*Un nouveau regard sur les écosystèmes laitiers et fromagers :
Adaptation, développement et appropriations des méthodes omiques à des fins d'écologie microbienne*

Séminaire métagénomique et fromages de terroirs : quel nouveau regard sur la microflore ? Des prairies au fromage.

Atelier BAba de la métagénomique

Animatrices : Nadège BEL (Actalia) et Sarah CHUZEVILLE (Actalia)

Projet affilié au RMT
Filières Fromagères Valorisant leur Terroirs

Zoom,
le 19 Novembre 2020

Analyses bactériologiques dites pasteurienne (boîte de Pétri) :

- ▶ Limite de la spécificité des milieux de culture : Pas d'appréciation de l'espèce bactérienne et parfois, doute sur le genre bactérien
- ▶ Focalisation sur les espèces dominantes et cultivables
- ▶ Minimisation du rôle des espèces sous-dominantes et/ou non cultivables

Ouverture d'une nouvelle ère

- ▶ Nouvelles technologies de séquençage : New Generation Sequencing (NGS)
- ▶ Diminution des coûts de séquençage inversement proportionnel à la quantité de données produites

Aujourd'hui, grâce aux analyses -omiques :

- ▶ Possibilité d'une **description simultanée de l'ensemble des espèces/genres microbiens** des échantillons
- ▶ Possibilité de description des fonctions potentielles ou exprimées de l'écosystème fromager
- ▶ Méthodes basées sur l'ADN et l'ARN

Les bactéries

Les levures et moisissures

- **Génome** : ensemble du matériel génétique d'un organisme = ensemble de son ADN.
- **ADN** : support de l'information génétique, permettant notamment le développement, le fonctionnement physiologique et métabolique des êtres vivants.
- **ADN** : composé de deux brins complémentaires , enroulés en hélice. C'est un acide nucléique, au même titre que l'acide ribonucléique (ARN).

Cellule

ADN

ARN

Protéine

- ↔ *Enzymes du métabolisme du lactose*
- ↔ *Acides aminés*
- ↔ *Acides gras volatils*
- ↔ *Bactériocines*
- ↔ *Etc...*

Souche

Ecosystème

Question

Qui suis-je ?

Qui est là ?

Qui pourrait faire quoi ?

Qui est actif ?

Qui fait quoi ?

Matrice analysée

Présence

Action

Technique Utilisée

ADN

ARN

ADN génomique total ou partiel
Souche

Marqueur ADN spécifique
Ecosystème

ADN génomique total
Ecosystème

ARNr (ribosomiques)
Métabarcoding
Ecosystème

ARNm (messagers)
Métabranscriptomique
Ecosystème

Génomique, WGS, cgMLST

Métabarcoding (16S, ITS, ...)

Métagénomique

RNA seq (rétrotranscription des ARN puis séquençage)

Type d'organismes étudiés

Microorganismes morts et vivants

Microorganismes vivants

Informations apportées

Diversité à la souche bactérienne, typage de souches

Diversité taxonomique

Faible Diversité taxonomique mais contenu génique

Population active

Activité métabolique

Quelles sont les grandes étapes des méthodes –omiques ADN ?

Se questionner ➔ Echantillonner ➔ Extraire ➔ Amplifier ➔ Séquencer ➔ Identifier, caractériser

Prélèvements

Extraction de l'ADN total

Amplification de 16S (bactéries), ITS (champignons)...

*Si
Métabarcoding
uniquement*

Séquençage

Identification, recherche de gènes spécifiques (métaG),...

Est-ce que la méthode utilisée me permettra d'obtenir des réponses ?

► Quelle(s) question(s) ?

Il est important de poser la ou les bonnes questions en lien avec la problématique !
Les outils omiques ne sont pas adaptés à toutes les questions !

► Quel outil utiliser pour répondre à la question ?

MétaBarcoding ?
MétaGénomique ?
Génomique (WGS) ?
Outils transcriptomiques ?

Méthodes non quantitatives

Difficultés de perception des flores sous-dominantes

Exploitation des résultats en comparatif

► Importance du protocole de **prélèvement** pour répondre correctement à la (aux) question(s) !

Echantillonnage suffisant ?

Adaptation de la prise d'essai -> quantité d'ADN suffisante

« Blocage en l'état » des échantillons

Pour les analyses ADN, blocage de l'évolution de l'échantillon : d'autant plus pour les prélèvements en cuve ou en cours d'acidification (évolution rapide de T° / niveaux de flores)

Représentativité de l'échantillonnage ?

*Séparation pâte et croûte
Importance de la zone de prélèvement sur un gros fromage (géographie)
Brassage / homogénéisation si liquide
Prise en compte de la variabilité (entre les fromages, les cuves, les journées...)*

Variables explicatives

Métadonnées : caractéristiques des échantillons et données technologiques associées (suivi technique, questionnaire, enregistrements...)

Approche semi-quantitative

Une analyse microbio pasteurienne globale (GT, levures...) ou ciblée suivant la question permettra de donner un niveau au % affiché par le résultat -omique

Lien avec des références connues

Besoin pour les utilisateurs de « connecter » ces nouvelles données avec leur référentiel habituel

► **Importance des analyses complémentaires** en fonction des questions et de la **collecte des métadonnées associées**

Ne pas négliger les traditionnelles méthodes dans la construction de l'approche omique!

Relativiser les résultats

*Ex : un écart constaté entre 2 échantillons en *Lb bulgaricus* a-t-il un impact -> lien avec le résultat en Lactates D*

Collecte des cellules microbiennes

Eclatement des parois des cellules

Elimination des débris & contrôles qualité

Lait 1

Lait 2

Fromage 1

4^{ème} étape : amplification (si MétaBarcoding) & séquençage

4ème étape bis : séquençage directement si MétaGénomique

lectures

Séquençage directement si MétaGénomique

Séquençage directement si MétaGénomique

lectures

Génomés bactériens de référence Marqueur bactérien

- ATTGGCGCTGTACAGGTACGA *Lactococcus lactis*
- ATTGGCGCTGTACAGGTACGA *Lactobacillus delbrueckii*
- ATTGGCGCTGTACAGGTACGA *Leuconostoc spp.*

	Comptage
<i>Lactococcus lactis</i>	2
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	4
<i>Leuconostoc spp.</i>	8

Génomés moisissure de référence Marqueur « moisissures »

- ATTGGCGCTGTACAGGTACGA *Geotrichum candidum*
- ATTGGCGCTGTACAGGTACGA *Saccharomyces spp.*
- ATTGGCGCTGTACAGGTACGA *Fusarium spp.*

	Comptage
<i>Geotrichum candidum</i>	2
<i>Saccharomyces spp.</i>	4
<i>Fusarium spp.</i>	6

Clustering

Regroupement des séquences (presque) identiques entre elles

Affiliation taxonomique

Identification des OTUs présents.
Précision jusqu'au niveau du genre et parfois jusqu'à l'espèce.

Production de la table de comptage

Tableau permettant de récapituler le nombre de reads obtenus pour chacun des clusters

Exemple : diversité bactérienne au sein de laits crus de différents ateliers (Projet Erasmo)

- ▶ Travail en comparatif
- ▶ Ne pas oublier de remettre à la lumière des analyses complémentaires (GT, senso,...)