

Le sauvetage du hêtre par des partenaires fongiques mycorhiziens bien adaptés - Les interactions symbiotiques confèrent-elles une capacité d'adaptation aux conditions de sécheresse ?

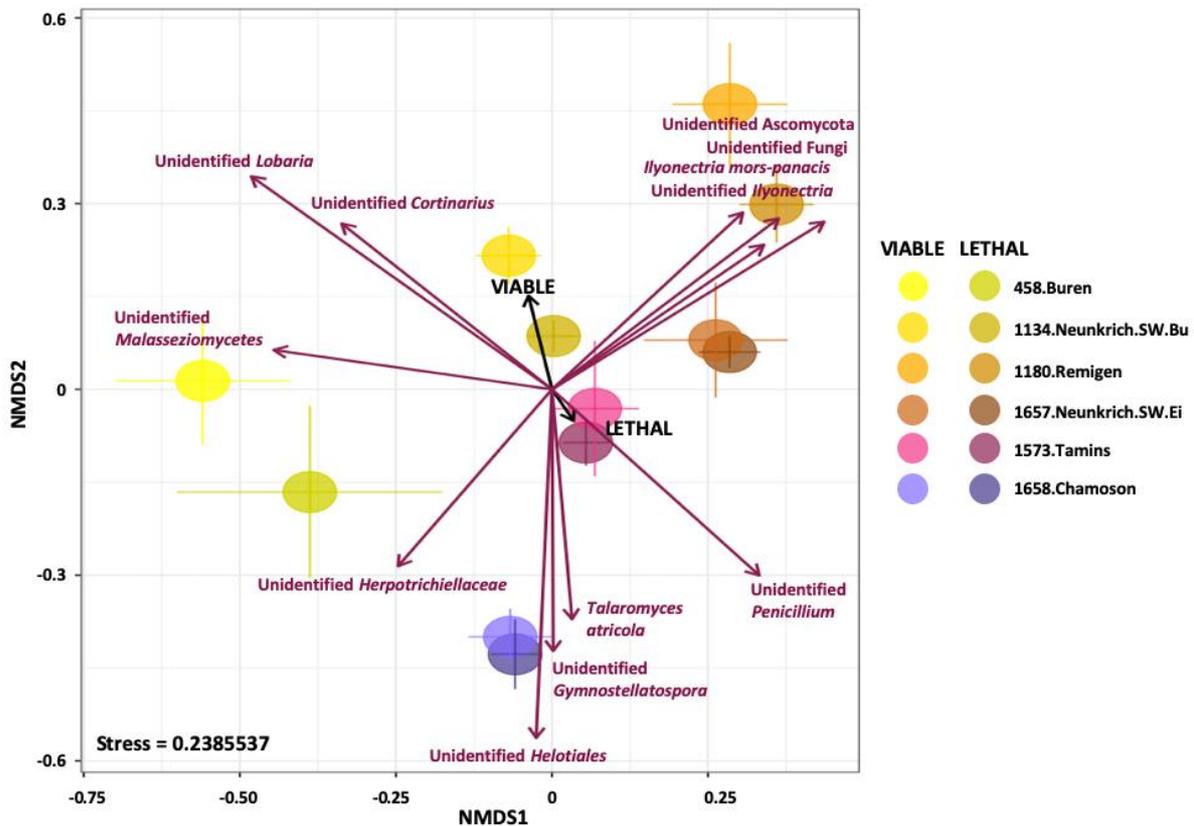


Figure 1. Distribution des communautés fongiques associées aux systèmes racinaires de hêtres sains et dépérissant provenant de sites distincts. Représentation NMDS des communautés fongiques structurées par les sites et la santé des arbres (PERMANOVA, $p_{adj} < 0.01$). Les vecteurs indiquent les variables significatives après 1000 permutations.

Responsable scientifique : Annegret KOHLER, UMR Interactions Arbres/Micro-organismes (IAM) 1136

Partenaires Labex : ARBRE-SwissForestLab proposal

Collaborations :

Benjamin Dauphin, Swiss Federal Research Institute WSL, Biodiversity and Conservation Biology (Co-Porteur WSL)

Felix Gugerli, Swiss Federal Research Institute WSL, Biodiversity and Conservation Biology

Martina Peter, Swiss Federal Research Institute WSL, Biodiversity and Conservation Biology

Francis Martin, INRAE UMR "Tree-Microbe Interactions"

Claire Veneault-Fourrey, INRAE UMR "Tree-Microbe Interactions"

Lorenz Walthert, Swiss Federal Research Institute WSL, Forest Soils and Biogeochemistry

Huayong Wang, PhD student INRAE UMR "Tree-Microbe Interactions"

Félix Fracchia, INRAE/WSL Post-doc hired for the project (12 months INRAE/6 months WSL)

Action thématique concernée : WP1

Contexte

Les récents événements climatiques extrêmes, tels que les périodes de sécheresse prolongées, représentent de graves menaces sur le fonctionnement des écosystèmes forestiers. Les arbres forestiers, comme le hêtre, sont des espèces à longue durée de vie qui jouent un rôle essentiel dans leur écosystème. À ce jour, le rôle des interactions symbiotiques plante-champignon en réponse à la sécheresse est mal compris et son évaluation nécessite une approche intégrative reliant les données génotypiques, phénotypiques et environnementales issues de populations naturelles ainsi que la validation expérimentale des observations *in situ*.

Objectifs

Des études récentes ont montré que la sélection affecte les phénotypes et les gènes des populations naturelles de hêtres, conduisant à une adaptation aux conditions de sécheresse. Notre objectif est d'élargir ces connaissances aux processus d'adaptation souterrains. En particulier, pour comprendre le fonctionnement et la résilience des forêts, nous devons savoir si les principaux partenaires mutualistes des arbres forestiers sont adaptés à leur habitat local et si, l'arbre et les champignons forment un complexe de co-adaptation qui pourrait conférer des avantages en matière d'approvisionnement en nutriments et en eau pendant les périodes de sécheresse prolongées. Notre projet fera le lien entre la génomique et l'écologie pour aider à prédire le sort des forêts de hêtres en Europe dans le contexte du changement climatique en tenant compte de leurs partenaires mycorrhiziens.

Dans le WP1, nous visons à identifier les réseaux de gènes responsables de l'adaptation des hêtres individuels à une faible disponibilité en eau et à des températures élevées et à déterminer le rôle que les communautés fongiques ectomycorhiziennes (ECM) associées jouent dans ces processus d'adaptation en étudiant les hêtres affectés par la sécheresse sur des sites d'étude secs. Dans le WP2, nous recherchons des modèles d'adaptation locale chez le principal symbiote ECM du hêtre, *Cenococcum geophilum*, en isolant et en séquençant le génome entier d'environ 250 souches provenant de forêts de hêtres situées sur un gradient de disponibilité en eau à travers la Suisse. Enfin, dans le WP3, nous voulons développer des systèmes de mycorhization simplifiés avec des plantules de hêtre et *C. geophilum* en laboratoire afin de pouvoir tester et comprendre les effets de différentes souches adaptées à la sécheresse sur les interactions avec le hêtre dans diverses conditions.

Démarche

Dans le WP1, nous comparerons des paires de hêtres juvéniles vivants et endommagés très proches, échantillonnés après la sécheresse sévère de 2018 sur six sites d'étude secs à travers la Suisse. Nous utiliserons le séquençage génomique de ces hêtres et le code-barres ADN des communautés ECM pour étudier les associations significatives entre le génotype de l'arbre et la composition de la communauté fongique ECM sur six sites d'étude secs le long d'un gradient écologique. Dans le WP2, nous utiliserons le séquençage génomique des souches de *C. geophilum* pour évaluer les fréquences des allèles et les génotypes de la population et les relier à la variation environnementale en utilisant des analyses d'association. Dans le WP3, nous évaluerons la fitness des souches de *C. geophilum* du WP1 en utilisant du polyéthylène glycol pour imposer un stress de sécheresse. Nous testerons ensuite la capacité de mycorhization de certaines souches de *C. geophilum* tolérantes et sensibles à la sécheresse avec hêtre soit en serre et un système *in vitro* stérile et nous séquencerons un premier ensemble de transcriptomes de référence de *C. geophilum* et de hêtre en utilisant le séquençage de l'ARN.

Résultats marquants —

-WP1 : Nous avons caractérisé les communautés fongiques associées aux systèmes racinaires de hêtres sains et dépérissant de six sites d'étude à travers la Suisse. Les sites et l'état de santé de l'arbre hôte structuraient de manière significative les communautés fongiques. La richesse et la diversité des espèces n'étaient pas influencées par les sites d'étude, ni par l'état de santé de l'hôte. Les communautés fongiques étaient dominées par les ECM appartenant aux genres *Cortinarius*, *Tomentella* et *Hygrophorus*. La composition fongique était significativement influencée par le site d'étude mais pas par la santé de l'arbre. Les champignons ECM

représentaient la guildes trophique la plus abondante détectée dans les racines des hêtres et étaient significativement associés aux arbres sains, tandis que les endophytes dominaient dans les systèmes racinaires des arbres endommagés. Enfin, l'abondance relative des saprotrophes, des pathogènes et dans une moindre mesure, des endophytes, était corrélée avec des variables environnementales telles que le potentiel hydrique du sol, ainsi que la température de l'air et du sol, mais nous n'avons détecté aucune corrélation concernant les champignons ECM.

-WP2 : Le travail de terrain pour cette partie a été achevé l'été dernier et plus de 250 souches de *C. geophilum* ont été isolées du sol (collectés le long des 14 sites de surveillance de la disponibilité de l'eau.) Quelques ajustements au protocole ont été nécessaires pour optimiser l'isolement du matériel fongique à partir des nombreux échantillons de sol. Les extractions d'ADN de cultures fongiques ont commencé et le séquençage génomique est prévu pour ce printemps. En parallèle, nous avons généré un nouvel assemblage du génome de référence de *C. geophilum* (au niveau des chromosomes) pour les analyses en aval.

- WP3 : Des tests préliminaires de tolérance à la sécheresse de souches de *C. geophilum* utilisant du polyéthylène glycol pour imposer un stress de sécheresse ont été réalisés. Plusieurs protocoles ont été testés pour produire des plantules de hêtre in vitro

Principales conclusions incluant des points-clés de discussion

WP1 :

- Les communautés fongiques étaient structurées en fonction du site d'étude et de la santé de l'arbre hôte.
- Les champignons ECM dominaient les communautés fongiques et étaient associés aux hêtres sains tandis que les endophytes étaient associés aux arbres dépérissant.
- Les saprotrophes, les pathogènes et, dans une moindre mesure, les endophytes étaient corrélés aux variables environnementales (par exemple, le potentiel hydrique du sol, la température de l'air et du sol...).

Perspectives

Un post-doc (Félix Fracchia) a été recruté et travaillera sur le projet pendant 18 mois (12 à l'INRAE et 6 au WSL). Il a participé début février 2023 à l'école d'hiver annuelle Evoltree organisée au WSL sur le thème de la génomique de l'adaptation environnementale et commencera dès maintenant à analyser les données de séquençage génomique des hêtres et les données concernant les communautés ECM et de *C. geophilum* générées dans le WP1. Une fois le séquençage terminé, il travaillera également sur les données génomiques de plus de 250 souches de *C. geophilum* en utilisant le nouveau génome de référence (qui sera annoté au printemps 2023 par E Morin (INRAE) en utilisant le pipeline d'analyse du Joint Genome Institute). En parallèle, un screening de la tolérance à la sécheresse de ces souches sera mené (WP3).

Valorisation

Le projet a été présenté au sein des équipes INRAE et WSL ainsi que lors de la réunion annuelle du réseau de recherche forestière Nancy-Freiburg-Zurich en septembre 2022 (<https://www.nfz-forestnet.eu/>). B Dauphin présentera MAGIC via un poster lors de la prochaine conférence ECFG16 à Innsbruck/Autriche en mars 2023 (<https://www.ecfg16.org/>).

Effet levier du projet

La réalisation d'un nouvel assemblage du génome de référence de *C. geophilum* de niveau chromosomique dans le cadre de MAGIC a déjà donné lieu à un nouveau projet avec le Joint Genome Institute consistant à séquencer 20 souches supplémentaires de *C. geophilum*.