCPA Sodium 300 (3 l ha ⁻¹)	/
SCV Blé	Liberty (2.5 l ha ⁻¹) + Callisto (1.73 l ha ⁻¹)	Liberty (2 l ha ⁻¹)	/
SD3C Soya	/	Callisto (0.21 l ha ⁻¹)	Blackhawk (1 l ha⁻¹) + Statue (0.5 l ha⁻¹) + Merge (1 l ha⁻¹)
SD3C Maïs	/	MCPA Sodium 300 (3 l ha ⁻¹)	/
SD3C Blé	/	/	/
SD2C Soya	/	Callisto (0.21 l ha ⁻¹)	Blackhawk (1 l ha⁻¹) + Statue (0.5 l ha⁻¹) + Merge (1 l ha⁻¹)
SD2C Maïs	/	/	/

ANNEXE H

ANOVA DE LA RICHESSE BACTÉRIENNE ET EUCARYOTE PAR PARCELLE À 2019 T3

Moyennes et écart-types des indices de Shannon et Chao1 pour les bactéries et les eucaryotes dans chaque parcelle en fin de saison agricole 2019 T3 à Sainte-Marthe, les groupes statistiques ont été attribués pour un seuil de p-value <0.05

Parcelle	<i>Bactéries</i>						<i>Eucaryotes</i>					
	Indice de Shannon			Indice de Chao1			Indice de Shannon			Indice de Chao1		
	Moyenne	Écart-type	Groupe	Moyenne	Écart-type	Groupe	Moyenne	Écart-type	Groupe	Moyenne	Écart-type	Groupe
SCV Soya	5.59	0.11	a	409.75	44.70	a	4.56	0.18	a	239.29	62.42	a
SD3C Soya	5.57	0.05	a	406.04	1.21	a	4.51	0.16	a	257.01	39.22	a
SD2C Soya	5.58	0.06	a	395.24	27.32	a	4.63	0.17	a	256.63	10.88	a
SCV Maïs	5.58	0.08	a	399.46	33.38	a	4.57	0.18	a	244.38	25.17	a
SD3C Maïs	5.66	0.06	a	428.30	12.38	a	4.52	0.12	a	238.29	2.030	a
SD2C Maïs	5.60	0.03	a	418.27	8.64	a	4.50	0.07	a	237.62	22.93	a
SCV Blé	5.64	0.10	a	423.56	44.11	a	4.67	0.11	a	257.53	26.91	a
SD3C Blé	5.63	0.01	a	416.53	6.49	a	4.52	0.31	a	253.94	41.73	a
<i>p-value</i>			<i>0.15</i>			<i>0.81</i>			<i>0.55</i>			<i>0.71</i>

Moyennes et écart-types des indices de Shannon et Chao1 pour les bactéries et les eucaryotes dans chaque parcelle en fin de saison agricole 2019 T3 à Montmagny, les groupes statistiques ont été attribués pour un seuil de p-value <0.05

Parcelle	<i>Bactéries</i>						<i>Eucaryotes</i>					
	Indice de Shannon			Indice de Chao1			Indice de Shannon			Indice de Chao1		
	Moyenne	Écart-type	Groupe	Moyenne	Écart-type	Groupe	Moyenne	Écart-type	Groupe	Moyenne	Écart-type	Groupe
SCV Soya	5.59	0.09	a	390.31	47.91	a	4.51	0.35	a	267.58	41.46	a
SD3C Soya	5.61	0.04	a	390.35	12.82	a	4.45	0.64	a	291.69	26.45	a
SD2C Soya	5.58	0.01	a	371.56	2.88	a	4.72	0.19	a	259.58	35.39	a
SCV Maïs	5.61	0.07	a	391.47	24.16	a	4.84	0.16	a	288.38	21.33	a
SD3C Maïs	5.54	0.02	a	368.55	16.53	a	4.70	0.09	a	278.28	28.01	a
SD2C Maïs	5.60	0.09	a	393.80	29.58	a	4.72	0.43	a	273.56	42.49	a
SCV Blé	5.54	0.06	a	358.43	26.51	a	4.69	0.19	a	243.85	43.31	a
SD3C Blé	5.39	0.21	a	314.99	55.77	a	4.62	0.18	a	266.62	17.14	a
<i>p-value</i>			<i>0.15</i>			<i>0.10</i>			<i>0.86</i>			<i>0.71</i>

ANNEXE I

PERMANOVA DES COMPOSITIONS MICROBIENNES ENTRE LES PARCELLES À 2019 T3

PERMANOVA de la composition des bactéries à Sainte-Marthe entre les parcelles en fin de saison agricole 2019 T3, l'astérisque (*) représente une différence statistiquement significative (p-value < 0.05)

Parcelle	SCV Soya		SD3C Soya		SD2C Soya		SCV Maïs		SD3C Maïs		SD2C Maïs		SCV Blé	
	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>
SD3C Soya	1.15	<i>0.21</i>	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/
SD2C Soya	1.05	<i>0.43</i>	1.39	<i>0.28</i>	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/
SCV Maïs	1.88	<i>0.10</i>	1.64	<i>0.10</i>	1.77	<i>0.10</i>	/	/	/	/	/	/	/	/
SD3C Maïs	1.09	<i>0.28</i>	2.20	<i>0.10</i>	1.89	<i>0.10</i>	2.39	<i>0.09</i>	/	/	/	/	/	/
SD2C Maïs	1.75	<i>0.08</i>	1.36	<i>0.10</i>	1.63	<i>0.11</i>	2.70	<i>0.13</i>	3.19	<i>0.12</i>	/	/	/	/
SCV Blé	1.03	<i>0.39</i>	1.23	<i>0.31</i>	1.08	<i>0.21</i>	1.59	<i>0.11</i>	1.55	<i>0.20</i>	1.59	<i>0.11</i>	/	/
SD3C Blé	1.16	<i>0.20</i>	1.95	<i>0.11</i>	1.29	<i>0.10</i>	2.48	<i>0.10</i>	1.26	<i>0.21</i>	2.62	<i>0.10</i>	1.42	<i>0.09</i>

PERMANOVA de la composition des bactéries à Montmagny entre les parcelles en fin de saison agricole 2019 T3, l'astérisque (*) représente une différence statistiquement significative (p-value < 0.05)

Parcelle	SCV Soya		SD3C Soya		SD2C Soya		SCV Maïs		SD3C Maïs		SD2C Maïs		SCV Blé	
	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>
SD3C Soya	1.80	<i>0.11</i>	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/
SD2C Soya	1.60	<i>0.09</i>	2.13	<i>0.09</i>	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/
SCV Maïs	2.04	<i>0.11</i>	2.19	<i>0.11</i>	1.95	<i>0.09</i>	/	/	/	/	/	/	/	/
SD3C Maïs	1.57	<i>0.10</i>	1.96	<i>0.09</i>	1.87	<i>0.11</i>	1.88	<i>0.11</i>	/	/	/	/	/	/
SD2C Maïs	2.28	<i>0.11</i>	1.57	<i>0.11</i>	2.52	<i>0.11</i>	2.08	<i>0.10</i>	2.27	<i>0.12</i>	/	/	/	/
SCV Blé	1.77	<i>0.11</i>	2.89	<i>0.11</i>	1.52	<i>0.09</i>	2.60	<i>0.11</i>	1.97	<i>0.10</i>	3.51	<i>0.10</i>	/	/
SD3C Blé	1.84	<i>0.10</i>	1.66	<i>0.11</i>	1.37	<i>0.08</i>	1.48	<i>0.11</i>	1.89	<i>0.09</i>	2.00	<i>0.12</i>	1.96	<i>0.08</i>

PERMANOVA de la composition des eucaryotes à Sainte-Marthe entre les parcelles en fin de saison agricole 2019 T3, l'astérisque (*) représente une différence statistiquement significative (p-value < 0.05)

Parcelle	SCV Soya		SD3C Soya		SD2C Soya		SCV Maïs		SD3C Maïs		SD2C Maïs		SCV Blé	
	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>
SD3C Soya	1.20	0.32	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/
SD2C Soya	1.29	0.10	1.57	0.10	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/
SCV Maïs	1.58	0.10	1.53	0.08	1.45	0.12	/	/	/	/	/	/	/	/
SD3C Maïs	1.43	0.10	1.68	0.11	1.58	0.10	0.98	0.41	/	/	/	/	/	/
SD2C Maïs	1.86	0.11	1.87	0.10	1.60	0.10	1.49	0.11	1.74	0.09	/	/	/	/
SCV Blé	1.59	0.11	1.98	0.08	1.56	0.09	1.77	0.10	1.98	0.10	1.79	0.11	/	/
SD3C Blé	1.36	0.19	1.51	0.19	1.01	0.64	1.63	0.11	1.61	0.10	1.59	0.10	1.26	0.19

PERMANOVA de la composition des eucaryotes à Montmagny entre les parcelles en fin de saison agricole 2019 T3, l'astérisque (*) représente une différence statistiquement significative (p-value < 0.05)

Parcelle	SCV Soya		SD3C Soya		SD2C Soya		SCV Maïs		SD3C Maïs		SD2C Maïs		SCV Blé	
	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>	F	<i>p-value</i>
SD3C Soya	0.89	<i>0.61</i>	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/
SD2C Soya	1.10	<i>0.40</i>	1.19	<i>0.11</i>	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/
SCV Maïs	1.71	<i>0.10</i>	1.39	<i>0.09</i>	1.41	<i>0.11</i>	/	/	/	/	/	/	/	/
SD3C Maïs	1.36	<i>0.09</i>	1.50	<i>0.09</i>	1.15	<i>0.51</i>	1.80	<i>0.10</i>	/	/	/	/	/	/
SD2C Maïs	1.26	<i>0.12</i>	1.45	<i>0.11</i>	1.39	<i>0.10</i>	1.46	<i>0.09</i>	1.26	<i>0.11</i>	/	/	/	/
SCV Blé	1.67	<i>0.10</i>	1.85	<i>0.10</i>	1.18	<i>0.49</i>	2.34	<i>0.10</i>	1.48	<i>0.22</i>	1.88	<i>0.09</i>	/	/
SD3C Blé	1.65	<i>0.10</i>	1.68	<i>0.12</i>	1.42	<i>0.10</i>	1.81	<i>0.09</i>	1.50	<i>0.10</i>	1.46	<i>0.10</i>	1.65	<i>0.11</i>

BIBLIOGRAPHIE

- Agriculture Canada. (2002). Famille et série de sols. Dans *Le système canadien de classification des Sols* (3 éd.). Ottawa : Presses Scientifiques du CNRC. Récupéré de https://sis.agr.gc.ca/siscan/taxa/cssc3/chpt14_a.html
- Ai, C., Zhang, S., Zhang, X., Guo, D., Zhou, W. et Huang, S. (2018). Distinct responses of soil bacterial and fungal communities to changes in fertilization regime and crop rotation. *Geoderma*, 319, 156-166. doi: 10.1016/j.geoderma.2018.01.010
- Albright, M. B. N., Runde, A., Lopez, D., Gans, J., Sevanto, S., Woolf, D. et Dunbar, J. (2020). Effects of initial microbial biomass abundance on respiration during pine litter decomposition. *PLoS One*, 15(2), e0224641. doi: 10.1371/journal.pone.0224641
- Alferness, P. L. et Iwata, Y. (1994). Determination of Glyphosate and (Aminomethyl)phosphonic Acid in Soil, Plant and Animal Matrixes, and Water by Capillary Gas Chromatography with Mass-Selective Detection. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 42(12), 2751-2759. doi: 10.1021/jf00048a020
- Allen, D. E., Singh, B. P. et Dalal, R. C. (2011). Soil Health Indicators Under Climate Change: A Review of Current Knowledge. Dans B. P. Singh, A. L. Cowie et K. Y. Chan (dir.), *Soil Health and Climate Change* (p. 25-45). Berlin : Springer. Récupéré de https://doi.org/10.1007/978-3-642-20256-8_2
- Andersen, K. S., Kirkegaard, R. H., Karst, S. M. et Albertsen, M. (2018). ampvis2: an R package to analyse and visualise 16S rRNA amplicon data. *bioRxiv*, 299537. doi: 10.1101/299537

- Anderson, M. J. (2001). A new method for non-parametric multivariate analysis of variance. *Austral Ecology*, 26(1), 32-46. doi: 10.1111/j.1442-9993.2001.01070.pp.x
- Aparicio, V. C., De Geronimo, E., Marino, D., Primost, J., Carriquiriborde, P. et Costa, J. L. (2013). Environmental fate of glyphosate and aminomethylphosphonic acid in surface waters and soil of agricultural basins. *Chemosphere*, 93(9), 1866-1873. doi: 10.1016/j.chemosphere.2013.06.041
- Apprill, A., McNally, S., Parsons, R. et Weber, L. (2015). Minor revision to V4 region SSU rRNA 806R gene primer greatly increases detection of SAR11 bacterioplankton. *Aquatic Microbial Ecology*, 75(2), 129-137. doi: 10.3354/ame01753
- Araújo, A. S. F., Monteiro, R. T. R. et Abarkeli, R. B. (2003). Effect of glyphosate on the microbial activity of two Brazilian soils. *Chemosphere*, 52(5), 799-804. doi: 10.1016/s0045-6535(03)00266-2
- Bach, E. M., Williams, R. J., Hargreaves, S. K., Yang, F. et Hofmockel, K. S. (2018). Greatest soil microbial diversity found in micro-habitats. *Soil Biology and Biochemistry*, 118, 217-226. doi: 10.1016/j.soilbio.2017.12.018
- Balota, E. L., Calegari, A., Nakatani, A. S. et Coyne, M. S. (2014). Benefits of winter cover crops and no-tillage for microbial parameters in a Brazilian Oxisol: A long-term study. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 197, 31-40. doi: 10.1016/j.agee.2014.07.010
- Balthazor, T. M. et Hallas, L. E. (1986). Glyphosate-degrading microorganisms from industrial activated sludge. *Applied and environmental microbiology*, 51(2), 432-434. doi: 10.1128/aem.51.2.432-434.1986

- Baraibar, B., Hunter, M. C., Schipanski, M. E., Hamilton, A. et Mortensen, D. A. (2017). Weed Suppression in Cover Crop Monocultures and Mixtures. *Weed Science*, 66(1), 121-133. doi: 10.1017/wsc.2017.59
- Barka, E. A., Vatsa, P., Sanchez, L., Gaveau-Vaillant, N., Jacquard, C., Meier-Kolthoff, J. P., Klenk, H. P., Clement, C., Ouhdouch, Y. et van Wezel, G. P. (2016). Taxonomy, Physiology, and Natural Products of Actinobacteria. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 80(1), 1-43. doi: 10.1128/MMBR.00019-15
- Barriuso, J. (2012). Relative Effect of Glyphosate on Glyphosate-Tolerant Maize Rhizobacterial Communities is Not Altered by Soil Properties. *Journal of Microbiology and Biotechnology*, 22(2), 159-165. doi: 10.4014/jmb.1107.07036
- Basche, A. D., Kaspar, T. C., Archontoulis, S. V., Jaynes, D. B., Sauer, T. J., Parkin, T. B. et Miguez, F. E. (2016). Soil water improvements with the long-term use of a winter rye cover crop. *Agricultural Water Management*, 172, 40-50. doi: 10.1016/j.agwat.2016.04.006
- Bates, S. T., Clemente, J. C., Flores, G. E., Walters, W. A., Parfrey, L. W., Knight, R. et Fierer, N. (2013). Global biogeography of highly diverse protistan communities in soil. *The ISME Journal*, 7(3), 652-659. doi: 10.1038/ismej.2012.147
- Battaglin, W. A., Meyer, M. T., Kuivila, K. M. et Dietze, J. E. (2014). Glyphosate and Its Degradation Product AMPA Occur Frequently and Widely in U.S. Soils, Surface Water, Groundwater, and Precipitation. *Journal of the American Water Resources Association*, 50(2), 275-290. doi: 10.1111/jawr.12159
- Baumhardt, R., Stewart, B. et Sainju, U. (2015). North American Soil Degradation: Processes, Practices, and Mitigating Strategies. *Sustainability*, 7(3), 2936-2960. doi: 10.3390/su7032936

- Benbrook, C. M. (2016). Trends in glyphosate herbicide use in the United States and globally. *Environmental Sciences Europe*, 28(1), 3. doi: 10.1186/s12302-016-0070-0
- Benbrook, C. M. (2019). How did the US EPA and IARC reach diametrically opposed conclusions on the genotoxicity of glyphosate-based herbicides? *Environmental Sciences Europe*, 31(1). doi: 10.1186/s12302-018-0184-7
- Bogunovic, I., Pereira, P., Kistic, I., Sajko, K. et Sraka, M. (2018). Tillage management impacts on soil compaction, erosion and crop yield in Stagnosols (Croatia). *Catena*, 160, 376-384. doi: 10.1016/j.catena.2017.10.009
- Bolyen, E., Rideout, J. R., Dillon, M. R., Bokulich, N. A., Abnet, C. C., Al-Ghalith, G. A., Alexander, H., Alm, E. J., Arumugam, M., Asnicar, F., Bai, Y., Bisanz, J. E., Bittinger, K., Brejnrod, A., Brislawn, C. J., Brown, C. T., Callahan, B. J., Caraballo-Rodriguez, A. M., Chase, J., Cope, E. K., Da Silva, R., Diener, C., Dorrestein, P. C., Douglas, G. M., Durall, D. M., Duvallet, C., Edwardson, C. F., Ernst, M., Estaki, M., Fouquier, J., Gauglitz, J. M., Gibbons, S. M., Gibson, D. L., Gonzalez, A., Gorlick, K., Guo, J., Hillmann, B., Holmes, S., Holste, H., Huttenhower, C., Huttley, G. A., Janssen, S., Jarmusch, A. K., Jiang, L., Kaehler, B. D., Kang, K. B., Keefe, C. R., Keim, P., Kelley, S. T., Knights, D., Koester, I., Kosciulek, T., Kreps, J., Langille, M. G. I., Lee, J., Ley, R., Liu, Y. X., Loftfield, E., Lozupone, C., Maher, M., Marotz, C., Martin, B. D., McDonald, D., McIver, L. J., Melnik, A. V., Metcalf, J. L., Morgan, S. C., Morton, J. T., Naimey, A. T., Navas-Molina, J. A., Nothias, L. F., Orchanian, S. B., Pearson, T., Peoples, S. L., Petras, D., Preuss, M. L., Pruesse, E., Rasmussen, L. B., Rivers, A., Robeson, M. S., 2nd, Rosenthal, P., Segata, N., Shaffer, M., Shiffer, A., Sinha, R., Song, S. J., Spear, J. R., Swafford, A. D., Thompson, L. R., Torres, P. J., Trinh, P., Tripathi, A., Turnbaugh, P. J., Ul-Hasan, S., van der Hooft, J. J. J., Vargas, F., Vazquez-Baeza, Y., Vogtmann, E., von Hippel, M., Walters, W., Wan, Y., Wang, M., Warren, J., Weber, K. C., Williamson, C. H. D., Willis, A. D., Xu, Z. Z., Zaneveld, J. R., Zhang, Y., Zhu, Q., Knight, R. et Caporaso, J. G. (2019). Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. *Nature Biotechnology*, 37(8), 852-857. doi: 10.1038/s41587-019-0209-9

- Borggaard, O. K. et Gimsing, A. L. (2008). Fate of glyphosate in soil and the possibility of leaching to ground and surface waters: a review. *Pest Management Science*, 64(4), 441-456. doi: 10.1002/ps.1512
- Bowles, T. M., Mooshammer, M., Socolar, Y., Calderón, F., Cavigelli, M. A., Culman, S. W., Deen, W., Drury, C. F., Garcia y Garcia, A., Gaudin, A. C. M., Harkcom, W. S., Lehman, R. M., Osborne, S. L., Robertson, G. P., Salerno, J., Schmer, M. R., Strock, J. et Grandy, A. S. (2020). Long-Term Evidence Shows that Crop-Rotation Diversification Increases Agricultural Resilience to Adverse Growing Conditions in North America. *One Earth*, 2(3), 284-293. doi: 10.1016/j.oneear.2020.02.007
- Broder, M. W. et Wagner, G. H. (1988). Microbial Colonization and Decomposition of Corn, Wheat, and Soybean Residue. *Soil Science Society of America Journal*, 52(1), 112-117. doi: 10.2136/sssaj1988.03615995005200010020x
- Bureau international des poids et mesures. (2019). *Le Système international d'unités, The International System of Units* (9 éd.). Sèvres : BIPM. Récupéré de <https://www.bipm.org/en/publications/si-brochure>
- Callahan, B. J., McMurdie, P. J., Rosen, M. J., Han, A. W., Johnson, A. J. et Holmes, S. P. (2016). DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature Methods*, 13(7). doi: 10.1038/nmeth.3869
- Cardoso, E. J. B. N., Vasconcellos, R. L. F., Bini, D., Miyauchi, M. Y. H., dos Santos, C. A., Alves, P. R. L., de Paula, A. M., Nakatani, A. S., Pereira, J. d. M. et Nogueira, M. A. (2013). Soil health: looking for suitable indicators. What should be considered to assess the effects of use and management on soil health? *Scientia Agricola*, 70(4), 274-289. doi: 10.1590/S0103-90162013000400009
- Carlisle, S. M. et Trevors, J. T. (1988). Glyphosate in the environment. *Water, Air, and Soil Pollution*, 39(3), 409-420. doi: 10.1007/BF00279485

- Carpentier, A., Fadhuile, A., Roignant, M., Blanck, M., Reboud, X., Jacquet, F. et HUYGHE, C. (2020). *Alternatives au glyphosate en grandes cultures. Evaluation économique*. INRAE. Récupéré de <https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-02496282>
- Cassigneul, A., Alletto, L., Benoit, P., Bergheaud, V., Etievant, V., Dumény, V., Le Gac, A. L., Chuette, D., Rumpel, C. et Justes, E. (2015). Nature and decomposition degree of cover crops influence pesticide sorption: quantification and modelling. *Chemosphere*, 119, 1007-1014. doi: 10.1016/j.chemosphere.2014.08.082
- Cassigneul, A., Benoit, P., Bergheaud, V., Dumény, V., Etievant, V., Goubard, Y., Maylin, A., Justes, E. et Alletto, L. (2016). Fate of glyphosate and degradates in cover crop residues and underlying soil: A laboratory study. *Science of the Total Environment*, 545-546, 582-590. doi: 10.1016/j.scitotenv.2015.12.052
- Cavalier-Smith, T. et Chao, E. E. (2003). Phylogeny and classification of phylum Cercozoa (Protozoa). *Protist*, 154(3-4), 341-358. doi: 10.1078/143446103322454112
- Cercioglu, M., Anderson, S. H., Udawatta, R. P. et Haruna, S. I. (2018). Effects of cover crop and biofuel crop management on computed tomography-measured pore parameters. *Geoderma*, 319, 80-88. doi: 10.1016/j.geoderma.2018.01.005
- Chamberlain, L. A., Bolton, M. L., Cox, M. S., Suen, G., Conley, S. P. et Ané, J.-M. (2020). Crop rotation, but not cover crops, influenced soil bacterial community composition in a corn-soybean system in southern Wisconsin. *Applied Soil Ecology*, 154. doi: 10.1016/j.apsoil.2020.103603
- Cherni, A. E., Trabelsi, D., Chebil, S., Barhoumi, F., Rodríguez-Llorente, I. D. et Zribi, K. (2015). Effect of Glyphosate on Enzymatic Activities, Rhizobiaceae and Total Bacterial Communities in an Agricultural Tunisian Soil. *Water, Air, & Soil Pollution*, 226(5). doi: 10.1007/s11270-014-2263-8

- Comeau, A. M., Li, W. K. W., Tremblay, J.-É., Carmack, E. C. et Lovejoy, C. (2011). Arctic Ocean Microbial Community Structure before and after the 2007 Record Sea Ice Minimum. *PLoS one*, 6(11), e27492-e27492. doi: 10.1371/journal.pone.0027492
- Cuhra, M., Bøhn, T. et Cuhra, P. (2016). Glyphosate: Too Much of a Good Thing? *Frontiers in Environmental Science*, 4(28). doi: 10.3389/fenvs.2016.00028
- Daryanto, S., Fu, B., Wang, L., Jacinthe, P.-A. et Zhao, W. (2018). Quantitative synthesis on the ecosystem services of cover crops. *Earth-Science Reviews*, 185, 357-373. doi: 10.1016/j.earscirev.2018.06.013
- De Boer, W., Folman, L. B., Summerbell, R. C. et Boddy, L. (2005). Living in a fungal world: impact of fungi on soil bacterial niche development. *FEMS Microbiology Reviews*, 29(4), 795-811. doi: 10.1016/j.femsre.2004.11.005
- De Mendiburu, F. et Simon, R. (2015). Agricolae - Ten years of an open source statistical tool for experiments in breeding, agriculture and biology. *PeerJ PrePrints*, 3:e1404v1401. doi: 10.7287/peerj.preprints.1404v1
- DeSantis, T. Z., Hugenholtz, P., Larsen, N., Rojas, M., Brodie, E. L., Keller, K., Huber, T., Dalevi, D., Hu, P. et Andersen, G. L. (2006). Greengenes, a chimera-checked 16S rRNA gene database and workbench compatible with ARB. *Applied and Environmental Microbiology*, 72(7), 5069-5072. doi: 10.1128/AEM.03006-05
- Deyrup, C. L., Chang, S. M., Weintraub, R. A. et Moye, H. A. (1985). Simultaneous esterification and acylation of pesticides for analysis by gas chromatography. 1. Derivatization of glyphosate and (aminomethyl)phosphonic acid with fluorinated alcohols-perfluorinated anhydrides. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 33(5), 944-947. doi: 10.1021/jf00065a042

- Dill, G. M., Cajacob, C. A. et Padgett, S. R. (2008). Glyphosate-resistant crops: adoption, use and future considerations. *Pest Management Science*, 64(4), 326-331. doi: 10.1002/ps.1501
- Ding, G., Novak, J. M., Amarasiriwardena, D., Hunt, P. G. et Xing, B. (2002). Soil Organic Matter Characteristics as Affected by Tillage Management. *Soil Science Society of America Journal*, 66(2), 421-429. doi: 10.2136/sssaj2002.4210
- Dollinger, J., Dagès, C. et Voltz, M. (2015). Glyphosate sorption to soils and sediments predicted by pedotransfer functions. *Environmental Chemistry Letters*, 13(3), 293-307. doi: 10.1007/s10311-015-0515-5
- Dorn, B., Jossi, W., van der Heijden, M. G. A. et Zwerger, P. (2015). Weed suppression by cover crops: comparative on-farm experiments under integrated and organic conservation tillage. *Weed Research*, 55(6), 586-597. doi: 10.1111/wre.12175
- Doublet, J., Mamy, L. et Barriuso, E. (2009). Delayed degradation in soil of foliar herbicides glyphosate and sulcotrione previously absorbed by plants: consequences on herbicide fate and risk assessment. *Chemosphere*, 77(4), 582-589. doi: 10.1016/j.chemosphere.2009.06.044
- Duke, S. O. et Powles, S. B. (2008). Glyphosate: a once-in-a-century herbicide. *Pest Management Science*, 64(4), 319-325. doi: 10.1002/ps.1518
- Eisenhauer, N., Lanoue, A., Strecker, T., Scheu, S., Steinauer, K., Thakur, M. P. et Mommer, L. (2017). Root biomass and exudates link plant diversity with soil bacterial and fungal biomass. *Scientific Reports*, 7, 44641. doi: 10.1038/srep44641

- Emerson, J. B., Keady, P. B., Brewer, T. E., Clements, N., Morgan, E. E., Awerbuch, J., Miller, S. L. et Fierer, N. (2015). Impacts of Flood Damage on Airborne Bacteria and Fungi in Homes after the 2013 Colorado Front Range Flood. *Environmental Science & Technology*, 49(5), 2675-2684. doi: 10.1021/es503845j
- Ermakova, I. T., Shushkova, T. V., Sviridov, A. V., Zelenkova, N. F., Vinokurova, N. G., Baskunov, B. P. et Leontievsky, A. A. (2017). Organophosphonates utilization by soil strains of *Ochrobactrum anthropi* and *Achromobacter* sp. *Archives of Microbiology*, 199(5), 665-675. doi: 10.1007/s00203-017-1343-8
- Fan, J., Yang, G., Zhao, H., Shi, G., Geng, Y., Hou, T. et Tao, K. (2012). Isolation, identification and characterization of a glyphosate-degrading bacterium, *Bacillus cereus* CB4, from soil. *The Journal of general and applied microbiology*, 58(4), 263-271. doi: 10.2323/jgam.58.263
- Fierer, N. (2017). Embracing the unknown: disentangling the complexities of the soil microbiome. *Nature Reviews Microbiology*, 15(10), 579-590. doi: 10.1038/nrmicro.2017.87
- Fierer, N., Bradford, M. A. et Jackson, R. B. (2007). Toward an ecological classification of soil bacteria. *Ecology*, 88(6), 1354-1364. doi: 10.1890/05-1839
- Fierer, N., Jackson, J. A., Vilgalys, R. et Jackson, R. B. (2005). Assessment of Soil Microbial Community Structure by Use of Taxon-Specific Quantitative PCR Assays. *Applied and Environmental Microbiology*, 71(7), 4117-4120. doi: 10.1128/aem.71.7.4117-4120.2005
- Finney, D. M., Buyer, J. S. et Kaye, J. P. (2017). Living cover crops have immediate impacts on soil microbial community structure and function. *Journal of Soil and Water Conservation*, 72(4), 361-373. doi: 10.2489/jswc.72.4.361

- Funke, T., Healy-Fried, M. L., Han, H., Alberg, D. G., Bartlett, P. A. et Schönbrunn, E. (2007). Differential Inhibition of Class I and Class II 5-Enolpyruvylshikimate-3-phosphate Synthases by Tetrahedral Reaction Intermediate Analogues. *Biochemistry*, 46(46), 13344-13351. doi: 10.1021/bi701095u
- Gabriel, J. L., Muñoz-Carpena, R. et Quemada, M. (2012). The role of cover crops in irrigated systems: Water balance, nitrate leaching and soil mineral nitrogen accumulation. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 155, 50-61. doi: 10.1016/j.agee.2012.03.021
- Gagnon, B., Pouleur, S., Lafond, J., Parent, G. et Pageau, D. (2019). Agronomic and Economic Benefits of Rotating Corn with Soybean and Spring Wheat under Different Tillage in Eastern Canada. *Agronomy Journal*, 111(6), 3109-3118. doi: 10.2134/agronj2018.10.0653
- Gao, W., Whalley, W. R., Tian, Z., Liu, J. et Ren, T. (2016). A simple model to predict soil penetrometer resistance as a function of density, drying and depth in the field. *Soil and Tillage Research*, 155, 190-198. doi: 10.1016/j.still.2015.08.004
- Gaudin, A. C. M., Janovicek, K., Deen, B. et Hooker, D. C. (2015). Wheat improves nitrogen use efficiency of maize and soybean-based cropping systems. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 210, 1-10. doi: 10.1016/j.agee.2015.04.034
- Gee, G. W. et Bauder, J. W. (1986). Particle-size Analysis. Dans Klute, A. (dir.), *Methods of Soil Analysis, Part 1. Physical and Mineralogical Methods* (p. 383-411). Madison : American Society of Agronomy-Soil Science Society of America. Récupéré de <https://access.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2136/sssabookser5.1.2ed.c15>

- Giroux, I. (2019). *Présence de pesticides dans l'eau au Québec : Portrait et tendances dans les zones de maïs et de soya – 2015 à 2017*. Québec : Ministère de l'Environnement et de la Lutte contre les changements climatiques. Récupéré de https://www.environnement.gouv.qc.ca/pesticides/mais_soya/portrait2015-2017/index.htm
- Gomes, M. P., Smedbol, E., Chalifour, A., Henault-Ethier, L., Labrecque, M., Lepage, L., Lucotte, M. et Juneau, P. (2014). Alteration of plant physiology by glyphosate and its by-product aminomethylphosphonic acid: an overview. *Journal of Experimental Botany*, 65(17), 4691-4703. doi: 10.1093/jxb/eru269
- Gomez, E., Ferreras, L., Lovotti, L. et Fernandez, E. (2009). Impact of glyphosate application on microbial biomass and metabolic activity in a Vertic Argiudoll from Argentina. *European Journal of Soil Biology*, 45(2), 163-167. doi: 10.1016/j.ejsobi.2008.10.001
- Grandcoin, A., Piel, S. et Baures, E. (2017). AminoMethylPhosphonic acid (AMPA) in natural waters: Its sources, behavior and environmental fate. *Water Research*, 117, 187-197. doi: 10.1016/j.watres.2017.03.055
- Guijarro, K. H., Aparicio, V., De Geronimo, E., Castellote, M., Figuerola, E. L., Costa, J. L. et Erijman, L. (2018). Soil microbial communities and glyphosate decay in soils with different herbicide application history. *Science of The Total Environment*, 634, 974-982. doi: 10.1016/j.scitotenv.2018.03.393
- Guillou, L., Bachar, D., Audic, S., Bass, D., Berney, C., Bittner, L., Boutte, C., Burgaud, G., de Vargas, C., Decelle, J., Del Campo, J., Dolan, J. R., Dunthorn, M., Edvardsen, B., Holzmann, M., Kooistra, W. H., Lara, E., Le Bescot, N., Logares, R., Mahe, F., Massana, R., Montresor, M., Morard, R., Not, F., Pawlowski, J., Probert, I., Sauvadet, A. L., Siano, R., Stoeck, T., Vaultot, D., Zimmermann, P. et Christen, R. (2013). The Protist Ribosomal Reference database (PR2): a catalog of unicellular eukaryote small sub-unit rRNA sequences with curated taxonomy. *Nucleic Acids Research*, 41(Database issue), D597-604. doi: 10.1093/nar/gks1160

- Han, G.-y., Lang, J., Sun, Y., Wang, Y.-y., Zhu, Y.-y. et Lu, B.-r. (2016). Intercropping of rice varieties increases the efficiency of blast control through reduced disease occurrence and variability. *Journal of Integrative Agriculture*, 15(4), 795-802. doi: 10.1016/s2095-3119(15)61055-3
- Haney, R. L., Senseman, S. A. et Hons, F. M. (2002). Effect of Roundup Ultra on Microbial Activity and Biomass from Selected Soils. *Journal of Environmental Quality*, 31(3). doi: 10.2134/jeq2002.7300
- Hartwig, N. L. et Ammon, H. U. (2002). Cover crops and living mulches. *Weed Science*, 50(6), 688-699. doi: 10.1614/0043-1745(2002)050[0688:AIACCA]2.0.CO;2
- Haruna, S. I., Anderson, S. H., Nkongolo, N. V. et Zaibon, S. (2018). Soil Hydraulic Properties: Influence of Tillage and Cover Crops. *Pedosphere*, 28(3), 430-442. doi: 10.1016/s1002-0160(17)60387-4
- Heap, I. (2021, 18 avril 2021). *The International Herbicide-Resistant Weed Database*. Récupéré de www.weedscience.org
- Heap, I. et Duke, S. O. (2018). Overview of glyphosate-resistant weeds worldwide. *Pest Management Science*, 74(5), 1040-1049. doi: 10.1002/ps.4760
- Hobbs, P. R., Sayre, K. et Gupta, R. (2008). The role of conservation agriculture in sustainable agriculture. *Philosophical Transactions B of the Royal Society Biological Sciences*, 363(1491), 543-555. doi: 10.1098/rstb.2007.2169
- Imfeld, G. et Vuilleumier, S. (2012). Measuring the effects of pesticides on bacterial communities in soil: A critical review. *European Journal of Soil Biology*, 49, 22-30. doi: 10.1016/j.ejsobi.2011.11.010

- Imparato, V., Santos, S. S., Johansen, A., Geisen, S. et Winding, A. (2016). Stimulation of bacteria and protists in rhizosphere of glyphosate-treated barley. *Applied Soil Ecology*, 98, 47-55. doi: 10.1016/j.apsoil.2015.09.007
- ISAAA. (2019). *Global Status of Commercialized Biotech/GM Crops in 2019: Biotech Crops drive Socio-economic development and Sustainable environment in the new frontier. ISAAA Brief No. 55*. Ithaca : ISAAA. Récupéré de <https://www.isaaa.org/resources/publications/briefs/55/>
- Janssen, P. H. (2006). Identifying the dominant soil bacterial taxa in libraries of 16S rRNA and 16S rRNA genes. *Applied and Environmental Microbiology*, 72(3), 1719-1728. doi: 10.1128/AEM.72.3.1719-1728.2006
- Jeanne, T., Parent, S. E. et Hogue, R. (2019). Using a soil bacterial species balance index to estimate potato crop productivity. *PLoS One*, 14(3), e0214089. doi: 10.1371/journal.pone.0214089
- Jiménez-Bueno, N. G., Valenzuela-Encinas, C., Marsch, R., Ortiz-Gutierrez, D., Verhulst, N., Govaerts, B., Dendooven, L. et Navarro-Noya, Y. E. (2016). Bacterial indicator taxa in soils under different long-term agricultural management. *Journal of Applied Microbiology*, 120(4), 921-933. doi: 10.1111/jam.13072
- Jones, R. T., Robeson, M. S., Lauber, C. L., Hamady, M., Knight, R. et Fierer, N. (2009). A comprehensive survey of soil acidobacterial diversity using pyrosequencing and clone library analyses. *The ISME Journal*, 3(4), 442-453. doi: 10.1038/ismej.2008.127
- Kallenbach, C. M., Frey, S. D. et Grandy, A. S. (2016). Direct evidence for microbial-derived soil organic matter formation and its ecophysiological controls. *Nature Communications*, 7, 13630. doi: 10.1038/ncomms13630

- Karlen, D. L., Hurley, E. G., Andrews, S. S., Cambardella, C. A., Meek, D. W., Duffy, M. D. et Mallarino, A. P. (2006). Crop Rotation Effects on Soil Quality at Three Northern Corn/Soybean Belt Locations. *Agronomy Journal*, 98(3), 484-495. doi: 10.2134/agronj2005.0098
- Kaspar, T. C. et Singer, J. W. (2011). The Use of Cover Crops to Manage Soil. Dans J. L. Hatfield et T. J. Sauer (dir.), *Soil Management: Building a Stable Base for Agriculture* (p. 321-337). Récupéré de <https://access.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2136/2011.soilmanagement.c21>
- Kassam, A., Friedrich, T. et Derpsch, R. (2018). Global spread of Conservation Agriculture. *International Journal of Environmental Studies*, 76(1), 29-51. doi: 10.1080/00207233.2018.1494927
- Kibblewhite, M. G., Ritz, K. et Swift, M. J. (2008). Soil health in agricultural systems. *Philosophical Transactions B of the Royal Society Biological Sciences*, 363(1492), 685-701. doi: 10.1098/rstb.2007.2178
- Kielak, A. M., Barreto, C. C., Kowalchuk, G. A., van Veen, J. A. et Kuramae, E. E. (2016). The Ecology of Acidobacteria: Moving beyond Genes and Genomes. *Frontiers in Microbiology*, 7, 744. doi: 10.3389/fmicb.2016.00744
- Kim, N., Zabaloy, M. C., Guan, K. et Villamil, M. B. (2020). Do cover crops benefit soil microbiome? A meta-analysis of current research. *Soil Biology and Biochemistry*, 142. doi: 10.1016/j.soilbio.2019.107701
- Kjær, J., Olsen, P., Ullum, M. et Grant, R. (2005). Leaching of Glyphosate and Amino-Methylphosphonic Acid from Danish Agricultural Field Sites. *Journal of Environmental Quality*, 34(2), 608-620. doi: 10.2134/jeq2005.0608
- Kladivko, E. J. (2001). Tillage systems and soil ecology. *Soil and Tillage Research*, 61(1), 61-76. doi: 10.1016/S0167-1987(01)00179-9

- Kleber, M. (2010). What is recalcitrant soil organic matter? *Environmental Chemistry*, 7(4). doi: 10.1071/en10006
- Kolakowski, B. M., Miller, L., Murray, A., Leclair, A., Bietlot, H. et van de Riet, J. M. (2020). Analysis of Glyphosate Residues in Foods from the Canadian Retail Markets between 2015 and 2017. *Journal of Agriculture and Food Chemistry*, 68(18), 5201-5211. doi: 10.1021/acs.jafc.9b07819
- Kuske, C. R., Sinsabaugh, R. L., Gallegos-Graves, L. V., Albright, M. B. N., Mueller, R. et Dunbar, J. (2019). Simple measurements in a complex system: soil community responses to nitrogen amendment in a *Pinus taeda* forest. *Ecosphere*, 10(4), e02687. doi: 10.1002/ecs2.2687
- la Cecilia, D. et Maggi, F. (2018). Analysis of glyphosate degradation in a soil microcosm. *Environmental Pollution*, 233, 201-207. doi: 10.1016/j.envpol.2017.10.017
- Lancaster, S. H., Hollister, E. B., Senseman, S. A. et Gentry, T. J. (2010). Effects of repeated glyphosate applications on soil microbial community composition and the mineralization of glyphosate. *Pest Manag Sci*, 66(1), 59-64. doi: 10.1002/ps.1831
- Lane, M., Lorenz, N., Saxena, J., Ramsier, C. et Dick, R. P. (2012). Microbial activity, community structure and potassium dynamics in rhizosphere soil of soybean plants treated with glyphosate. *Pedobiologia*, 55(3), 153-159. doi: 10.1016/j.pedobi.2011.12.005
- Lange, M., Habekost, M., Eisenhauer, N., Roscher, C., Bessler, H., Engels, C., Oelmann, Y., Scheu, S., Wilcke, W., Schulze, E. D. et Gleixner, G. (2014). Biotic and abiotic properties mediating plant diversity effects on soil microbial communities in an experimental grassland. *PLoS One*, 9(5), e96182. doi: 10.1371/journal.pone.0096182

- Lauber, C. L., Hamady, M., Knight, R. et Fierer, N. (2009). Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale. *Applied and Environmental Microbiology*, 75(15), 5111-5120. doi: 10.1128/AEM.00335-09
- Lehman, R. M., Acosta-Martinez, V., Buyer, J. S., Cambardella, C. A., Collins, H. P., Ducey, T. F., Halvorson, J. J., Jin, V. L., Johnson, J. M. F., Kremer, R. J., Lundgren, J. G., Manter, D. K., Maul, J. E., Smith, J. L. et Stott, D. E. (2015). Soil biology for resilient, healthy soil. *Journal of Soil and Water Conservation*, 70(1), 12A-18A. doi: 10.2489/jswc.70.1.12A
- Lehmann, J., Bossio, D. A., Kogel-Knabner, I. et Rillig, M. C. (2020a). The concept and future prospects of soil health. *Nature Reviews Earth & Environment*, 1(10), 544-553. doi: 10.1038/s43017-020-0080-8
- Lehmann, J., Hansek, C. M., Kaiser, C., Kleber, M., Maher, K., Manzoni, S., Nunan, N., Reichstein, M., Schimel, J. P., Torn, M. S., Wieder, W. R. et Kögel-Knabner, I. (2020b). Persistence of soil organic carbon caused by functional complexity. *Nature Geoscience*, 13(8), 529-534. doi: 10.1038/s41561-020-0612-3
- Lehmann, J. et Kleber, M. (2015). The contentious nature of soil organic matter. *Nature*, 528(7580), 60-68. doi: 10.1038/nature16069
- Lewin, G. R., Carlos, C., Chevrette, M. G., Horn, H. A., McDonald, B. R., Stankey, R. J., Fox, B. G. et Currie, C. R. (2016). Evolution and Ecology of Actinobacteria and Their Bioenergy Applications. *Annual Review of Microbiology*, 70, 235-254. doi: 10.1146/annurev-micro-102215-095748
- Li, C., Li, X., Kong, W., Wu, Y. et Wang, J. (2009). Effect of monoculture soybean on soil microbial community in the Northeast China. *Plant and Soil*, 330(1-2), 423-433. doi: 10.1007/s11104-009-0216-6

- Li, D., Li, Z., Zhao, B. et Zhang, J. (2019). Relationship between the chemical structure of straw and composition of main microbial groups during the decomposition of wheat and maize straws as affected by soil texture. *Biology and Fertility of Soils*, 56(1), 11-24. doi: 10.1007/s00374-019-01397-0
- Liu, H., Pan, F., Han, X., Song, F., Zhang, Z., Yan, J. et Xu, Y. (2019). Response of Soil Fungal Community Structure to Long-Term Continuous Soybean Cropping. *Frontiers in Microbiology*, 9, 3316. doi: 10.3389/fmicb.2018.03316
- Liu, J., Yao, Q., Li, Y., Zhang, W., Mi, G., Chen, X., Yu, Z. et Wang, G. (2019). Continuous cropping of soybean alters the bulk and rhizospheric soil fungal communities in a Mollisol of Northeast PR China. *Land Degradation & Development*, 30(14), 1725-1738. doi: 10.1002/ldr.3378
- Lo, C.-C. (2010). Effect of pesticides on soil microbial community. *Journal of Environmental Science and Health, Part B*, 45(5), 348-359. doi: 10.1080/03601231003799804
- Locke, M. A., Zablutowicz, R. M. et Reddy, K. N. (2008). Integrating soil conservation practices and glyphosate-resistant crops: impacts on soil. *Pest Management Science*, 64(4), 457-469. doi: 10.1002/ps.1549
- Love, M. I., Huber, W. et Anders, S. (2014). Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2. *Genome Biology*, 15(12), 550. doi: 10.1186/s13059-014-0550-8
- Lugtenberg, B. et Kamilova, F. (2009). Plant-Growth-Promoting Rhizobacteria. *Annual Review of Microbiology*, 63(1), 541-556. doi: 10.1146/annurev.micro.62.081307.162918

- Lupi, L., Bedmar, F., Puricelli, M., Marino, D., Aparicio, V. C., Wunderlin, D. et Miglioranza, K. S. B. (2019). Glyphosate runoff and its occurrence in rainwater and subsurface soil in the nearby area of agricultural fields in Argentina. *Chemosphere*, 225, 906-914. doi: 10.1016/j.chemosphere.2019.03.090
- Lupwayi, N. Z., Lafond, G. P., Ziadi, N. et Grant, C. A. (2012). Soil microbial response to nitrogen fertilizer and tillage in barley and corn. *Soil and Tillage Research*, 118, 139-146. doi: 10.1016/j.still.2011.11.006
- Maccario, S. (2020). *Risque de persistance et impact sur les fonctions du sol des herbicides à base de glyphosate en grandes cultures de maïs et soya* (Thèse de doctorat). Université du Québec à Montréal. Récupéré de <https://archipel.uqam.ca/14195/>
- Mamy, L., Barriuso, E. et Gabrielle, B. (2016). Glyphosate fate in soils when arriving in plant residues. *Chemosphere*, 154, 425-433. doi: 10.1016/j.chemosphere.2016.03.104
- Manici, L. M., Caputo, F., Nicoletti, F., Leteo, F. et Campanelli, G. (2018). The impact of legume and cereal cover crops on rhizosphere microbial communities of subsequent vegetable crops for contrasting crop decline. *Biological Control*, 120, 17-25. doi: 10.1016/j.biocontrol.2016.11.003
- MAPAQ. (2011, 2 juin 2020). *Info-Sols*. Récupéré le 14 janvier 2021 de <http://www.info-sols.ca/>
- Martinez, D. A., Loening, U. E. et Graham, M. C. (2018). Impacts of glyphosate-based herbicides on disease resistance and health of crops: a review. *Environmental Sciences Europe*, 30(1), 2. doi: 10.1186/s12302-018-0131-7
- McAuliffe, K. S., Hallas, L. E. et Kulpa, C. F. (1990). Glyphosate degradation by *Agrobacterium radiobacter* isolated from activated sludge. *Journal of Industrial Microbiology*, 6(3), 219-221. doi: 10.1007/bf01577701

- McDaniel, M. D., Tiemann, L. K. et Grandy, A. S. (2014). Does agricultural crop diversity enhance soil microbial biomass and organic matter dynamics? A meta-analysis. *Ecological Applications*, 24(3), 560-570. doi: 10.1890/13-0616.1
- McMurdie, P. J. et Holmes, S. (2013). phyloseq: an R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data. *PLoS One*, 8(4), e61217. doi: 10.1371/journal.pone.0061217
- Mehlich, A. (1984). Mehlich 3 soil test extractant: A modification of Mehlich 2 extractant. *Communications in Soil Science and Plant Analysis*, 15(12), 1409-1416. doi: 10.1080/00103628409367568
- Ménard, O. (2014). *La santé des sols*. MAPAQ. Récupéré de https://www.agrireseau.net/legumeschamp/documents/la_sante_des_sols.pdf
- Ministère de l'Environnement et de la Lutte contre les Changements Climatiques. (2020). *Bilan des ventes de pesticides au Québec - Année 2018*. Québec : Gouvernement du Québec. Récupéré de <https://www.environnement.gouv.qc.ca/pesticides/bilan/bilan-ventes-pesticides-2018.pdf>
- Ministère de l'Agriculture des Pêcheries et de l'Alimentation. (2020). *Portrait diagnostique de l'industrie des grains au Québec*. Québec : Gouvernement du Québec. Récupéré de <https://www.mapaq.gouv.qc.ca/fr/Publications/Monographiegrain.pdf>
- Moebius-Clune, B. N., Moebius-Clune, D. J., Gugino, B. K., Idowu, O. J., Schindelbeck, R. R., Ristow, A. J., van Es, H. M., Thies, J. E., Shayker, H. A., McBride, M. B., Kurtz, K. S. M., Wolfe, D. W. et Abawi, G. S. (2017). *Comprehensive Assessment of Soil Health The Cornell Framework* (3.2 éd.). Geneva : Cornell University. Récupéré de <http://www.css.cornell.edu/extension/soil-health/manual.pdf>

- Morton, J. T., Marotz, C., Washburne, A., Silverman, J., Zaramela, L. S., Edlund, A., Zengler, K. et Knight, R. (2019). Establishing microbial composition measurement standards with reference frames. *Nature Communications*, *10*(1), 2719. doi: 10.1038/s41467-019-10656-5
- Muhammad, I., Wang, J., Sainju, U. M., Zhang, S., Zhao, F. et Khan, A. (2021). Cover cropping enhances soil microbial biomass and affects microbial community structure: A meta-analysis. *Geoderma*, *381*. doi: 10.1016/j.geoderma.2020.114696
- Mundt, C. C. (2002). Use of multiline cultivars and cultivar mixtures for disease management. *Annual Review of Phytopathology*, *40*, 381-410. doi: 10.1146/annurev.phyto.40.011402.113723
- Navarro-Noya, Y. E., Gómez-Acata, S., Montoya-Ciriaco, N., Rojas-Valdez, A., Suárez-Arriaga, M. C., Valenzuela-Encinas, C., Jiménez-Bueno, N., Verhulst, N., Govaerts, B. et Dendooven, L. (2013). Relative impacts of tillage, residue management and crop-rotation on soil bacterial communities in a semi-arid agroecosystem. *Soil Biology and Biochemistry*, *65*, 86-95. doi: 10.1016/j.soilbio.2013.05.009
- Newman, M. M., Hoilett, N., Lorenz, N., Dick, R. P., Liles, M. R., Ramsier, C. et Kloepper, J. W. (2016). Glyphosate effects on soil rhizosphere-associated bacterial communities. *Science of The Total Environment*, *543*(Part A), 155-160. doi: 10.1016/j.scitotenv.2015.11.008
- Nguyen, D. B., Rose, M. T., Rose, T. J. et van Zwieten, L. (2018). Effect of glyphosate and a commercial formulation on soil functionality assessed by substrate induced respiration and enzyme activity. *European Journal of Soil Biology*, *85*, 64-72. doi: 10.1016/j.ejsobi.2018.01.004

- Okada, E., Costa, J. L. et Bedmar, F. (2016). Adsorption and mobility of glyphosate in different soils under no-till and conventional tillage. *Geoderma*, 263, 78-85. doi: 10.1016/j.geoderma.2015.09.009
- Oksanen, J., Blanchet, F. G., Friendly, M., Kindt, R., Legendre, P., McGlinn, D., Minchin, P. R., O'Hara, R. B., Simpson, G. L., Solymos, P., Stevens, M. H. H., Szoecs, E. et Wagner, H. (2018). *vegan: Community Ecology Package* (version 2.5-7). Récupéré de <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>
- Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture. (2020). Towards a definition of soil health. *Soil Letters* (vol. 1, p. 2). Intergovernmental technical panel on soils. Récupéré de <http://www.fao.org/publications/card/fr/c/CB1110EN/>
- Parada, A. E., Needham, D. M. et Fuhrman, J. A. (2016). Every base matters: assessing small subunit rRNA primers for marine microbiomes with mock communities, time series and global field samples. *Environmental Microbiology*, 18(5), 1403-1414. doi: 10.1111/1462-2920.13023
- Peralta, A. L., Sun, Y., McDaniel, M. D. et Lennon, J. T. (2018). Crop rotational diversity increases disease suppressive capacity of soil microbiomes. *Ecosphere*, 9(5), e02235. doi: 10.1002/ecs2.2235
- Pérez, D. J., Okada, E., De Geronimo, E., Menone, M. L., Aparicio, V. C. et Costa, J. L. (2017). Spatial and temporal trends and flow dynamics of glyphosate and other pesticides within an agricultural watershed in Argentina. *Environmental Toxicology and Chemistry*, 36(12), 3206-3216. doi: 10.1002/etc.3897
- Primost, J. E., Marino, D. J. G., Aparicio, V. C., Costa, J. L. et Carriquiriborde, P. (2017). Glyphosate and AMPA, "pseudo-persistent" pollutants under real-world agricultural management practices in the Mesopotamic Pampas agroecosystem, Argentina. *Environmental Pollution*, 229, 771-779. doi: 10.1016/j.envpol.2017.06.006

- Quast, C., Pruesse, E., Yilmaz, P., Gerken, J., Schweer, T., Yarza, P., Peplies, J. et Glockner, F. O. (2013). The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. *Nucleic Acids Research*, 41(D1), D590-596. doi: 10.1093/nar/gks1219
- R Core Team. (2020). *R: A language and environment for statistical computing* Vienne, Autriche : R Foundation for Statistical Computing. Récupéré de <https://www.R-project.org/>
- Rampazzo, N., Rampazzo Todorovic, G., Mentler, A. et Blum, W. E. H. (2013). Adsorption of glyphosate and aminomethylphosphonic acid in soils. *International Agrophysics*, 27(2), 203-209. doi: 10.2478/v10247-012-0086-7
- Rampoldi, E. A., Hang, S. et Barriuso, E. (2011). The Fate of Glyphosate in Crop Residues. *Soil Science Society of America Journal*, 75(2), 553-559. doi: 10.2136/sssaj2010.0105
- Reddy, K. N., Rimando, A. M. et Duke, S. O. (2004). Aminomethylphosphonic acid, a metabolite of glyphosate, causes injury in glyphosate-treated, glyphosate-resistant soybean. *Journal of Agriculture and Food Chemistry*, 52(16), 5139-5143. doi: 10.1021/jf049605v
- Romdhane, S., Spor, A., Busset, H., Falchetto, L., Martin, J., Bizouard, F., Bru, D., Breuil, M. C., Philippot, L. et Cordeau, S. (2019). Cover Crop Management Practices Rather Than Composition of Cover Crop Mixtures Affect Bacterial Communities in No-Till Agroecosystems. *Frontiers in Microbiology*, 10, 1618. doi: 10.3389/fmicb.2019.01618
- Sahu, P. K., Singh, D. P., Prabha, R., Meena, K. K. et Abhilash, P. C. (2018). Connecting microbial capabilities with the soil and plant health: Options for agricultural sustainability. *Ecological Indicators*. doi: 10.1016/j.ecolind.2018.05.084

- Sapkota, T. B., Mazzoncini, M., Bàrberi, P., Antichi, D. et Silvestri, N. (2012). Fifteen years of no till increase soil organic matter, microbial biomass and arthropod diversity in cover crop-based arable cropping systems. *Agronomy for Sustainable Development*, 32(4), 853-863. doi: 10.1007/s13593-011-0079-0
- Schlatter, D. C., Yin, C., Hulbert, S., Burke, I. et Paulitz, T. (2017). Impacts of Repeated Glyphosate Use on Wheat-Associated Bacteria Are Small and Depend on Glyphosate Use History. *Applied and Environmental Microbiology*, 83(22). doi: 10.1128/AEM.01354-17
- Schmidt, R., Mitchell, J. et Scow, K. (2019). Cover cropping and no-till increase diversity and symbiotroph:saprotroph ratios of soil fungal communities. *Soil Biology and Biochemistry*, 129, 99-109. doi: 10.1016/j.soilbio.2018.11.010
- Schnürer, Y., Persson, P., Nilsson, M., Nordgren, A. et Giesler, R. (2006). Effects of Surface Sorption on Microbial Degradation of Glyphosate. *Environmental Science & Technology*, 40(13), 4145-4150. doi: 10.1021/es0523744
- Schowaneck, D. et Verstraete, W. (1990). Phosphonate utilization by bacterial cultures and enrichments from environmental samples. *Applied and environmental microbiology*, 56(4), 895-903. Récupéré de <https://aem.asm.org/content/aem/56/4/895.full.pdf>
- Séguy, L., Husson, O., Charpentier, H., Bouzinac, S., Michellon, R., Chabanne, A., Boulakia, S., Tivet, F., Naudin, K., Enjalric, F., Chabierski, S., Rakotondralambo, P., Ramaroson, I. et Rakotondramanana. (2012). *Principles, functioning and management of ecosystems cultivated under Direct seeding Mulch-based Cropping systems (DMC)* CIRAD (Ed.). Récupéré de http://open-library.cirad.fr/files/2/18_Manuel_SCV_v_eng_v_2012_04_25_finale_web_mini.pdf

- Silva, V., Montanarella, L., Jones, A., Fernandez-Ugalde, O., Mol, H. G. J., Ritsema, C. J. et Geissen, V. (2018). Distribution of glyphosate and aminomethylphosphonic acid (AMPA) in agricultural topsoils of the European Union. *Science of the Total Environment*, 621, 1352-1359. doi: 10.1016/j.scitotenv.2017.10.093
- Simonsen, L., Fomsgaard, I. S., Svensmark, B. et Spliid, N. H. (2008). Fate and availability of glyphosate and AMPA in agricultural soil. *Journal of Environmental Science and Health, Part B*, 43(5), 365-375. doi: 10.1080/03601230802062000
- Six, J., Frey, S. D., Thiet, R. K. et Batten, K. M. (2006). Bacterial and Fungal Contributions to Carbon Sequestration in Agroecosystems. *Soil Science Society of America Journal*, 70(2), 555-569. doi: 10.2136/sssaj2004.0347
- Smedbol, E., Lucotte, M., Maccario, S., Gomes, M. P., Paquet, S., Moingt, M., Mercier, L. L. C., Sobarzo, M. R. P. et Blouin, M. A. (2019). Glyphosate and Aminomethylphosphonic Acid Content in Glyphosate-Resistant Soybean Leaves, Stems, and Roots and Associated Phytotoxicity Following a Single Glyphosate-Based Herbicide Application. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 67(22), 6133-6142. doi: 10.1021/acs.jafc.9b00949
- Smith, C. J. et Osborn, A. M. (2009). Advantages and limitations of quantitative PCR (Q-PCR)-based approaches in microbial ecology. *FEMS microbiology ecology*, 67(1), 6-20. doi: 10.1111/j.1574-6941.2008.00629.x
- Sorensen, S. R., Schultz, A., Jacobsen, O. S. et Aamand, J. (2006). Sorption, desorption and mineralisation of the herbicides glyphosate and MCPA in samples from two Danish soil and subsurface profiles. *Environmental Pollution*, 141(1), 184-194. doi: 10.1016/j.envpol.2005.07.023
- Spain, A. M., Krumholz, L. R. et Elshahed, M. S. (2009). Abundance, composition, diversity and novelty of soil Proteobacteria. *The ISME Journal*, 3(8), 992-1000. doi: 10.1038/ismej.2009.43

- Sprankle, P., Meggitt, W. F. et Penner, D. (1975). Rapid Inactivation of Glyphosate in the Soil. *Weed Science*, 23(3), 224-228. Récupéré de <http://www.jstor.org/stable/4042278>
- Steinauer, K., Chatzinotas, A. et Eisenhauer, N. (2016). Root exudate cocktails: the link between plant diversity and soil microorganisms? *Ecology and Evolution*, 6(20), 7387-7396. doi: 10.1002/ece3.2454
- Struger, J., Thompson, D., Staznik, B., Martin, P., McDaniel, T. et Marvin, C. (2008). Occurrence of glyphosate in surface waters of Southern Ontario. *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology*, 80(4), 378-384. doi: 10.1007/s00128-008-9373-1
- Sviridov, A. V., Shushkova, T. V., Ermakova, I. T., Ivanova, E. V., Epiktetov, D. O. et Leontievsky, A. A. (2015). Microbial degradation of glyphosate herbicides (Review). *Applied Biochemistry and Microbiology*, 51(2), 188-195. doi: 10.1134/s0003683815020209
- Tiemann, L. K., Grandy, A. S., Atkinson, E. E., Marin-Spiotta, E. et McDaniel, M. D. (2015). Crop rotational diversity enhances belowground communities and functions in an agroecosystem. *Ecology Letters*, 18(8), 761-771. doi: 10.1111/ele.12453
- Trivedi, P., Delgado-Baquerizo, M., Anderson, I. C. et Singh, B. K. (2016). Response of Soil Properties and Microbial Communities to Agriculture: Implications for Primary Productivity and Soil Health Indicators. *Frontiers in Plant Science*, 7, 990. doi: 10.3389/fpls.2016.00990
- Trivedi, P., Leach, J. E., Tringe, S. G., Sa, T. et Singh, B. K. (2020). Plant-microbiome interactions: from community assembly to plant health. *Nature Reviews Microbiology*, 18(11), 607-621. doi: 10.1038/s41579-020-0412-1

- Unger, P. W. et Vigil, M. F. (1998). Cover crop effects on soil water relationships. *Journal of Soil and Water Conservation*, 53(3), 200-207. Récupéré de <https://www.jswconline.org/content/jswc/53/3/200.full.pdf>
- Valle, A. L., Mello, F. C. C., Alves-Balvedi, R. P., Rodrigues, L. P. et Goulart, L. R. (2018). Glyphosate detection: methods, needs and challenges. *Environmental Chemistry Letters*, 17(1), 291-317. doi: 10.1007/s10311-018-0789-5
- Van Bruggen, A. H. C., He, M. M., Shin, K., Mai, V., Jeong, K. C., Finckh, M. R. et Morris, J. G., Jr. (2018). Environmental and health effects of the herbicide glyphosate. *Science of The Total Environment*, 616-617, 255-268. doi: 10.1016/j.scitotenv.2017.10.309
- Vazquez, M. B., Moreno, M. V., Amodeo, M. R. et Bianchinotti, M. V. (2021). Effects of glyphosate on soil fungal communities: A field study. *Revista Argentina de Microbiología*. doi: 10.1016/j.ram.2020.10.005
- Venter, Z. S., Jacobs, K. et Hawkins, H.-J. (2016). The impact of crop rotation on soil microbial diversity: A meta-analysis. *Pedobiologia*, 59(4), 215-223. doi: 10.1016/j.pedobi.2016.04.001
- Vereecken, H. (2005). Mobility and leaching of glyphosate: a review. *Pest Management Science*, 61(12), 1139-1151. doi: 10.1002/ps.1122
- Verzeaux, J., Alahmad, A., Habbib, H., Nivelles, E., Roger, D., Lacoux, J., Decocq, G., Hirel, B., Catterou, M., Spicher, F., Dubois, F., Duclercq, J. et Tetu, T. (2016). Cover crops prevent the deleterious effect of nitrogen fertilisation on bacterial diversity by maintaining the carbon content of ploughed soil. *Geoderma*, 281, 49-57. doi: 10.1016/j.geoderma.2016.06.035

- Vincent-Caboud, L., Peigné, J., Casagrande, M. et Silva, E. (2017). Overview of Organic Cover Crop-Based No-Tillage Technique in Europe: Farmers' Practices and Research Challenges. *Agriculture*, 7(5). doi: 10.3390/agriculture7050042
- Wagner, R., Kogan, M. et Parada, A. M. (2003). Phytotoxic activity of root absorbed glyphosate in corn seedlings (*Zea mays* L.). *Weed Biology and Management*, 3(4), 228-232. doi: 10.1046/j.1444-6162.2003.00110.x
- Wall, L. G., Gabbarini, L. A., Ferrari, A. E., Frene, J. P., Covelli, J., Reyna, D. et Robledo, N. B. (2019). Changes of paradigms in agriculture soil microbiology and new challenges in microbial ecology. *Acta Oecologica*, 95, 68-73. doi: 10.1016/j.actao.2019.02.001
- Wickham, H. (2011). ggplot2. *Wiley Interdisciplinary Reviews: Computational Statistics*, 3(2), 180-185. doi: 10.1002/wics.147
- Widenfalk, A., Bertilsson, S., Sundh, I. et Goedkoop, W. (2008). Effects of pesticides on community composition and activity of sediment microbes--responses at various levels of microbial community organization. *Environmental Pollution*, 152(3), 576-584. doi: 10.1016/j.envpol.2007.07.003
- Xiong, W., Jousset, A., Guo, S., Karlsson, I., Zhao, Q., Wu, H., Kowalchuk, G. A., Shen, Q., Li, R. et Geisen, S. (2018). Soil protist communities form a dynamic hub in the soil microbiome. *The ISME Journal*, 12(2), 634-638. doi: 10.1038/ismej.2017.171
- Xuan, D. T., Guong, V. T., Rosling, A., Alström, S., Chai, B. et Högberg, N. (2011). Different crop rotation systems as drivers of change in soil bacterial community structure and yield of rice, *Oryza sativa*. *Biology and Fertility of Soils*, 48(2), 217-225. doi: 10.1007/s00374-011-0618-5

Zhan, H., Feng, Y., Fan, X. et Chen, S. (2018). Recent advances in glyphosate biodegradation. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 102(12), 5033-5043. doi: 10.1007/s00253-018-9035-0

Zhang, Z., Qu, Y., Li, S., Feng, K., Wang, S., Cai, W., Liang, Y., Li, H., Xu, M., Yin, H. et Deng, Y. (2017). Soil bacterial quantification approaches coupling with relative abundances reflecting the changes of taxa. *Scientific Reports*, 7(1), 4837. doi: 10.1038/s41598-017-05260-w