

>> Caroline Roy, étudiante boursière, Département de biologie, Université de Sherbrooke;
 Guylaine Talbot et Daniel Massé, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Sherbrooke;
 Carole Beaulieu, Département de biologie, Université de Sherbrooke

Les microorganismes responsables des odeurs dans le lisier de porc

Des communautés microbiennes particulières du lisier de porc peuvent être associées aux différentes étapes de la dégradation anaérobie.

L'industrie de la production porcine doit faire face à des problèmes environnementaux et de nuisance, associés à la gestion des lisiers, qui en limitent son expansion. À l'heure actuelle, les moyens chimiques ou biologiques utilisés pour tenter d'atténuer les émissions d'odeurs et de gaz toxiques ou à effet de serre donnent des résultats très variables. Afin de déterminer les stratégies de gestion de lisier qui donneront des résultats positifs, nous devons comprendre les mécanismes d'action des différents groupes de microorganismes présents dans le lisier qui sont la cause de la production des composés indésirables.

La microbiologie moléculaire environnementale est un domaine en plein essor et a élargi notre perception de la biodiversité microbienne. En plus de montrer que des communautés microbiennes particulières du lisier de porc peuvent être associées aux différentes étapes de la dégradation anaérobie, un projet de recherche a aussi servi à développer des outils moléculaires de PCR quantitatif pour déterminer l'activité de certains groupes de microorganismes qui seraient responsables de la production ou de la dégradation des composés odorants. Ce projet

s'inscrit dans le cadre d'une étude plus vaste portant sur des projets de recherche en digestion anaérobie, sur la performance des additifs de lisier, sur la réduction de gaz à effet de serre et sur l'atténuation des odeurs menés par l'équipe en environnement du Centre de recherche et de développement sur le bovin laitier et le

porc d'Agriculture et Agroalimentaire Canada de Sherbrooke.

La cause des odeurs

La dégradation anaérobie (sans oxygène) de la matière organique du lisier se fait en trois étapes successives (voir figure 1), par différents types de microorganismes : la première étant l'hydrolyse et la fermentation, suivie de l'acétogénèse (production d'acétate) puis de la méthanogénèse (production de méthane).

De nombreux produits y sont alors formés, entre autres le sulfure d'hydrogène, les acides gras volatils (acides acétique, propionique, butyrique, valérique, etc.) et les composés azotés et soufrés. Une faible fraction de ces composés intermédiaires odorants est à son tour

FIGURE 1
 DÉGRADATION ANAÉROBIE SIMPLIFIÉE DU LISIER PAR LES MICROORGANISMES

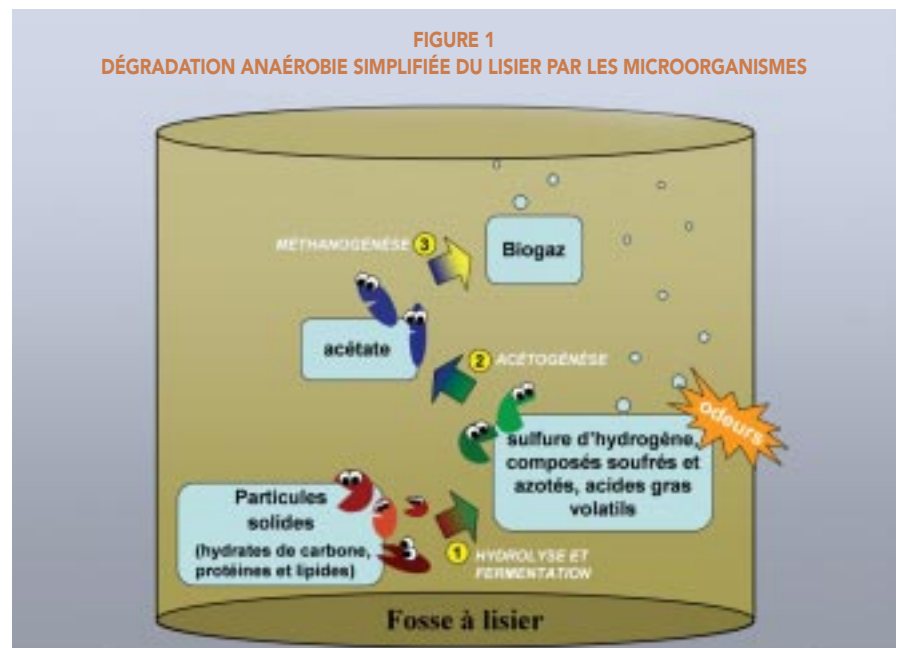
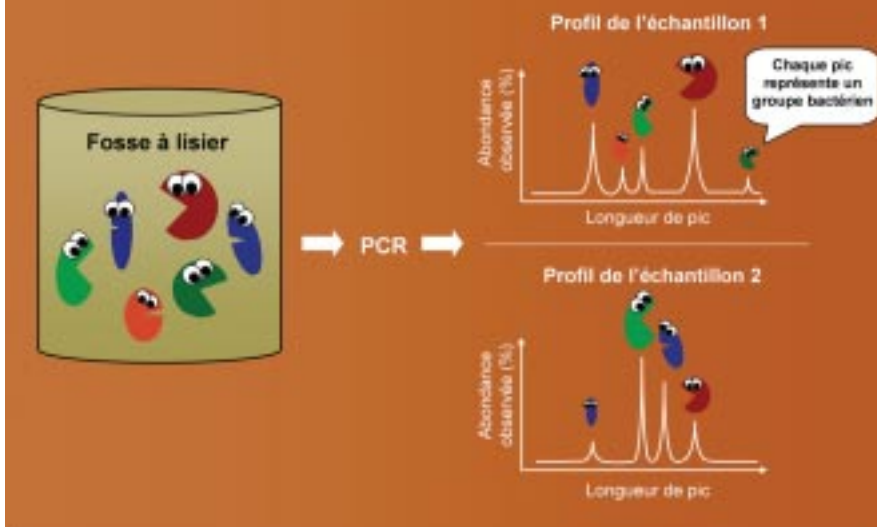


FIGURE 2
EXEMPLES DE PROFILS DE PICS



utilisée pour former de l'acétate et finalement produire le biogaz composé de méthane et de gaz carbonique. Les activités des groupes microbiens sont donc considérées comme étant responsables de la génération des odeurs à cause de l'accumulation des composés odorants produits dans la fosse à lisier. La microbiologie moléculaire pourrait nous aider à comprendre pourquoi la dégradation est incomplète et ainsi trouver des moyens pour y remédier en identifiant et en suivant les groupes microbiens responsables de la production des composés odorants.

Plus de bactéries détectées

Notre connaissance actuelle des groupes de bactéries présents dans le lisier de porc est surtout basée sur des études microbiologiques classiques, où les bactéries sont cultivées en laboratoire pour permettre leur identification. Malheureusement, comme pour les autres échantillons environnementaux, ces techniques permettent la détection que d'au plus 20 % des types de bactéries. Pour détecter la présence de tous les types de bactéries, la microbiologie moléculaire s'avère un outil fort intéressant.

Les différents groupes de bactéries sont détectés en amplifiant par PCR (Polymerase Chain Reaction = Réaction en

laboratoire pour détecter la présence d'un ADN) un gène essentiel retrouvé dans l'ADN de toutes les bactéries. Le PCR permet d'obtenir une empreinte digitale (ou profil) où chaque groupe de bactéries est représenté par un pic indiquant son importance relative (voir figure 2). Ainsi, cibler ce gène par PCR permet de détecter un grand éventail de bactéries même si elles sont encore inconnues.

Pour chaque échantillon analysé, un profil composé de l'ensemble des différents pics est obtenu et correspond aux microorganismes détectés. Cela permet d'étudier par exemple l'effet de certains produits qui pourraient atténuer les odeurs en inhibant (ou en favorisant) les groupes

de bactéries responsables. Pour connaître l'identité réelle de chaque pic dans un profil, on fait généralement appel au séquençage de l'ADN ou à des banques de données publiques.

Des groupes de bactéries qui changent

Dans le but d'étudier les changements des profils et de l'activité métabolique des communautés bactériennes adaptées pour dégrader le lisier, un réseau de huit compartiments reliés entre eux a servi de modèle de fosse à lisier. Chaque compartiment représentait une durée d'entreposage différente. Le lisier était de plus en plus dégradé et les profils de groupes microbiens changeaient au fil des compartiments, en suivant les étapes de la dégradation anaérobie. Certains profils étaient associés à la production d'acides gras volatils alors que d'autres, à la production de biogaz. En examinant comment les profils de groupes microbiens avaient changé, certains pics pourraient représenter des acteurs majeurs impliqués dans le processus de dégradation du lisier.

L'étude a aussi montré que l'ARN serait un meilleur indicateur des microorganismes actifs que l'ADN. Ceci, parce que les changements de profils étaient plus marqués et rapides avec l'ARN qu'avec l'ADN. La quantité d'ARN augmente beaucoup dans une bactérie lorsqu'elle est active, tandis que son ADN demeure stable.

Il sera dorénavant possible de développer des stratégies particulières à chacune des populations microbiennes pour les inhiber ou les éliminer.

Traquer les microorganismes

Le PCR quantitatif est une technologie de plus en plus utilisée en microbiologie environnementale et permet de déterminer la quantité d'un groupe de microorganismes en particulier. En utilisant l'ARN au lieu de l'ADN, nous avons déterminé le niveau d'activité de certains groupes de bactéries possiblement associées aux odeurs.

Voici les résultats obtenus. Les bactéries des groupes *Clostridium*/*Eubacterium* et *Peptostreptococcus*, qui sont connus pour produire des acides gras volatils et d'autres composés odorants azotés, étaient plus actives dans les premiers compartiments. Le groupe des *Syntrophomonas*, dégradant certains acides gras volatils pour produire l'acétate, était plus actif dans les derniers compartiments. Ces résultats correspondent bien au modèle de la dégradation anaérobie.

De plus, les niveaux de deux groupes de microorganismes produisant le méthane (méthanogènes) en utilisant l'acétate ont été déterminés : le groupe des *Methanosaeta* était plus important que le groupe des *Methanosarcina*. Cependant, les *Methanosaeta* étaient plus actives dans les premiers compartiments et les *Methanosarcina* étaient plus actives dans le compartiment produisant le plus de biogaz.

Suppléments, stratégies et additifs

Les deux méthodes de biologie moléculaire présentées ci-dessus vont être fort utiles à la communauté scientifique. Grâce à l'utilisation de ces nouvelles technologies, les futurs projets de recherche pourront cibler davantage les populations microbiennes responsables des émissions d'odeurs. Il sera dorénavant possible de développer des stratégies particulières à chacune des populations microbiennes pour les inhiber ou les éliminer.

Les objectifs de la recherche future seront de mieux comprendre, au plan microbiologique, les effets de suppléments ou de stratégies alimentaires sur chacune des populations microbiennes et sur la production de composés odorants, ou encore de développer de nouveaux additifs de lisier qui seraient efficaces pour inhiber les microorganismes responsables des émissions d'odeurs. »

Remerciements

La réalisation de ce projet de recherche a été rendue possible grâce à la participation de la Fédération des producteurs de porcs du Québec et à la collaboration de professionnels du Centre de recherche et de développement sur le bovin laitier et le porc d'Agriculture et Agroalimentaire Canada de Sherbrooke.