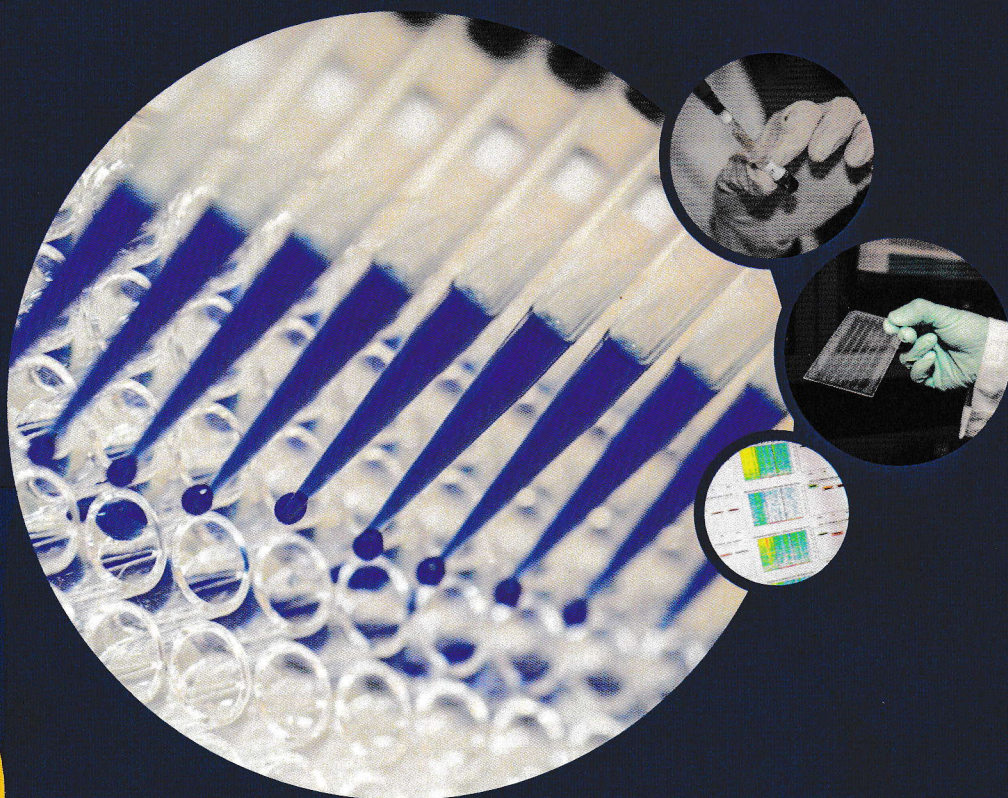


La métagénomique

Développements et futures applications

M.-C. Champomier-Vergès, M. Zagorec, coord.



éditions
Quæ

Après l'ère de la génomique, la métagénomique a envahi le domaine de la biologie. Permettant l'exploration du contenu génétique d'un échantillon issu d'un environnement complexe (sol, eau, végétal, microbiote animal, aliment, etc.), via le séquençage de l'ADN, la métagénomique repousse les limites imposées par la culture en milieu de laboratoire. Elle se caractérise par une production rapide et massive de données, et des traitements informatiques conséquents afin d'en retirer une information exploitable.

Cet ouvrage fait le point sur les différentes technologies et les méthodes de production et d'analyses de données actuellement disponibles dans ce domaine. Il présente un panel des champs d'applications — agriculture, environnement, agroalimentaire et santé — qui bénéficient de l'apport de ces techniques pour mieux décrypter la diversité du monde vivant microbiologique.

Il permettra aux étudiants, enseignants, chercheurs ou ingénieurs, quelle que soit leur spécialité en sciences de la vie ou de la Terre, de comprendre ces nouvelles approches, leurs mises en œuvre et leurs limites.

Marie Christine Champomier-Vergès, docteur en microbiologie, est directrice de recherche à l'Inra. Au sein de l'unité Microbiologie de l'alimentation au service de la santé (Micalis), elle dirige une équipe dont les travaux, portant sur l'analyse de l'écosystème des produits carnés par la métagénomique et la métatranscriptomique, sont tournés vers l'innovation pour le développement des approches de bioconservation de ces produits.

Monique Zagorec, docteur en génétique moléculaire, est directrice de recherche à l'Inra dans l'unité Sécurité des aliments et microbiologie (Secalim). Après avoir travaillé sur la bactérie lactique emblématique de la viande, *Lactobacillus sakei*, ses recherches portent aujourd'hui sur les communautés bactériennes des aliments carnés, en particulier la viande de volaille afin d'en améliorer la salubrité et la sécurité microbiologique.

En couverture : Préparation d'échantillon de fèces humain pour analyse du microbiote. Plaquette utilisée dans les robots de séquençage et vue d'un écran de traitement informatique de données biologiques dans un laboratoire de la plateforme de métagénomique quantitative MetaQuant (MetaGenoPolis et Micalis). © B. Nicolas/Inra.



éditions
Quæ

Éditions Cirad, Ifremer, Inra, Irstea
www.quae.com

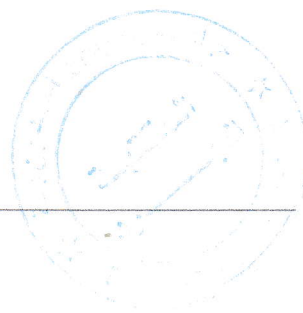
27 €

ISBN : 978-2-7592-2293-3



ISSN : 1952-1251
Réf. : 02474

Sommaire



Avant-propos	7
Chapitre 1. Techniques et matériels pour la production des données brutes de séquençage métagénomique.....	9
Introduction.....	9
Design expérimental et échantillonnage.....	10
Préparation des échantillons et extraction des acides nucléiques.....	12
Le séquençage à haut débit	15
Avantages et désavantages pour la métagénomique des technologies NGS les plus populaires	16
Les futures technologies.....	19
Les banques de clones d'ADN métagénomique	19
Conclusion.....	20
Références bibliographiques	20
Chapitre 2. Analyse des données, logiciels, transformation des data en information, utilisation et modélisation des données	25
Introduction.....	25
Assemblage.....	26
Assignation taxonomique	26
Classification non supervisée	29
Prédiction de parties codantes	30
Analyse fonctionnelle	31
Intégration des outils.....	32
Références bibliographiques	32

Chapitre 3. Découverte de nouvelles fonctions et familles protéiques : nouveaux défis pour les biotechnologies et l'écologie microbienne.....	35
Introduction.....	35
Stratégies d'échantillonnage.....	35
Le criblage fonctionnel : nouveaux défis pour la découverte de fonctions..	36
La séquence, témoin de l'originalité.....	36
Le criblage d'activité : accélérateur de découverte d'outils biotechnologiques.....	40
Conclusion.....	43
Références bibliographiques	43
Chapitre 4. Microbiote intestinal et typage.....	51
Introduction.....	51
Métagénome du microbiote intestinal humain	52
Dysfonctions du microbiome intestinal et pathologies.....	54
Conclusion.....	54
Références bibliographiques	55
Chapitre 5. Communautés microbiennes des aliments.....	57
Introduction.....	57
Les techniques à haut débit ciblées pour approfondir la connaissance des communautés microbiennes des aliments	58
Les produits fermentés, une grande diversité de denrées et de communautés microbiennes	59
En occident : la chaîne alimentaire, la viande, le pain, le vin, le fromage....	60
Exemples d'études métagénomiques sur des aliments.....	61
Conclusion et perspectives.....	66
Références bibliographiques	67
Chapitre 6. Microbiome du sol.....	71
Introduction.....	71
Exploration et exploitation des ressources génétiques de sols modèles.....	76
Biogéographie et gestion des communautés microbiennes des sols.....	79
Conclusion et perspectives.....	83
Références bibliographiques	84

Chapitre 7. Métagénomique environnementale	89
Des gènes aux génomes	89
Communautés microbiennes complexes	90
L'exemple des écosystèmes arséniés	92
Conclusion et perspectives.....	93
Références bibliographiques	94
 Chapitre 8. Microbiomes de la phyllosphère.....	 97
Introduction.....	97
La phyllosphère, un habitat extrême pour les micro-organismes	97
Premières études métagénomiques.....	100
Une mine de données génomiques à explorer	103
Limites de l'approche métagénomique.....	104
Promesses de l'étude métagénomique des microbiomes de phyllosphère ...	104
Références bibliographiques	106
 Synthèse et perspectives.....	 109
L'apport de l'évolution de la technologie de séquençage.....	109
La caractérisation des écosystèmes de domaines très variés	110
Les différentes facettes de l'exploration du vivant par la métagénomique....	111
Les limites de la métagénomique	112
Les défis futurs	114
 Liste des auteurs	 115