



Characterisation of the taxonomic and functional diversity of bacterial communities isolated from heartwood and sapwood of decaying oak

Responsable scientifique : Sophie MIESZKIN, UMR Interactions Arbres/Micro-organismes (IAM)

Partenaires Labex : Stéphane DUMARÇAY, Laboratoire d'Etudes et de Recherche sur le Matériau Bois (LERMAB)

Contexte —

Les microorganismes sont les principaux décomposeurs du bois dans les écosystèmes forestiers. Parmi eux, les champignons sont les plus étudiés et leur participation active s'explique par la capacité à produire une myriade d'enzymes extracellulaires lignocellulolytiques afin de dégrader les polymères complexes composant le bois. À l'inverse, le rôle des bactéries a longtemps été sous-estimé malgré leur évidente implication dans les processus de dégradation du bois. De récentes études ont mis en évidence la diversité taxonomique de communautés bactériennes présentes sur du hêtre (*Fagus sylvatica*) et de l'épicéa et (*Picea abies*) en décomposition et elles ont également mis en évidence leur contribution significative aux processus de dégradation du bois.

Objectifs —

Ainsi, à l'égard du peu de connaissances dont nous disposons concernant les communautés bactériennes dégradant le bois et notamment le chêne sessile, nous proposons de caractériser la diversité taxonomique et fonctionnelle de ces communautés lors de la décomposition du duramen et de l'aubier du chêne sessile, deux compartiments caractérisés par leur contenu en extractibles.

En effet, le duramen par rapport à l'aubier est enrichi en extractibles, avec certaines molécules potentiellement toxiques pour les microorganismes. Ces deux communautés du bois en décomposition sont également comparées à celle issue du sol en contact avec le chêne en cours de dégradation.

Démarche —

Une collection bactérienne a été préparée à partir de rondelles de chêne sessile en dégradation sur site (forêt de Champenoux) depuis 9 mois et du sol en contact direct avec ces rondelles. La diversité taxonomique a été caractérisée par séquençage Sanger alors que la diversité fonctionnelle a été obtenue en utilisant des méthodes dépendantes de la culture telles que les microplaques biologiques GN pour mettre en évidence l'empreinte métabolique des isolats mais également l'utilisation de divers milieux de culture sélectifs pour mettre en évidence leurs activités cellulolytiques, lignolytiques, xylanolytiques, chitinolytiques et leur capacité à produire des sidérophores.

Résultats marquants —

309 isolats bactériens ont été obtenus à partir des 3 compartiments (aubier, duramen et sol) et appartenaient à 4 phyla, 7 classes, 16 familles et 32 genres différents.

- Une importante proportion des isolats appartenait aux Proteobactéries (77,7%), puis aux Actinobacteria (15,5%), aux Acidobacteria (4,5%) et finalement aux Bacteroidetes (2,3%).
- L'utilisation des plaques biologiques GN permet de mettre en évidence une activité métabolique supérieure des isolats issus du sol par rapport aux isolats issus du bois.
- À l'inverse, l'utilisation des milieux sélectifs ciblant l'hydrolyse de la cellulose, de la chitine, du xylane et de la lignine ainsi que la mobilisation du fer a permis de montrer que seulement une faible proportion d'isolats était concernée par ces activités et était issue principalement de la niche sol ou duramen.

Principales conclusions incluant des points-clés de discussion —

Ce projet a permis de disposer aujourd'hui au laboratoire d'une collection de souches bactériennes issue de chêne duramen et aubier en cours de dégradation et également issue de sol. L'analyse phylogénétique a permis de montrer que la niche structure les communautés bactériennes mais que certaines espèces sont commensales des trois niches considérées.

Lorsque l'ensemble des substrats carbonés est considéré, la communauté du sol s'est montrée plus active que les communautés du bois pour les métaboliser, notamment concernant le groupe des acides aminés et les acides carboxyliques. Les communautés du bois montrent une activité plus importante pour dégrader les hydrates de carbone avec néanmoins des caractéristiques propres à chaque communauté (duramen *versus* aubier). À l'inverse, concernant l'utilisation de polymères complexes, certaines souches issues du bois et plus spécifiquement du duramen ont montré des capacités à hydrolyser la cellulose et la chitine mais également à mobiliser le fer.

Ces résultats permettent de mettre en évidence l'effet de la niche (composition chimique et communauté microbienne) sur la structuration des communautés bactériennes et sur le rôle fonctionnel des microorganismes au sein de chaque niche permettant le recyclage du bois mort.

Perspectives —

Une perspective intéressante de ce travail, serait de confronter cette collection bactérienne aux extractibles toxiques pour les microorganismes présents dans le chêne et de mettre ainsi en évidence des isolats capables de dégrader ces molécules.

Valorisation —

A publication is under progress.

Effet levier du projet —

This work allowed a new collaboration with an INRA team in Bordeaux (ISPA, interactions sol plante atmosphère) concerning analysis of wood chemistry. Isolates poorly affiliated to cultivated species could be describe under a collaboration with the LM2E (laboratoire de microbiologie des environnements extrêmes) laboratory in Brest.