



# Communauté fongique en forêt boréale : ce que le métabarcoding nous révèle



Mélessande NAGATI<sup>1,2</sup>, Mélanie ROY<sup>2</sup>, Sophie MANZI<sup>2</sup>, Annie DESROCHERS<sup>1</sup>, Monique GARDES<sup>2</sup> et Yves BERGERON<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Université du Québec en Abitibi-Témiscamingue – Chaire CRSNG-UQAT-UQAM en aménagement forestier durable, Rouyn-Noranda, QC

<sup>2</sup> Université Paul Sabatier – Laboratoire Évolution et Diversité Biologique, Toulouse, FRANCE

Correspondance : melissande.nagati@uqat.ca



**Introduction** : Les communautés de champignons du sol jouent un rôle important en forêt boréale tant par leur capacité à décomposer la matière organique que par les symbioses qu'ils mettent en place avec les racines des plantes. Cependant leur diversité reste méconnue tout comme les facteurs affectant la composition de leur communauté. Les technologies de séquençage haut débit (ou next-generation sequencing) nous permettent d'étudier les communautés fongiques des sols forestiers. Dans la pessière à mousse des plaines argileuses de l'Abitibi-Témiscamingue, la présence de peuplements purs de peuplier faux-tremble adjacents à des peuplements purs d'épinette noire nous donne une situation unique pour connaître l'impact de la strate arborée sur les communautés fongiques des sols organiques et minéraux.



Peuplement d'épinette noire



Peuplement de peuplier faux-tremble



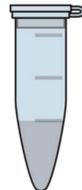
Fig 1 : Localisation des sites à l'étude.

**Matériel et Méthodes** : 4 paires de sites. 5 échantillons de sol par peuplement et par horizon de sol

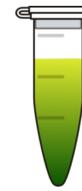


Carotte de sol prélevée sur le terrain.

**Extraction ADN** 250mg de sol : Power Soil Extraction Kit (MoBio, CA, USA)



**Amplification** de l'ADN des échantillons standardisés à 0.8 ng d'ADN par µL avec des versions marquées des amorces ITS



**Séquençage Illumina (MiSeq)** des échantillons (GENOTOUL, Toulouse, FR)



**Traitement des séquences avec les OBITOOLS** (assemblage des paires de séquence, assignation des séquences à un échantillon, déréplication des séquences, retrait des séquences de mauvaise qualité). Assignation en OTUs sur la base de 97% de similarité. Comparaison avec les bases de données UNITE et GENBANK pour l'assignation taxonomique. Assignation à une guildes trophique sur la base de la littérature.



**Résultats** : 57 199 séquences après nettoyage de la base de données, 1333 OTUs dont 1226 OTUs sont des mycètes.

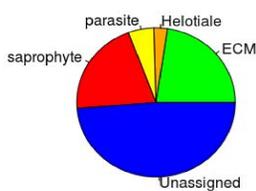


Fig 2 : Pourcentage de chaque guildes trophique en fonction du nombre d'OTU (ECM = ectomycorhizien)

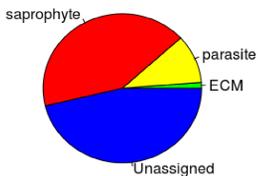


Fig 3 : Pourcentage de chaque guildes trophique en fonction du nombre de séquence

Tableau 1 : description des communautés (basée sur le nombre d'OTU) en fonction du type d'échantillon

Espèce	Epinette noire		Peuplier faux-tremble	
	Minéral	Organique	Minéral	Organique
Nombre d'OTU	656	513	778	668
Chao estimé	953	786	1091	904
% Ectomycorhiziens	24	20.8	24.4	19.5
% Helotiales	3.5	~0	3.3	2.2
% Parasites	5	5.5	5.4	5.7
% Saprotophes	20.2	21.2	20.7	23.6
% Guild inconnue	45.4	47.9	44	46.7
% Unique à cette classe	16.8	12.7	19	15.4

Tableau 2 : PERMANOVA sur les communautés fongiques (seuls les variables ayant un effet significatifs sont présentes dans ce tableau)

Variable	R2	P-Value
pH	0.13632	0.001
Espèce dominante	0.14852	0.001
Horizon du sol	0.17145	0.001
Site	0.06265	0.001
C total	0.01675	0.009
N total	0.02192	0.001
P	0.01419	0.017
Espèce*site	0.04979	0.001
Horizon*site	0.04179	0.001
Résidus	0.33662	

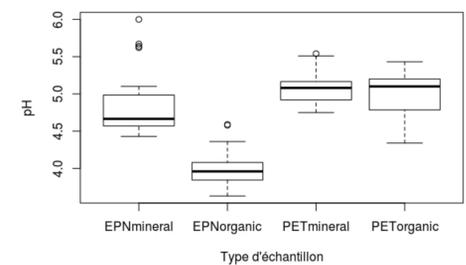


Fig 4 : Valeur du pH en fonction du type d'échantillon

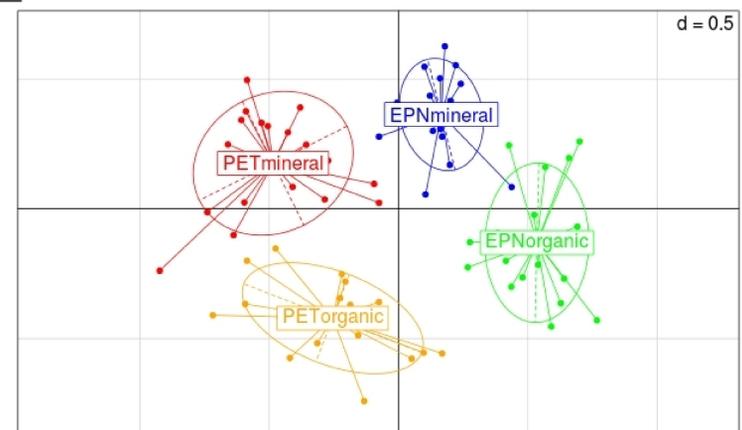


Fig 5 : MetaMDS sur les communautés fongiques. (PET = peuplier faux-tremble, EPN = épinette noire, mineral = horizon minéral du sol, organic = horizon organique du sol)

## Conclusion/ Discussion:

- importante **diversité** fongique en forêt boréale
- proportion importante d'**espèces inconnues non répertoriées dans les bases publiques**
- fort effet de l'**hôte**, du **pH** et de l'**horizon du sol**
- **faible abondance d'ectomycorhizien** par rapport au nombre d'OTUs (20% des espèces, 2% des séquences)

## Remerciements :

