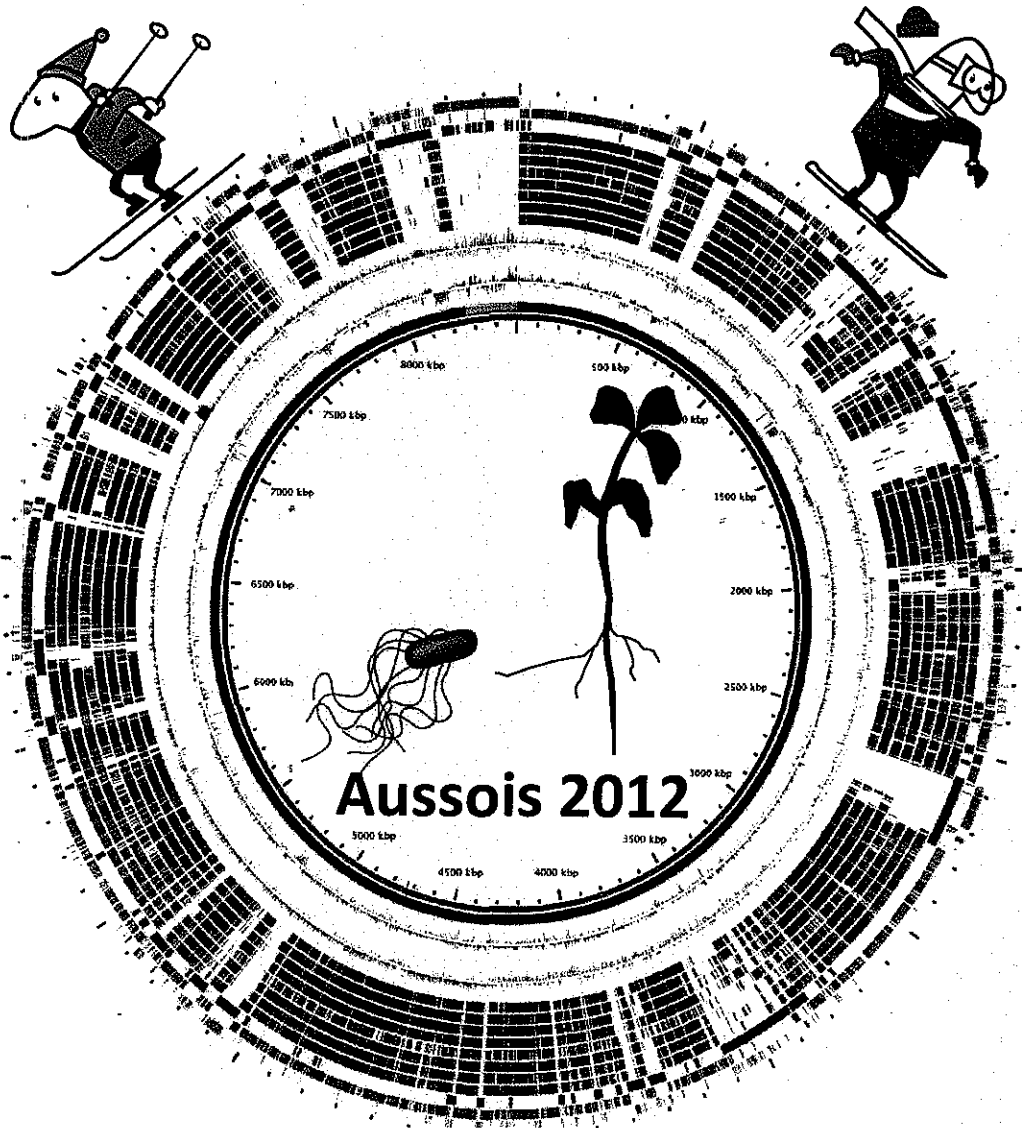


# 10<sup>èmes</sup> Rencontres Plantes-Bactéries

30 janvier – 3 février 2012



## Caractérisation génétique et fonctionnelle des communautés bactériennes de sols d'une subéraie envahie par un arbre exotique

I. Boudiaf<sup>1,2</sup>, C. Le Roux<sup>1</sup>, A. Beddiar<sup>2</sup>, E. Baudoin R. Duponnois<sup>1</sup> & Y. Prin<sup>1</sup>.

<sup>1</sup> CIRAD, IRD, Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, Campus International de Baillarguet, TA A-82/J F-34398 Montpellier, France.

<sup>2</sup> Laboratoire de Biologie Végétale et Environnement Département. De Biologie, Faculté des Sciences, Université Badji Mokhtar, BP 12, 23000, Annaba, Algérie.

Les plantes invasives représentent une menace majeure pour la composition et le fonctionnement des écosystèmes. Plusieurs recherches ont démontré que certaines espèces peuvent modifier la diversité fonctionnelle des populations microbiennes du sol.

L'*Acacia decurrens* est un arbre exotique invasif introduit dans la subéraie du Parc National d'El-Kala (Nord-est algérien). Il présente un grand danger pour le développement de *Quercus suber* et de l'écosystème forestier associé. Notre recherche vise à déterminer l'influence de l'*A. decurrens* sur les microorganismes du sol de cette subéraie envahie.

Afin de déterminer l'effet de cette espèce exotique sur la structure génétique de la communauté bactérienne totale et sur sa diversité catabolique, des empreintes moléculaires RISA et des profils cataboliques *in situ* (microrespirométrie) ont été élaborés à partir d'échantillons de sol prélevés dans trois sites du parc: *Q. suber*, *A. decurrens* et un site mixte (*Q. suber* et *A. decurrens*), ainsi que sur un sol de chênaies influencé par la croissance de l'acacia en serre. En parallèle, la diversité des bactéries symbiotiques des sols fixatrices d'azote associées à l'*A. decurrens* a été déterminée par séquençage de la région ITS (ADNr 16S-23S).

Les premiers résultats montrent une grande spécificité de la diversité catabolique entre les trois sols. Le séquençage de l'ITS indique une dominance du genre *Bradyrhizobium* et un positionnement phylogénétique spécifique des isolats provenant du site d'envahissement.