

GÉNOMIQUE APPLIQUÉE

De la génomique à la métatranscriptomique, en passant par le métabarcoding

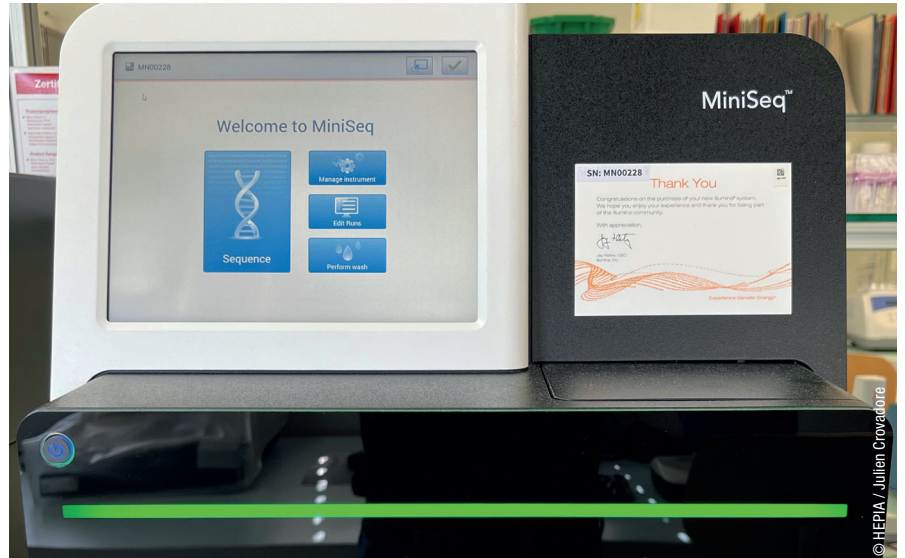
Julien Crovadore et François Lefort

Descriptif

La génomique est l'étude par séquençage du génome entier d'un organisme, la transcriptomique étudie l'expression de ce génome et les interactions avec son environnement. La métagénomique permet l'étude de tous les génomes d'une communauté de microorganismes procaryotes et eucaryotes dans un environnement donné. Le métabarcoding se caractérise par une pré-amplification de barcodes (fragments d'ADN) avant l'étape de séquençage afin d'identifier les espèces recherchées d'un environnement.

Points forts

La métagénomique, basée sur l'ADN total, permet l'analyse de la composition et du potentiel métabolique d'une population microbienne complexe. La métatranscriptomique, qui cible l'ARN total fournit une image réelle des gènes exprimés à un instant «t», donc des fonctions actives et de leur niveau d'expression dans des conditions données. Appliqué à l'écologie, le métabarcoding cible des barcodes de l'ADN total. On parle alors d'eDNA ou d'ADNa pour l'analyse de l'ADN environnemental ou d'un régime alimentaire (ADN alimentaire).



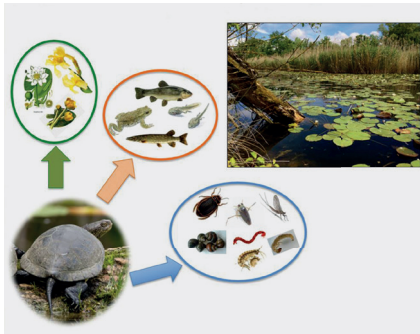
Séquenceur Illumina MiniSeq / Laboratoire plantes et pathogènes d'HEPIA

Les premiers travaux de métagénomique du microbiote intestinal humain ont mis en lumière une diversité bactérienne d'une richesse jusqu'alors inconnue. Dorénavant, la complexité des interactions découvertes permet également l'étude par métagénomique et métatranscriptomique de la charge virale et fongique de notre microbiote; microbiote, étroitement lié à notre bonne santé ou au contraire, à des problèmes tels que l'obésité, la dépression, certaines formes d'autisme, etc.

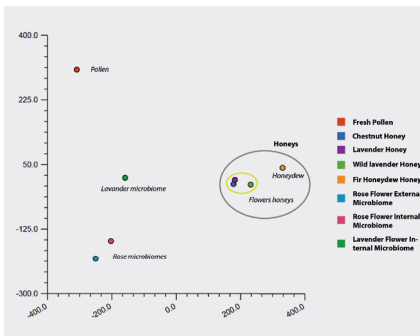
Utilisée dans divers secteurs tels que l'agroalimentaire, l'agriculture et l'environnement, la métagénomique permet de comprendre les microbiotes associés notamment aux sols cultivés ou aux plantes. Ces connaissances contribuent à identifier et à prévenir les maladies dans les cultures et les élevages ainsi qu'à détecter les pathogènes potentiellement présents dans les produits alimentaires. Une nouvelle agriculture favorisant des microbiotes avantageux pour les plantes et les animaux est ainsi en gestation. En biotechnologie, elle permet le développement de nouveaux produits alimentaires, pharmaceutiques et industriels. Ces connaissances améliorent la sécurité alimentaire, le contrôle qualité, les processus de fabrication et la conservation des aliments.

Tous les organismes des milieux naturels peuvent être détectés et identifiés via leur présence directe mais aussi via les traces laissées dans leurs environnements (ADN libre, débris cellulaires, bave, mucus, selles, mues, etc.). Le métabarcoding de cet ADN représente donc un outil majeur de la génétique des paysages et de l'environnement.

La métagénomique et le métabarcoding offrent rapidité et réduction des coûts en temps de travail, en énergie et en consommables. En outre, ils sont significativement pertinents en termes de durabilité comparativement aux méthodes conventionnelles culture-dépendantes, qui requièrent l'isolement des microorganismes ou l'observation sous microscope avec clé de détermination.



1



2



3

Valorisation

Les applications proposées et menées à HEPIA relèvent du domaine de l'environnement, de l'écologie ou de l'agronomie. Les entreprises peuvent donc bénéficier d'un champ très étendu de prestations, comme par exemple: analyse du microbiote des produits de la ruche (gelée royale, miel, pain d'abeille, pollen), de la sève de bouleau fraîche et fermentée, du microbiote des intestins humains artificiels, du microbiote des sols après traitement à la vapeur de haute intensité, monitoring de la macrofaune ou suivi de certaines espèces dans des étangs d'altitudes, ou encore analyse du régime alimentaire d'espèces vertébrées.

Equipement particulier

L'institut Terre Nature Environnement (inTNE) d'HEPIA dispose d'équipements sophistiqués, en l'occurrence des séquenceurs d'ADN de 3^e génération permettant d'effectuer des travaux de séquençage et de méta-séquençage de l'ADN dans une multitude de domaines thématiques. HEPIA dispose donc d'une plate-forme de métagénomique et métatranscriptomique appliquée, constituée d'un nanoséquenceur Minion MK1b (Oxford Nanopore Technologies) et d'un séquenceur de masse parallèle MiniSeq (Illumina), localisés dans les laboratoires du groupe Plantes et Pathogènes.

Légendes

- 1 - Analyse de régime alimentaire à partir d'ADN de selles par métabarcoding (Projet Cistude / J-F. Rubin).
- 2 - Analyse du microbiote des produits de la ruche et de fleurs par métagénomique (Projet NewNordic / F. Lefort).
- 3 - Analyse et suivi du microbiote des sols par métatranscriptomique (Projet Stop aux invasives / P. Prunier).

visuels:
© HEPIA / Charlotte Ducotterd
et Julien Crovadore