

# Table des matières

<b>Avant-propos</b> . . . . .	15
Dominique JOLY et Denis FAURE	
<b>Introduction</b> . . . . .	19
Denis FAURE et Dominique JOLY	
<b>Chapitre 1. Enjeux, défis, verrous scientifiques et perspectives</b> . . . . .	25
Dominique JOLY, Denis FAURE, Catherine BOYEN et Pascal SIMONET	
1.1. L'ADN environnemental ou ADN <sub>e</sub> . . . . .	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

<b>Chapitre 2. Les révolutions technologiques : potentiels et limites . . . . .</b>	<b>45</b>
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
<b>Chapitre 3. Accès et partage des données NGS . . . . .</b>	<b>51</b>
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
<b>Chapitre 4. Qualité des données NGS : de la séquence aux bases de données . . . . .</b>	<b>59</b>
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
<b>Chapitre 5. Taxinomie et biodiversité . . . . .</b>	<b>67</b>
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'« écogénomique » 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 <i>rrs</i> (ARNr 18S) . . . . .	131
10.1.2. La biosphère rare microbienne, les archées en milieu marin . . . . .	132
10.1.3. Distribution de <i>Synechococcus</i> 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

---

<b>Chapitre 11. Modélisation et prédiction du fonctionnement et de la dynamique des écosystèmes</b> . . . . .	141
Damien EVEILLARD, Xavier RAYNAUD, Jérémie BOURDON, Alain FRANC et Frédéric PLEWNIAK	
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
<b>Chapitre 12. Les omiques de demain</b> . . . . .	153
Dominique JOLY et Denis FAURE	
12.1. Quatre grands défis . . . . .	154
12.2. Programmation pluriannuelle des ressources . . . . .	156
<b>Glossaire général</b> . . . . .	159
<b>Glossaire technique</b> . . . . .	163
<b>Bibliographie</b> . . . . .	165
<b>Sites Internet</b> . . . . .	173
<b>Index</b> . . . . .	177