Impact des amendements organiques sur la structure des communautés microbiennes des sols: choix des méthodes, validation et résultats

Beguiristain T.[1], Edel-Hermann V.[2], Norini M.-P.[3], Leyval C.[1], Gautheron N.[2], Leglize P.[1], Steinberg C.[2], Lebeau T.[4], Houot S.[5]

[1]*LIMOS, Laboratoire des Interactions Microorganismes-Minéraux-Matière Organique dans les Sols UMR 7137 Nancy Université-CNRS, Faculté des Sciences, BP 70239, 54 506 Vandoeuvre-lès-Nancy Cedex*
[2]*UMR INRA-Université de Bourgogne, Microbiologie et Géochimie des Sols, 17 rue Sully - BP 86510, 21065 Dijon Cedex*
[3]*Equipe Dépollution Biologique des Sols, IREBS, FRE 3211 CNRS, BP 50568, 68 008 COLMAR cedex*
[4]*INRA, UMR Environnement et Grandes Cultures, 78850 Thiverval-Grignon*

Introduction

Le recyclage en agriculture de produits résiduaires organiques (PRO), générant des flux de matières organiques dans les sols mais également potentiellement vecteurs de polluants organiques et métalliques, pourrait, à long terme, avoir un effet perturbateur sur le fonctionnement biologique des sols.

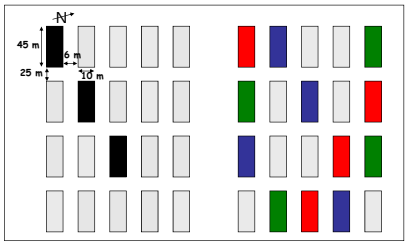
Dans ce cadre, l'objectif de cette étude est d'estimer l'impact de produits résiduaires organiques (PRO) de natures différentes (compost d'ordures ménagères résiduelles (OMR) et compost de déchets verts et boues (DVB)), apportées à des doses règlementaires, sur la structure des communautés microbiennes dans les sols en utilisant deux techniques d'analyse de l'ADN extrait des sols : PCR-TTGE et PCR-T-RFLP. Des échantillons ont été prélevés sur le dispositif expérimental de Feucherolles (78) (collaboration INRA-Veolia Environnement) entre septembre 2004 et octobre 2006. Les analyses de la structure des différentes communautés ayant été effectuées par différentes techniques et par trois laboratoires différents, une validation interlaboratoire a été nécessaire.

Materiels et Méthodes

1) Un champ cultivé : site « Qualiagro » (Feucherolles, France)

Amendement tous les 2 ans pendant 8 ans avec 2 produits résiduaires organiques (PRO):
Compost de déchets verts plus boues d'épuration (DVB) ou
Compost d'ordures ménagères résiduelles (OMR)

Plan du dispositif expérimental



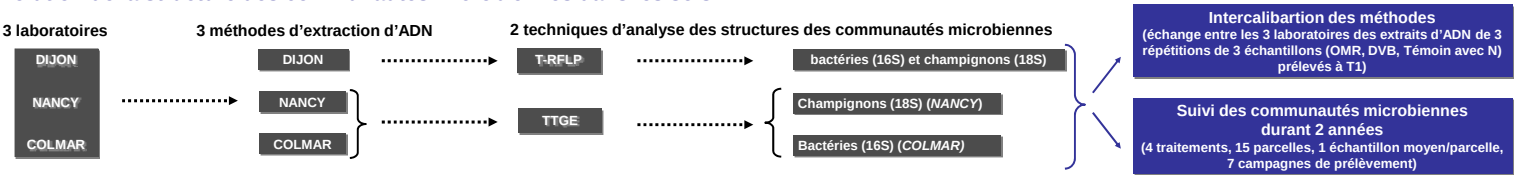
Traitements

- Parcelles amendées par DVB (amendées avec N)
- Parcelles amendées par OMR (amendées avec N)
- Parcelles témoins (amendées avec N)
- Parcelles témoins sans N
- Autres traitements (non analysés)

Caractéristiques des sols				
pH	6.8	7.4	6.9	6.8
C (g/kg)	12.1	11.2	10.3	9.6
C/N	10.6	10.3	10.2	10.1
Cu (mg/kg)	13.6	13,8	12.1	11.9
Zn (mg/kg)	51.8	53.6	50.5	46.3
HAP (µg/kg)	200	200	200	200

2) 7 campagnes de prélèvement de septembre 2004 à octobre 2006:

3) Evolution de la structure des communautés microbiennes dans les sols



Résultats-Discussion

La validation interlaboratoire a montré que la structure des communautés bactériennes et fongiques dépend de la méthode d'extraction d'ADN utilisée et du laboratoire qui fait l'analyse (Figure 1). Cependant, les extraits d'ADN obtenus avec les différentes méthodes d'extraction permettent d'aboutir à la même conclusion quant à la discrimination des traitements.

Ces méthodes n'ont pas permis de mettre en évidence de réponse de la microflore bactérienne (Figure 2, A et B) et fongique (figure 2, C) aux amendements organiques. Par contre, les structures génétiques des communautés bactériennes et fongiques évoluent dans le temps au cours des deux années d'étude.

On peut ainsi considérer l'analyse des structures des communautés microbiennes comme un révélateur du comportement du biota dans le sol mais la causalité des variations est difficile à identifier dans l'agro-écosystème. Les résultats relatifs aux communautés microbiennes doivent être associés à ceux relatifs aux paramètres agronomiques et abiotiques des parcelles.

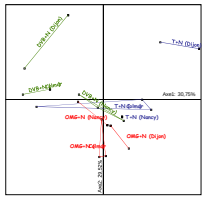


Figure 1: Analyse en composantes principales de la structure des communautés fongiques estimée par PCR-TTGE lors de la campagne de validation interlaboratoire.

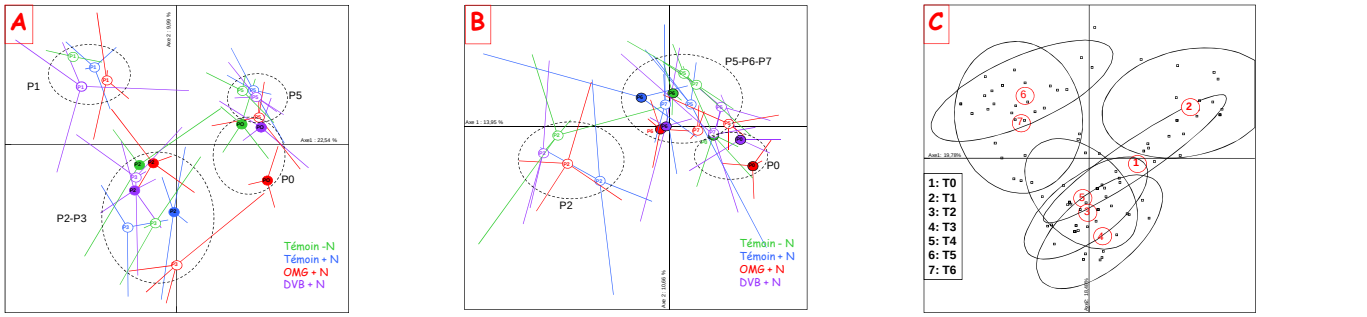


Figure 2: Evolution des structures des communautés microbiennes du sol après apport de 2 PRO d'origines différentes (OMR et DVB).
A et B: suivi des structures des communautés bactériennes par T-RFLP, C: suivi des structures des communautés fongiques par TTGE.