

PRESENTATION DE L'INDICATEUR

Les champignons dominent en nombre et en masse dans la plupart des écosystèmes du sol. Ils prélèvent le carbone nécessaire à leur métabolisme par symbiose ou par absorption dans leur environnement. Leur croissance filamenteuse leur permet de constituer de vastes réseaux au sein des sols et de transporter ainsi les composés carbonés, les nutriments et l'information sur de longues distances.

Ils sont habituellement subdivisés en trois groupes selon leur mode de nutrition : les champignons saprophytes

(décomposeurs de matière organique), les symbiotes (commensales ou mutualistes) et les parasites. Le cortège enzymatique spécifique des champignons (laccases, lignine peroxydases, cellulases,) en font les décomposeurs majoritaires de la matière organique présente dans les sols dont certains polluants organiques. Les produits de dégradation sont minéralisés, i.e. biodisponibles pour la nutrition des plantes ou transformés en composés humiques.

COMMENT MESURER LA BIOMASSE MOLÉCULAIRE FONGIQUE ?

PRÉLÈVEMENT DE SOL :

La période recommandée de prélèvement du sol pour la mesure de ce biomarqueur est le printemps ou l'automne. En matière d'échantillonnage dans le sol, l'horizon 0-20cm est habituellement utilisé. De façon générale, l'échantillonnage consiste en un prélèvement d'environ 1,5 kg de sol à la tarière sur l'horizon de surface. Chaque échantillon est un composite de 5 carottes de sol prélevées à la tarière au sein d'une zone de prélèvement circulaire de 2 mètre de diamètre. Les échantillons sont tamisés/homogénéisés à 2mm. Ils doivent être traités le plus rapidement possible mais peuvent exceptionnellement être conservés pendant 2 jours maximum entre 4°C et 10°C avant traitement.

ANALYSE:

Après extraction de l'ADN microbien total du sol, les échantillons sont dilués à 2 ng/μl avant analyse par PCR en temps réel. L'ADN fongique est amplifié en utilisant un couple d'amorces universelles spécifiques des Fungi ciblant les séquences des génomes à l'origine de la synthèse des ARN ribosomiaux (Gangneux et al. 2011). Une série de dilutions contenant des quantités connues d'ADN génomique de *Fusarium graminearum* est utilisée comme standard pour la quantification des échantillons d'ADN.

GAMME DE VARIATION DU BIOINDICATEUR :

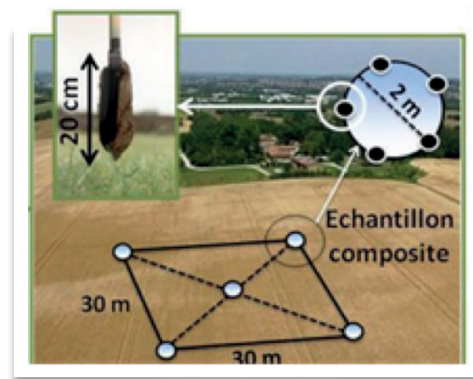
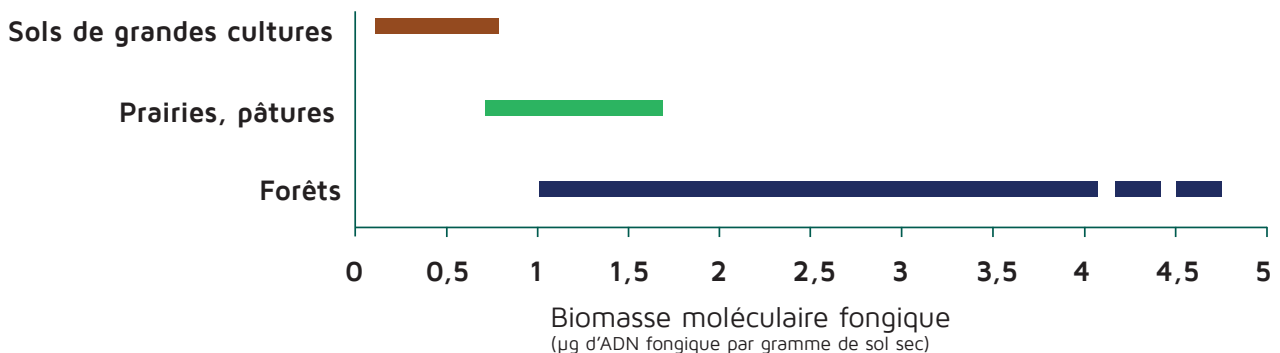


Figure 1. Représentation schématique de la stratégie d'échantillonnage du sol

La biomasse moléculaire fongique varie selon différents types d'influence :

- Les impacts anthropiques liés au travail du sol ou à la présence de polluants qui engendrent une diminution de la biomasse fongique totale.
- Le type et l'âge du peuplement végétal qui agit qualitativement et quantitativement sur les champignons des sols.

INTERETS ET LIMITES DE L'INDICATEUR DIVERSITE TAXONOMIQUE MICROBIENNE



Intérêts

- Intègre tous les facteurs modulant la biomasse fongique des sols
- Sensibilité forte aux changements de pratiques culturales et aux types d'occupation des sols (travail du sol, mode d'occupation).



Limites

- Le référentiel sur la biomasse fongique dans des contextes pédoclimatiques contrastés se construit mais manque encore d'universalité faute d'un nombre suffisant de données.
- Une diminution de la biomasse fongique est généralement la résultante d'une combinaison de facteurs.
- La quantification est globale et ne permet donc pas de déceler l'émergence ou la raréfaction de sous-communautés fongiques assurant des fonctions potentiellement cruciales.

DE LA RECHERCHE VERS L'APPLICATION

Un diagnostic de la qualité des sols à partir de cet indicateur est envisageable même si des référentiels doivent être construits. Ce diagnostic permet une évaluation de

l'impact des pratiques agricoles, de l'efficacité de mesures de réhabilitation des sols, de l'évolution d'un sol soumis à des perturbations chroniques ou aiguës.

RÉFÉRENCES ET CONTACTS

1. Gangneux, C., Akpa Vincelas, M., Sauvage, H., Desaire, S., Houot, S., Laval, K., 2011. Fungal, bacterial and plant dsDNA contributions to soil total DNA extracted from silty soils under different farming practices: Relationships with chloroform-labile carbon. *Soil Biology & Biochemistry* 43:431-437.

2. Plassart, P., Akpa Vincelas, M., Gangneux, C., Mercier, A., Barray, S., Laval, K., 2008. Molecular and functional responses of soil microbial communities under grassland restoration. *Agriculture, Ecosystems & Environment* 127:286-293

CONTACTS

Christophe GANGNEUX – UNILASALLE – Campus Rouen
Unité AGRI'TERR, 76134 Mont Saint Aignan cgangneux@esitpa.fr