# MÉCANISMES IMPLIQUÉS DANS L'ADAPTATION MICROBIENNE À LA BIODÉGRADATION DE PRODUITS PHYTOSANITAIRES

par Fabrice **Martin-Laurent**[1]

La dégradation de produits phytosanitaires dans l'environnement est principalement réalisée par des micro-organismes. La biodégradation microbienne de produits phytosanitaires peut-être (*i*) co-métabolique réalisée par des enzymes cataboliques non-spécifiques ou (*ii*) métabolique impliquant des enzymes spécifiques réalisant la minéralisation complète du produit et générant de l'énergie utilisée pour la croissance et le développement de la population microbienne dégradante. L'apparition de populations microbiennes dégradantes résulte de l'adaptation de la microflore sous la pression de sélection exercée par l'application répétée de produits phytosanitaires. Ces mécanismes d'adaptation microbienne font appel à des flux de gènes horizontaux (conjugaison) et aussi à des réarrangements génétiques (recombinaison, transposition). L'expression du potentiel génétique dégradant responsable du fonctionnement des populations microbiennes telluriques dégradant les pesticides dépend de facteurs environnementaux abiotiques à paramètres physicochimiques comme le climat (température, humidité) ou biotiques comme laplante (rhizosphère) et les vers de terre (drillosphère)) et de la biodisponibilité du produit phytosanitaire.

Jusqu'à la fin du siècle dernier ces mécanismes ont principalement été étudiés en considérant le sol comme une boîte noire sur laquelle l'estimation de l'impact d'une activité anthropique (application d'un produit phytosanitaire) était réalisée par des mesures d'activité microbienne (dégradation du produit phytosanitaire) et de flux (adsorption, désorption, lixiviation). Ces dix dernières années, l'avancée des techniques moléculaires, permettant d'extraire les acides nucléiques du sol et de les analyser par des techniques basées sur l'amplification de l'ADN par réaction de polymérisation en chaîne, a ouvert de nouvelles perspectives de recherche en écologie microbienne. Ils permettent notamment de décrire les populations microbiennes (biodiversité), les mécanismes microbiens impliqués (gène de dégradation) ainsi que les processus les régulant en réponse à différents facteurs afin de comprendre *in fine* leur fonctionnement dans l'environnement (activité biodégradante). Ces travaux permettent finalement d'aborder des concepts d'écologie tels que la redondance fonctionnelle ou la résilience.

Cette présentation concerne les travaux de recherche que nous avons réalisés ces 4 dernières années concernant les mécanismes microbiens impliqués dans la biodégradation de l'atrazine utilisé pour contrôler le développement de plantes adventices dans les cultures de maïs. Les résultats présentés concernent (i) les mécanismes d'adaptation microbienne conduisant à la mise en place d'une microflore adaptée génétiquement apte à biodégrader l'atrazine, (ii) la régulation de l'expression du potentiel génétique dégradant, (iii) les modifications de la taille, la structure, la diversité et l'activité de communautés microbiennes dégradant l'atrazine dans deux compartiments du sol riches en matières organiques, la rhizosphère du maïs et la drillosphère.

[1] UMR Microbiologie et Géochimie des Sols, INRA-Université de Bourgogne, 17 Rue Sully, BP 86510, 21065 Dijon Cedex.

Copyright Académie d'Agriculture de France. Séance du 24 novembre 2004. 