HAL
open science

Explorer et conserver la diversité de la flore des levains, un potentiel en boulangerie

Johan Ramsayer, Delphine Sicard

To cite this version:

Johan Ramsayer, Delphine Sicard. Explorer et conserver la diversité de la flore des levains, un potentiel en boulangerie. Innovations Agronomiques, 2015, 44, pp.45-54. 10.15454/1.462200815153098E12 . hal-01837776

HAL Id: hal-01837776

https://hal.science/hal-01837776

Submitted on 27 May 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0 International License

Innovations Agronomiques 44 (2015), 45-54

Explorer et conserver la diversité de la flore des levains, un potentiel en boulangerie

Ramsayer J.[1], Sicard D.[1]

[1] INRA, UMR 1083 Sciences pour l'œnologie, F- 34060 Montpellier Cedex 2

Correspondance : johan.ramsayer@gmail.com ; delphine.sicard@supagro.inra.fr

Résumé

Plusieurs études montrent que le développement de pains de plus haute valeur nutritionnelle et de plus longue conservation, pourrait passer par l'utilisation de levains plutôt que de levure. Les levains naturels en boulangerie sont composés principalement de farine, d'eau, de bactéries lactiques (LABs) et de levures. L'étude de la composition en espèce des levains naturels en Europe et plus récemment en France montre qu'ils hébergent des communautés composées d'une espèce dominante de LAB, d'une espèce dominante de levure et au maximum de quelques dizaines d'espèces minoritaires. Les connaissances acquises par l'écologie laissent penser que la diversité biologique des levains est un atout pour sa stabilité face à des changements de farine, de pratiques ou à l'invasion d'espèce microbienne. Elles montrent également qu'il existe une relation positive entre diversité en espèce et fonctionnement des écosystèmes. A la vue de ces connaissances, nous discutons de l'intérêt de développer des programmes de conservation de la biodiversité des levains.

Mots-clés : Levain, boulangerie, diversité, adaptation, stabilité, conservation

Abstract: **Exploration and conservation of sourdough's microbial diversity, a potential in bakery**

Several studies have shown that it could be easier to obtain bread with higher nutritional value and conservation ability using sourdoughs rather than yeasts. Natural sourdoughs are made of flour, water, lactic acid bacteria (LAB) and yeasts. Sourdough microbial communities are generally composed of one dominant LAB species, one dominant yeast species and less than 10 rare species. Basic knowledge obtained from ecology studies suggests that sourdough biodiversity could enhance its stability to flour changes, bakery processes variation or microbial invasion. It also shows that species diversity may improve ecosystem functioning. Developing program for conservation of sourdough biodiversity may thus be of high interest.

Keywords: Sourdough, bakery, diversity, adaptation, stability, conservation

1. Diversité microbienne des ferments en boulangerie

L'art de faire du pain de blé remonte au moins à l'Egypte ancienne comme en témoigne plusieurs gravures sur les tombeaux pharaoniques (Samuel, 2013). Dès 1300-1500 ans avant JC, les pains étaient levés par des microorganismes fermenteurs. L'origine des ferments reste incertaine, certains postulent qu'ils venaient de l'eau du Nil, d'autres de la bière traditionnelle. Depuis, les procédés de fabrication du pain ont bien entendu évolué. Le levain composé de farine, d'eau, de bactéries lactiques et de levures, a été progressivement remplacé par la levure. En France, les premières mentions de levure apparaissent en 1600 (Rousselle et Chiron, 2005). Depuis le XVIIième siècle, le pain blanc à la levure se répand. A l'heure actuelle, le pain blanc, notamment la baguette levée à la levure, est souvent préféré au pain au levain. Pourtant, plusieurs études indiquent que **le développement de pains de**

plus haute valeur nutritionnelle et de plus longue conservation, pourrait passer par l'utilisation de levains (revues dans Hammes et al., 2005 ; Poutanen et al., 2009 ; Rémésy et al., 2015). En effet, les pains au levain, plus acides et plus denses, le plus souvent conçus avec de la farine bis, se conservent mieux, ont de meilleurs index glycémiques, et auraient une plus grande disponibilité en minéraux et vitamines (voir les revues de Caplice et Fitzgerald, 1999 ; Poutanen et al., 2009 ; Moslehi-Jenabian et al., 2010 ; Poutanen 2012 ; Gobetti et al., 2014 ; Rémésy et al., 2015).

Avec les changements globaux et le déclin de la consommation du pain, la boulangerie est maintenant confrontée au défi de **développer une filière plus durable**, tout en améliorant l'apport nutritionnel. Dans les écosystèmes liés à l'agro-alimentaire, cela se traduit notamment par des engagements d'évolution vers des systèmes qui limitent l'impact du développement humain sur l'environnement. Par définition (FAO, 2010), un système alimentaire durable doit contribuer à préserver la diversité biologique et culturelle et conduire à une meilleure utilisation des fonctions écologiques des écosystèmes, tout en prenant en compte la dimension sociale et économique. La fabrication de pain au levain naturel, en maintenant à la fois de la diversité biologique et culturelle, répond en partie à ses enjeux. Le levain revient donc au centre des recherches et innovations en boulangerie. Plusieurs études d'écologie microbienne en Europe et en Asie centrale se sont attachées à étudier la composition microbienne des levains naturels, c'est à dire des levains formés spontanément après un mélange de farine, d'eau et éventuellement d'autres ingrédients (fruits, miel,..). Elles montrent que les levains sont habités majoritairement par des bactéries lactiques et des levures, en proportion variable avec le plus souvent 10 à 100 fois plus de bactéries que de levures (de Vuyst et al., 2014). Les communautés microbiennes sont composées d'un petit nombre d'espèces, avec généralement une espèce dominante de bactérie lactique (LAB) et une espèce dominante de levure. Plus de 50 espèces de LAB ont été isolées à partir de levain, soit plus de la moitié des espèces de LAB connues (revues dans Hammes et al., 2005 ; de Vuyst et Neysens 2005 ; de Vuyst et al., 2009 ; de Vuyst et al., 2014). Ces bactéries sont soient homofermentaires c'est à dire ne produisent pas de CO_2, soient hétérofermentaires c'est à dire produisent une molécule de CO_2 par glucose. Dans les levains naturels de froment, on trouve le plus souvent *Lactobacillus plantarum*, *Lactobacillus sanfranciscensis* et *Lactobacillus brevis*. En France, *L. sanfranciscensis* est retrouvée comme espèce majoritaire dans la plupart des levains naturels. Cette espèce est hétérofermentaire et contribue donc à la production de CO_2. Au niveau des levures, 25 espèces ont déjà été isolées à partir de levain, dont environ la moitié sont connues comme étant fermentaires (revues dans de Vuyst et al., 2009, 2014 ; Hagman et al., 2013 ; Urien et al., 2015). Les espèces dominantes sont toutes des espèces fermentaires. On trouve le plus souvent *Saccharomyces cerevisiae* mais aussi des espèces du clade des *Kazachstania* (*Candida humilis*, *Kazachstania unispora*, *Kazachstania exigua*, *Kazachstania bulderi*, *Kazachstania barnetti*, *Kazachstania servazzii*). Ce groupe phylogénétique, proche du clade des *Saccharomyces* sensu stricto contenant *S. cerevisiae* comprend plus de 30 espèces dont 6 déjà répertoriées en boulangerie. Il regroupe, avec les clades voisins, des levures qui ont eu dans leur histoire évolutive une duplication de génome qui leur aurait permis d'acquérir la propriété de fermenter même en présence d'oxygène, quand il y a suffisamment de sucre (Conant et Wolfe, 2007 ; Hagman et al., 2013). Il faut noter que l'espèce *S. cerevisiae*, connue comme étant la levure de boulangerie n'est pas toujours l'espèce majoritaire. Elle est rarement l'espèce dominante dans les levains naturels issus de l'agriculture biologique en France. Enfin, les espèces *Saccharomyces uvarum* et *Torulaspora delbruecki* régulièrement utilisées en œnologie dominent parfois la communauté microbienne des levains de panification et seraient donc comme *S. cerevisiae* relativement généralistes.

La distribution spatiale des espèces de LAB et levures est encore difficile à expliquer. En Europe, la diversité des LAB et levures des levains de froment a été étudiée en Belgique, Italie et plus récemment en France (Scheirlinck et al., 2007 ; Vrancken et al., 2012 ; Minervini et al., 2012 ; Lhomme et al., 2015). Les espèces identifiées diffèrent en partie entre ces pays. Par exemple, les levures *S. cerevisiae*

et *Wickeranomyces anomalus* sont majoritaires en Belgique ; les levures *S. cerevisiae* et *C. humilis* sont majoritaires en Italie et plusieurs espèces de *Kazachstania* se retrouvent en France. Il se peut que ces différences reflètent non pas des différences géographiques mais des différences de pratique. Les levains analysés étaient des levains naturels issus d'agriculture non biologique pour la Belgique, des levains issus d'agriculture non biologique, avec possible ajout de starter pour l'Italie, et des levains naturels issus d'agriculture biologique pour la France. Il est donc encore difficile de comprendre quels sont les processus qui expliquent la distribution spatio-temporelle des espèces microbiennes des levains observés. La localisation géographique, les conditions environnementales, les pratiques boulangères et agronomiques pour l'obtention des farines, le cycle de vie des espèces microbiennes, le hasard sont autant de facteurs qui pourraient être impliqués dans la distribution des espèces microbiennes. Des études sur des échantillonnages raisonnés de levain sont en cours pour mieux comprendre ces processus.

Pour comprendre l'effet de facteurs comme les pratiques ou l'origine des farines, des expérimentations au laboratoire ont également été réalisées. La diversité et l'activité des bactéries lactiques et des levures dépendraient de plusieurs facteurs endogènes et exogènes au procédé de panification, comme le type de céréale composant la farine, l'hydratation du levain, la longueur des rafraîchis, ou encore la température (Meroth et al., 2003 ; Arendt et al., 2007 ; Corsetti et Settanni, 2007 ; De Vuyst et Vancanneyt, 2007 ; de Vuyst et al. , 2009). Par exemple, le blé dur (*Triticum durum*) et le blé tendre (*T. aestivum*) pourraient sélectionner différentes populations de LAB (Minervini et al., 2012). Les levains liquides favoriseraient la croissance des levures et contiendraient une plus faible concentration d'acide gras libre, d'acide lactique et surtout d'acide acétique, que les levains fermes (diCagno et al., 2014). La température de fermentation affecterait la composition des espèces : l'association *C. humilis* et *L. sanfranciscensis* gagnerait la compétition contre *S. cerevisiae* et *L. plantarum* à 20°C (Vogelmann et Hertel 2011).

C'est l'assemblage de bactéries lactiques et levures qui assure le fonctionnement de la communauté microbienne et la qualité du pain. Ces deux groupes d'espèces ont en effet des propriétés différentes. Les levures transforment les hexoses libérés dans la farine en gaz carbonique qui lève la pâte, en formant des poches de gaz emprisonnées dans le réseau de gluten. Elles produisent aussi des arômes, et des vitamines. Les bactéries produisent peu ou pas de CO_2 mais acidifient, et produisent aussi des arômes. La diversité fonctionnelle entre espèces et au sein d'une espèce commence à être décrite pour les LAB mais peu de données sont publiées pour les levures en panification. De plus la nature des interactions entre LAB et levure est peu connue (Gobetti, 1998). Pourtant, la diversité des espèces et la diversité génétique des levures et bactéries lactiques dans les levains de panification représentent un atout pour le développement d'une filière durable en boulangerie.

2. Dynamique et potentiel adaptatif des communautés microbiennes du levain

Les communautés microbiennes que l'on trouve dans les levains naturels, bien que relativement simples par leur composition en espèces, sont maintenues dans un équilibre dynamique par les rafraîchis que le boulanger effectue pour entretenir son levain. Ainsi, l'ajout régulier de farine et d'eau relance la fermentation par l'apport de nouveaux nutriments. Il peut aussi éventuellement participer à la composition spécifique de la communauté par l'apport de nouvelles espèces de bactéries lactiques et/ou de levures, ou bien par le renforcement d'espèces minoritaires selon une dynamique « source-puits » (Pulliam, 1988). Par exemple, des espèces rares car mal adaptées aux conditions de vie, mais pouvant avoir un impact non négligeable sur le fonctionnement de l'écosystème, peuvent être malgré tout maintenues dans la communauté via un apport récurrent d'individus lors des rafraîchis.

Cette biodiversité typique des levains naturels ainsi que sa dynamique temporelle peuvent avoir diverses implications en termes de capacité d'adaptation naturelle aux changements de conditions en

panification et d'efficacité des processus fermentaires.

Une communauté microbienne diversifiée en espèces et en génotype entretenue dans le temps par des rafraîchis sera, par rapport à des starters de levure seule ou des starters de levain, caractérisée par un plus grand potentiel adaptatif face aux variations environnementales. Ce **potentiel adaptatif supérieur peut s'expliquer par deux types de mécanismes** différents :

- Les premiers sont **des mécanismes purement écologiques qui lient la diversité spécifique d'une communauté à sa stabilité** (composition en espèces, taille de population, production de biomasse) en cas de perturbations, comme par exemple une modification du milieu de vie ou l'arrivée d'une espèce invasive. En effet, il a été montré que plus une communauté d'espèces est riche et mieux elle est capable d'amortir les conséquences démographiques des perturbations (Tilman et Downing, 1994). Cet effet tampon de la biodiversité est en partie expliqué par une simple réduction statistique des fluctuations moyennes des tailles des populations au sein de la communauté lorsque le nombre d'espèces augmente. Par exemple, imaginons une communauté très simple formant une chaîne alimentaire linéaire (chaque espèce est la proie de la suivante). Si une espèce au bas de la chaîne alimentaire voit sa population réduite suite à une perturbation environnementale, cette fluctuation démographique se propagera à chaque espèce le long de la chaîne (car à chaque « étage » la pénurie de proies fait diminuer la population de prédateurs en augmentant la mortalité), déstabilisant ainsi toute la communauté avec un risque d'extinction d'espèces. Alors que si de nombreuses espèces coexistent dans une communauté où chaque espèce dispose de plusieurs proies possibles, formant ce qu'on appelle alors un « réseau trophique », la fluctuation démographique d'une espèce sera amortie par les autres niveaux trophiques car chaque espèce dispose de proies alternatives pour maintenir sa propre population (Finke et Denno, 2004). L'effet tampon de la biodiversité peut aussi être expliqué par une plus forte redondance fonctionnelle d'espèces ayant un rôle clé dans la communauté. On parle alors de compensation. Enfin, un plus grand nombre d'interactions entre espèces favorisent une redondance des chemins possibles pour les flux de matière et d'énergie au sein de la communauté, que ce soit à travers les relations proies-prédateurs dans les réseaux trophiques ou par des interactions de type compétition, facilitation ou symbiose : c'est l'effet dit d'« assurance écologique » (McCann, 2000). On peut donc imaginer que la stabilité d'un levain face à des changements de farine, de pratiques ou à l'invasion d'espèces microbiennes non désirées soit accrue par sa diversité en espèces microbiennes.

- Les capacités d'adaptations aux perturbations sont aussi régies par **des mécanismes évolutifs darwiniens**. Ainsi, lorsqu'une espèce bien adaptée à son milieu de vie est soumise à un changement des conditions de vie, elle est appelée à évoluer par sélection naturelle. C'est à dire que la composition génétique globale de l'espèce en question se modifie car les individus ayant des génotypes mieux adaptés au nouvel environnement augmentent en fréquence. Cette adaptation génétique, si elle est souvent très lente pour des espèces « macroscopiques », peut être extrêmement rapide chez les micro-organismes. Or pour que cette sélection naturelle puisse opérer efficacement, il est préférable qu'un grand nombre de génotypes différents soient présents dans la population pour maximiser les chances d'existence d'un génotype bénéfique. Cette diversité génétique dite « intraspécifique », moteur de l'adaptation par sélection naturelle, sera favorisée dans un levain naturel que l'on entretient à long terme, d'une part grâce à la diversité initialement présente dans la farine et l'eau utilisées, mais aussi grâce à l'accumulation progressive de mutations génétiques aléatoires au fil des générations microbiennes. Ainsi, les levures et bactéries lactiques présentes dans les levains naturels sont reconnues pour être composées d'un assemblage de multiples souches génétiquement et phénotypiquement diversifiées (Vigentini et al., 2014 ; Picozzi et al., 2010).

Ces deux types de mécanismes d'adaptation des communautés aux modifications de leur environnement : amortissement écologique des conséquences par la diversité en espèce et adaptation darwinienne au nouveau milieu de vie grâce à la diversité génétique, permettent de prédire qu'un levain naturel entretenu à long terme aura un bon potentiel pour s'adapter aux modifications possibles des conditions de panification (par exemple, variations saisonnières de la composition de la farine ou de l'eau, de la température du fournil ...). Alors que des starters de levure seule ou de levain composés de peu de souches sélectionnées, donc génétiquement pauvres, seront probablement moins capables de s'adapter à des écarts à leurs conditions d'utilisation optimale.

3. Relation diversité / fonction dans l'écosystème levain

En dehors des considérations sur les capacités d'adaptation que nous venons de voir, une grande diversité en espèces dans un levain peut aussi être synonyme d'une meilleure efficacité de la fermentation de la pâte. En effet, comme il existe une relation diversité-stabilité des communautés, il existe aussi une relation positive entre diversité en espèce et fonctionnement des écosystèmes (Reich et al., 2012). Le « fonctionnement » est généralement exprimé en termes de production de biomasse par les écologues. En agro-alimentaire, on s'intéresse aussi à la dégradation et la production de métabolites d'intérêt nutritionnel, sensoriel ou de conservation, comme la production de gaz carbonique, de vitamines, d'arômes, d'acides ou autres anti-microbiens. Dans tous les cas, il faut noter que la biomasse est reliée directement à la capacité d'une communauté à dégrader et produire des métabolites d'intérêt, puisqu'un niveau minimal de biomasse microbienne dans la pâte est nécessaire pour garantir une bonne efficacité des processus fermentaires.

Cette relation diversité-fonction, ou diversité-biomasse, est généralement expliquée par trois mécanismes (Duffy et al., 2007 ; Mouquet et al., 2010) :

- Le premier est encore une fois purement **probabiliste** : plus il y a d'espèces présentes, plus il y a de chance que l'une d'entre elles soit très productive, et tire la productivité moyenne de l'écosystème vers le haut.

- Le second mécanisme est appelé **complémentation**. Il résulte d'une meilleure utilisation/répartition des ressources. Dans ce cas, les performances d'un groupe d'espèces coexistantes sont supérieures à la somme des performances de chaque espèce seule, notamment grâce à une meilleure répartition et utilisation de chaque niche écologique pour limiter une forte compétition pour les ressources (Loreau et Hector, 2001). Ce mécanisme est associé à une diversification fonctionnelle. Ainsi, plus il y a d'espèces, plus de ressources différentes sont transformées efficacement en biomasse.

- Le dernier mécanisme, que l'on nomme **facilitation** résulte d'interactions positives entre espèces. Plus il y a d'espèces, plus il y a de chance pour qu'une espèce (ou un groupe fonctionnel d'espèces) modifie l'écosystème d'une manière qui sera bénéfique à la vie, et donc à la productivité d'une autre espèce (ou groupe fonctionnel). Ces modifications peuvent aller de la création physique de nouveaux habitats (par exemple un arbre qui crée de l'ombre pour des espèces ne pouvant vivre en plein soleil) à la libération dans l'environnement de substances pouvant servir de ressources pour d'autres espèces.

Ces différents mécanismes ne sont pas mutuellement exclusifs. Ils peuvent avoir lieu entre espèces à l'échelle de la communauté, comme expliqué ci-dessous, mais aussi entre génotypes d'une même espèce dans les populations.

L'existence de ces mécanismes qui sous-tendent la relation diversité-fonction dans les écosystèmes, y compris microbiens, laisse penser qu'une plus grande diversité spécifique et génétique dans un levain

pourrait contribuer à assurer et améliorer la production de biomasse microbienne. Par exemple, dans le levain, on suppose l'existence de relations de facilitation entre certaines espèces de bactéries lactiques et de levures : les bactéries lactiques capables d'utiliser le maltose relâcheraient du glucose utilisable par des levures incapables de consommer directement le maltose (Stolz et al., 1993). Cette hypothèse pourrait expliquer l'association entre *L. sanfranciscensis,* capable de consommer le maltose et des levures maltoses négatives telles que *C. humilis* ou *K. exigua,* dans les levains naturels (de Vuyst et Neyssens, 2005). Mais cette hypothèse reste à être confirmée expérimentalement. D'autres hypothèses portent aussi sur une facilitation des levures vers les bactéries lactiques via l'excrétion de vitamines et d'acides aminés nécessaires à la croissance des bactéries (Nout, 1991). Il pourrait aussi s'agir d'une forme de prédation de la part des bactéries lactiques au moyen d'enzymes capables de lyser les levures afin de récupérer leurs métabolites (Gobetti, 1998).

Ces mécanismes, prédisent également que la diversité microbienne pourrait assurer et/ou améliorer la fermentation et la transformation vers des composés bénéfiques pour la santé et la nutrition. Par exemple, de nombreuses espèces de levures et LAB produisent des phytases qui dégradent le phytate (ou acide phytique, myo-inositol hexakisphosphate, IP6). Le phytate, particulièrement abondant dans les grains de céréales et oléagineux est un chélateur de plusieurs minéraux d'importance nutritionnelle comme le fer, le zinc, le calcium ou le magnésium. En dégradant le phytate, les phytases augmentent donc la disponibilité en minéraux. L'activité phytase des microorganismes est connue pour varier selon les espèces, entre génotypes et selon le pH en partie contrôlé par les bactéries (De Angelis et al., 2003 ; Palacio et al., 2008 ; Moslehi-Jenabian et al., 2010). Elle est aussi présente chez des levures qui ne fermentent pas. Elle est plutôt intracellulaire chez les bactéries et extracellulaires pour les levures. Dans un levain riche en espèces, la « fonction phytase » pourrait donc bénéficier de complémentations fonctionnelles, de compensations fonctionnelles entre espèces et d'effets probabilistes (la diversité augmentant les chances qu'une souche ou une espèce à forte activité phytase soit présente dans la communauté). La diversité génétique et spécifique des LAB et levures pourrait donc par exemple assurer et/ou améliorer l'accessibilité des minéraux.

4. Comment conserver la diversité microbienne des levains ?

Si la société commence à prendre conscience de l'importance de la diversité des plantes et animaux domestiques, la biodiversité des micro-organismes impliquée dans l'agro-alimentaire est peu prise en compte. Pour cette raison, la FAO a lancé un appel via la Commission sur les Ressources Génétiques pour les Aliments et l'Agriculture dans lequel elle a reconsidéré le statut et les besoins de conserver la diversité biologique de micro-organismes pour les aliments et l'agriculture (FAO, 2009).

On peut distinguer deux grands modes de conservation de la diversité des micro-organismes alimentaires : une conservation « statique » dans des collections de micro-organismes (dite aussi conservation « *ex situ* ») et une conservation dynamique chez les artisans/paysans/particuliers qui prend en compte les changements environnementaux, sociaux et économiques (dite aussi conservation « *in situ* »).

Le principe de la **conservation « *ex situ* »** des ressources génétiques est de conserver des individus dans des collections. Le centre international de données sur les micro-organismes a répertorié 556 collections nationales et internationales contenant des espèces de micro-organismes dans 68 pays (CGRFA, 2009). Ce mode de conservation a pour avantage de nécessiter relativement peu d'espace et de faciliter l'accessibilité aux souches. En boulangerie, les micro-organismes conservés dans les collections peuvent être employés par les industriels ou par les artisans sous condition des règles d'accès et d'utilisation. Les souches peuvent être utilisées dans des programmes de sélection génétique pour l'obtention de starter levure ou starter levain. Elles sont également accessibles pour la

recherche scientifique et pour d'autres applications industrielles (probiotique, fermentations d'autres produits,…). Cependant, la conservation « ex situ » ne permet pas de conserver la diversité microbienne au sein d'une population, compte tenu des limites sur le nombre de souches conservées. De plus, le matériel génétique conservé dans les banques subit un « gel évolutif » (Esquinas-Alcázar, 2005) : les souches sont récupérées à un instant t, ce qui implique également qu'elles ne subissent plus les phénomènes de sélection. Enfin, les données collectées en même temps que les souches sont souvent pauvres et le travail de synthèse sur l'ensemble des collections reste à faire, ce qui ne favorise pas la valorisation de ces ressources génétiques. La conservation « *ex situ* » est une bonne réponse d'urgence mais n'est pas suffisante pour conserver la diversité des espèces domestiquées : la gestion dynamique semble indispensable pour une conservation à long terme.

La **conservation « *in situ* »** des ressources génétiques consiste à gérer les ressources génétiques sous forme de populations maintenues dans l'environnement où leur diversité est apparue et où elle a évolué. Il s'agit d'une gestion dynamique de la diversité, puisque les populations s'adaptent de façon continue à leur environnement et à ses changements. La gestion dynamique regroupe deux approches : la gestion de populations hétérogènes, généralement mise en place par les instituts de recherche ; et la gestion de populations chez les agriculteurs/artisans. Cette dernière approche permet de combiner la sélection humaine et l'adaptation des populations à des environnements différents, tout en maintenant la variabilité génétique au sein des populations (Elias et al., 2001). La conservation « *in situ* » doit en effet prendre en compte l'environnement biotique et abiotique des organismes. En boulangerie, elle passe par la **caractérisation et conservation de la diversité des pratiques boulangères et des lieux de panification**. Il est donc important de décrire la distribution spatiale des espèces microbiennes et de comprendre les processus biologiques (pratique, climat, environnement local, cycle de vie,…) qui la maintiennent. Pour cela, des approches pluridisciplinaires incluant des sciences humaines et sociales (sociologie, anthropologie, économie,…) et des sciences dures (mathématique, biologie) sont nécessaires.

La législation sur la conservation, le droit et l'utilisation de microorganisme pour l'alimentation est en changement continuel, comme en témoigne la loi sur la biodiversité mise en place actuellement en France (voir pour revue Bourdichon et al., 2012). Elle est fondée sur différents accords (accord de transfert de matériel, accord de consortium, chartes,…) et sur des inventaires d'espèces qui sont déclarés « aptes» pour l'alimentation. Cette liste est notamment construite sur la base de l'histoire d'utilisation des espèces dans l'alimentation. La description des communautés microbiennes dans les processus de transformation artisanaux apporte donc les informations de base sur les ressources génétiques utilisables par l'agro-alimentaire et l'artisanat. Cependant, la législation autour des droits associés aux microorganismes reste peu discutée avec les acteurs de la gestion dynamique de ces microorganismes.

A notre connaissance, aucun programme de conservation de la diversité microbienne nécessaire au processus de boulangerie n'est mis en place ni en France, ni au niveau international. Les micro-organismes provenant de cette filière sont sous-représentés dans les collections statiques de micro-organismes, ce qui n'est pas le cas d'autres filières alimentaires telles que celles du vin, du cidre ou du fromage. Les programmes raisonnés de gestion de la diversité microbienne, intégrant les acteurs de la filière boulangerie, n'existent pas. Les enquêtes que nous avons préalablement réalisées auprès de paysans-boulangers et boulangers en France, et les démarches de certains industriels à l'international, ont révélé une grande motivation des boulangers pour participer à la caractérisation et au maintien de la diversité microbienne des levains. Il est reconnu que la conservation des ressources naturelles « *in situ* » présente l'avantage de maintenir les processus d'évolution et donc l'adaptation des espèces à leur environnement dans les agro-écosystèmes. La gestion dynamique constitue donc une stratégie complémentaire importante à la gestion statique de la diversité car elle permet de maintenir une adaptation des pools domestiqués à des agro-écosystèmes en évolution rapide. Les mises en place de

tels programmes sont plus avancées chez les plantes cultivées. Chez les micro-organismes, les appellations contrôlées et la conservation du savoir traditionnel ont conduit au développement de projets de description et conservation de la flore des fromages ou de celle du vin, mais les programmes de conservation des micro-organismes trouvés dans les produits céréaliers transformés qui ne sont pas protégés par des appellations ou labels en France, sont moins communs. Les recherches mises en œuvre sur la diversité taxonomique, fonctionnelle et les propriétés des écosystèmes microbiens des produits fermentés céréaliers sont en nette progression et apporteront des éléments pour mettre en œuvre des programmes raisonnés de conservation et valorisation des ressources génétiques microbiennes.

Remerciements

Nous remercions l'ensemble des partenaires du projet ANR-13-ALID-0005 BAKERY ainsi que l'ensemble des boulangers avec qui nous collaborons.

Références bibliographiques

De Angelis M., Gallo G., Corbo M., McSweeney P.L.H., Faccia M., Giovine M., et al., 2003. Phytase activity in sourdough lactic acid bacteria: purification and characterization of a phytase from *Lactobacillus sanfranciscensis* CB1. International Journal of Food Microbiology, 87, 259-270.

Arendt E.K., Ryan, L.A.M., Dal Bello F., 2007. Impact of sourdough on the texture of bread. Food Microbiology, 24, 165-174.

Bourdichon F., Casaregola S., Farrokh C., Frisvad J.C., Gerds M.L., Hammes W.P., et al., 2012. Food fermentations: Microorganisms with technological beneficial use. International Journal of Food Microbiology, 154, 87–97.

Brush S., 1991. A Farmer-Based Approach to Conserving Crop Germplasm. Econ. Bot., 45, 153–165.

Di Cagno R., Pontonio E., Buchin S., De Angelis M., Lattanzi A., Valerio F., Gobbetti M., Calasso M., 2014. Diversity of the Lactic Acid Bacterium and Yeast Microbiota in the Switch from Firm- to Liquid-Sourdough Fermentation. Applied and Environmental Microbiology, 80, 3161–3172.

Caplice E., Fitzgerald G.F., 1999. Food fermentations: role of microorganisms in food production and preservation. International Journal of Food Microbiology, 50, 131–149.

Conant G.C., Wolfe K.H., 2007. Increased glycolytic flux as an outcome of whole-genome duplication in yeast. Molecular Systems Biology, 3, 129, 1-12.

Corsetti A., Settanni L., 2007. Lactobacilli in sourdough fermentation. Food Res. Int., 40, 539–558.

De Vuyst L., Van Kerrebroeck S., Harth H., Huys G., Daniel H.-M., Weckx S., 2014. Microbial ecology of sourdough fermentations: Diverse or uniform? Food Microbiology, V International Symposium on Sourdough - Cereal Fermentation for Future Foods, Helsinki 10-12 October 2012, 37, 11–29.

De Vuyst L., Neysens P., 2005. The sourdough microflora: biodiversity and metabolic interactions. Trends in Food Science & Technology, Second International Symposium on Sourdough - From Fundamentals to Applications, 16, 43–56.

De Vuyst L., Vancanneyt M., 2007. Biodiversity and identification of sourdough lactic acid bacteria. Food Microbiology, 24, 120–127.

De Vuyst L., Vrancken G., Ravyts F., Rimaux T., Weckx S., 2009. Biodiversity, ecological determinants, and metabolic exploitation of sourdough microbiota. Food Microbiology, 4th International Symposium on Sourdough - From Arts to Science 14-17 October 2009, Freising, Germany - Guest Editors: R.F. Vogel and M.G. Gänzle, 26, 666–675.

Duffy J.E., Cardinale B.J., France K.E., McIntyre P.B., Thebault E., Loreau M., 2007. The functional role of biodiversity in ecosystems: incorporating trophic complexity. Ecology Letters, 10, 522–538.

Esquinas-Alcázar J., 2005. Protecting crop genetic diversity for food security: political, ethical and technical challenges. Nature Reviews Genetics, 6, 946–953.

FAO-CGRFA., 2009. Scoping on micro-organisms relevant to food and agriculture.

Finke D.L., Denno R.F., 2004. Predator diversity dampens trophic cascades. Nature, 429, 407–410.

Gänzle M.G., 2014. Enzymatic and bacterial conversions during sourdough fermentation. Food Microbiology, V International Symposium on Sourdough - Cereal Fermentation for Future Foods, Helsinki 10-12 Oct 2012, 37, 2-10.

Gobbetti M., Rizzello C.G., Di Cagno R., De Angelis M., 2014. How the sourdough may affect the functional features of leavened baked goods. Food Microbiology, V International Symposium on Sourdough - Cereal Fermentation for Future Foods, Helsinki 10-12 October 2012, 37, 30–40.

Gobetti M., 1998. The sourdough microflora: Interactions of lactic acid bacteria and yeasts. Trends in Food Science & Technology, 9, 267–274.

Hagman A., Säll T., Compagno C., Piskur J., 2013. Yeast “make - accumulate - consume” life strategy evolved as a multi - step process that predates the whole genome duplication. PLoS ONE, DOI: 10.1371/journal.pone.0068734.

Hammes W.P., Brandt M.J., Francis K.L., Rosenheim J., Seitter M.F.H., Vogelmann S.A., 2005. Microbial ecology of cereal fermentations. Trends in Food Science & Technology, Second International Symposium on Sourdough - From Fundamentals to Applications, 16, 4–11.

Lattanzi A., Minervini F., Di Cagno R., Diviccaro A., Antonielli L., Cardinali G., et al., 2013. The lactic acid bacteria and yeast microbiota of eighteen sourdoughs used for the manufacture of traditional Italian sweet leavened baked goods. International Journal of Food Microbiology, 163, 71–79.

Lhomme E., Urien C., Legrand J., Dousset X., Onno B., Sicard D., 2015. Sourdough microbial community dynamics: An analysis during French organic bread-making processes. Food Microbiology.

Loreau M., Hector A., 2001. Partitioning selection and complementarity in biodiversity experiments. Nature, 412, 72–76.

McCann K.S., 2000. The diversity–stability debate. Nature, 405, 228–233.

Meroth C.B., Hammes W.P., Hertel C., 2003. Identification and Population Dynamics of Yeasts in Sourdough Fermentation Processes by PCR-Denaturing Gradient Gel Electrophoresis. Appl. Environ. Microbiol., 69, 7453–7461.

Minervini F., Di Cagno R., Lattanzi A., De Angelis M., Antonielli L., Cardinali G., et al., 2012. Lactic acid bacterium and yeast microbiotas of 19 sourdoughs used for traditional/typical italian breads: interactions between ingredients and microbial species diversity. Appl. Environ. Microbiol., 78, 1251–1264.

Moslehi-Jenabian S., Pedersen L.L., Jespersen L., 2010. Beneficial Effects of Probiotic and Food Borne Yeasts on Human Health. Nutrients, 449–473.

Mouquet N., Gounaud I., Gravel D., 2010. Biodiversité et fonctionnement des écosystèmes. Regards et Débats sur la Biodiversité 3, SFE.

Nout M.J.R., 1991. Ecology of accelerated natural lactic fermentation of sorghum-based infant food formulas. International Journal of Food Microbiology, 12, 217–224.

Palacios M.C., Haros M., Sanz Y., Rosell C.M., 2008. Selection of lactic acid bacteria with high phytate degrading activity for application in whole wheat breadmaking. LWT 41, 82–92.

Picozzi C., Bonacina G., Vigentini I., Foschino R., 2010. Genetic diversity in Italian *Lactobacillus sanfranciscensis* strains assessed by multilocus sequence typing and pulsed-field gel electrophoresis analyses. Microbiology, 156, 2035–2045.

Poutanen K., 2012. Past and future of cereal grains as food for health. Trends in Food Science & Technology, HEALTHGRAIN: Exploiting the health benefits of wholegrain cereals, 25, 58–62.

Poutanen K., Flander L., Katina K., 2009. Sourdough and cereal fermentation in a nutritional perspective. Food Microbiology, 4th International Symposium on Sourdough - From Arts to Science 14-17 October 2009, Freising, Germany - Guest Editors: R.F. Vogel and M.G. Gänzle, 26, 693–699.

Pulliam H.R., 1988. Sources, sinks, and population regulation. American Naturalist, 132, 652–661.

Reich P.B., Tilman D., Isbell F., Mueller K., Hobbie S.E., Flynn D.F.B, Eisenhauer N., 2012. Impacts of biodiversity loss escalate through time as redundancy fades. Science, 336, 589-592

Rémésy C., Leenhardt F., Fardet A., 2015. Donner un nouvel avenir au pain dans le cadre d'une alimentation durable et préventive. Cahiers de nutrition et de diététique, 50, 39–46.

Roussel P., Chiron H., 2005. Les pains français. Métiers De Bouche. Mae Erti.

Samuel D., 2002. Bread in Archeology. Civilisations, 49, 27–36.

Scheirlinck I., Van der Meulen R., Van Schoor A., Vancanneyt M., De Vuyst L., Vandamme P., et al., 2007. Influence of Geographical Origin and Flour Type on Diversity of Lactic Acid Bacteria in Traditional Belgian Sourdoughs. Applied and Environmental Microbiology, 6262–6269.

Seoighe C., Wolfe K.H., 1999. Yeast genome evolution in the post-genome era. Current Opinion in Microbiology, 2, 548–554.

Stolz P., Böcker G., Vogel R.F., Hammes W.P., 1993. Utilisation of maltose and glucose by lactobacilli isolated from sourdough. FEMS Microbiology Letters, 109, 237–242.

Tilman D., Downing J.A., 1994. Biodiversity and stability in grasslands. Nature, 367, 363–365.

Torrieri E., Pepe O., Ventorino V., Masi P., Cavella S., 2014. Effect of sourdough at different concentrations on quality and shelf life of bread. LWT - Food Science and Technology, 56, 508–516.

Lhomme E., Urien C., Legrand J, Dousset X, Onno B., Sicard D. 2015. Sourdough microbial community dynamics: An analysis during French organic bread-making processes. Food Microbiology. In press

Vernocchi P., Valmorri S., Gatto V., Torriani S., Gianotti A., Suzzi G., et al., 2004. A survey on yeast microbiota associated with an Italian traditional sweet-leavened baked good fermentation. Food Research International, 37, 469–476.

Vigentini I., Antoniani D., Roscini L., Comasio A., Galafassi S., Picozzi C., et al., 2014. *Candida milleri* species reveals intraspecific genetic and metabolic polymorphisms. Food Microbiology, 42, 72–81.

Vogelmann S.A., Hertel C., 2011. Impact of ecological factors on the stability of microbial associations in sourdough fermentation. Food Microbiology, 28, 583–589.

Vrancken G., De Vuyst L., Van der Meulen R., Huys G., Vandamme P., Heide-Marie D., 2010. Yeast species composition differs between artisan bakery and spontaneous laboratory sourdoughs. FEMS Yeast Research, 10, 471–481.

Cet article est publié sous la licence Creative Commons (CC BY-NC-ND 3.0)

https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/3.0/fr/

Pour la citation et la reproduction de cet article, mentionner obligatoirement le titre de l'article, le nom de tous les auteurs, la mention de sa publication dans la revue « Innovations Agronomiques », la date de sa publication, et son URL)