

La restauration des prairies : impact sur la diversité microbienne tellurique

Hélène Sauvage⁽¹⁾, Raphaël Calbrix⁽¹⁾, Barbara Pawlak⁽²⁾, Christophe Gangneux⁽¹⁾, Sylvie Barry⁽²⁾ et Karine Laval⁽¹⁾

(1) Laboratoire BioSol, ESITPA, 13 rue du nord, 76000 Rouen, hsauvage@esitpa.org,

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

Mots clés : prairies, biomasse microbienne, diversité fonctionnelle potentielle, empreinte génétique, PCR en temps réel

La restauration de la prairie dans la rotation des cultures semble améliorer les critères agronomiques de la qualité des sols. Compte-tenu du rôle essentiel des micro-organismes dans la dynamique des matières organiques, l'analyse de la structure de ces communautés constitue une approche clef dans la compréhension du fonctionnement biologique des sols.

Le site expérimental, situé en Haute-Normandie, consiste en un ensemble de 6 parcelles de prairies implantées sur des sols limoneux selon une succession temporelle (6 mois, 2, 4, 7, 8, et 34 ans) en référence à une parcelle cultivée, permettant d'envisager une étude diachronique. L'évolution de la diversité des micro-organismes a été analysée tant d'un point de vue quantitatif que qualitatif sur l'horizon de surface 0-10cm et l'équivalent labour 0-30cm. Ce travail s'intègre dans le programme D-MOSTRA (Ministère de l'environnement).

Les communautés microbiennes telluriques sont très diversifiées et difficilement cultivables^[1], leur étude nécessite des approches complémentaires.

La biomasse microbienne totale a été estimée par fumigation-extraction^[2], quantification des ADN totaux, dénombrement des bactéries cultivables et quantification par PCR en temps réel des fungi du genre *fusarium*.

Parallèlement, la diversité des micro-organismes a été évaluée par la caractérisation phénotypique des bactéries cultivables, la capacité de l'écosystème à métaboliser différentes sources carbonées (Biolog)^[3] et par l'établissement d'empreintes génétiques des communautés bactériennes et fongiques (RISA).

La quantification de la biomasse microbienne a permis de discriminer les prairies entre elles, et de mettre en évidence son augmentation avec l'âge de la prairie sur l'horizon 0-10cm. Sur cette profondeur l'évolution de la diversité fonctionnelle potentielle des communautés microbiennes, la modification des profils phénotypiques et des empreintes génétiques obtenues, semblent aussi corrélées avec la mise en prairies. Ces paramètres sont à relier avec le stockage du carbone organique observé très nettement dans l'horizon superficiel.

Ces travaux montrent l'intérêt de certaines approches méthodologiques pour l'analyse des communautés microbiennes et confirment l'impact sur l'horizon 0-10cm, non observé sur 0-30cm, de la restauration des prairies sur ces communautés.

[1] Torsvik V., Goksoyr J., and Dane F.L., High diversity in DNA of soil bacteria. Applied and Environmental Microbiology, 1990. **56**: p. 782-787.

[2] Jenkinson D.S. and Powlson D.S., *The effects of biocidal treatments on metabolism in soil-V*. Soil Biology and biochemistry, 1976. **8**: p. 209-213.

[3] Garland J.L. and Mills A.L., *A community-level physiological approach for studying microbial communities*, in *Beyond biomass*, Ritz K., Dighton J, and Giller K.E., Editors. 1994, British Society of Soil Science. p. 77-83.