

7. Annexes

Annexe A : Extrapolation des biomasses totales

Tableau 20 : Résultats de la régression linéaire des biomasses totales sur base des biomasses des échantillons principaux dans les sols minéraux.

	R ²	Coefficients	p Valeur
Régression	0,87949766	/	6,5935E-06
Constante	/	0,01179969	0,93622377
Variable x	/	1,38914987	6,5935E-06

Tableau 21 : Proportion de la biomasse totale dans les différents sous-échantillons

Site	Arbre cible	Numéro	Profondeur	% Ech principal	% Résidu eau	% Résidu air	
Ba	Ch mel	2	0-10	0,6223	0,3370	0,0407	
Ba	Ch pur	4	10-20	0,7157	0,1622	0,1222	
Ba	He mel	5	10-20	0,8625	0,1077	0,0298	
Ba	He pur	8	20-30	0,9237	0,0195	0,0568	
Gr	Ch	905	0-10	0,9138	0,0457	0,0405	
Gr	Ch	910	20-30	0,7115	0,2460	0,0424	
Gr	He	560	10-20	0,8430	0,1313	0,0256	
Gr	He	572	30-40	0,6571	0,2134	0,1295	
Lr	Ch	236	10-20	0,6300	0,2004	0,1696	
Lr	Ch	870	30-40	0,6390	0,0600	0,3010	
Lr	He	828	20-30	0,6504	0,2832	0,0664	
Lr	He	875	0-10	0,4916	0,4727	0,0357	
				Moyenne	0,7217	0,1899	0,0883
				Ecart type	0,1094	0,1022	0,0615

Annexe B : Cartographie du site de Grune

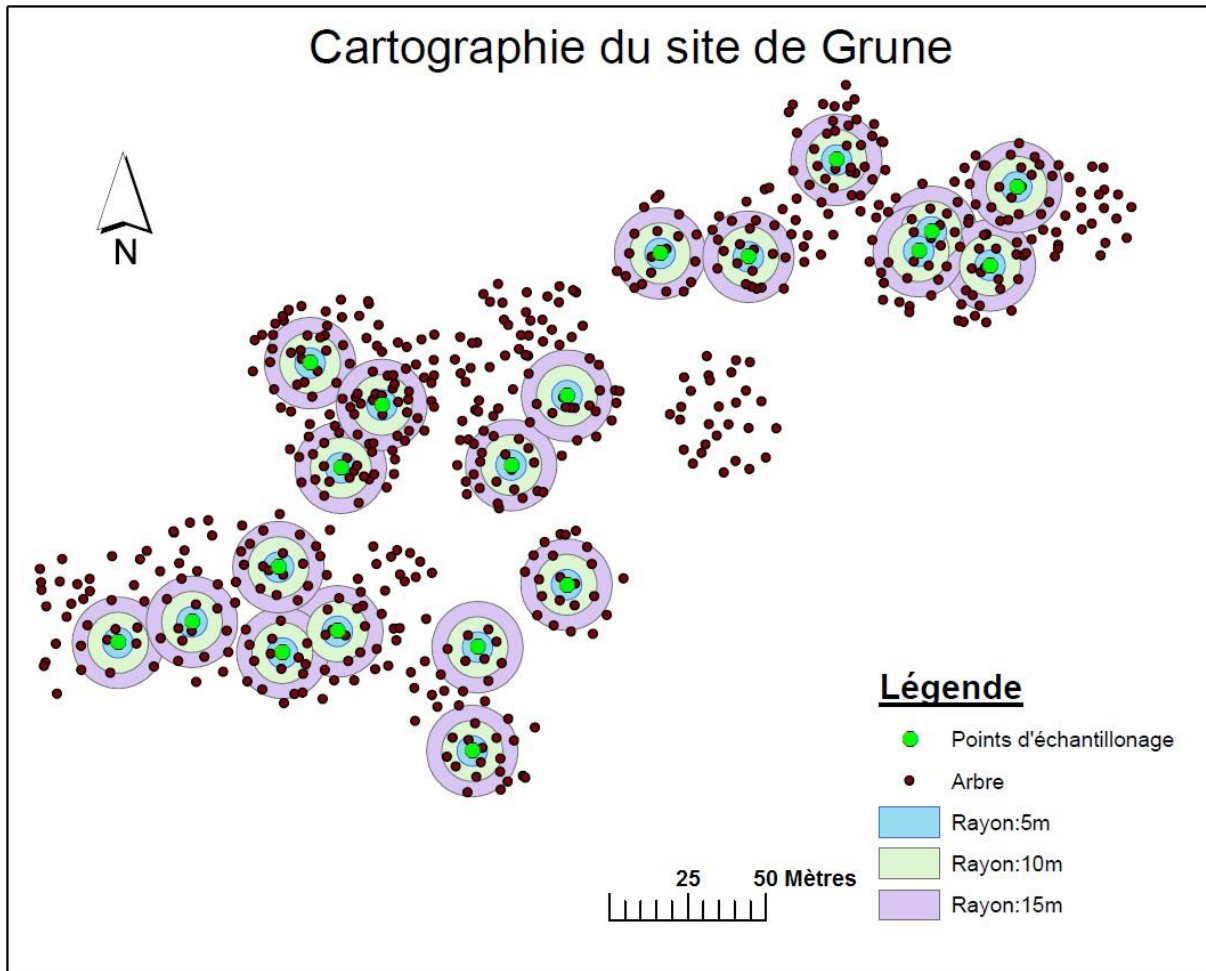


Figure 26 : Cartographie et sélection du rayon autour des points d'échantillonnage à Grune

Annexe C : Mesure de la longueur des racines

Les longueurs racinaires des échantillons sera mesurée via le logiciel d'analyse d'image ImageJ. Les images seront obtenues en scannant les échantillons au moyen d'un scanner A3 à haute définition. Etant donné la durée du processus et la charge de manipulation que représente le scannage des échantillons, il ne sera réalisé que pour 12 points d'échantillonnage, soit un échantillon d'humus, quatre échantillons des sols minéraux et les deux sous échantillons dont le prélèvement a été détaillé aux points 2.4.1 et 2.4.2, c'est-à-dire 84 échantillons en tout ($84=12* (5+2)$).

La première étape consiste à disposer les racines sur la vitre du scanner. Lors de cette étape, on élimine aussi les morceaux de racines supérieurs à 2 mm de diamètre qui seraient encore présents dans les échantillons. Les racines seront disposées parallèlement au mouvement de la lampe du scanner pour éviter l'apparition d'ombre sur les images. Les racines devront aussi être bien séparées les unes des autres. Le croisement de deux racines n'est pas dommageable pour la mesure, mais si deux segments de racines sont en contact sur une certaine longueur, le logiciel ne comptera qu'un seul segment. Une surface blanche est alors placée entre les racines et le couvercle du scanner pour obtenir un meilleur contraste.

Le scan est effectué avec une résolution de 1200 dpi (dot per inch), c'est-à-dire 1200 pixels pour 2,54 centimètres.

Les images obtenues sont ensuite traitées avec le logiciel ImageJ. Elles vont subir plusieurs opérations pour calculer la longueur de racine présente sur l'image.

- Lissage de l'image. Cette étape moyenne en quelque sorte la valeur d'un pixel par celle de ses voisins.
- Conversion de l'image couleur en image 8bit en niveaux de gris.
- Binarisation de l'image. Tous les niveaux au-delà d'un certain seuil deviennent noirs, tous ceux en deçà deviennent blancs.
- Squelettisation de l'image. Le logiciel érode chaque morceau de racine pixel par pixel jusqu'à ce que toutes les racines ne soient plus larges que d'un seul pixel.

On demande ensuite à ImageJ de renvoyer le nombre de pixels de couleur 255, soit noir. Connaissant la résolution de l'image et le nombre de centimètres par pouce, on peut calculer la longueur des racines présentes sur l'image via la formule :

$$L [\text{cm}] = (n [\text{pixels}]/1200 [\text{dpi}])*2,54$$

L'étape du lissage est nécessaire à cause de la trop haute résolution de l'image. Sans lissage, la squelettisation crée des ramifications inexistantes et le nombre de pixels est largement surestimé (figure 27).

L'étape critique du processus est le choix du seuil lors de la binarisation. En effet, des ombres apparaissent inévitablement sur l'image et si le seuil est trop élevé, elles deviennent noires et pour peu qu'il y ait un espace clair entre la racine et son ombre, celle-ci sera comptée comme une racine par la suite, surestimant ainsi la longueur totale sur l'image (figure 28). Cependant, lors des prélèvements, les racines ont été abimées et il manque l'écorce sur de nombreux fragments, qui apparaissent donc plus clair. Or si le seuil est trop bas, ces morceaux clairs ne deviennent pas noirs partout ce qui crée des ramifications inexistantes et surestime aussi le nombre de pixels (figure 29).

Le meilleur compromis est de choisir un seuil suffisamment haut pour ne pas surestimer la longueur des racines abimées et placer les racines parallèlement au mouvement de la lampe du scanner pour limiter l'apparition d'ombres.

Les résultats des régressions linéaires entre les masses et les longueurs se trouvent dans le tableau suivant. Les longueurs des racines extraites par flottaison (Résidu eau) n'ont pas pu être mesurées à cause d'une trop grande quantité de particules qui rendaient indistinguables les racines.

Tableau 22: Résultats des régressions masses-longueurs

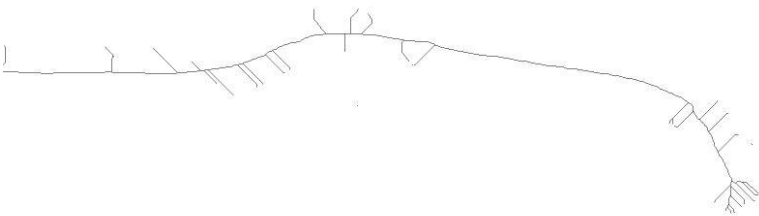
Echantillon		Humus	Echantillon principal	Résidu air	Résidu eau
X		Masse	Masse	Masse	/
Y		Longueur	Longueur	Longueur	/
R ²		0.08	0.71	0.03	/
P valeur	Constante	0.13	0.33	0.05	/
	Variable	0.34	<0.001	0.57	/



Image en couleur



Image après binarisation



Squelette sans lissage



Squelette avec lissage

Figure 27 : Etapes du traitement d'une image de racine entière.



Figure 28 :_Traitement d'une image de racine et de son ombre.
A gauche : seuil élevé (170). A droite : seuil faible (130)

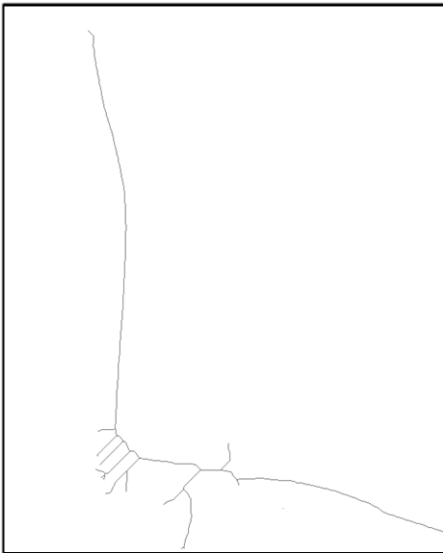
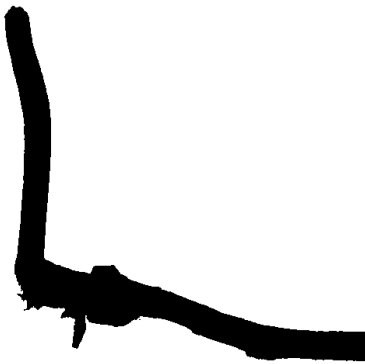


Figure 29 : Traitement d'une image de racine abimée.
A gauche : seuil élevé (170). A droite : seuil faible (130)

Annexe D : Code Matlab utilisé pour ajuster le modèle de Gale et Grigal

```
GaleGrigal.m x +
1  %% Nettoyage
2  clear all
3  clc
4  %% Importation des données
5  data=xlsread("Fichier de base.xlsx",9);
6  ref=data(20:23,8:27); % Valeurs des biomasses cumulées aux différentes profondeurs |
7  x=data(:,1); %profondeurs
8
9  y=zeros(100,100);
10
11  beta=(0.999:-0.001:0.5); %création d'un vecteur reprenant 500 valeurs de beta entre 0.5 et 0.999
12
13  R=[];
14  %% Boucles calculant la biomasse cumulée à chaque profondeur en fonction de beta
15  for j=1:500;
16  for i=1:100 ;
17
18      y(i,j)= 1-beta(j).^x(i);
19
20  end
21
22  for k=1:20;
23      %calcul de la somme des carrés des résidus pour chaque beta et chaque peuplement
24      R(j,k)=(ref(1,k)-y(5,j)).^2+(ref(2,k)-y(15,j)).^2+(ref(3,k)-y(25,j)).^2+(ref(4,k)-y(35,j)).^2;
25
26  end
27  end
28
29  %% Récupération de la plus petite SCR pour chaque peuplement et calcul du Beta correspondant
30
31  Beta0=[];
32  for l=1:20 ;
33
34      min1= min(R(:,l));
35      b=find (R(:,l)==min1);
36
37      Beta0(1,l)=b;
38      Beta0(1,l)=0.999-Beta0(1,l)*0.001+0.001;
39  end
40
41  display 'terminé';
```

Annexe E : Résultat graphique des tests de Tukey

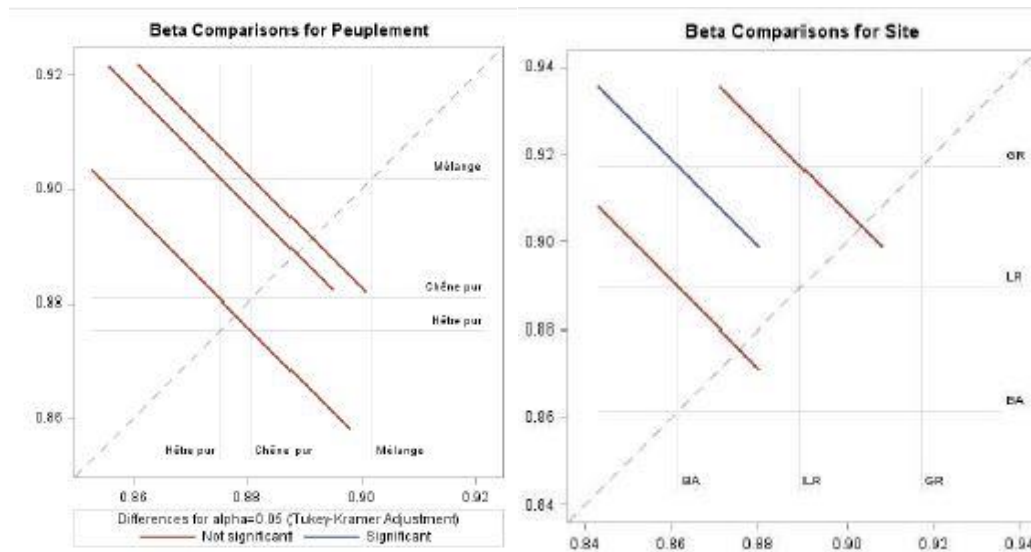


Figure 30: Résultat graphique du test de Tukey comparant les coefficients β du modèle de Gale et Grigal par peuplement et par site.

Une ligne bleue à l'endroit où les lignes grises se croisent montre une différence significative entre les deux modalités indiquées sur ces lignes, tandis qu'une rouge montre un effet non significatif.

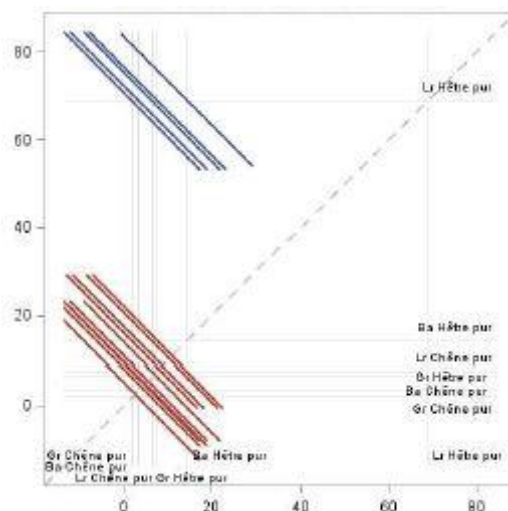


Figure 31: Résultat graphique du test de Tukey comparant les biomasses des peuplements purs dans l'humus

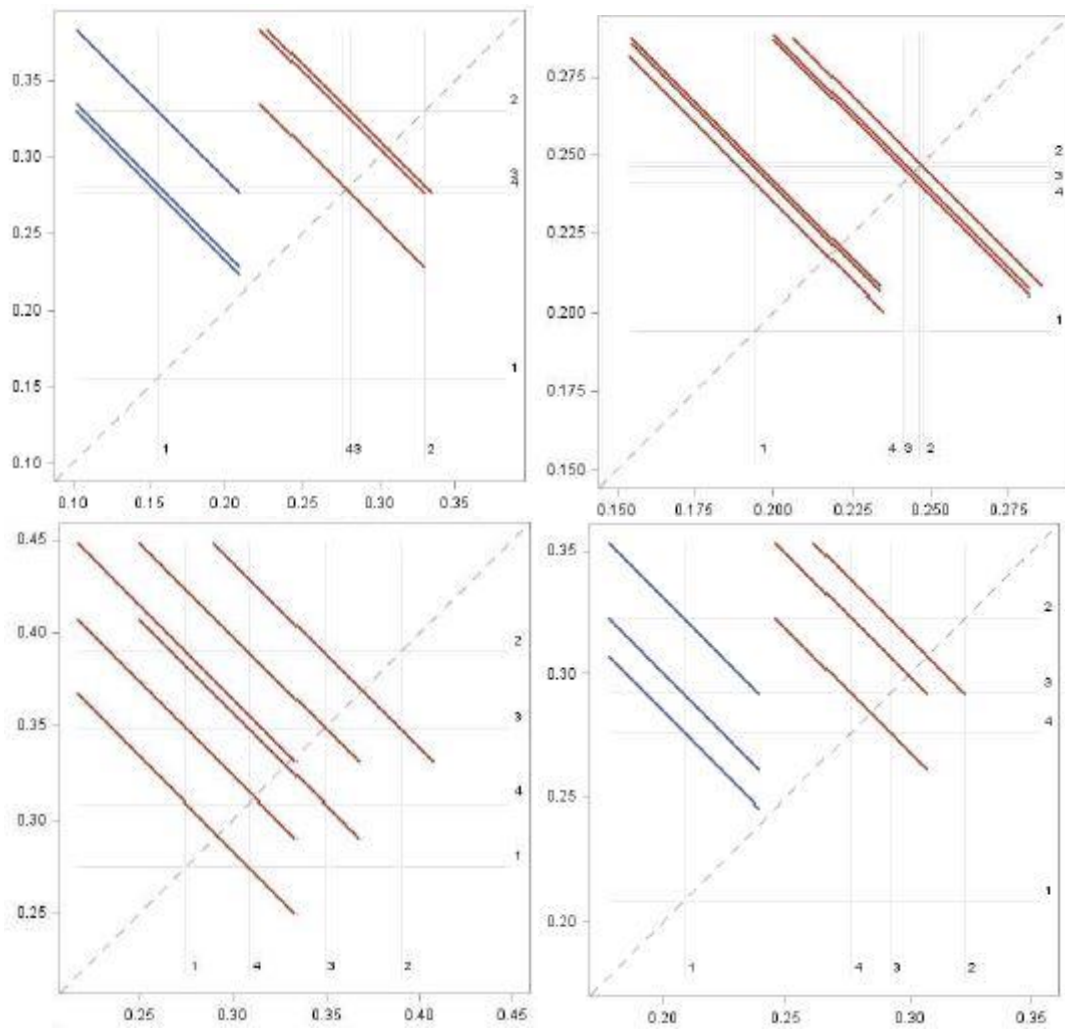


Figure 32 : Résultat graphique du test de Tukey comparant la pierrosité entre les profondeurs, respectivement de gauche à droite pour Baileux, Grune, La Roche et les 3 peuplements pris ensemble.

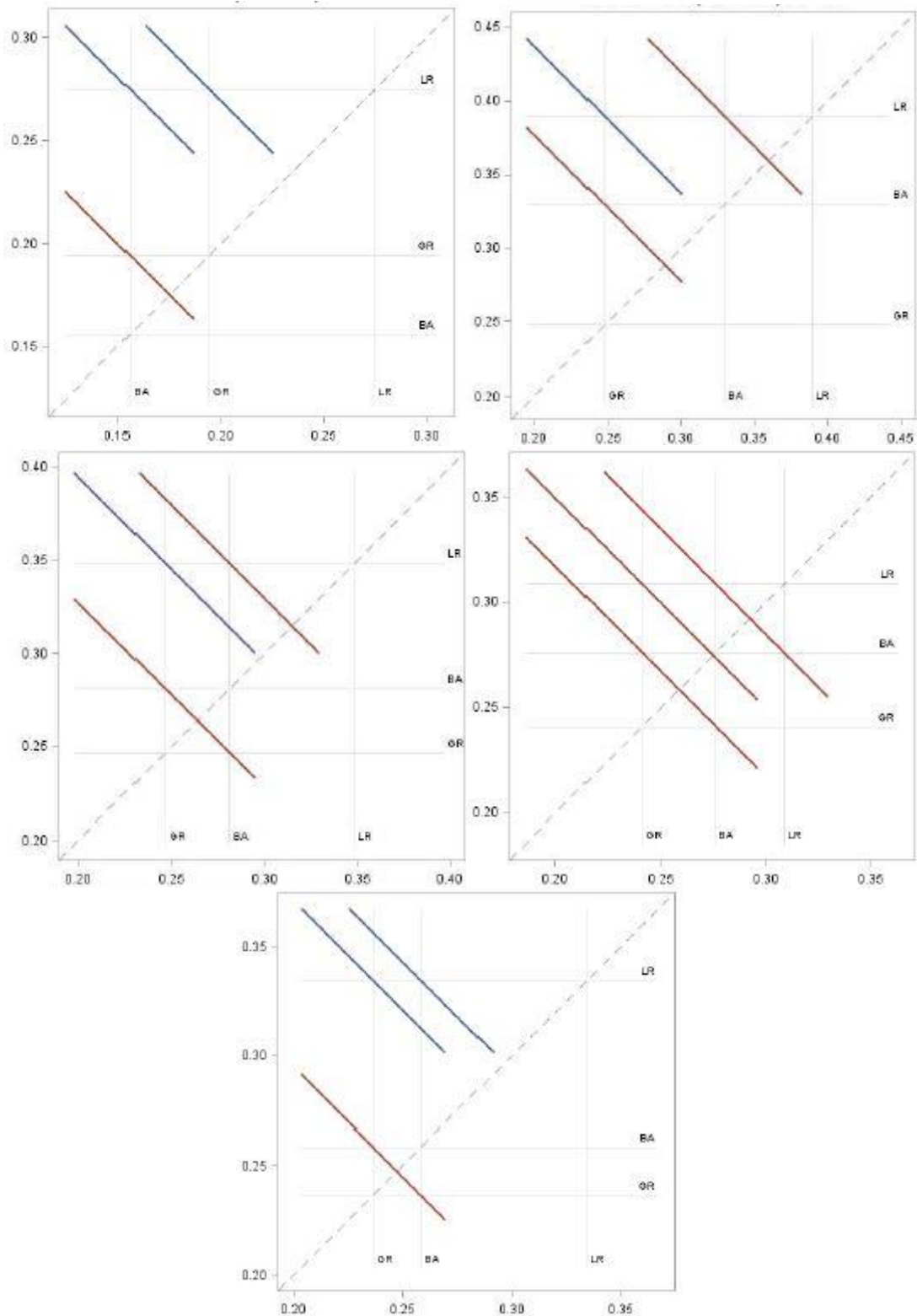


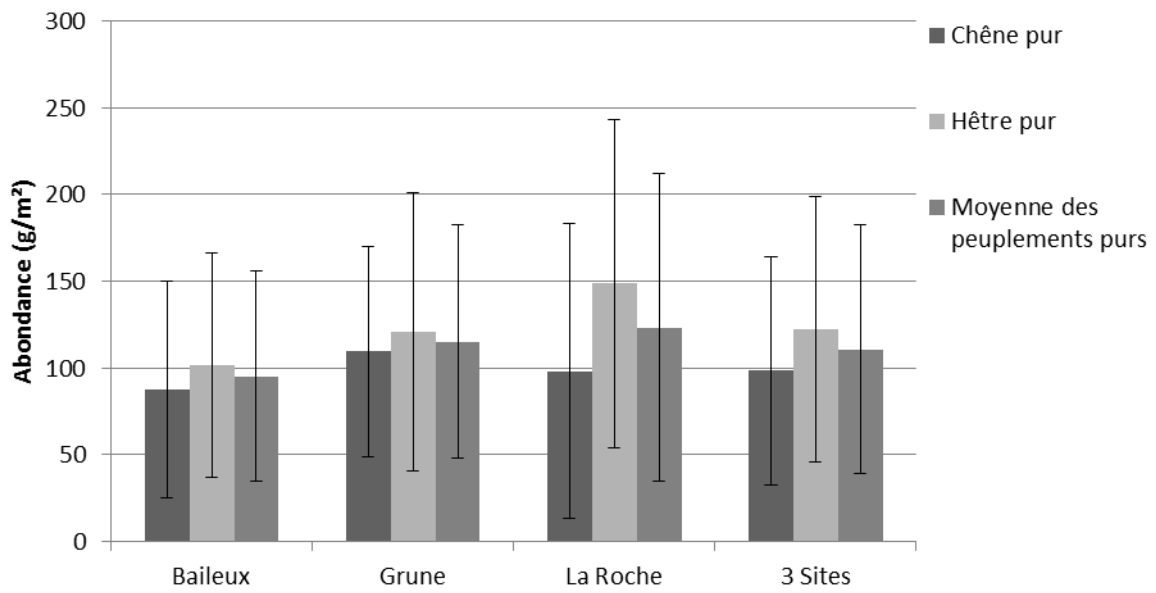
Figure 33: Résultat graphique du test de Tukey sur la pierrosité par site, respectivement de gauche à droite pour les profondeurs 0-10, 10-20, 20-30, 30-40 et 0-40

Annexe F : Résultats des modèles

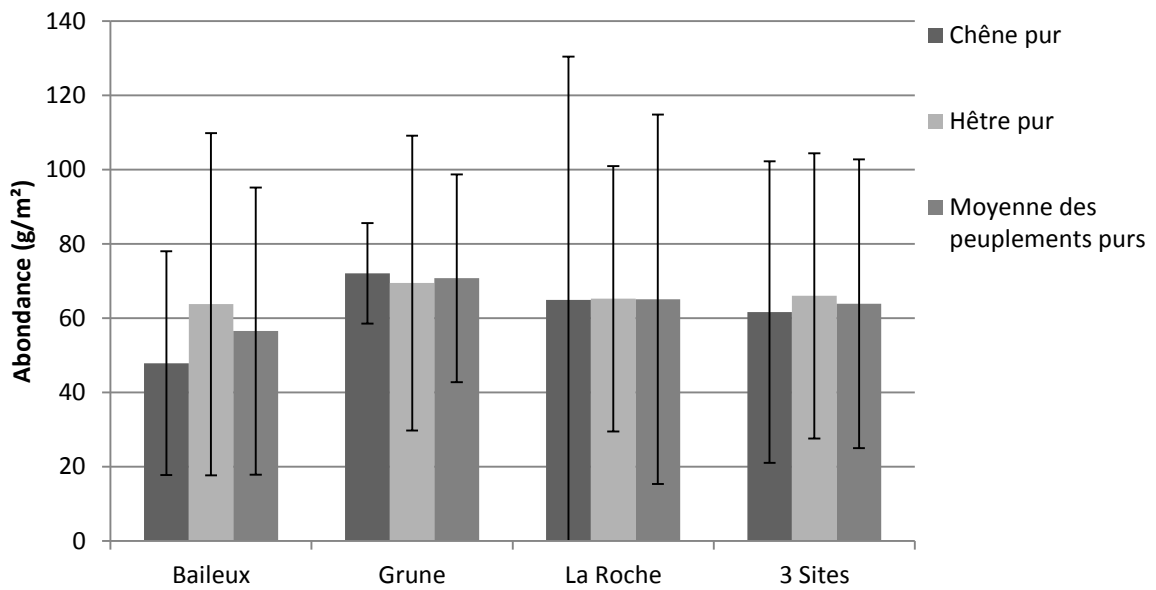
Tableau 23: Résultats de la première analyse sur l'abondance dans les peuplements purs

	Peuplement		Site	Interaction	Pierrosité	Modèle		
	p valeur	Dif ch-he	p valeur	P valeur	P valeur	R ²	p valeur	
Humus	0,0002	-61,3278	0,0001	0,0009	/	0,720014	<0,0001	
0-10	0,1764	-323,981	0,4317	0,024	0,6847	0,334709	0,1034	
10-20	0,3963	-52,2099	0,6783	0,8225	0,9468	0,07661	0,9134	
20-30	0,8497	-0,22445	0,5849	0,9076	0,2313	0,096143	0,8547	
30-40	0,074	-43,406	0,2745	0,3475	0,96	0,266347	0,2366	
0-20	0,1111	-421,461	0,8343	0,0406	0,3953	0,295366	0,17	
0-40	0,1582	-392,788	0,7197	0,1098	0,8093	0,256418	0,263	
Humus+ 0-20	0,1268	-413,525	0,8801	0,0401	0,3062	0,287941	0,1856	
Humus+ 0-40	0,1093	-459,625	0,5618	0,0889	0,6541	0,30505	0,1704	
0-40/humus	0,2443	-37,7176	0,2542	0,2489	0,2925	0,242028	0,3047	
	Peuplement		Site	Interaction	Gtot	Modèle		
	p valeur	Dif ch-he	p valeur	P valeur	P valeur	R ²	p valeur	
Humus	0,0001	-59,60604	0,0004	0,0015	0,1927	0,73951	<0,0001	
0-10	0,1898	-306,4928	0,3947	0,0425	0,8608	0,330902	0,1088	
10-20	0,3611	-49,72021	0,7272	0,8349	0,8997	0,077059	0,9122	
20-30	0,687	3,4995351	0,7892	0,6403	0,2746	0,086901	0,884	
30-40	0,0683	-42,54797	0,3573	0,4179	0,7411	0,269669	0,2282	
0-20	0,1717	-356,2133	0,6255	0,0873	0,8533	0,274427	0,2165	
0-40	0,1245	-395,2614	0,7728	0,1425	0,691	0,259566	0,2544	
Humus+ 0-20	0,2313	-335,9817	0,6398	0,0965	0,9002	0,256005	0,2642	
Humus+ 0-40	0,0835	-464,1209	0,6769	0,1196	0,6408	0,305572	0,1694	
0-40/humus	0,1629	72,758197	0,3707	0,4582	0,8791	0,206233	0,4249	
	Peuplement		Site	Interaction	Pierrosité	Gtot	Modèle	
	p valeur	Dif ch-he	p valeur	P valeur	P valeur	P valeur	R ²	p valeur
Humus	0,0001	-59,606	0,0004	0,0015	/	0,1927	0,73951	<0,0001
0-10	0,1784	-322,103	0,435	0,0463	0,6631	0,8043	0,336522	0,1672
10-20	0,3994	-52,5034	0,7344	0,8367	0,9122	0,8792	0,077557	0,9569
20-30	0,7693	3,187927	0,6123	0,7212	0,2701	0,3205	0,134924	0,8157
30-40	0,0761	-42,5743	0,3804	0,4607	0,995	0,7492	0,269671	0,3353
0-20	0,101	-426,221	0,8209	0,0663	0,3359	0,6053	0,303679	0,2403
0-40	0,157	-385,849	0,7666	0,1765	0,829	0,7062	0,2611	0,3621
Humus+ 0-20	0,1145	-418,348	0,8645	0,0673	0,2619	0,6025	0,296473	0,2588
Humus+ 0-40	0,1087	-453,892	0,6439	0,1395	0,7161	0,7	0,30983	0,2507
0-40/humus	0,2768	-29,5978	0,2628	0,3665	0,2829	0,7351	0,245876	0,4125

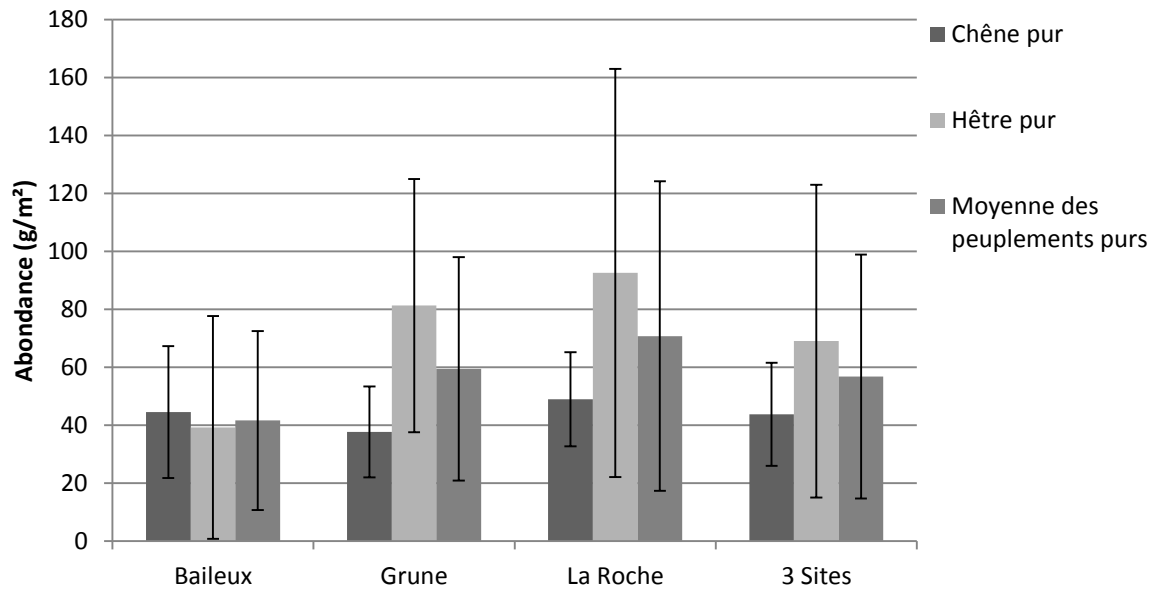
Profondeur 10-20



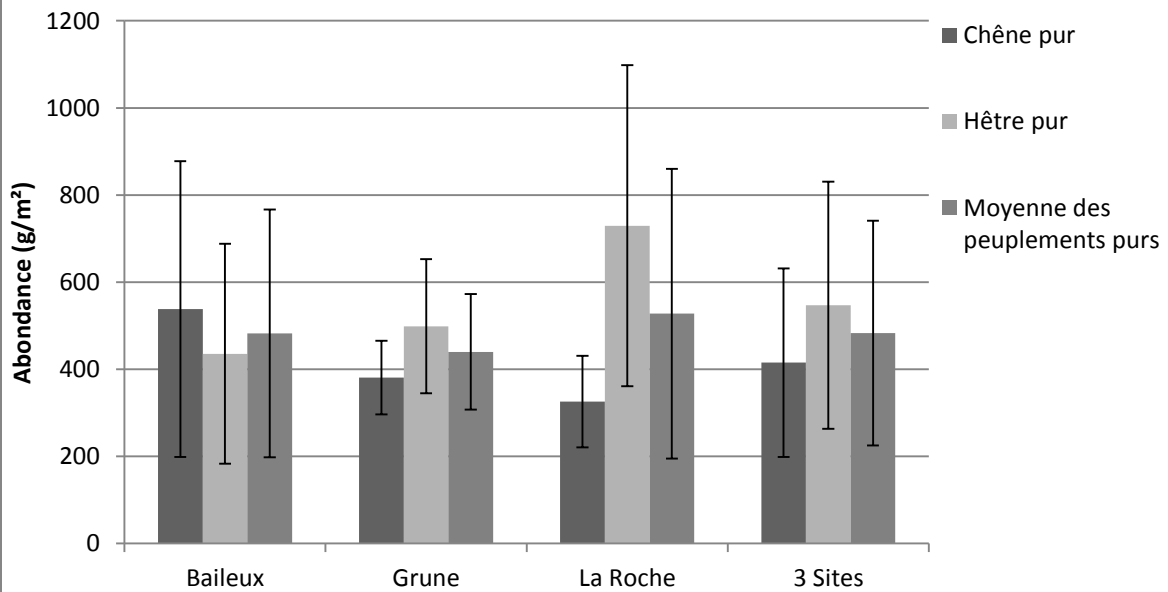
Profondeur 20-30

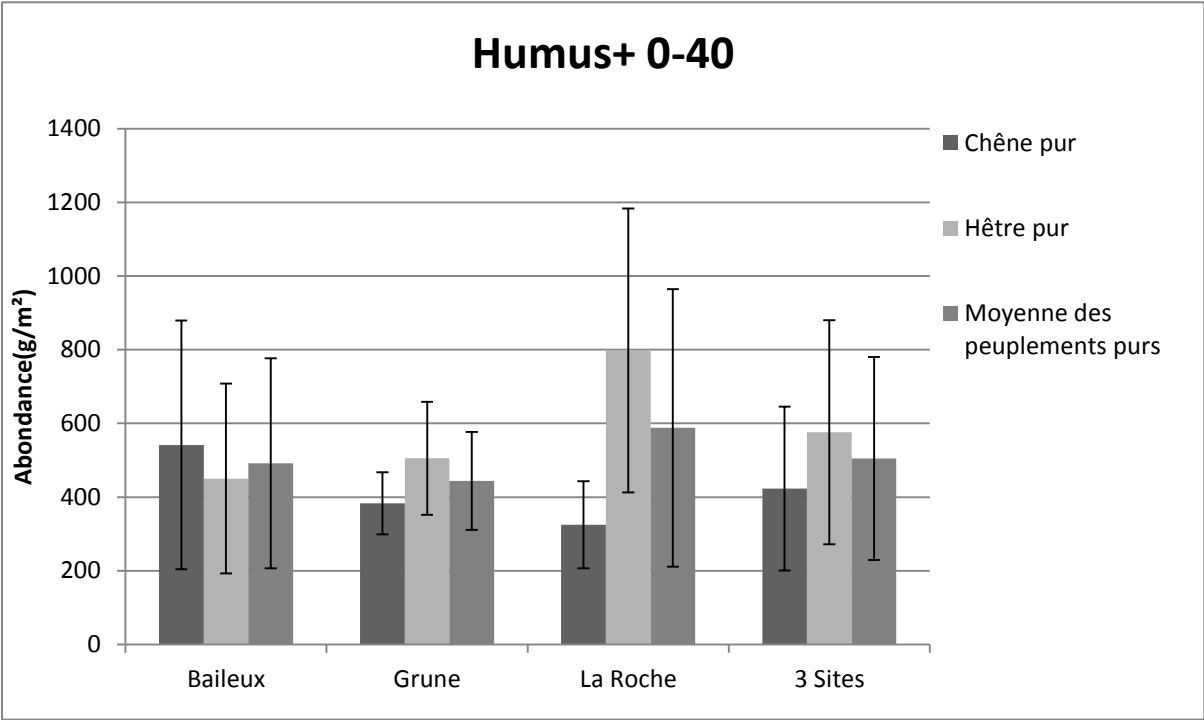
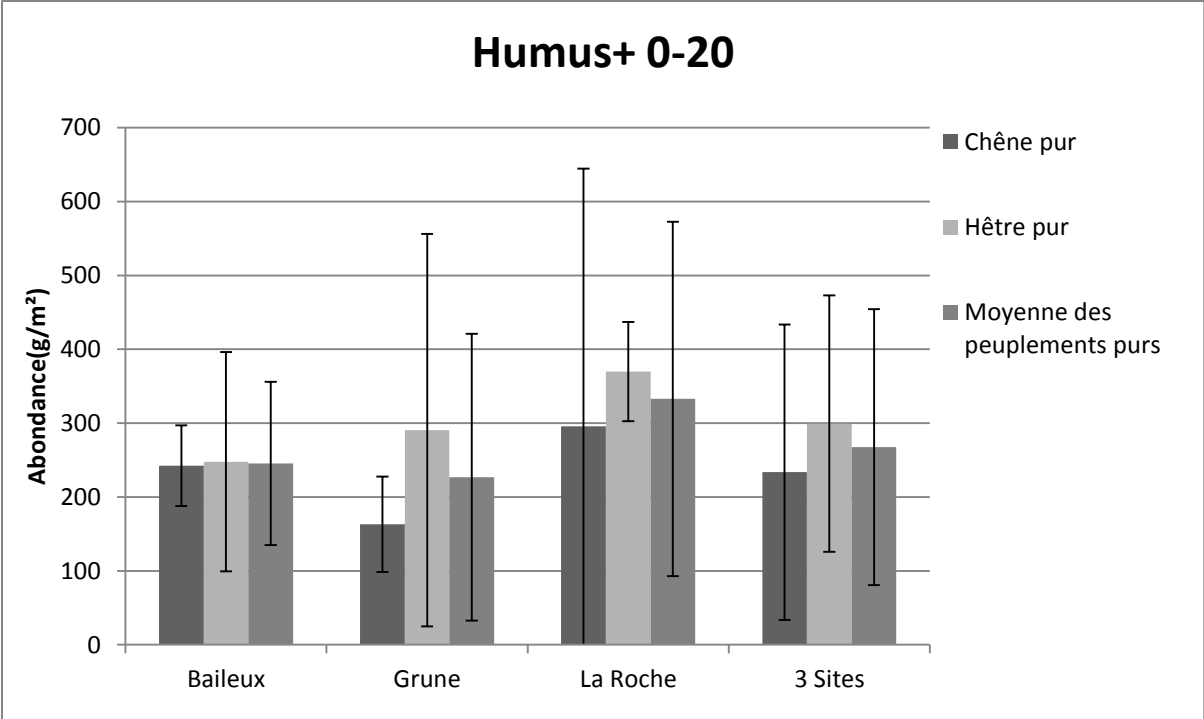


Profondeur 30-40



Profondeur 0-40





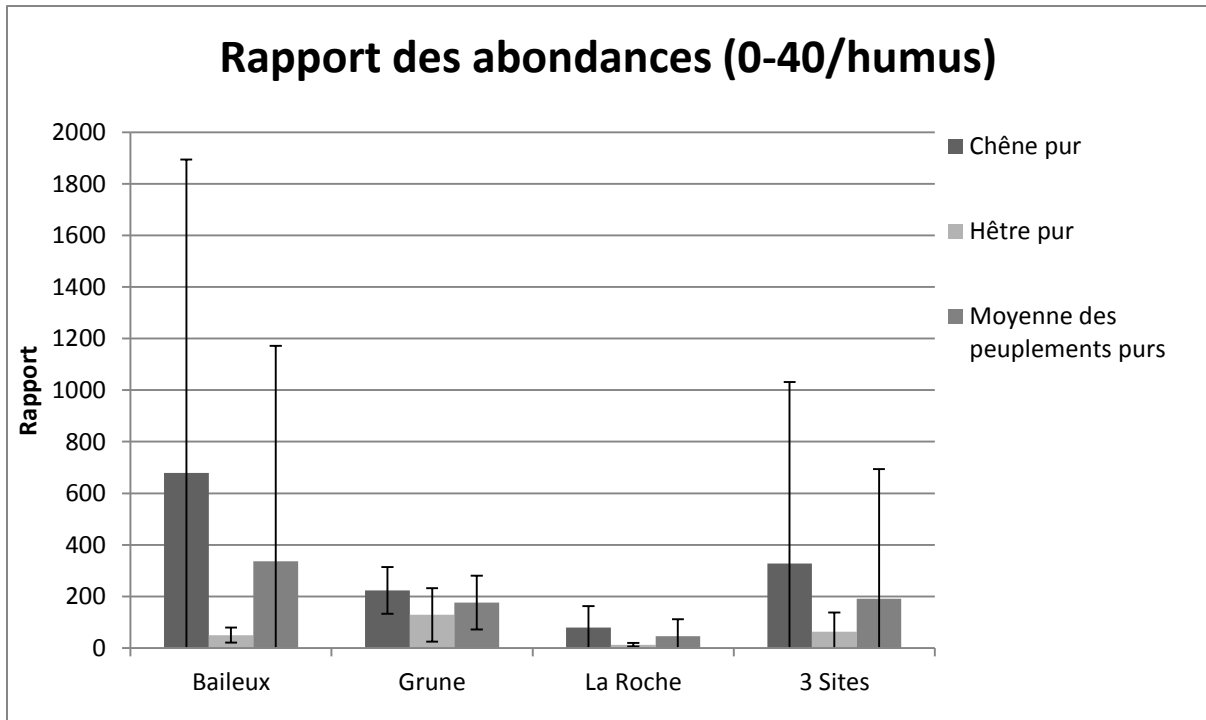


Figure 34: Abondance par site et type de peuplement. Les barres d'erreur représentent l'écart-type

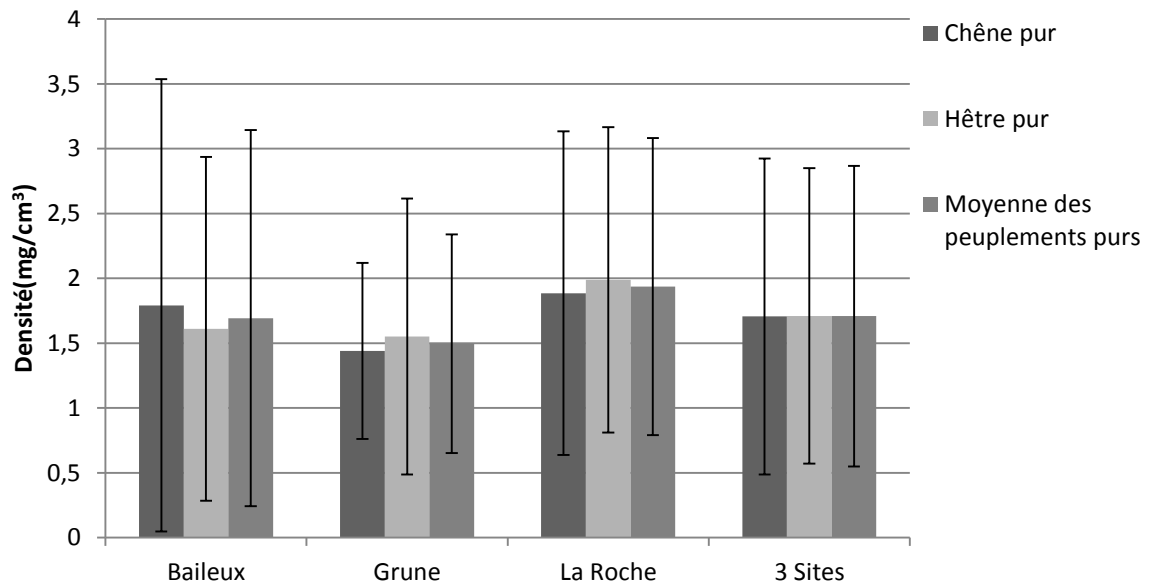
Tableau 24: Résultats de la première analyse sur la densité dans les peuplements purs

	Peuplement		Site	Interaction	Gtot	Modèle	
	p valeur	Dif ch-he	p valeur	P valeur	P valeur	R ²	p valeur
humus	0,012	-12,5153	0,0732	0,2395	0,19	0,443377	0,0192
0-10	0,3663	-3,59663	0,4037	0,0497	0,9646	0,299187	0,1624
10-20	0,9776	-0,0971	0,7583	0,9687	0,9578	0,028005	0,9937
20-30	0,8365	0,297618	0,8077	0,601	0,3938	0,085647	0,8878
30-40	0,1355	-0,72523	0,255	0,6082	0,7916	0,233429	0,3315
0-20	0,7035	-2,07987	0,3837	0,1428	0,936	0,22235	0,368
0-40	0,5086	-0,67277	0,8248	0,1867	0,7926	0,163007	0,5944

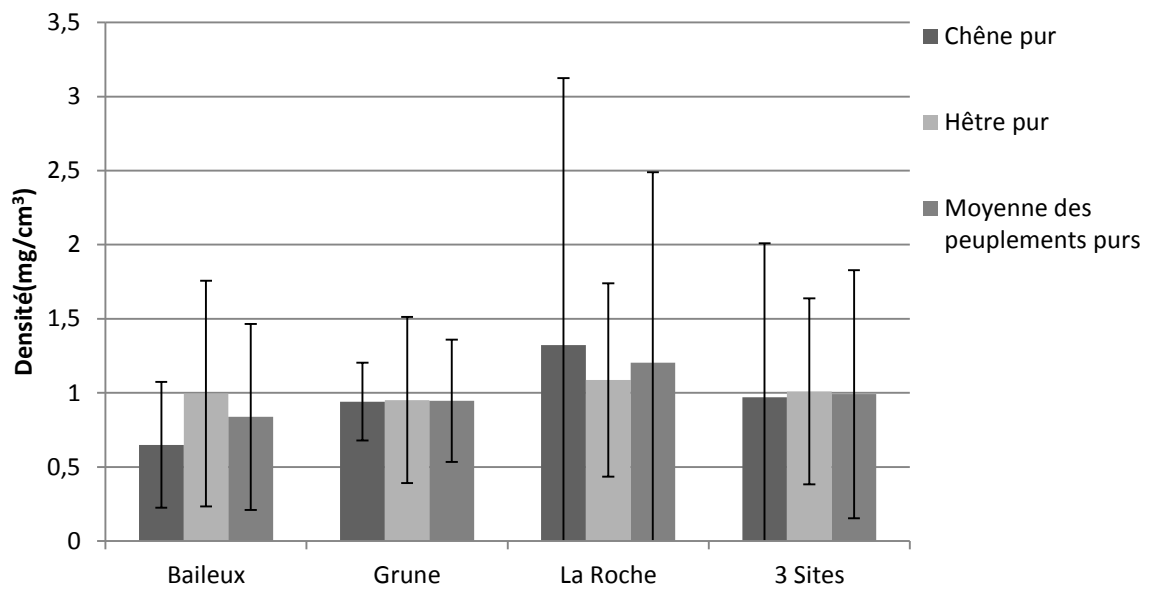
	Peuplement		Site	Interaction	Pierrosité	Modèle	
	p valeur	Dif ch-he	p valeur	P valeur	P valeur	R ²	p valeur
humus	0,017	-13,3326	0,0402	0,2431	/	0,40112	0,0188
0-10	0,2208	-4,07304	0,4631	0,0255	0,3373	0,32605	0,1159
10-20	0,3962	-0,86887	0,8897	0,7323	0,0601	0,163566	0,5922
20-30	0,9122	0,236385	0,7127	0,8451	0,0095	0,29164	0,1777
30-40	0,0867	-0,88361	0,2476	0,2116	0,0852	0,322172	0,1219
0-20	0,2531	-3,18129	0,5876	0,0329	0,0792	0,317675	0,1292
0-40	0,2763	-0,90344	0,5985	0,0722	0,1048	0,24942	0,2828

	Peuplement		Site	Interaction	Pierrosité	Gtot	Modèle	
	p valeur	Dif ch-he	p valeur	P valeur	P valeur	P valeur	R ²	p valeur
humus	0,012	-12,5153	0,0732	0,2395	/	0,19	0,443377	0,0192
0-10	0,2233	-4,05143	0,4668	0,0482	0,3356	0,8273	0,327475	0,1855
10-20	0,3296	-0,88973	0,9227	0,8259	0,049	0,4818	0,181757	0,6487
20-30	0,973	0,283191	0,7801	0,7258	0,0124	0,4773	0,307355	0,2312
30-40	0,0822	-0,87575	0,3949	0,343	0,0778	0,5599	0,332331	0,1755
0-20	0,1993	-3,2399	0,4921	0,0616	0,06	0,4413	0,335419	0,1694
0-40	0,2978	-0,91501	0,6789	0,0987	0,1148	0,8544	0,250541	0,3968

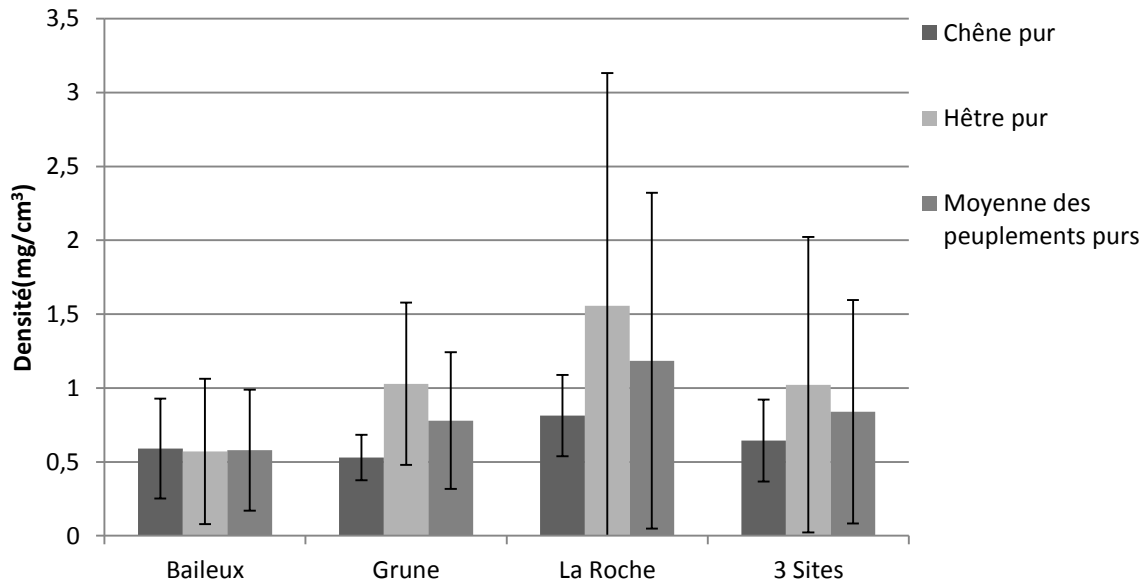
Profondeur 10-20



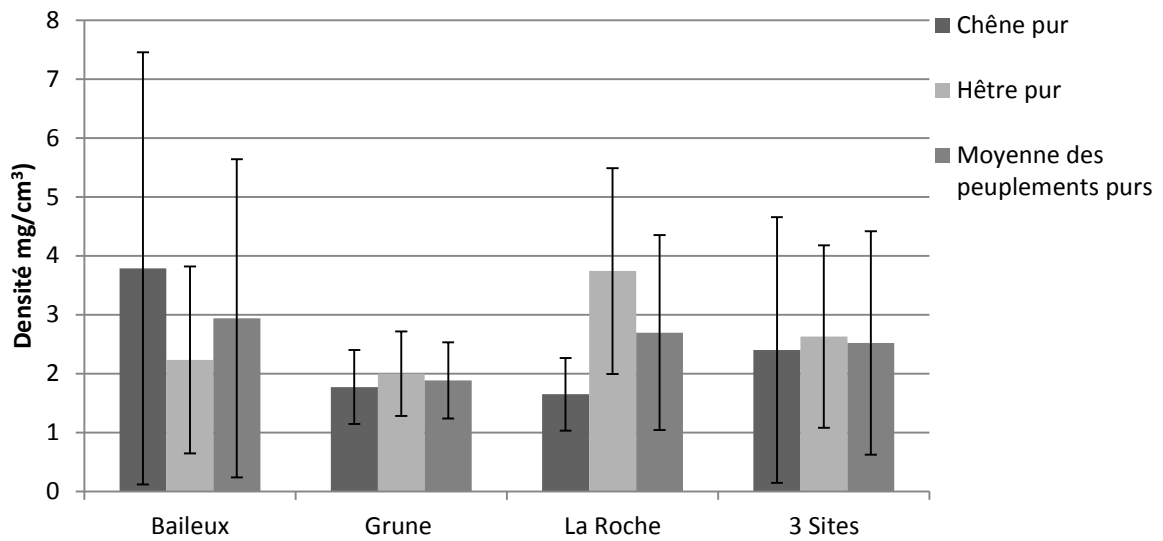
Profondeur 20-30



Profondeur 30-40



Profondeur 0-20



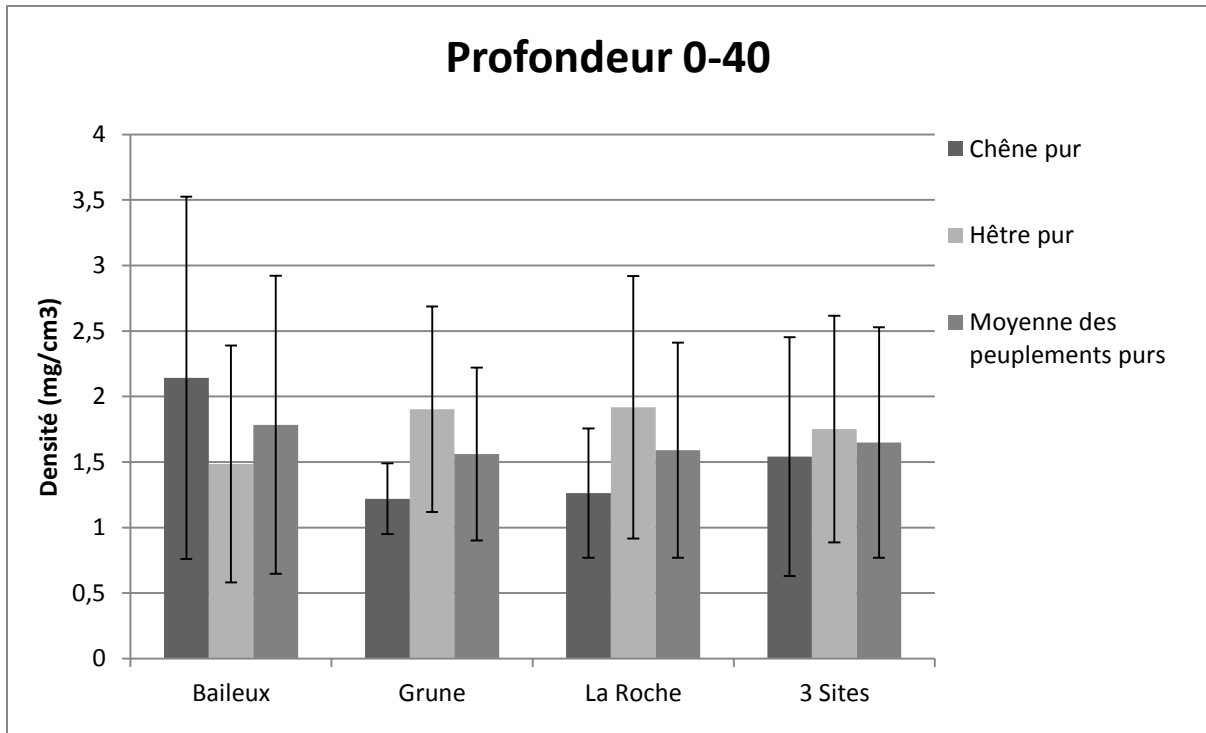


Figure 35: Densité par site et type de peuplement. Les barres d'erreur représentent l'écart-type

Tableau 25: Résultats de la seconde analyse sur l'abondance

BAILLEUX	Intercept		%G chêne		Chêne centré		Modèle	
	Valeur	pval	Valeur	pval	Valeur	pval	R ²	p val
Humus	17,3889193	0,002	0,037816	0,6803	-0,0061466	0,0546	0,213827	0,1294
0-10	209,206157	0,0182	1,103338	0,4753	0,0102562	0,8396	0,050709	0,6425
10-20	122,738179	0,0002	0,267035	0,5856	-0,0221527	0,1805	0,103408	0,3954
20-30	40,0466451	0,0017	0,115844	0,5748	-0,0022404	0,7416	0,019247	0,8477
30-40	40,0466451	0,0017	0,115844	0,5748	-0,0022404	0,74166	0,019247	0,8477
0-20	331,944352	0,0035	1,370374	0,4683	-0,011865	0,8477	0,032885	0,7526
0-40	433,911563	0,0008	1,521683	0,4612	-0,021714	0,7485	0,032397	0,7558
Humus + 0-20	333,563466	0,0036	1,510723	0,4285	-0,0097863	0,8754	0,040479	0,7038
Humus+ 0-40	451,300483	0,0006	1,5595	0,4501	-0,0278606	0,681	0,034214	0,7439
0-40/humus	-47,649394	0,835	6,456994	0,1249	0,00001871	0,7661	0,132996	0,2973

GRUNE	Intercept		%G chêne		Chêne centré		Pierrosité		Modèle	
	Valeur	pval	Valeur	pval	Valeur	pval	Valeur	pval	R ²	p val
Humus	12,7667593	0,0005	-0,0838	0,058	-0,00191	0,1765	/	/	0,242062	0,0948
0-10	138,887253	0,0769	-1,03081	0,0889	0,021456	0,2936	264,5217	0,3635	0,244287	0,2023
10-20	168,19835	0,0015	0,078281	0,8314	-0,00615	0,6097	-232,756	0,1398	0,13667	0,4895
20-30	86,8626091	0,6474	-0,08833	0,9593	-0,06866	0,2281	569,3278	0,2387	0,181927	0,3464
30-40	106,127074	0,0028	-0,42034	0,16	-0,00951	0,3143	-33,1968	0,7509	0,197143	0,3649
0-20	306,770085	0,0063	-1,03677	0,133	0,011745	0,6073	9,076421	0,9805	0,162081	0,405
0-40	425,283364	0,1288	-2,19459	0,2436	-0,06008	0,3357	973,2127	0,3237	0,17907	0,3544
Humus + 0-20	325,481181	0,0069	-1,02124	0,1662	0,008877	0,7172	11,16136	0,9777	0,132743	0,5035
Humus+ 0-40	432,490849	0,1281	-2,28072	0,2328	-0,06172	0,3299	996,2675	0,3196	0,183571	0,3418
0-40/humus	69,8746741	0,4595	1,225146	0,0693	0,010603	0,6207	-48,2426	0,8862	0,19466	0,3121

LA ROCHE	Intercept		%G chêne		Chêne centré		Pierrosité		Modèle	
	Valeur	pval	Valeur	pval	Valeur	pval	Valeur	pval	R ²	p val
Humus	38,1806864	0,0019	-0,55302	0,0006	0,012067	0,0284	/	/	0,610227	0,0003
0-10	344,64332	0,007	-2,65781	0,0177	0,018044	0,6287	77,23077	0,8195	0,339049	0,0779
10-20	250,511166	0,0063	0,172772	0,8116	-0,01745	0,4904	-259,358	0,1761	0,127632	0,5221
20-30	92,9730554	0,0165	0,011156	0,9717	-0,01465	0,9717	-0,01465	0,2334	-5,21168	0,9442
30-40	69,8187728	0,0291	-0,48192	0,1767	0,003103	0,8095	50,0996	0,522	0,130366	0,5121
0-20	661,857732	0,0012	-2,2344	0,144	-0,00551	0,9163	-445,942	0,3179	0,273542	0,1534
0-40	897,781021	0,0003	-2,4756	0,1565	-0,00257	0,9661	-723,451	0,1914	0,282899	0,14
Humus + 0-20	642,817637	0,0015	-2,15829	0,1576	-0,00258	0,9608	-358,625	0,4196	0,237656	0,2149
Humus+ 0-40	962,668653	0,0002	-2,92329	0,1077	0,009522	0,8786	-819,499	0,1532	0,3372	0,0795
0-40/humus	-17,672731	0,6405	0,489207	0,1408	-0,00639	0,5865	153,7572	0,1531	0,326549	0,0892

Tableau 26: Résultats de la seconde analyse sur la densité

BAILLEU X	Intercept		%G Chêne		Chêne centré		Modèle			
	Valeur	pval	Valeur	pval	Valeur	pval	R ²	p val		
humus	11,01319	0,0041	0,046545	0,4678	-0,00458316	0,0407	0,22753	0,1114		
0-10	2,232006	0,0404	0,015993	0,411	0,000252661	0,6917	0,081578	0,4851		
10-20	2,583248	0,0342	0,005629	0,7935	-0,000553136	0,4396	0,036229	0,7308		
20-30	0,945515	0,0003	-0,00039	0,9226	-0,000114137	0,3982	0,059107	0,5958		
30-40	0,583702	0,0008	0,00019	0,945	-6,1553E-06	0,946	0,000387	0,9967		
0-20	2,095929	0,0485	0,014242	0,4546	0,0000528	0,9325	0,046635	0,6664		
0-40	6,344462	0,0078	0,021418	0,5963	-0,000420762	0,7519	0,017225	0,8627		
GRUNE	Intercept		%G Chêne		Chêne centré		Pierrosité		Modèle	
	Valeur	pval	Valeur	pval	Valeur	pval	Valeur	pval	R ²	p val
humus	4,454378	0,0013	-0,03134	0,0659	-0,000231394	0,6643	/	/	0,186309	0,1733
0-10	1,137968	0,2503	-0,01189	0,1274	0,000288368	0,2777	6,080767	0,1174	0,267802	0,1622
10-20	1,847101	0,0055	0,000398	0,9343	-0,00080793	0,61	-1,44576	0,4735	0,043741	0,8644
20-30	0,805405	0,7816	-0,00152	0,9545	-0,00109864	0,2092	10,78969	0,1498	0,225399	0,2398
30-40	1,200231	0,0066	-0,00597	0,1228	-0,000122707	0,3117	0,459014	0,7325	0,195162	0,3701
0-20	1,311257	0,0641	-0,0053	0,2482	0,000064912	0,6734	2,518815	0,3234	0,1263	0,5406
0-40	3,822586	0,345	-0,03101	0,2644	-0,00098312	0,2884	22,41819	0,1324	0,249364	0,193
LA ROCHE	Intercept		%G Chêne		Chêne centré		Modèle			
	Valeur	pval	Valeur	pval	Valeur	pval	R ²	p val		
humus	16,17792	0,0061	-0,11924	0,0865	0,00022865	0,9282	0,168008	0,2094		
0-10	4,892754	0,0003	-0,02696	0,0695	0,000029267	0,9567	0,185151	0,1755		
10-20	2,488194	0,0037	0,001412	0,882	-0,000271501	0,4585	0,03642	0,7295		
20-30	1,227631	0,0296	0,002557	0,701	-0,000118551	0,6413	0,025101	0,8057		
30-40	1,098421	0,0333	-0,00547	0,3754	0,000170442	0,4676	0,086092	0,4652		
0-20	3,620539	<0,0001	-0,01499	0,1093	-0,000037719	0,9126	0,144502	0,2654		
0-40	9,706964	<0,0001	-0,02846	0,2234	-0,000190351	0,8274	0,085955	0,4658		