

Impacts des apports organiques sur les communautés microbiennes telluriques

Raphaël Calbrix⁽¹⁾, Karine Lava⁽¹⁾ et Sylvie Barry⁽²⁾

(1) Laboratoire BioSol, ESITPA, 13 rue du nord, 76000 Rouen

(2) Laboratoire de Microbiologie Du Froid, Faculté des sciences 76821 Mont-Saint-Aignan,

Mots clefs : amendement, biomasse microbienne, diversité fonctionnelle potentielle, empreintes génétiques

L'agriculture est sollicitée par les collectivités pour contribuer au recyclage des matières organiques, déchets urbains, composts d'ordures ménagères, boues de stations d'épuration. L'utilisation de ces matières organiques dans une agriculture respectueuse de l'environnement implique la connaissance des impacts de ces pratiques sur l'écologie microbienne des sols. Les travaux publiés à ce jour concernant les répercussions des pratiques culturales sur les communautés telluriques, montrent des résultats contradictoires [1],[2].

Le développement des outils moléculaires a permis de mettre en évidence la complexité des communautés microbiennes [3] dont l'analyse suppose une approche pluridisciplinaire : ce travail est réalisé dans le cadre d'un programme coordonné par l'ACTA (association de coordination des techniques agricoles).

Le site expérimental, situé en plaine de Caen (Basse Normandie), consiste en quatre parcelles cultivées (avec un précédent jachère) recevant des amendements différents (boues de station d'épuration, fumiers de volailles, compost) en référence à un amendement chimique témoin. Après épandage, le suivi des communautés microbiennes est réalisé sur l'horizon 0-10 cm en cinétique sur une durée de trois ans.

La biomasse microbienne a été quantifiée par la méthode de fumigation-extraction, la quantification des ADN totaux et le dénombrement des bactéries cultivables. La diversité des communautés microbiennes est évaluée par l'analyse de profils métaboliques (Biolog) et la réalisation d'empreintes génétiques (RISA).

Avant épandage, la mesure de tous ces indicateurs met en évidence l'homogénéité des parcelles. Les résultats concernent les 18 premiers mois suivant l'épandage. D'un point de vue quantitatif, après l'épandage une augmentation de la biomasse est observée mais cet effet est transitoire (trois mois au maximum) et indépendant du type d'amendement. L'analyse de la diversité génétique des communautés est en cours. L'analyse en composante principale (ACP) des profils métaboliques met en évidence une modification durable (18 mois) de la diversité fonctionnelle potentielle de l'écosystème bactérien y compris dans la parcelle référence. Ceci semble suggérer la prépondérance de l'effet du travail du sol sur le type d'amendement.

1. Lawlor K., et al., *Comparison of methods to investigate microbial populations in soils under different agriculture management*. FEMS Microbiology Ecology, 2000. **33**: p. 129-137.
2. McCaig A.E., et al., *Nitrogen cycling and community structure of proteobacterial beta-subgroup Ammonia-oxidizing bacteria within polluted marine Fish farm sediments*. Applied and Environmental Microbiology, 1999. **65**(1): p. 213-220.
3. Torsvik V., Sorheim R., and Goksoyr J., *Total bacterial diversity in soil and sediment communities*. A review J.Ind.Microbiol., 1996. **17**: p. 170-178.