



Impact of Nutrient Availability on the diversity, function and functioning of the forest soil BACTERIAL communities: insights from the soil succession of the forest experimental site of Montiers-sur-Saulx

Responsable scientifique : Stéphane UROZ (UMR 1136 Interactions Arbres/Micro-organismes)

Partenaires Labex : BEF, DynaMlc, EEF, ENSTIB/LERMAB

Collaborations : Bertrand AIGLE (DynaMlc), Nicolas ANGELI (EEF), Arnaud BESSERER (ENSTIB/LERMAB), BONTEMPS Cyril (DynaMlc), Marc BUEE (IAM), Aurélie DEVEAU (IAM), Delphine DERRIEN (BEF), Pierre LEBLOND, (DynaMlc), Marie-Pierre TURPAULT (BEF).

Contexte — Comprendre le fonctionnement des cycles des nutriments, comment ces cycles sont maintenus dans les sols forestiers, comment les arbres accèdent aux nutriments essentiels à leur croissance, d'où proviennent ces éléments nutritifs et enfin comment les microorganismes interviennent dans ces différents processus sont autant de questions fondamentales. Dans le cadre du projet INABACT nous nous sommes tout particulièrement intéressés aux relations entre disponibilité en nutriments inorganiques et communautés bactériennes dans différents habitats et à différentes échelles, avec comme centre d'intérêt la fonction altération des minéraux. Si l'implication des microorganismes du sol dans la libération des éléments nutritifs piégés dans les minéraux du sol a été mise en évidence, la diversité et la composition des communautés bactériennes impliquées dans ce processus, ainsi que les moteurs de structuration sont peu ou pas caractérisés.

Objectifs — Les objectifs du projet INABACT étaient d'appréhender à plusieurs échelles et conditions l'impact de la disponibilité en cations nutritifs sur la structure taxonomique et fonctionnelle des communautés microbiennes des sols forestiers.

Démarche — Le projet a été réalisé en considérant des échantillons provenant essentiellement du site expérimental de Montiers (ANAEE) qui est caractérisé par une toposéquence et un couvert végétal dominé par le hêtre (*Fagus sylvatica*). Des échantillons de sol sans racines, de sol rhizosphérique et des microagrégats de sol

ont été prélevés et ont permis une analyse directe des communautés bactériennes par approches dépendante et indépendante de la mise en culture. Une approche a aussi été réalisée en microcosmes afin de tester l'impact de la manipulation de la disponibilité en cations nutritifs sur les communautés microbiennes. L'impact des propriétés du sol sur les communautés microbiennes a aussi été appréhendé sur la chronoséquence de Mendocino (CA, USA). Enfin l'impact de l'essence d'arbre et du type de minéral sur les communautés microbiennes a été testé sur le site de Breuil via des sachets contenant des minéraux.

Résultats marquants —

Le projet INABACT a été riche d'avancées dans la compréhension du fonctionnement microbien des sols forestiers en lien avec la disponibilité en cations nutritifs. - à l'échelle de l'agrégat de sol, les analyses réalisées sur les populations bactériennes du genre *Streptomyces* provenant du sol riche (pH 7) de la toposéquence de Montiers ont révélé une grande diversité fonctionnelle. En effet, des souches de *Streptomyces* proches phylogénétiquement ou clonales se sont avérées produire des métabolites secondaires différents. Sur la base des expériences d'interactions bipartites réalisées (sociomicrobiologie), ces résultats suggèrent que ces métabolites variables pourraient agir comme des biens-communs et bénéficier à l'ensemble de la population de *Streptomyces* d'un même micro-habitat. L'ensemble de ces résultats est en cours de valorisation par l'écriture d'une publication et ont permis d'initier un autre projet Labex (SexSo) visant à comprendre les bases et mécanismes de cette variabilité de production de métabolites. - à l'échelle des minéraux, les analyses réalisées sur les communautés bactériennes provenant de la surface de minéraux (conditionnés en sachets) ou du sol environnant sur le site de Breuil ont révélé un fort effet de la nature chimique du minéral et de son altérabilité. En effet, un minéral très altérable tel que la calcite est colonisé par des communautés bactériennes drastiquement différentes des autres minéraux moins altérables en terme de diversité taxonomique. L'analyse fonctionnelle basée sur des biotests a permis d'illustrer l'enrichissement de bactéries efficaces pour altérer sur les minéraux les moins altérables. Ces résultats originaux démontrent que les minéraux sont de véritables habitats microbiens et des interfaces réactionnelles, et d'autre part que la capacité à altérer les minéraux est probablement un avantage écologique en conditions limitantes en nutriments inorganiques (Colin et al., AEM 2017). Une analyse des communautés fongiques est actuellement en cours sur ces mêmes échantillons (Colin et al. In prep). - à l'échelle de la rhizosphère, les analyses réalisées sur des échantillons de sol et de sol rhizosphérique collectés en surface (0-20cm) le long de la toposéquence de Montiers ont permis de mettre en évidence une forte différenciation taxonomique et fonctionnelle des communautés bactériennes dans la rhizosphère du hêtre. Des arbres du même âge, soumis au même traitement sylvicole enrichissent au niveau de leur système racinaire des communautés bactériennes différentes, suggérant que l'arbre adapte sa sélection rhizosphérique en fonction des conditions édaphiques. En terme de fonction, une analyse globale réalisée avec les puces ADN de type Geochip révèle que bien que le fond génomique change le long de la toposéquence, nombre de grandes fonctions restent détectées, suggérant une redondance fonctionnelle au sein des communautés bactériennes (Colin et al., 2017). En parallèle, une analyse plus fine sur la fonction 'altération des minéraux' révèle au contraire une forte structuration des bactéries avec une efficacité et une fréquence de bactéries capables d'altérer les minéraux plus forte dans le sol pauvre en cations nutritifs que dans le sol riche. Les bactéries capables d'altérer les minéraux semblent donc moins fréquentes en surface dans le sol riche de la toposéquence (Nicolitch et al., 2016). Pourtant une analyse du sol de profondeur (1m) sur ce même sol a révélé la présence de bactéries altérantes, notamment à l'interface racine/bloc de calcaire, et avec une fréquence plus importante que dans l'horizon de surface. L'ensemble de ces travaux suggère que les communautés bactériennes ne sont pas structurées de la même manière dans toutes les interfaces racinaires, en surface et en profondeur, et qu'à nouveau la disponibilité en cations nutritifs joue un rôle clé (Nicolitch et al., 2016, 2017). Ces travaux originaux et complémentaires des précédents suggèrent que les arbres pourraient se nourrir en accédant aux nutriments piégés dans la roche mère via leurs racines profondes et leur cortège microbien associé.

- Ces différents travaux nous ont conduit à tester l'effet de la manipulation de la disponibilité en cations nutritifs sur la structuration taxonomique et fonctionnelle des communautés bactériennes. Des microcosmes contenant du sol provenant du sol plus pauvre de la toposéquence de Montiers ont été amendés ou non en K ou Mg (éléments limitants dans le sol considéré). Les analyses réalisées tout au long des 2 mois d'expérience ont permis de mettre en évidence : i) une variation de la concentration en K ou Mg, ii) de faibles variations de la structure taxonomique des communautés bactériennes et iii) une forte variation de la fréquence des communautés bactériennes altérantes. La forte diminution de la fréquence de bactéries altérantes visible par approche cultivable ou par PCR quantitative, montre que des éléments tels que le K ou le Mg ont un effet notable et rapide sur le fonctionnement microbien du sol (Nicolitch et al., in prep).

- Un autre évènement important du projet INABACT a été la *soutenance de thèse de Océane NICOLITCH* en décembre 2017 grâce au financement alloué par le Labex Arbre.

Conclusions et perspectives —

Les résultats générés améliorent notre compréhension de la complexité des interactions existantes entre arbres, microorganismes et conditions édaphiques. Les approches réalisées à différentes échelles apportent un éclairage nouveau sur les différents moteurs de structuration des communautés bactériennes, que ce soit des moteurs biotiques (exsudats racinaire, métabolites secondaires) ou des moteurs abiotiques (disponibilité en nutriments, pH, type de minéral). Des résultats sont encore en cours d'analyse et feront l'objet de valorisation. Le projet INABACT a clairement permis de mettre en évidence le rôle clé de la disponibilité en cation nutritif tel que le K ou Mg sur le fonctionnement biologique du sol. Plusieurs projets ont été soumis pour développer des approches plus mécanistiques à l'échelle de la souche modèle ou utilisant des minéraux de synthèse. Ces projets ont été soumis dans le cadre de différents appels (EC2CO, INRA, Labex ARBRE, ANR). Sur la même problématique, seul un projet soutenu par le labex ARBRE a été retenu (le projet GeMM).

Valorisation —

Publications

- Jeanbille, M., Buée, M., Bach, C., Cébron, A., Frey-Klett, P., Turpault, M-P., Uroz, S. **2016**. Soil parameters drive the structure, diversity and functions of the bacterial communities across a temperate beech forest soil sequence. *Microbial Ecology*. **71**, 482–493
- Nicolitch, O., Colin, Y., Turpault, M-P., Uroz, S. **2016** Soil type determines the distribution of nutrient mobilizing bacterial communities in the rhizosphere of beech trees. *Soil Biology and Biochemistry*. **103**, 429-445
- Uroz, S., Buée, M., Deveau, A., Mieszkyn, S., Martin, F. **2016**. Ecology of the forest microbiome: Highlights of temperate and boreal ecosystems. *Soil Biology and Biochemistry*. **103**, 471-488.
- Nicolitch, O., Y Colin, MP Turpault, L Fauchery, S Uroz. **2017**. Tree roots select specific bacterial communities in the subsurface critical zone. *Soil Biology and Biochemistry* 115, 109-123
- Uroz, S. Oger, P. **2017**. *Caballeronia mineralivorans* sp. nov., isolated from oak-Scleroderma citrinum mycorrhizosphere. *Systematic and Applied Microbiology* 40: 345-351
- Colin, Y, O Nicolitch, MP Turpault, S Uroz **2017**. Mineral types and tree species determine the functional and taxonomic structures of forest soil bacterial communities *Applied and environmental microbiology* **83 (5)**, e02684-16
- Colin, Y, O Nicolitch, JD Van Nostrand, JZ Zhou, MP Turpault, S Uroz. **2017**. Taxonomic and functional shifts in the beech rhizosphere microbiome across a natural soil toposequence. *Scientific Reports* **7**
- Courty PE, Buee M, Tech JJ, Brulé D, Colin Y, Leveau JHJ, Uroz S. **2018**. Impact of soil pedogenesis on the diversity and composition of fungal communities across the California soil chronosequence of Mendocino. *Mycorrhiza* 28 (4), 343-356

Conferences

- Colloque de l'Association française d'écologie microbienne (AFEM), (Anglet, France) 3-6 novembre 2015. Impact of nutrient availability on the structure of the forest bacterial communities : Insights from the Montiers soil succession O. Nicolitch, Y. Colin, M-P. Turpault, **S. Uroz** (Oral).
- Summer school 'Function of microbial communities in soils: biotic interactions' (Neuherberg, Germany) 31th august - 11th september 2015. Mineral weathering in forest soils: focus on the bacterial communities. Uroz et al. (Oral); Impact of nutrient availability on the structure of the forest bacterial communities : Insights from the Montiers soil succession O. Nicolitch, Y. Colin, M-P. Turpault, **S. Uroz** (Poster)
- Colloque 'Expérimentation sur le site de Montiers' (Champenoux, France) 20 mars 2015. Relation entre le type de sol et la structure taxonomique et fonctionnelle des communautés bactériennes, S. **Uroz** et al. (Oral)
- First Global Soil Biodiversity Conference (Dijon, France) 2-5 décembre 2014. Impact of soil type on the structure of the microbial communities: Insights from the Montiers-sur-Saulx soil succession. Nicolitch, O., Jeanbille, M., Buée M., Colin Y., Turpault M-P., Frey-Klett P. and **Uroz S.** (Poster)
- 3rd Thünen Symposium on Soil Metagenomics. "From gene predictions to systems ecology" (14-16th of december, **2016**; Braunschweig, Germany) Stephane Uroz, Yannick Colin, Océane Nicolitch, Marie-Pierre Turpault, Joy van Nostrand, Jizhong Zhou. Taxonomic and functional shifts of beech rhizosphere microbiome along a natural soil toposequence (Poster). Yannick Colin, Océane Nicolitch, Marie-Pierre Turpault, **Stéphane**

Uroz. Short-term effects of minerals on the structure and weathering potential of soil bacterial communities under different tree stands (Poster).

– Launch of the Global Soil Biodiversity Atlas in France (Académie d'agriculture (AAF); Paris, 28 November **2016**).

Uroz S. Exploration of the biodiversity and functions of the forest microbiome: a focus on temperate ecosystems. (Invited talk).

– Journée du Labex ARBRE (Champenoux, France, 18 octobre **2016**) **Uroz, S.**, Turpault, M-P., Nicolitch, O., Colin, Y., Buée, M., Churin, J-L., Deveau, A., Bontemps, C., Leblond, P., Aigle, B., Angeli, N., Derrien, D., Besserer, A., .Impact of nutrient availability on the diversity, function and functioning of the forest soil bacterial communities: insights from the soil succession of the forest experimental site of montiers (Talk)

– 16th International Symposium on Microbial Ecology (Montreal, Canada, **2016**). Deveau, A., Splivallo, R., Palin, B., Nicolitch, O., Kohler, A., **Uroz, S.** Black truffles as a model in microbial ecology to analyse fungal-bacterial interactions (Talk).

– Journées H2020 INSPIRATION – ANR – SOLS: Quels besoins en R&D pour une gestion durable des sols et une utilisation durable du territoire ? (16 et 17 janvier **2017** à Paris). Stephane Uroz, Bilan sur Bactoweather: Caractérisation des communautés bactériennes de la minéralosphère et des gènes bactériens impliqués dans l'altération des minéraux en sol forestier (Invited talk).

- 14th Symposium on Bacterial Genetics and Ecology (BAGECO) 4–8 June **2017** • Aberdeen/Scotland : Uroz, S., Colin, Y., Nicolitch, O., Van Nostrand, J.D., Zhou, J.Z., Turpault, M-P. Taxonomic and functional shifts in the beech rhizosphere microbiome across a natural soil toposequence (Poster). Nicolitch, O., Colin, Y., Turpault, M-P., Fauchery, L. and Uroz, S. Exploration of the functional and taxonomic diversity of the bacterial communities occurring in the bedrock/root interface of beech trees (Poster).

- FEMS 7th Congress of European Microbiologists (Valencia, Spain) 9-13 juillet **2017**. A novel quorum-quenching enzyme identified in a hypersaline soil. Torres, M., Uroz, S., Salto, R., Fauchery, L., Llamas, I. (Poster)