

# Apport des nouvelles générations de séquençage pour accéder à la diversité des communautés microbiennes du sol : nécessité d'un 'pipeline' bio-informatique pour les biologistes.

Sebastien Terrat<sup>1</sup>, Richard Christen<sup>2</sup>, Samuel Dequiedt<sup>1</sup>, Pierre-Alain Maron<sup>1</sup>, Christophe Mougel<sup>1</sup>, Guy Perrière<sup>3</sup> et Lionel Ranjard<sup>1</sup>

<sup>1</sup> *Laboratoire de Microbiologie du Sol et de l'Environnement et Plateforme GenoSol, UMR 1229, INRA/Université de Bourgogne, DIJON*

<sup>2</sup> *Laboratoire de Biologie virtuelle, UMR CNRS 6543, Université de Nice, NICE*

<sup>3</sup> *Laboratoire BBE, Université Claude Bernard Lyon 1, VILLEURBANNE*

**Mots clés:** méta-génomique monogénique, bio-informatique, pyroséquençage, pipeline

La diversité microbienne d'un sol est difficile à caractériser. Ceci s'explique par une accessibilité plus ou moins importante des populations au sein d'une matrice hétérogène et structurée, mais aussi par l'incapacité à résoudre une information constituée de 100 000 à 1 000 000 d'espèces différentes par gramme de sol. Toutefois, récemment, d'importantes avancées en biologie moléculaire ont permis de mieux caractériser la diversité des communautés microbiennes du sol *in situ* et ce sans *a priori*. Ainsi, la puissance des nouvelles générations de séquençage comme le pyroséquençage permettent de travailler en haut-débit afin d'obtenir plusieurs dizaines, voire plusieurs centaines de milliers de séquences à partir d'un ADN méta-génomique. De premières études ont déjà été réalisées avec cette technique afin d'aborder la diversité bactérienne des sols. Ces études ont, pour la première fois, permis de quantifier de façon exhaustive la diversité microbienne de sols en termes de richesse spécifique et de démontrer la pertinence, la faisabilité et la robustesse de cette approche. Cette approche est maintenant unanimement reconnue pour sa pertinence et ses potentialités très importantes, et ce afin de déterminer la diversité des microorganismes telluriques.

Notre approche consiste en la caractérisation de la diversité taxonomique (bactérienne et fongique) de sols sur des échantillonnages de grande ampleur dans le temps et dans l'espace, avec comme objectifs : (i) de faire un inventaire exhaustif de la diversité microbienne tellurique, (ii) d'évaluer sa distribution spatiale, (iii) de mieux comprendre sa régulation et, (iv) *in fine*, de pouvoir relier cette diversité en fonctionnement biologique du sol et en services écosystémiques [1-3]. Cependant, l'étude d'un aussi grand nombre d'échantillons va entraîner la production massive de séquences. Ce caractère massif, ainsi que les caractéristiques inhérentes aux séquences obtenues par cette technique requièrent le développement d'outils bioinformatiques adaptés, optimisés et évalués, afin d'analyser rapidement et efficacement ce type de données. Ce nouveau pipeline d'analyse doit tout d'abord être facile d'utilisation et répondre aux attentes des différents utilisateurs, qu'ils soient compétents en bio-informatique, ou novices dans l'analyse de tels jeux de données. Il doit également permettre de gérer un grand nombre de séquences et d'automatiser les grandes étapes d'analyse (prétraitement, filtration, clustérisation, assignation taxonomique, calculs d'indices d'abondance et de diversité, taux de couverture,...). L'ensemble du système devra enfin être transféré sur un serveur de calcul et accessible au travers d'un serveur Web pour être accessible à la collectivité des écologistes microbiens. L'objectif étant de coupler, sur un grand nombre d'échantillons, cette approche avec des mesures d'activités et de faire le lien entre la diversité microbienne et l'aptitude des sols à rendre des services.

## Publications

- [1] **Dequiedt S, Thioulouse J, Jolivet C, Saby NPA, Lelievre M, Maron PA, Martin MP, Chemidlin-Prévost-Bouré N, Toutain B, Arrouays D, Lemanceau P, Ranjard L. 2009. Biogeographical patterns of soil bacterial communities. *Environmental Microbiology Report*, 1:251-255.**
- [2] **Ranjard L, Dequiedt S, Jolivet C, Saby NPA, Thioulouse J, Harmand J, Loisel P, Rapaport A, Fall S, Simonet P, Joffre R, Chemidlin-prévost Bouré N, Maron PA, Mougel C, Martin MP, Toutain B, Arrouays D, Lemanceau P. 2010. Biogeography of Soil Microbial Communities: a Review and a Description of the Ongoing French National Initiative. *Agronomy for Sustainable development*. 30-2 : 359-365.**
- [3] **Ranjard L, Dequiedt S, Lelievre M, Maron PA, Mougel C, Morin F, Lemanceau P. 2009. Platform GenoSol: a new tool for conserving and exploring soil microbial diversity. *Environmental Microbiology Report*. 1: 97-99.**

