



Génomique environnementale de la décomposition du bois par les polypores

Responsable scientifique : Francis MARTIN et Sundry MAURICE, UMR Interactions Arbres/Micro-organismes (IAM) 1136

Partenaires Labex : Annie LEBRETON (recrutée sur ce projet) et Annegret KOHLER (UMR IAM)

Collaborations:

Havard KAUSERUD (University of Oslo, Norway)

László NAGY (Hungarian Academy of Sciences, Fungal Genomics and Evolution Group, Hungary)

Marie Nöelle ROSSO (INRAE Marseille)

Actions thématiques concernées : WP1 & WP3

Contexte —

Présents dans tous les types de forêts du monde, sur des espèces de conifères comme de feuillus, et s'établissant à différents stades de décomposition du bois, les champignons de l'ordre des Polyporales (environ 1800 espèces) jouent un rôle dominant en tant que décomposeurs du bois dans la plupart des écosystèmes forestiers^{1,2}. Certains polypores, comme *Fomitopsis pinicola*, sont capables de décomposer le bois des conifères et des feuillus, tandis que d'autres ont une spécificité d'hôtes plus restreinte; *F. betulina* par exemple, n'est capable de décomposer que les bouleaux. La spécialisation écologique est le processus par lequel un organisme s'adapte à une gamme de conditions plus étroite qu'un généraliste, et ce processus est essentiel à la distribution et au maintien de la biodiversité mondiale. Mais quel est l'avantage de la spécialisation ? En effet, nous savons que plus une espèce est spécialisée, plus son succès de colonisation est faible, ce qui va de pair avec l'augmentation des taux d'extinction. Cette répartition écologique suggère une adaptation en termes de composition ou de régulation du répertoire d'enzymes extracellulaires permettant la décomposition du bois (CAZymes).

Traditionnellement, les champignons décomposeurs de bois sont classés en deux grandes guildes fonctionnelles : les agents de la pourriture brune, agissant essentiellement sur les polysaccharides du bois (cellulose, hémicellulose), ou les agents de la pourriture blanche, capables de dégrader la lignine et les polysaccharides du bois. Cependant, la génomique comparative a révélé que les modes de nutrition des champignons dégradateurs de bois sont bien plus nuancés³ et qu'il existe vraisemblablement un continuum d'espèces xylophages.

Objectifs —

L'objectif du projet POLOMICS est d'identifier les traits moléculaires menant aux traits fonctionnels liés à la décomposition du bois par les polypores grâce à une approche de génomique comparative et environnementale.

Démarche —

Pour fournir une vue intégrée des mécanismes impliqués dans la décomposition du bois, nous avons analysé et comparé un large jeu de génomes, de répertoires de gènes et de transcriptomes de décomposeurs de bois en ciblant plus particulièrement les espèces de polypores.

Résultats marquants —

- Nous avons réalisé la comparaison des répertoires de gènes de 130 génomes fongiques, dont 64 génomes de polypores ;
- Les relations phylogénomiques de ces espèces ont été mises en évidence et leurs répertoires de gènes regroupés en familles de gènes pour des analyses ultérieures ;
- Des familles de gènes connues pour être impliquées dans les interactions champignon-hôte et la dégradation du bois, telles que les récepteurs couplés aux protéines G (GPCR), les polycétides synthases (PKS) et les synthétases de peptides non-ribosomiaux (NRPS) ont été annotées ;
- Les répertoires de protéines sécrétées, constituant le sécrétome, ont été caractérisés et nous nous sommes concentrés sur les gènes codant les enzymes extracellulaires, y compris ceux impliqués dans la dégradation du bois (par exemple, les enzymes actives sur les polysaccharides, = CAZymes).
- Des traits fonctionnels (22), potentiellement informatifs vis à vis de l'évolution des champignons décomposeurs de bois, ont été collectés pour les 130 espèces étudiées. Parmi ces traits on compte l'étendue de la niche, la position hiérarchique dans la communauté basée sur la présence du carpophore, la formation de cordons mycéliens, le type de pourriture, le stade de décomposition du bois, la distribution géographique et les caractéristiques du carpophore. Ces données ont été collectées dans le cadre de projets précédents, extraits de la littérature ou des bases de données européennes.
- Des résultats préliminaires de corrélations entre traits fonctionnels et l'expansion ou contraction de familles de gènes ont été obtenus tel que l'enrichissement en gènes potentiellement associés à la dégradation de la lignine chez les espèces retrouvées sur les feuillus. Ces analyses ont également mis en évidence des familles à la fonction inconnue qui pourront constituer des candidats pour des caractérisations fonctionnelles.

Principales conclusions incluant des points-clés de discussion —

Dans cette étude, nous avons mis en évidence les caractéristiques principales des génomes des Polyporales et identifié un certain nombre de spécificités génomiques au sein des familles étudiées. Les espèces de polypores se regroupent en trois lignées distinctes, dont l'une a subi une réduction drastique des enzymes de dégradation de la cellulose et de la lignine. Cette lignée est composée d'espèces produisant des pourritures brunes. Ces résultats confirment les analyses préliminaires que nous avons réalisées sur un jeu de génomes restreint (Kohler et al., 2015 ; Miyauchi et al., 2020) et permet également d'affiner les connaissances sur les enzymes corrélées à la transition évolutive « pourritures blanches – pourritures brunes ». De plus, la composition d'enzymes de dégradation de la ligno-cellulose varie entre espèces inféodées aux feuillus par rapport à celles retrouvées sur bois de conifères.

Perspectives —

L'évolution des traits écologiques – par exemple, la transition évolutive de la saprotrophie à la symbiotrophie ou la préférence d'hôtes – est souvent liée à une évolution du répertoire des enzymes de dégradation extracellulaires. Ce projet a permis d'identifier plusieurs gènes candidats impliqués dans la dégradation du bois et les interactions champignon-hôte. Des analyses statistiques plus poussées permettront d'une part d'obtenir des résultats plus robustes et tenant compte des corrélations entre traits et d'autre part d'étudier les autres traits écologiques qui n'ont pas encore été exploités (par exemple liés au système de reproduction comme les carpophores et les spores). Les analyses transcriptomiques en cours devraient nous permettre de mieux comprendre la régulation des gènes associés à la dégradation du bois.

Valorisation —

- Poster présenté à la conférence JOBIMs 2022
- Poster présenté à la Journée des doctorants et post-doctorants de l'UMR IAM (INRAE/Université de Lorraine)

Effet levier du projet

Les questions de recherche ont le potentiel d'apporter de nouvelles connaissances qui ne sont pas limitées à la caractérisation des niches et au fonctionnement des écosystèmes forestiers. En effet, d'un point de vue évolutif, la compréhension de l'étendue de la niche (spécialiste/généraliste) et les mécanismes facilitant son évolution sont des connaissances fondamentales pour l'adaptation des espèces à des environnements changeants et la formation de nouvelles espèces. À long terme, la compréhension du mécanisme de décomposition du bois contribuera à développer des scénarios de gestion indispensable à une gestion durable des forêts. A court terme, les résultats de POLOMICS peuvent être utilisés dans d'autres projets de recherche en cours financés par le LabEx ARBRE, tels que ceux impliquant Marc Buée (UMR IAM) et Delphine Derrien (Biogéochimie des Ecosystèmes Forestiers) qui se concentrent sur les mécanismes de dégradation de la matière organique du sol et leur modélisation dans les écosystèmes forestiers. Le projet POLOMICS bénéficie également à deux chercheurs en début de carrière (ECR), Sundry Maurice et Annie Lebreton, en renforçant leurs compétences et leur expertise dans les domaines de pointe que sont la génomique et la phylogénomique fongiques dans un contexte de collaboration avec des experts de différents pays.

En mettant en relation des chercheurs spécialistes de champignons décomposeurs de bois, issus d'universités et d'instituts de recherche de différents pays comme la Norvège, la Finlande, la France, le Royaume-Uni et la Hongrie, POLOMICS facilite le transfert de connaissances entre communautés scientifiques et renforce les collaborations internationales en promouvant la vision 2030 de l'Espace européen de la recherche (EER) sur les objectifs sociétaux et environnementaux.