

Table des matières

Avant-propos	15
Dominique JOLY et Denis FAURE	
Introduction	19
Denis FAURE et Dominique JOLY	
Chapitre 1. Enjeux, défis, verrous scientifiques et perspectives	25
Dominique JOLY, Denis FAURE, Catherine BOYEN et Pascal SIMONET	
1.1. L'ADN environnemental ou ADN _e	27
1.2. Consortiums et réseaux internationaux	29
1.2.1. Champignons	30
1.2.2. Arthropodes	32
1.2.3. Vertébrés	32
1.2.4. Sociétés humaines – Ecologie de la santé	33
1.2.5. Microbiotes	35
1.2.6. Sols	35
1.2.7. Génomique marine	36
1.2.8. Biotechnologies marines	38
1.2.9. Observatoires génomiques	39
1.3. L'acquisition, la gestion et l'exploitation des échantillons et des données	41
1.3.1. Echantillons et collections	41
1.3.2. Production et analyse des données	42
1.4. La génomique environnementale de demain	44

Chapitre 2. Les révolutions technologiques : potentiels et limites	45
Denis FAURE et Denis LE PASLIER	
2.1. Les sauts techniques associés aux séquenceurs de deuxième et troisième générations	45
2.2. Séquençage d'ADN génomique issu d'une cellule unique : <i>Single Cell Genomics</i>	47
2.3. Accès des laboratoires aux technologies NGS	48
2.4. Stockage et manipulation des données NGS	49
Chapitre 3. Accès et partage des données NGS	51
Eric PELLETIER et Guy PERRIÈRE	
3.1. Les grandes banques de données ADN	51
3.2. Contraintes d'accès aux banques de données ADN	52
3.3. Architectures informatiques en relation avec les données NGS	53
3.4. Standards en génomique (<i>Genomic Standards Consortium</i>)	55
3.5. Métadatas	56
3.6. Conclusion	58
Chapitre 4. Qualité des données NGS : de la séquence aux bases de données	59
Pierre PEYRET, Julie AUBERT, Vincent BRETON, François ENAULT, Line LE GALL, Denis LE PASLIER, Tiphaine MARTIN, Guy PERRIÈRE et Eric PEYRETAILLADE	
4.1. Qualité des données NGS	59
4.2. Qualité des affiliations taxinomiques	60
4.3. Qualité des annotations des génomes et métagénomes	61
4.4. Qualité des bases de données	62
4.5. Quelques règles de bonne conduite pour analyser des données NGS	63
4.6. Conclusion	65
Chapitre 5. Taxinomie et biodiversité	67
Line LE GALL, Guillaume LECOINTRE, Eric BAPTESTE, Régis DEBRUYNE, Nicolas PUILANDRE et Jean-François SILVAIN	
5.1. Comment mesurer la biodiversité ?	67
5.2. Taxinomie à l'ère des NGS	69
5.3. Méthodologies de l'identification taxinomique associant les NGS	71

5.4. Le défi des micro-organismes aux systématiciens modernes	72
5.5. Vers la taxinomie intégrative	74

Chapitre 6. Caractériser la biodiversité 77

François POMPANON, Sarah SAMADI, Régis DEBRUYNE, Frédéric DELSUC,
Sébastien LAVERGNE, Eric PANTE, Nicolas PULLANDRE, Jean-Yves RASPLUS
et Pierre TABERLET

6.1. Code-barres et métacode-barres ADN à l'ère des NGS	78
6.2. Approches NGS adaptées aux contraintes liées aux échantillons environnementaux et aux connaissances disponibles sur les organismes.	81
6.2.1. Etude fine de la diversité chez la gorgone <i>Chrysogorgia</i> grâce au RAD-seq	82
6.2.2. Les mégaphylogénies à haute résolution, cas de la flore alpine . .	83
6.2.3. Métacode-barres bactérien, microbiome intestinal chez les mammifères myrmécophages	84
6.3. Défis à relever pour l'analyse de la biodiversité à haut débit.	87

Chapitre 7. Evolution et adaptation des gènes et des génomes . . . 89

Mathieu JORON, Xavier VEKEMANS, Frantz DEPAULIS, David ENARD,
Grégory FARRANT, Laurence GARCZAREK, Sylvain MERLOT,
Frédéric PARTENSKY, Hugues ROEST CROLLIUS et Carole SMADJA

7.1. Histoire évolutive des traces de sélection	90
7.2. Méthodes de séquençage ciblé des génomes	92
7.2.1. RAD-seq et capture de gène.	92
7.2.2. Séquençage ciblé, adaptation à l'hôte et spéciation chez le puceron du pois	93
7.2.3. Séquençage ciblé et étude de l'hybridation chez la souris domestique	94
7.2.4. La transcriptomique comme approche de réduction des génomes	95
7.2.5. Transcriptomique comparative chez les plantes hyperaccumulatrices de nickel	95
7.2.6. Reséquençage des génomes	97
7.3. Caractérisation d'un génome de référence pour l'étude de l'adaptation.	98
7.3.1. Stratégies NGS utilisées pour l'étude de l'adaptation chez une espèce non modèle, le papillon tropical <i>Heliconius</i>	98
7.4. Conclusion et perspectives.	102

Chapitre 8. ADN dégradés et paléogénomique 105

Catherine HÄNNI, Dominique JOLY et Morgane OLLIVIER-RUZ

8.1. Effets de la domestication : origine et évolution du chien 108
 8.2. Biologie de la conservation 111
 8.3. Identification moléculaire de produits transformés 113
 8.4. Etude de l’Homme : de son évolution à son identification 114
 8.5. Conclusion et perspectives 115

Chapitre 9. Ecologie fonctionnelle et génomique des populations 119

Denis FAURE, Francis MARTIN, Didier BOGUSZ, Annegret KOHLER, Xavier NESME, Philippe NORMAND et Aurélie TASIEMSKI

9.1. Les NGS donnent naissance à deux nouvelles approches : l’« éco-génomique » et l’« écologie inverse » 120
 9.2. Analyse de traits fonctionnels par NGS : concilier l’écologie fonctionnelle avec la taxinomie 122
 9.3. Analyse NGS de traits fonctionnels comme biomarqueurs des changements environnementaux 124
 9.4. Conclusion et perspectives 126

Chapitre 10. Structure et fonctionnement des écosystèmes microbiens : métagénomique et intégration des omiques 129

Philippe BERTIN, Téléphore SIME-NGANDO, Didier DEBROAS, Laurence GARCZAREK, Denis LE PASLIER, Roland MARMEISSE, Sébastien MONCHY et Frédéric PLEWNIAC

10.1. Structure des communautés microbiennes 130
 10.1.1. Structure des communautés analysées par métacode-barres du gène *rrs* (ARNr 18S) 131
 10.1.2. La biosphère rare microbienne, les archées en milieu marin 132
 10.1.3. Distribution de *Synechococcus* dans les océans 133
 10.2. Fonctionnement des communautés microbiennes 135
 10.2.1. La métatranscriptomique révèle les fonctions des micro-organismes eucaryotes 135
 10.2.2. Des données multi-omiques au modèle métabolique de la communauté 137
 10.3. Conclusion et perspectives 139

Chapitre 11. Modélisation et prédiction du fonctionnement et de la dynamique des écosystèmes	141
Damien EVEILLARD, Xavier RAYNAUD, Jérémie BOURDON, Alain FRANC et Frédéric PLEWNIAC	
11.1. Calcul intensif pour la description de la biodiversité par la métagénomique	142
11.2. Un domaine émergent : l'écologie des systèmes	145
11.3. Modélisation et prédiction	149
11.4. Conclusion et perspectives	151
 Chapitre 12. Les omiques de demain	 153
Dominique JOLY et Denis FAURE	
12.1. Quatre grands défis	154
12.2. Programmation pluriannuelle des ressources	156
 Glossaire général	 159
 Glossaire technique	 163
 Bibliographie	 165
 Sites Internet	 173
 Index	 177