



HAL
open science

L'aubier et le duramen de chêne sélectionnent des communautés bactériennes taxonomiquement et fonctionnellement différentes au cours de leur décomposition

Sophie Mieszkin, P. Richet, Cyrille Bach, Catherine Lambrot, Laurent Augusto, Marc Buée, Stéphane Uroz

► To cite this version:

Sophie Mieszkin, P. Richet, Cyrille Bach, Catherine Lambrot, Laurent Augusto, et al.. L'aubier et le duramen de chêne sélectionnent des communautés bactériennes taxonomiquement et fonctionnellement différentes au cours de leur décomposition. IXe Colloque de l'Association Francophone d'Ecologie Microbienne (AFEM), Nov 2019, Bussang, France. hal-03194922

HAL Id: hal-03194922

<https://hal.inrae.fr/hal-03194922>

Submitted on 9 Apr 2021

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

L'aubier et le duramen de chêne sélectionnent des communautés bactériennes taxonomiquement et fonctionnellement différentes au cours de leur décomposition

Mieszkin SM.^{1,2*}, Richet P.¹, Bach C.¹, Lambrot C.³, Augusto L.³, Buée M.¹, and Uroz S.^{1,4}

(1) Université de Lorraine-INRA, UMR1136 Interactions Arbres-Microorganismes, Centre INRA grand Est de Nancy, F-54280 Champenoux, France ,
 (2) Adresse actuelle : Univ Brest, CNRS, Ifremer, Laboratoire de Microbiologie des Environnements Extrêmes, F-29280 Plouzané, France
 (3) INRA, Bordeaux Sciences Agro, UMR 1391 Interactions Sol Plante Atmosphère (ISPA), 33140 Villenave d'Ornon, France
 (4) INRA UR1138 Biogéochimie des Ecosystèmes Forestiers, Centre INRA grand Est de Nancy, F-54280 Champenoux, France
 *sophie.mieszkin@univ-brest.fr



INTRODUCTION

Au cours de leur cycle de vie, les arbres interagissent avec des communautés microbiennes complexes qui colonisent la surface et l'intérieur de leurs tissus (Bladrian, 2016; Uroz *et al.*, 2016). A leur mort, le bois est colonisé par une succession de microorganismes et d'insectes qui contribuent à sa décomposition ainsi qu'au recyclage des éléments nutritifs accumulés dans sa biomasse (Hoppe *et al.*, 2015; Ulyshen, 2016; Kielak *et al.*, 2016). Concernant les microorganismes, si le rôle des champignons est bien décrit dans la littérature, celui des bactéries reste à approfondir (Hervé *et al.*, 2016).

L'objectif principal est donc de : **caractériser la diversité taxonomique et fonctionnelle du continuum sol-bois du chêne sessile (*Quercus petraea*) en décomposition par des méthodes dépendantes et indépendantes de la culture**

MATERIELS ET METHODES

✓ Dispositif expérimental : site expérimental de Champenoux (Nord-est de la France)

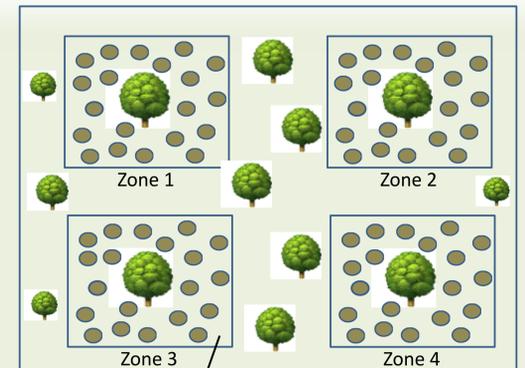
- Forêt de chênes et de charmes avec 4 zones de 0,5 ha avec un chêne sessile centenaire au centre de chaque zone. Chaque zone contient 20 rondelles de chêne sessile fraîchement coupées (diamètre de 14,5 cm et épaisseur de 2 cm)
- Suivi de décomposition des rondelles effectué pendant 9 mois avec des mesures de perte de densité de l'aubier et du duramen (mesures de pénétration d'un pointeau dans le bois) effectuées tous les 3 mois
- A 9 mois de décomposition et pour chaque zone, de la sciure d'aubier et de duramen et de sol sous-jacent ont été poolés ($n=4$ aubier; $n=4$ duramen et $n=4$ sol) pour réaliser les analyses suivantes :

✓ Diversité taxonomique bactérienne : séquençage Illumina Mi-seq sur le gène codant l'ARNr 16S

- Extraction des ADN totaux (sol, aubier et duramen) et préparation des librairies (515f/806r; Caporaso *et al.*, 2011)
- Séquençage Illumina 2x250 pb Miseq v3 et démultiplexage
- OTUs obtenues via FROGS (Escudier *et al.* 2015) en utilisant le clustering SWARM et la base de données SILVA 123

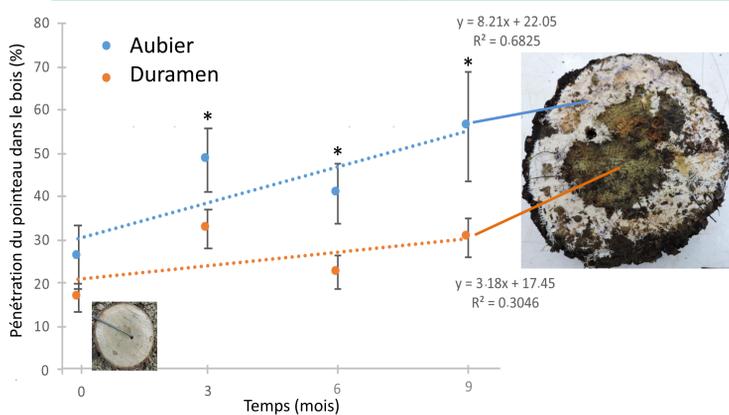
✓ Diversité fonctionnelle bactérienne : collection bactérienne et tests métaboliques et fonctionnels sur les isolats

- Identification des souches par séquençage Sanger (ARNr 16S) → **308 isolats bactériens : 117 sol, 107 aubier et 84 duramen**
- Potentiel métabolique et fonctionnel de chaque isolat déterminé en utilisant respectivement des microplaques Biolog GN2 (95 substrats carbonés différents) et des milieux de culture spécifiques liés à la dégradation du bois (cellulose, chitine, xylane et lignine) et à la capacité des isolats de mobiliser le fer



RESULTATS

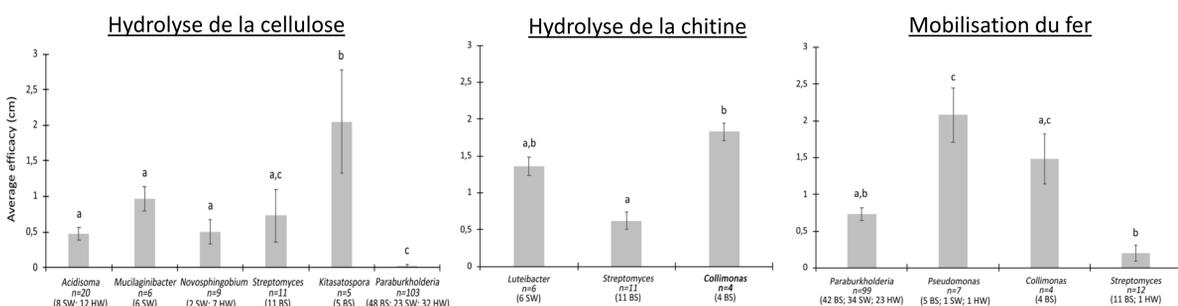
✓ Evolution de l'état de décomposition des rondelles de chêne :



- Après 9 mois de colonisation, l'aubier est visuellement plus colonisé par des champignons que le duramen
- La décomposition augmente avec le temps et est significativement plus importante pour l'aubier que le duramen de T3 à T9 mois

✓ Relations entre diversité fonctionnelle et identité taxonomique (isolats) :

- Le potentiel métabolique et fonctionnel des isolats du sol est significativement plus important que celui des isolats du bois

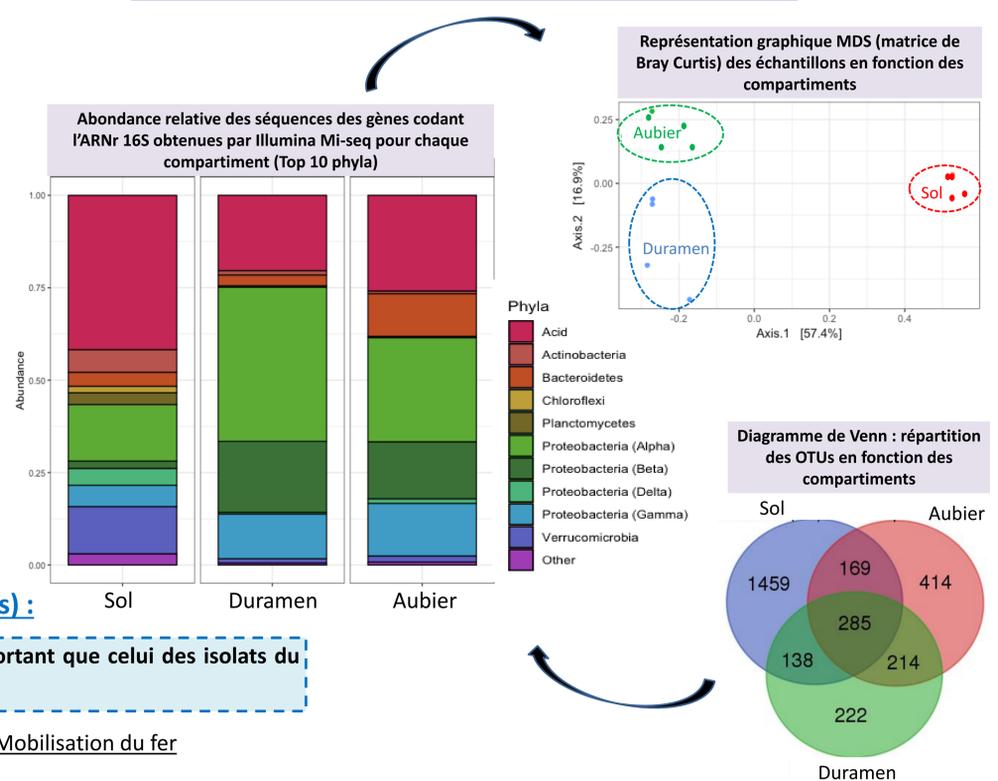


- Isolats du bois sont plus adaptés à dégrader la cellulose que les isolats du sol : *Muciliginibacter*, *Novosphingobium* et *Acidisoma* mais les isolats appartenant au genre *Kitasatospora* (sol) sont les plus efficaces
- Les isolats appartenant au genre *Collimonas* (sol) et *Luteibacter* (bois) sont efficaces pour hydrolyser la chitine
- Les isolats appartenant au genre *Pseudomonas* (sol et bois) et *Collimonas* (sol) sont efficaces pour mobiliser le fer
- Pas d'isolats capables de dégrader la lignine

CONCLUSIONS :

- ✓ Lien entre colonisation bactérienne du bois en décomposition et le sol, mais aussi processus de sélection pour retenir des bactéries adaptées afin de décomposer le bois et notamment la cellulose
- ✓ Les communautés bactériennes des trois compartiments différent (richesse, diversité et fonctions)
- ✓ Les différences observées entre les communautés du bois (aubier vs duramen) peuvent s'expliquer par l'effet des propriétés physico-chimiques du bois
- ✓ Les bactéries issues du bois sont fortement impliquées dans la dégradation de la cellulose

✓ Diversité taxonomique bactérienne (Illumina Mi-seq) :



- Une part importante de la communauté bactérienne du bois est partagée avec celle du sol → **origine édaphique des bactéries colonisant le bois mort**
- Les communautés bactériennes sont structurées en fonction des compartiments (aubier vs duramen vs sol) → plus forte abondance des *Proteobacteria* (Alpha- et Beta-P duramen) et des *Bacteroidetes* (aubier) dans le bois et des *Acidobacteria* et *Verrucomicrobia* dans le sol
- OTUs spécifiques pour chaque compartiment
- Différentiation des communautés bactériennes du bois et du sol obtenue également par culture
- Les propriétés physico-chimiques du bois structurent les communautés bactériennes (N, P, Mg, C/N et pH)

REFERENCES

Baldrian, 2016 *Microbiol Rev* 41:109-130; Caporaso *et al.*, 2011 *Proc Natl Acad Sci USA* 108:4516-4522; Escudier *et al.* 2015 The environmental genomic Conference, Montpellier, France; Hervé *et al.*, *PLoS One* 9:e88141; Hoppe *et al.*, 2015 *Sci rep* 5:9456; Kielak *et al.*, 2016 *Front microbial* 7:231; Ulyshen, 2016 *Biol Rev* 91:70-85; Uroz *et al.*, 2016 *Soil Biol Biochem* 103:471-488

REMERCIEMENTS

Ce travail a été soutenu par le laboratoire d'excellence Arbre (ANR-11-LABX-0002-01; DivBacto) et par le projet EFABA (SF 4242; AI-16-3). L'UMR 1136 est soutenue par l'agence Française pour la recherche via laboratoire d'excellence Arbre (ANR-11-LABX-0002-01).