

L'assignation taxonomique en métagénomique

Thomas Biscop



UNIVERSITÉ DE
MONTPELLIER



PÔLE DE RECHERCHE
AGRICULTURE • ENVIRONNEMENT • BIODIVERSITÉ

QUANTACELL



2 février 2024

La métagénomique

- Étude de la composition génétique d'un environnement

La métagénomique

- Étude de la composition génétique d'un environnement
- Séquençage
- Identification



Modifié d'après : Sacha Schutz - <http://dridk.me>

Les gènes étudiés

- Tailles de génomes différentes

Les gènes étudiés

- Tailles de génomes différentes
- Difficultés d'assemblage

Les gènes étudiés

- Tailles de génomes différentes
- Difficultés d'assemblage
- *Metabarcoding*

Les gènes étudiés

- Tailles de génomes différentes
- Difficultés d'assemblage
- *Metabarcoding*

- Parties conservées pour la PCR

Les gènes étudiés

- Tailles de génomes différentes
- Difficultés d'assemblage
- *Metabarcoding*

- Parties conservées pour la PCR
- Parties variables pour l'assignation

Les gènes étudiés

- Tailles de génomes différentes
- Difficultés d'assemblage
- *Metabarcoding*

- Parties conservées pour la PCR
- Parties variables pour l'assignation

- Gène d'ARNr 16S (bactéries et archées)

Les gènes étudiés

- Tailles de génomes différentes
- Difficultés d'assemblage
- *Metabarcoding*

- Parties conservées pour la PCR
- Parties variables pour l'assignation

- Gène d'ARNr 16S (bactéries et archées)
- 18S (eucaryotes)

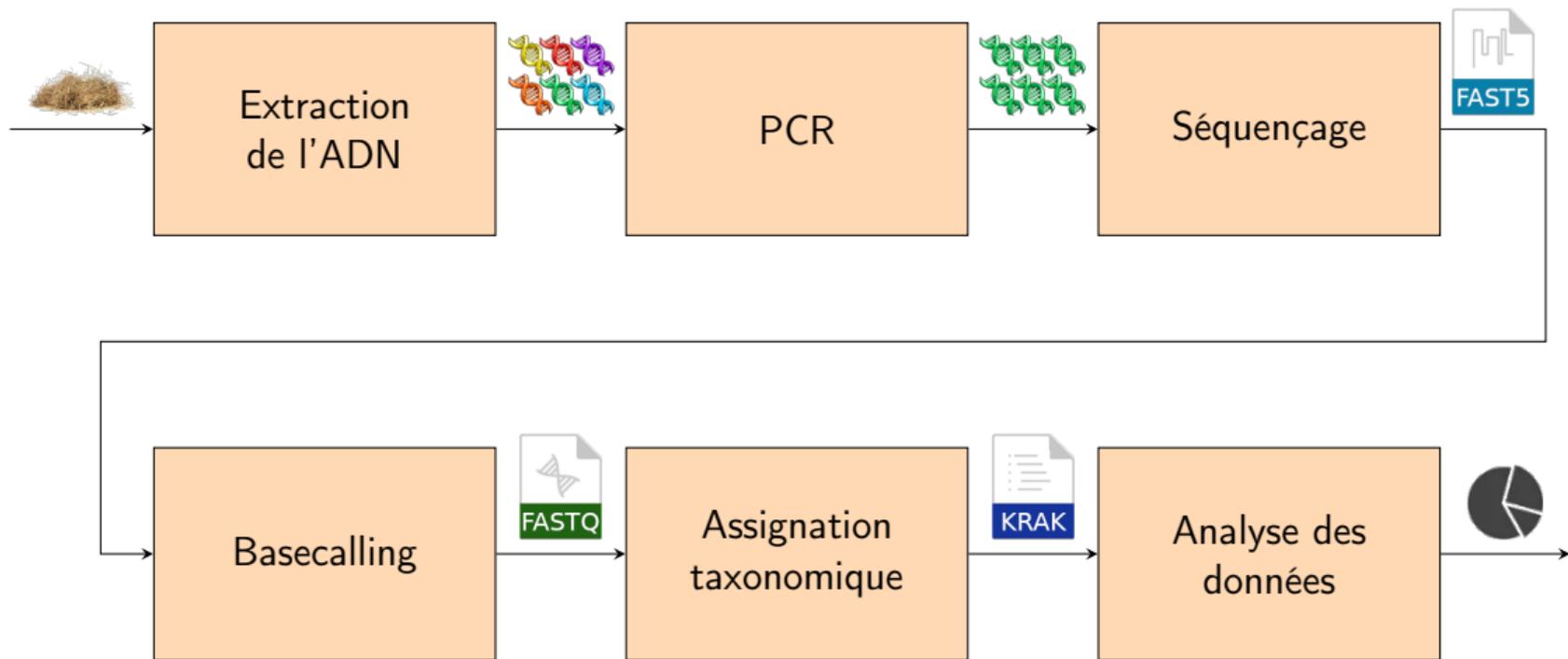
Les gènes étudiés

- Tailles de génomes différentes
- Difficultés d'assemblage
- *Metabarcoding*

- Parties conservées pour la PCR
- Parties variables pour l'assignation

- Gène d'ARNr 16S (bactéries et archées)
- 18S (eucaryotes)
- ITS (champignons)

Le pipeline



L'assignation taxonomique

- Séquence → taxon

L'assignation taxonomique

- Séquence → taxon
- *Kraken 2* (Wood *et al.* 2019)

L'assignation taxonomique

- Séquence → taxon
- *Kraken 2* (Wood *et al.* 2019)

- Fichier FasqQ :

@ID1

CGATGCAACCACTCGA

+ID1

CCCA@B; ;6;BF6CCE

@ID2

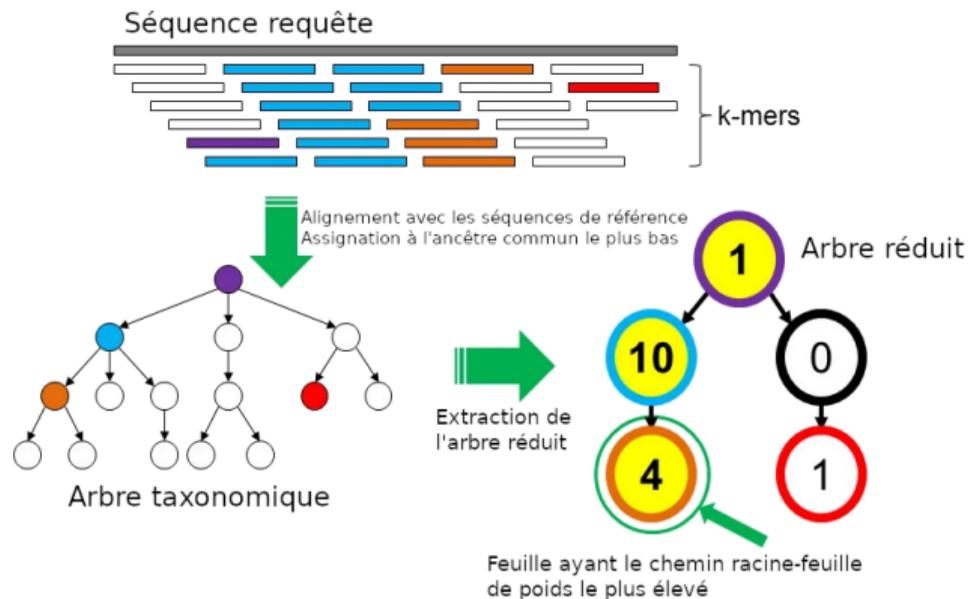
GATGAGTCGAACTTCGAGGTCGC

+ID2

8-88, ;=<=B-C; , <B<@F , CFF

L'assignation taxonomique

- Séquence → taxon
- *Kraken 2* (Wood et al. 2019)



Modifié d'après : Derrick E. Wood et al. - <https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/gb-2014-15-3-r46>

Bases de données

Silva

Silva

- ARNr 16S/18S, 23S/28S et ITS

Silva

- ARNr 16S/18S, 23S/28S et ITS
- Bactéries, archées et eucaryotes

Silva

- ARNr 16S/18S, 23S/28S et ITS
- Bactéries, archées et eucaryotes
- Quast *et al.* 2013

Silva

- ARNr 16S/18S, 23S/28S et ITS
- Bactéries, archées et eucaryotes
- Quast *et al.* 2013

Dairydb

Silva

- ARNr 16S/18S, 23S/28S et ITS
- Bactéries, archées et eucaryotes
- Quast *et al.* 2013

Dairydb

- ARNr 16S

Silva

- ARNr 16S/18S, 23S/28S et ITS
- Bactéries, archées et eucaryotes
- Quast *et al.* 2013

Dairydb

- ARNr 16S
- Bactéries et archées

Silva

- ARNr 16S/18S, 23S/28S et ITS
- Bactéries, archées et eucaryotes
- Quast *et al.* 2013

Dairydb

- ARNr 16S
- Bactéries et archées
- Meola *et al.* 2019

Téléchargement des fichiers

```
git clone https://gitlab.etu.umontpellier.fr/mod/metagenomique.git  
cd metagenomique
```

Premier échantillon

Premier échantillon

- Microbiote intestinal humain

Premier échantillon

- Microbiote intestinal humain
- 100 000 milliards de micro-organismes

Premier échantillon

- Microbiote intestinal humain
- 100 000 milliards de micro-organismes
- Bactéries, levures,...

Premier échantillon

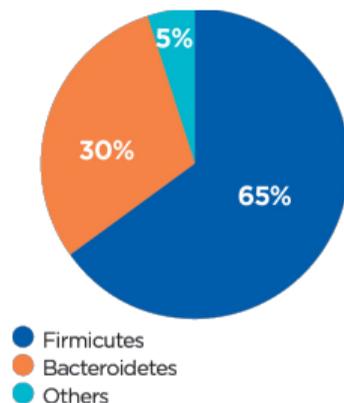
- Microbiote intestinal humain
- 100 000 milliards de micro-organismes
- Bactéries, levures,...
- PCR 16S

Premier échantillon

- Microbiote intestinal humain
- 100 000 milliards de micro-organismes
- Bactéries, levures,...
- PCR 16S
- SRR24210274 (Université d'Acibadem, Turquie)

Premier échantillon

- Microbiote intestinal humain
- 100 000 milliards de micro-organismes
- Bactéries, levures,...
- PCR 16S
- SRR24210274 (Université d'Acibadem, Turquie)



Modifié d'après : J. Knight *et al.* 2019 - <https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/gb-2014-15-3-r46>

Commande Kraken

```
kraken2 --db <database> --report <report>.k2report <fastq-file> >/dev/null
```

Deuxième échantillon

Deuxième échantillon

- Infection apicomplexes

Deuxième échantillon

- Infection apicomplexes
- Parasite unicellulaire eucaryote

Deuxième échantillon

- Infection apicomplexes
- Parasite unicellulaire eucaryote
- PCR 18S

Deuxième échantillon

- Infection apicomplexes
- Parasite unicellulaire eucaryote
- PCR 18S
- SRR24031750 (Université de Melbourne, Australie)

Source des images



<http://dridk.me>



<http://wanimo.com>



<http://farmvilletask.com>



<http://dribbble.com>



<http://publicdomainpictures.net>



<http://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/gb-2014-15-3-r46>



<https://www.nursingtimes.net/clinical-archive/gastroenterology/gastrointestinal-tract-6-the-effects-of-gut-microbiota-on-human-health-21-10-2019/>