

Génétique de l'hôte et microbiote diazotrophe associé aux bryophytes foliaires dans un paysage Amazonien fragmenté expérimentalement

Adriel M. Sierra^{1,2} & Juan Carlos Villarreal A.^{1,2}

¹Département de Biologie, Université Laval, G1V 0A6, Québec (QC), G1V 0A6, Canada

²Institut de Biologie Intégrative et des Systèmes (IBIS), Université Laval, Québec (QC), G1V 0A6, Canada

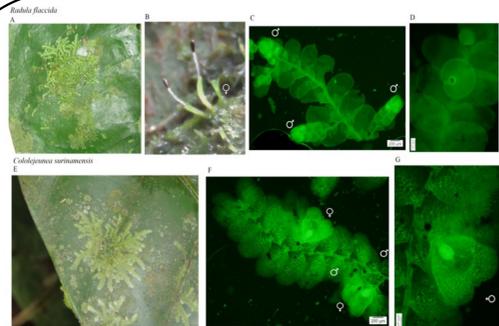
Contexte

Problématique: La taille réduite et la connectivité des habitats, sont des facteurs importants déterminant les processus écologiques et évolutifs conduisant à la perte de biodiversité. La fragmentation des forêts a considérablement modifié l'agencement spatial d'innombrables habitats naturels dans le monde. La forêt Amazonienne a perdu environ 17 % de sa superficie d'origine au cours du dernier demi-siècle, tandis que plus de 50 % des forêts restantes sont caractérisées comme dégradées. Ces changements rapides à l'échelle de l'écosystème limitent la capacité des espèces à s'adapter à de telles perturbations spatiales sur de courtes échelles de temps, ce qui entraîne une altération de la biodiversité mondiale et des fonctions écosystémiques.

Conséquences: Les effets de la fragmentation de l'habitat sont séparés en trois composantes: la perte pure et simple de l'habitat, la réduction de la taille des habitats et l'augmentation de l'isolement, ce qui conduit toutes efficacement les métapopulations vers un état de non-équilibre.

Question de recherche: Quelle est la taille seuil de l'habitat pour maintenir la biodiversité?

Méthodes de travail sur le terrain

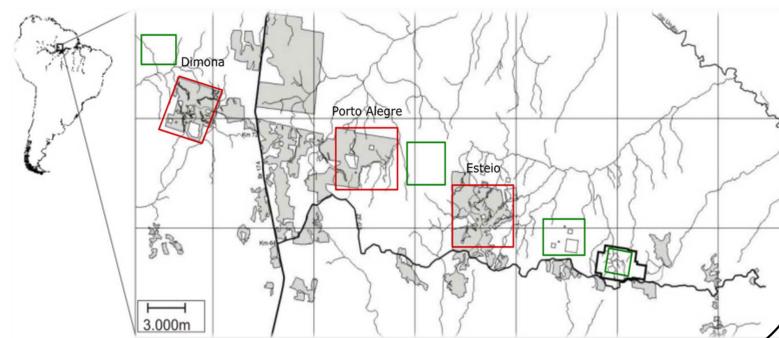


Dans ce projet, nous avons caractérisé la génétique de l'hôte et le microbiote fixateur d'azote associé (diazotrophe) à deux bryophytes épiphylls, *Radula flaccida* Lindenb. & Gott. (Radulaceae) et *Cololejeunea surinamensis* Tixier (Lejeuneaceae).

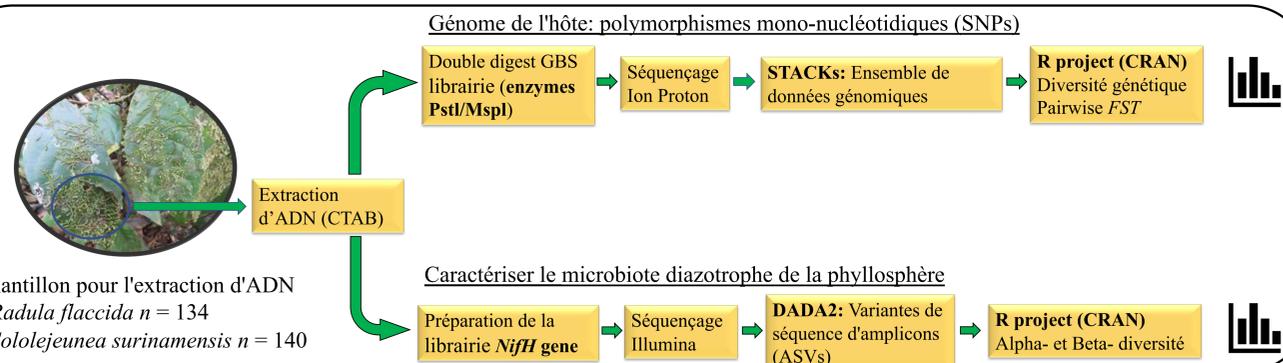
Les individus de *R. flaccida* et *C. surinamensis* se disséminent par des spores produites à partir de la reproduction sexuée ou par des propagules asexuées spécialisées (gemmae).

Le projet de dynamique biologique de la fragmentation des forêts (BDFFP) est situé dans le centre de l'Amazonie (2°30 S, 60° W) 80 km au nord de Manaus, au Brésil.

Onze fragments de forêt, répartis entre trois ranchs de bétail adjacents (Dimona, Porto Alegre et Esteio), ont été isolés en 1980. Les fragments de forêt varient en taille avec des répétitions de 1, 10 et 100 ha (rouge), séparées de la forêt continue mature (vert).



Méthodes génomiques



- Échantillon pour l'extraction d'ADN
- *Radula flaccida* n = 134
 - *Cololejeunea surinamensis* n = 140



Coordonnées: adriel-michel.sierra-pinilla.1@ulaval.ca

Villarreal Lab: <https://villarreal-lab.ibis.ulaval.ca/>

Résultats I

Génomique de l'hôte

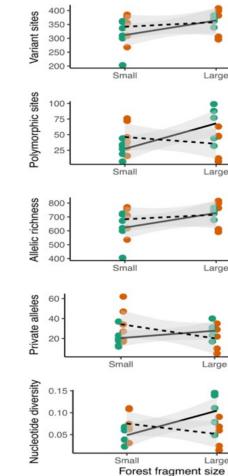


R. flaccida (unisexuel)

Taille de la population: réduite dans 1 et 10 ha
Diversité génétique: aucune différence
Dérive génétique: élevée dans 1 ha
Migration: élevée

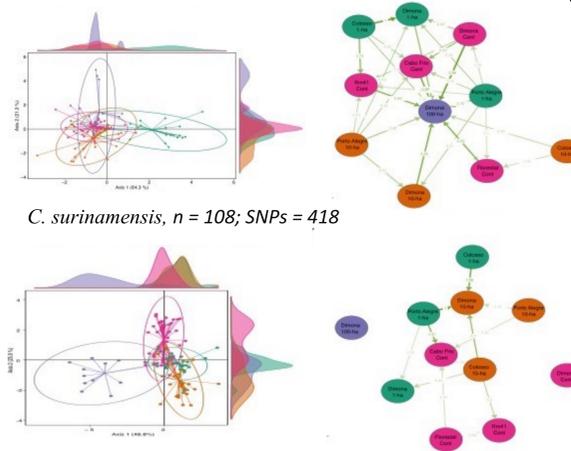
C. surinamensis (bisexuel)

Taille de la population: réduite dans 1 et 10 ha
Diversité génétique: faible dans 1 et 10 ha
Dérive génétique: élevée dans 1 et 10 ha
Migration: faible



R. flaccida, n = 105; SNPs = 436

C. surinamensis, n = 108; SNPs = 418



Relation entre la diversité génétique de la population et l'intensité de la fragmentation de l'habitat

Diagramme d'ordination de l'analyse discriminatoire des composantes principales (DAPC)

Graphique symétrique du réseau de migration relative

l'intensité de la fragmentation de l'habitat



Preprint: The consequences of mating system and dispersal potential on the genetic structure of leaf-inhabiting bryophyte metapopulations in a fragmented Amazonian landscape

Résultats II

Microbiote diazotrophe de la phyllosphère

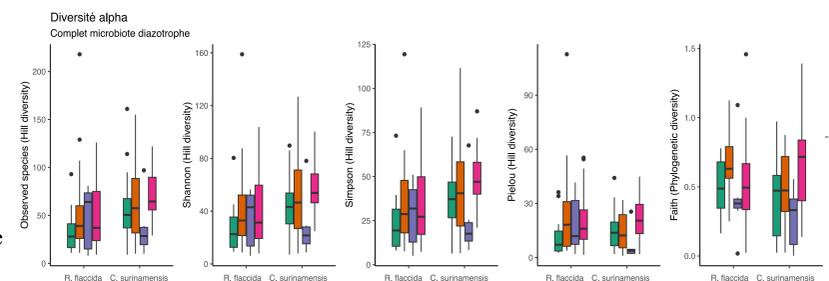


R. flaccida

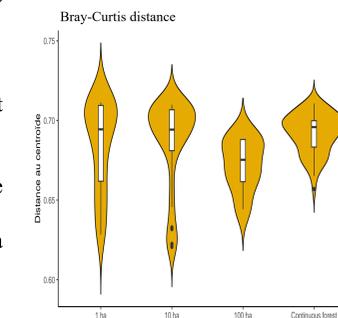
Alpha diversité: généralement réduit dans 1-ha
Diversité phylogénétique: aucune différence
Variance de composition: Variation de composition plus élevée dans 1 et 10 ha
Core ASVs abondance relative: réduite de la plupart des *Fischerella* et *Brasilonema* ASVs dans 1 ha

C. surinamensis

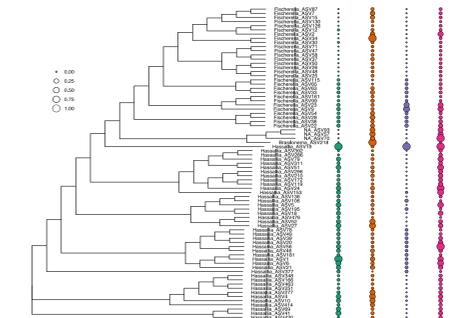
Alpha diversité: généralement réduit dans 1 et 10 ha
Diversité phylogénétique: aucune différence
Variance de composition: Variation de composition plus élevée dans 1 et 10 ha
Core ASVs abondance relative: réduite de la plupart des *Hassallia* ASVs dans 1 ha



Différences de diversité alpha des ASVs identifiés entre le microbiote complet de la phyllosphère



Variation compositionnelle du microbiote de la phyllosphère



Core microbiote: changement spatial de l'abondance relative des ASVs dans une forêt fragmentée

Principal conclusion

- La réduction de la taille de l'habitat, avec des superficies inférieures à 1 et 10 ha dans un paysage fragmenté induit des effets marqués sur le génome de l'hôte et son microbiote associé dans la forêt amazonienne.