

Métatranscriptomique

un regard sur les fonctions biochimiques oeuvrant dans le sol



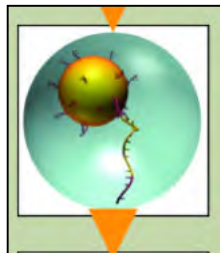
Sol



ARN

ARN polyA+

cDNA



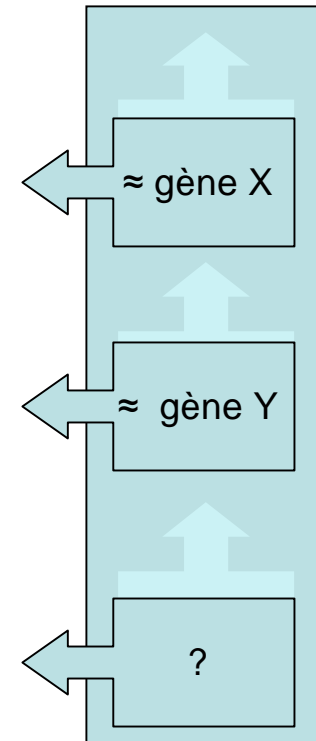
Séquencage
NGS

cDNA fragments

```
>F1IP2S103GXIZ length=487 xy=2730_1417 region=3 run=R_2009_08
TGGTATCAACGCAGAGTACGGGGAGATTCATATCTAAATCCCATTAAAAACAATAAGC
ATCTAATTTTAAATGCCAAAGGAAAAGATCCATATTAACCTAGTCGTCATGGTCATGTC
GACTCCGGTAAATCAACCTCCACTGGTCATTTAATCTACAAATGCGGTGGTATCGATAAA
AGAACCATTGAAAAATTCGAGAAAGAAGCCCAACGATATGGGTAAAGGTTTCATTAATAT
GCTTGGGTTTTGGACAACTCAAGGCTGAAAAGAGAAAGAGGTATTACCATCGATATTTT
CCTCTGAAAATTCGAATCACCAAAATACTACTTCACCATCATTGATGCCCCAGGACACAG
AGATTTTATCAAGAATCATGATTACAGGTACATCCCAAGCTGATTGTGCTATTCTTATGAT
TGCTTCACCACAAGGTGAGTTTCAAGCTGGTATTTCCAAGGAAGGCCAAAACAGAGAACA
TGCACTT
>F1IP2S103GZ6GQ length=397 xy=2755_1320 region=3 run=R_2009_08
AAGCAGTGGTATCAACGCAGAGTAGGGGCAGGGAGATTTTAGTCAAGGTTCCACAACACTC
AGTCCAAATCAAAATGATATCTGAGTTTCGTAATGAGGTGGTACTCTTCCAAGGCTACAGAT
CAAAGGGTGTCTTGGGCTAACACAGAGAGCTTGCATGAAGGTTTTGCTGGACCACAGTG
CTGATGTACTAGTTCCTCTAGTTCAAATGTTTGGATTAATGAACCTGTTTGGATTAAG
GTATAATTTTAGTGTGTTTGGAAATAGCTAATGTAATTTGATATGAAAAATGTTGATAT
ATTATTGTGTTATTTAGTGAATTTGAATGTAATGCGGAATTAATATGTAATAATTTCTA
TTGATATTTGAATTTAGTACTACAAAAA
>F1IP2S103HBLDW length=33 xy=2885_1394 region=3 run=R_2009_08_
AAGCAGTGGTATCAACGCAGAGTACGGTTTTTT
>F1IP2S103G715H length=470 xy=2845_0339 region=3 run=R_2009_08
TCTCCGACTCAGACGAGTGGTAAGCAGTAGTATCAACGCAGAGTACGGGGACAACCAA
ATTACATAACCAATTCAAATAATAAAACAATAATCCAAACAACAAGCAAAAATGAATTT
CTCTCAAAATCTCTACTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT
TCCCGCTGCAAAGGCCGCCCAAAATGCTGCCCTGATGCCAAGGCCACGGCTACTACCA
CCATTACGATCCATCATACTCAGTCCAGGTCACAGTCACTGACTATATCACAACACTGTATA
TGAATAATCCCTTATTTATTTATCATAAATCTTATTAGCAAAATCATTTTATCTGTGA
ATATGAGGTCTAAAATCTTTTCGTGAAAATTTAAAAATTTTAAATTTAAATTAATGAA
ATTGTTATGTAATTTTCAACAGCTGTTATAAAGTTCATTTTAAATTTAAT
```

... 10⁵ to 10⁷ lectures

Bases de
données ADN

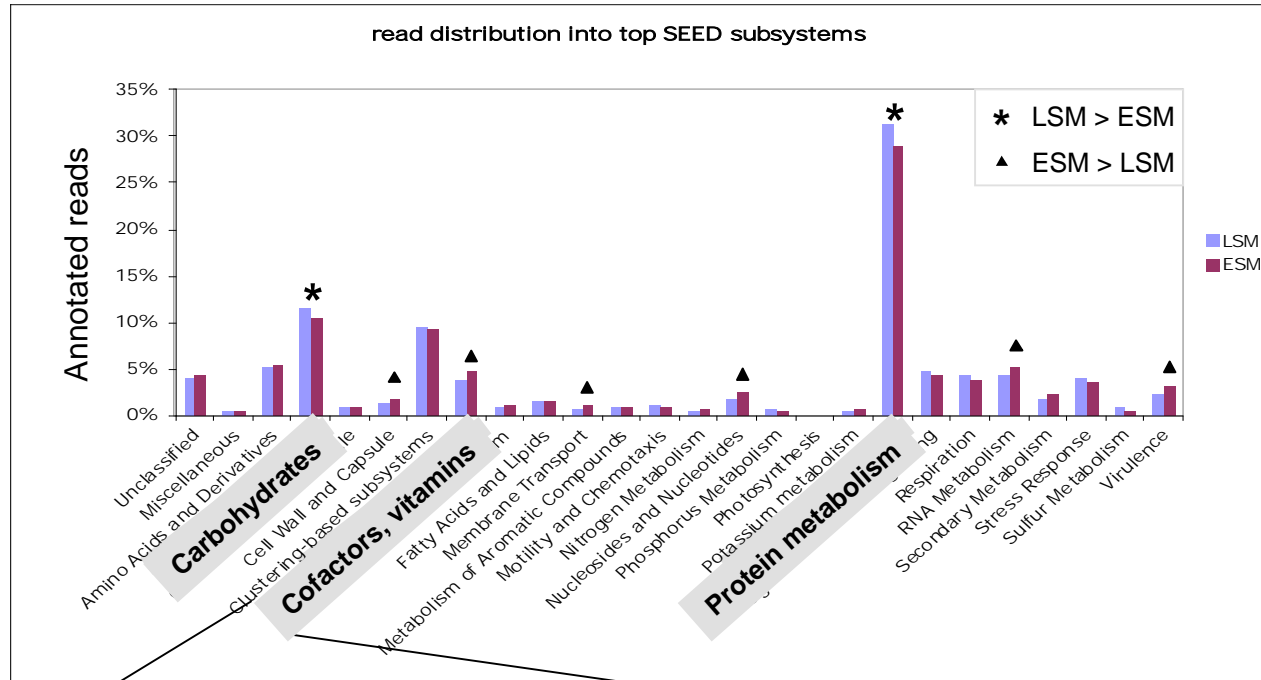


classification

Profil fonctionnel
du sol

Comparaison des profils d'expression de deux sols :

Exploration d'une classification hiérarchique des fonctions des gènes



subsystem 1	subsystem 2	subsystem 3	LSM reads	ESM reads	% LSM	% ESM	p-value
Cofactors, Vitamins			307	302	3.8%	4.7%	0.02
	Lipoic acid	Lipoic_acid_metabolism	5	15			0.01
	Thiamine	Thiamin_biosynthesis	9	20			0.007
	Tetrapyrroles	Coenzyme_B12_biosynthesis	1	8			0.01
SEED_annotations			8029	6474	100%	100%	
Putative mRNA reads			50035	39064			



La biosynthèse des vitamines est plus active dans le sol ESM



Une comparaison des métatranscriptomes de deux sols alpins

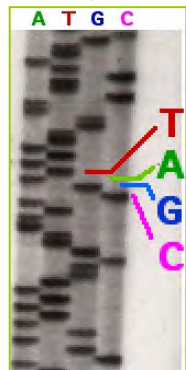
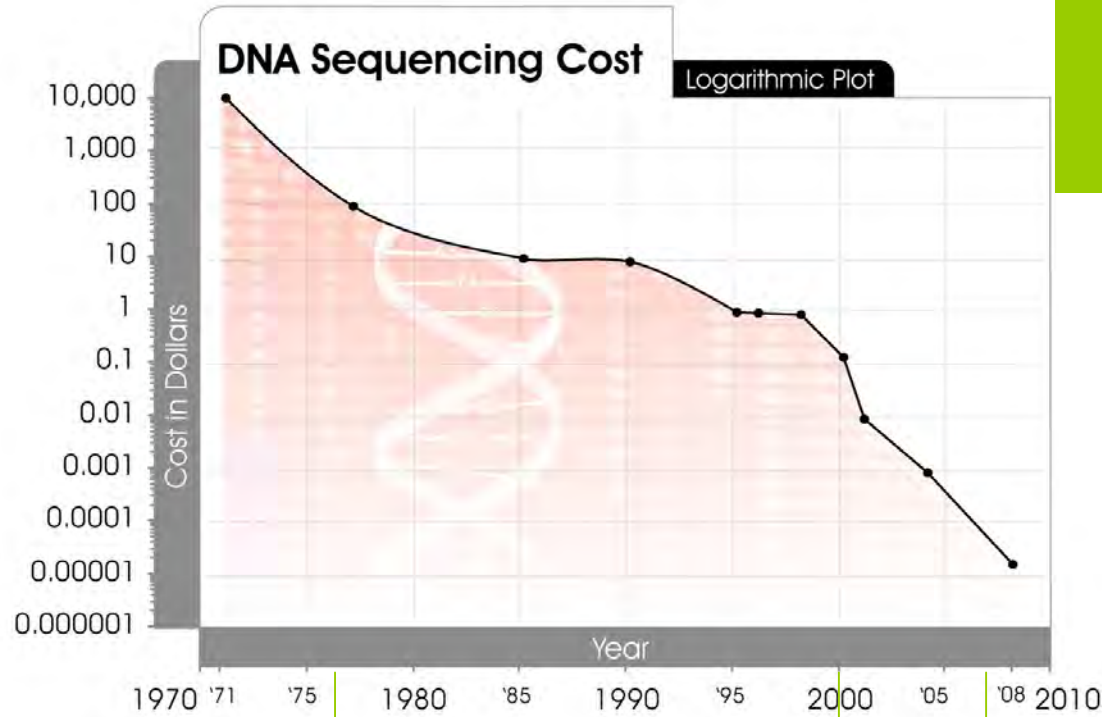
Tarafa Mustafa,
Roberto Geremia,
Philippe Choler,
Eric Coissac,
Armelle Monier,
Lucie Zinger,

Jean-Marc Bonneville

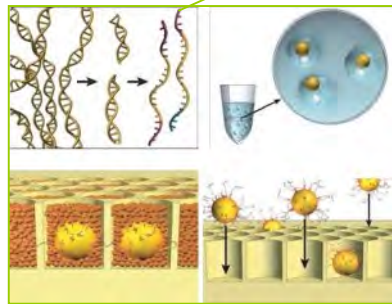


Atelier transversal Sols, OSUG, 30 mars 2012

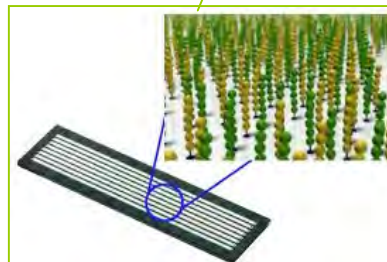
ADN : un déluge de séquences



1977,
dideoxy

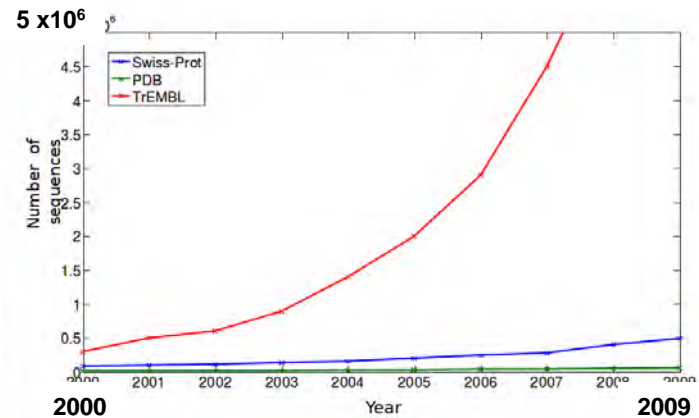


2000, Pyrosequencing



2007, Solexa

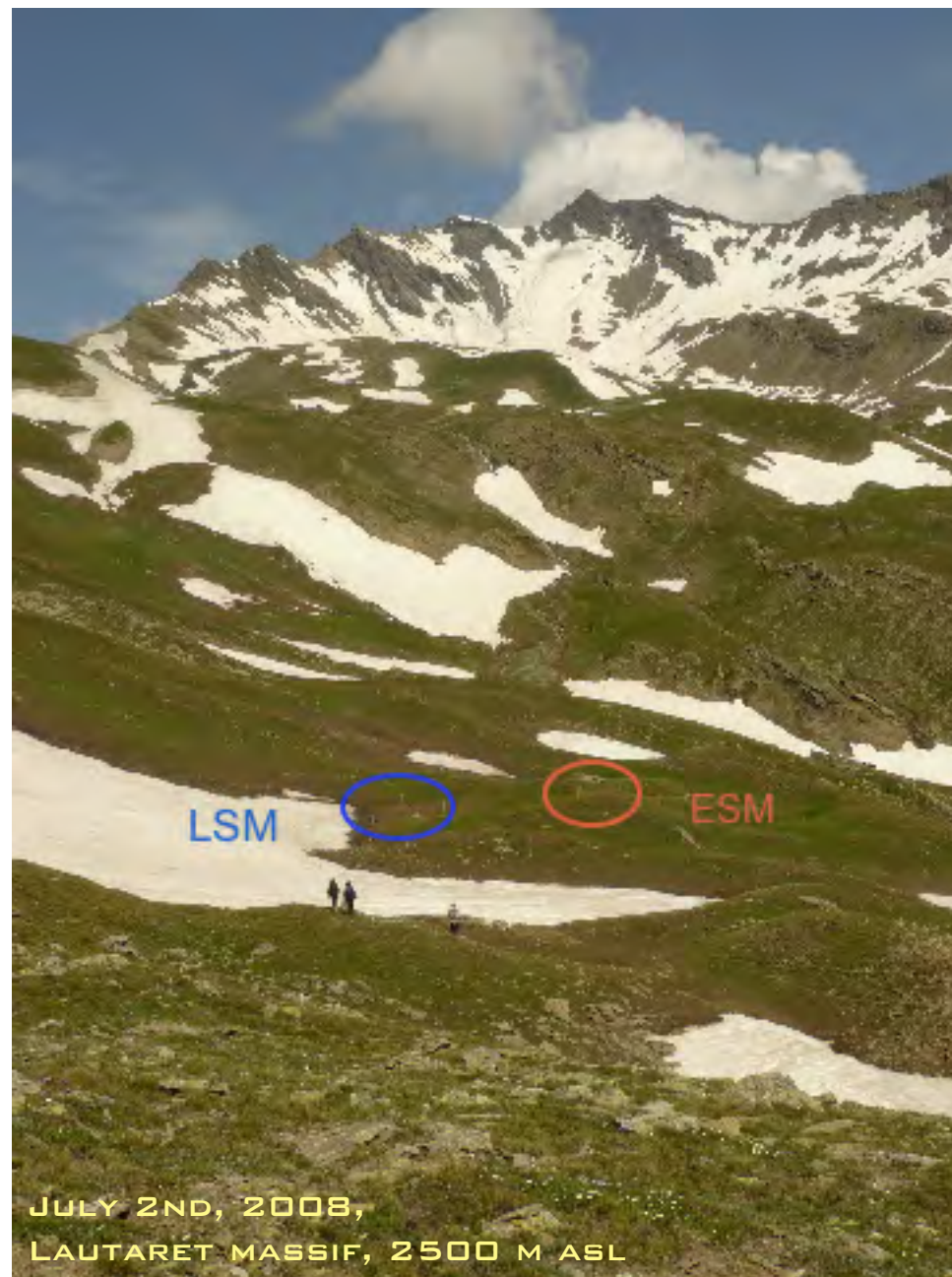
Séquences de protéines dans les bases de données



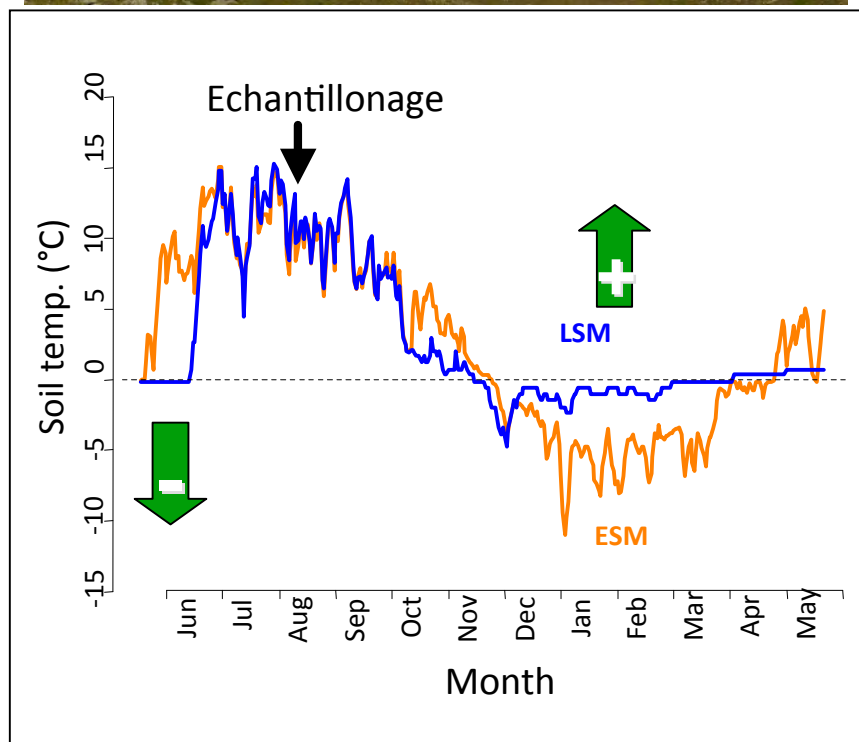
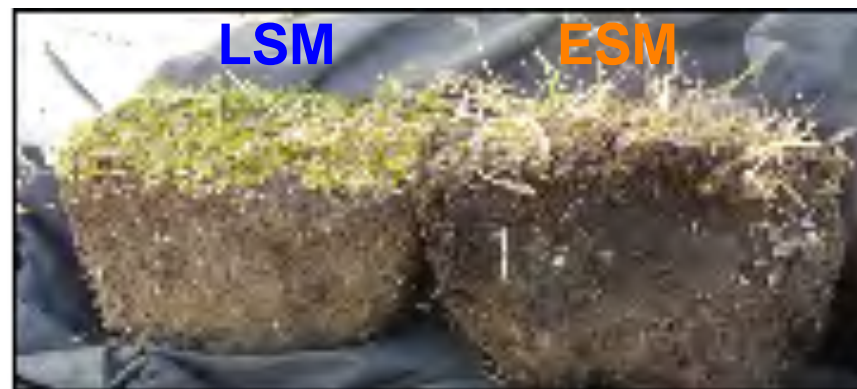
Nouvelles stratégies de séquençage d'ADN (NGS)

Nouvelles questions à poser à l'ARNm

- Quelles sont les biota actifs dans le sol ?
- Quelles sont les fonctions biochimiques exprimées ?
- Discerne t'on des différences d'expression ?



Quand l'enneigement fait la différence combe à neige (LSM) et crête (ESM)



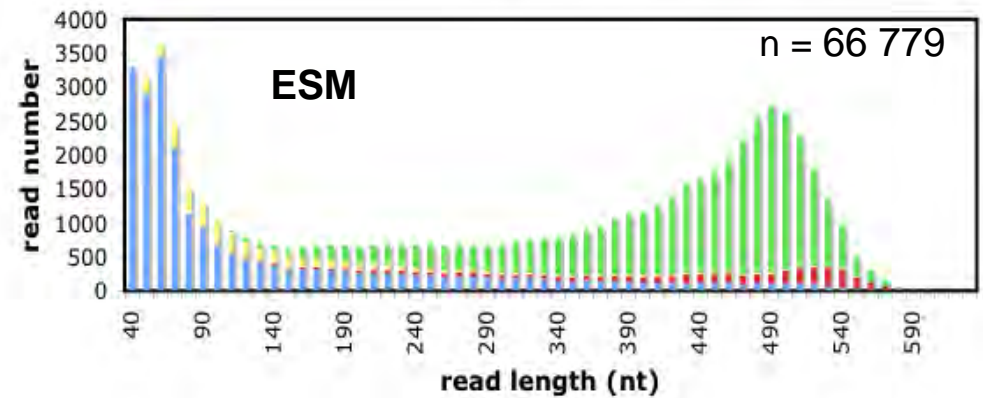
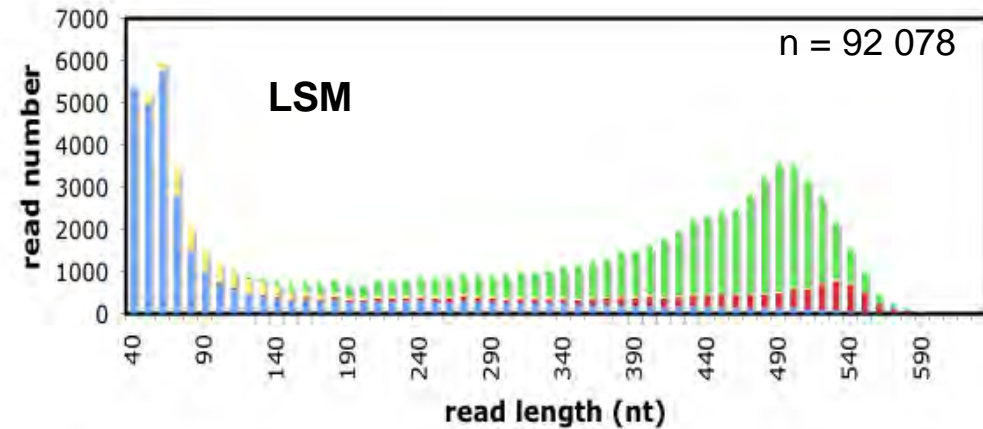
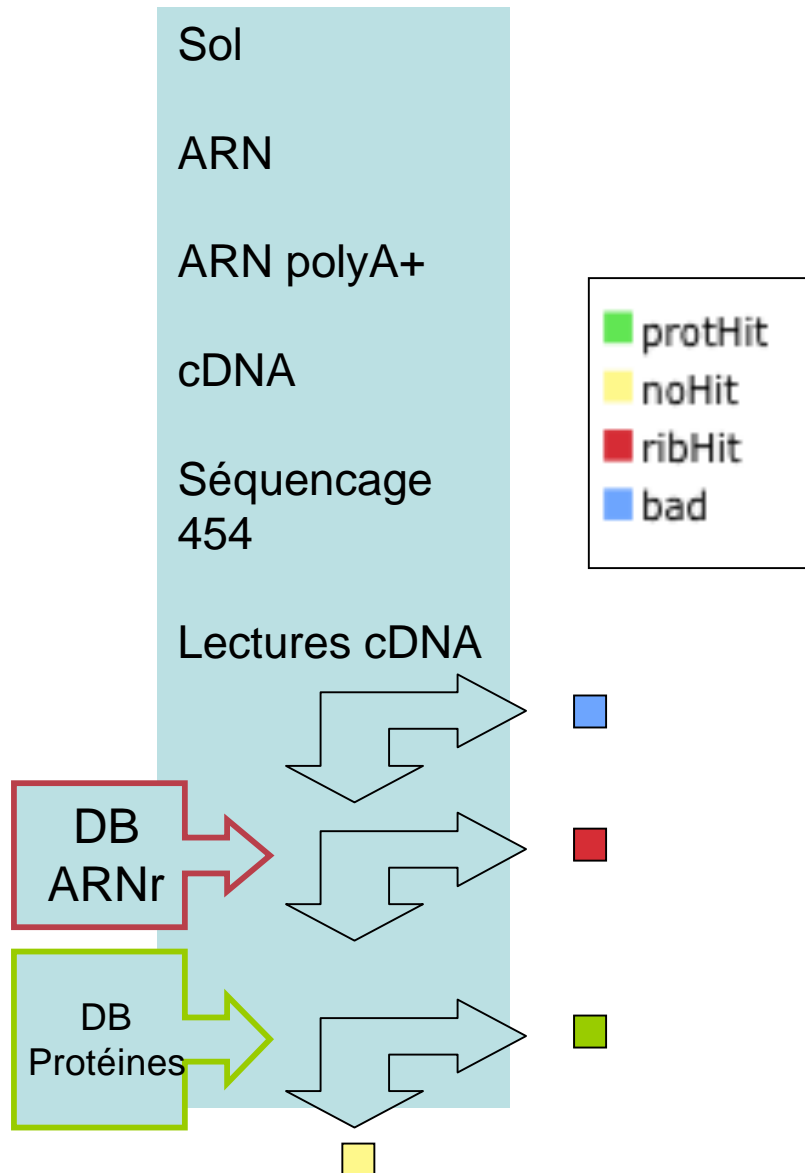
Régimes thermiques contrastés

- Accumulation de MO +
≈ 11% SOM ≈ 22% SOM
- + Croissance végétale -
- + Décomposition des litières -

Baptist et al, 2010.

Métatranscriptomes :

lectures d'ARN ribosomiques et de mRNA putatifs



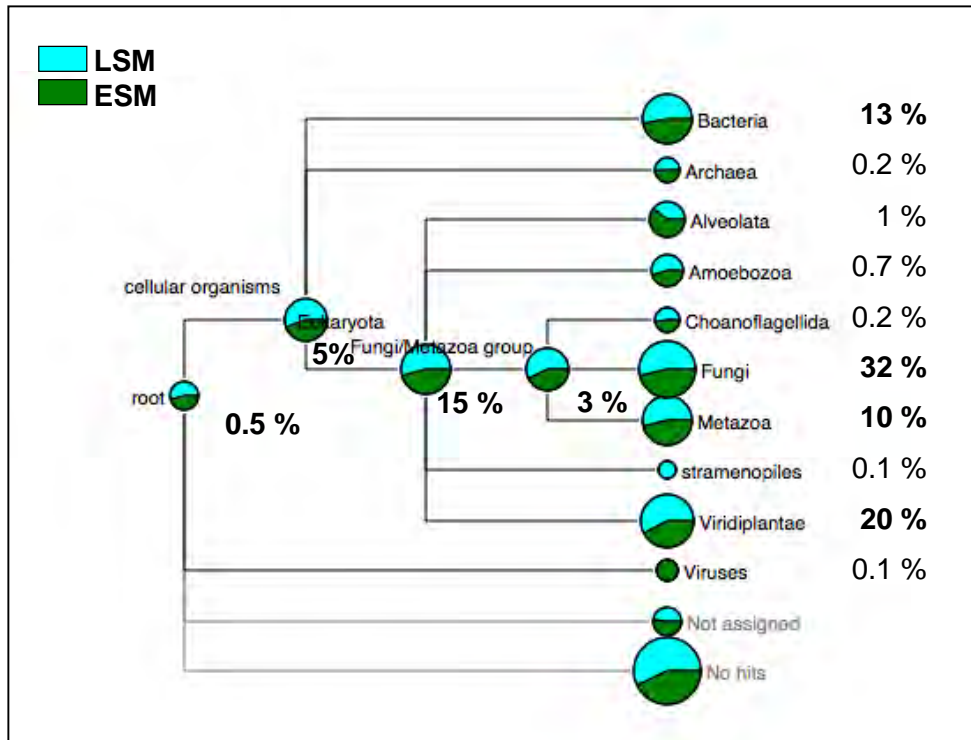
Distribution des longueurs des cDNAs lus

➤ Une majorité de cDNA codants

Structure Taxonomique

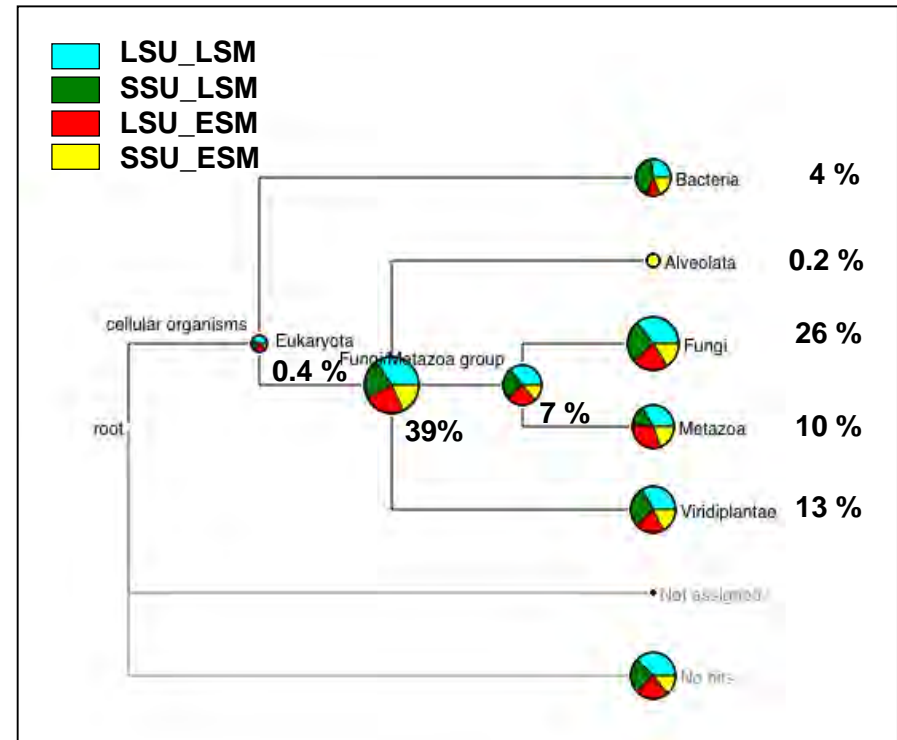
Toutes les protéines

n = 32789



Protéines ribosomiques

n = 2156



- ARN polyA+ > zoom sur les organismes eukaryotes
- 1 - champignons
- 2 - plantes
- 3- animaux
- (faible resolution)

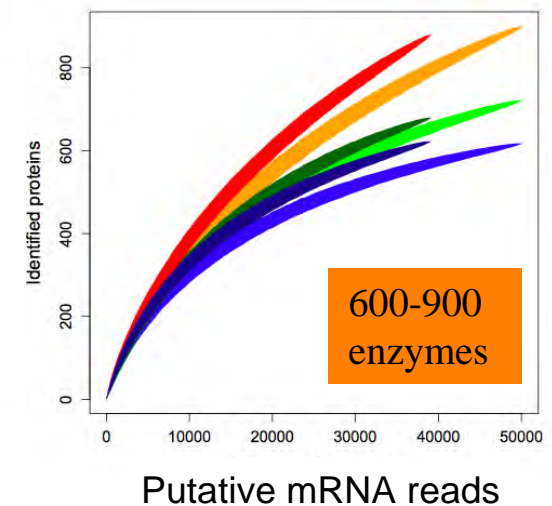
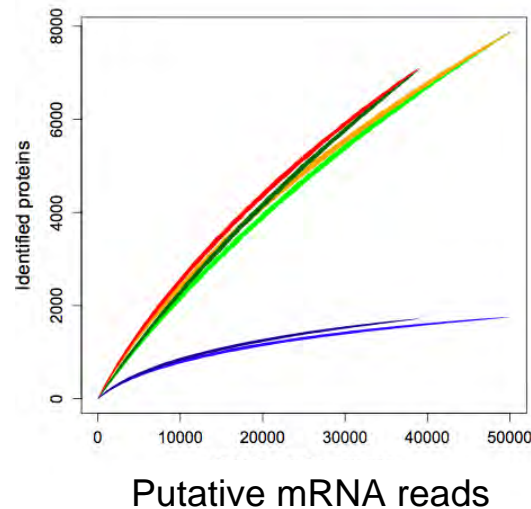
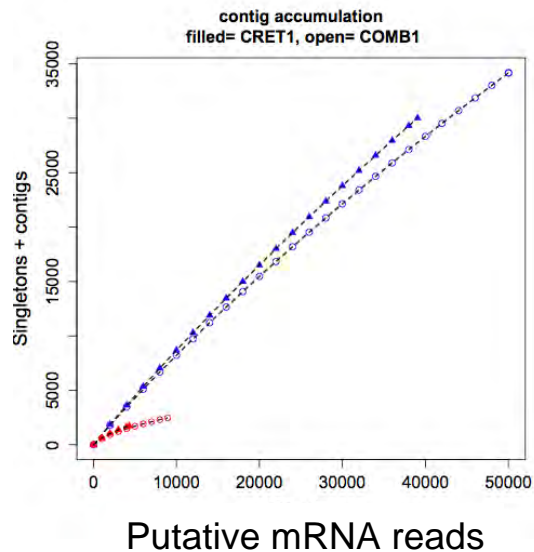
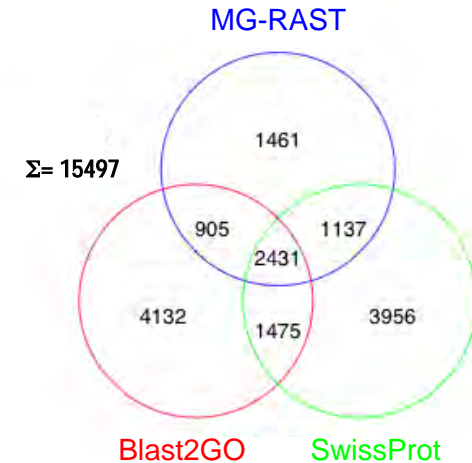
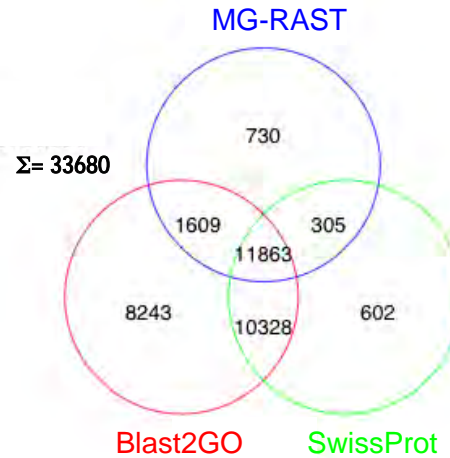
Auto-assemblage et annotations externes

Assemblage en contigs

Annotation par trois bases de données protéiques

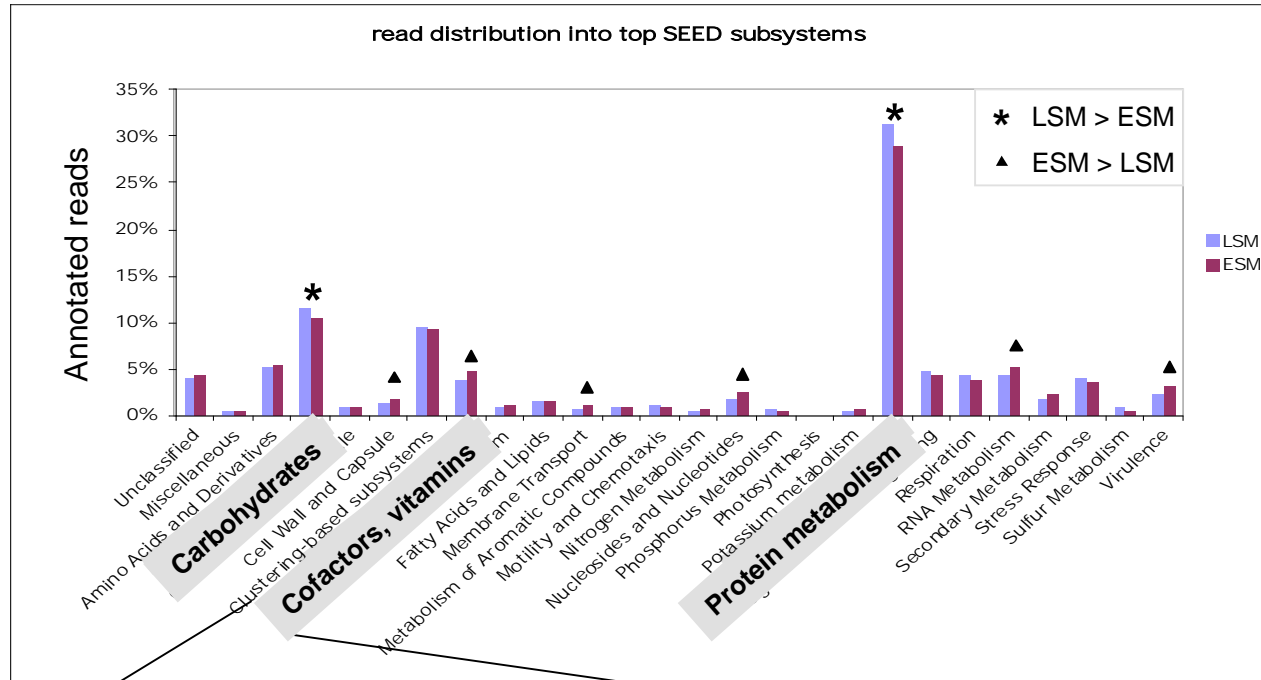
Protéines

Enzymes



Comparaison des profils d'expression de deux sols :

Exploration d'une classification hiérarchique des fonctions des gènes

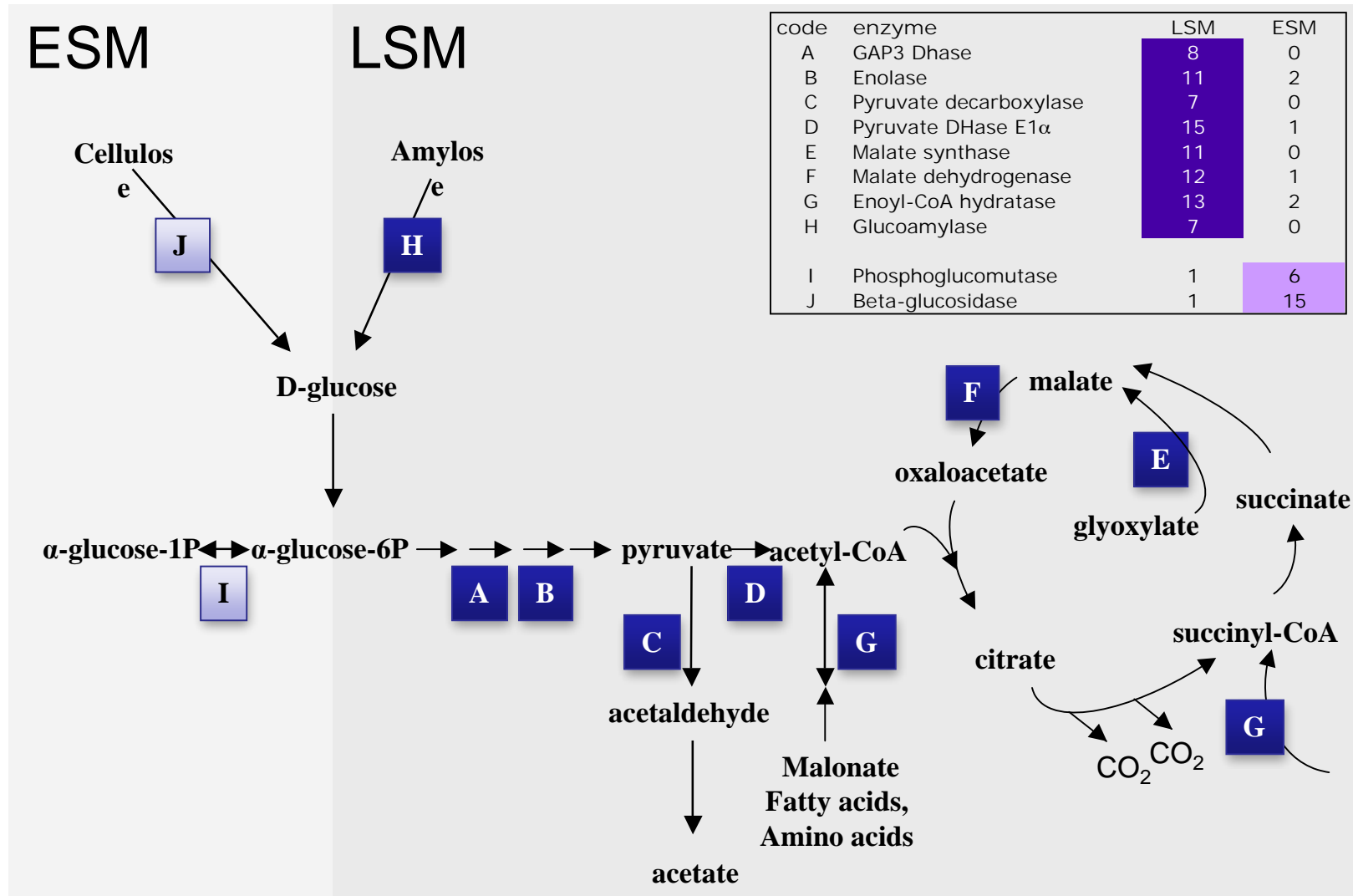


subsystem 1	subsystem 2	subsystem 3	LSM reads	ESM reads	% LSM	% ESM	p-value
Cofactors, Vitamins			307	302	3.8%	4.7%	0.02
	Lipoic acid	Lipoic_acid_metabolism	5	15			0.01
	Thiamine	Thiamin_biosynthesis	9	20			0.007
	Tetrapyrroles	Coenzyme_B12_biosynthesis	1	8			0.01
SEED_annotations			8029	6474	100%	100%	
Putative mRNA reads			50035	39064			



La biosynthèse des vitamines est plus active dans le sol ESM

Metabolisme du sucre : des voies métaboliques divergentes entre les deux sols

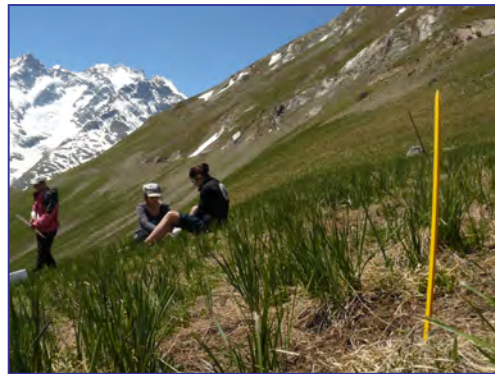


Résumé et conclusions

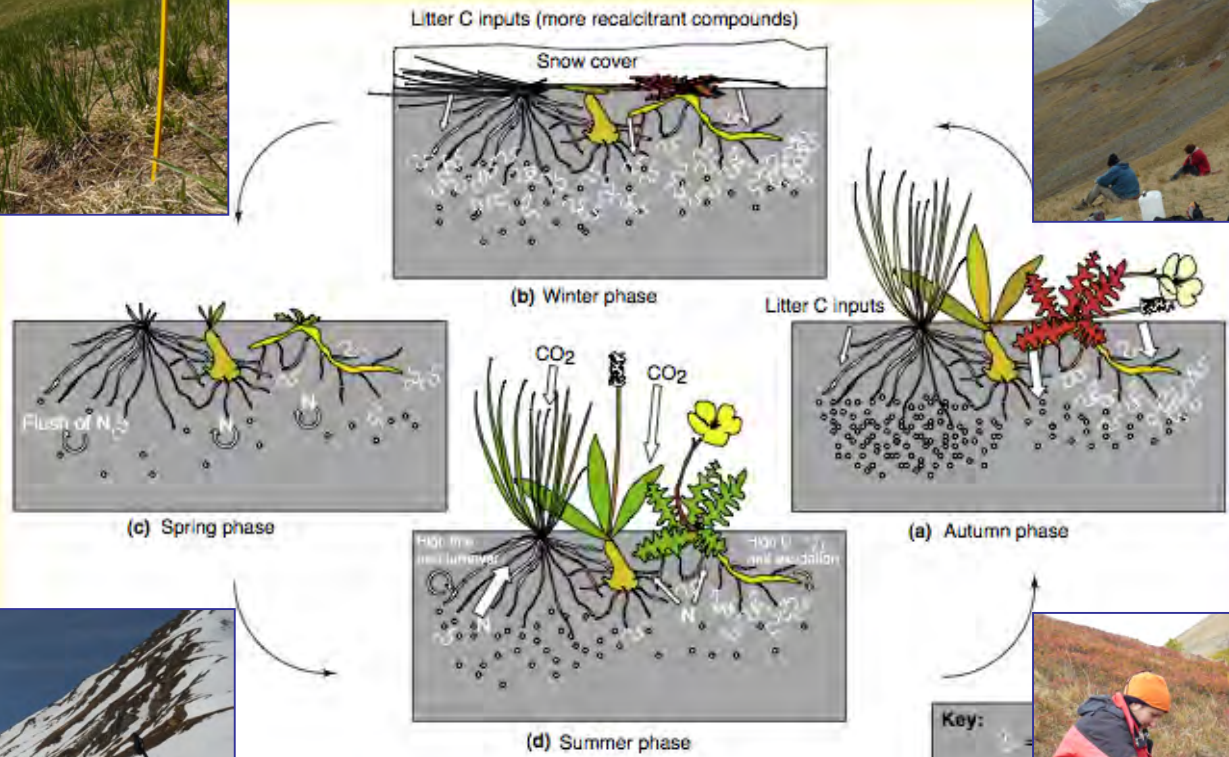
- L'ARN permet une analyse des fonctions biochimiques du sol
- Ebauches de structure taxonomique par les ARN codants
- Trois systèmes d'annotations des ARNm: recoupements utiles
- Un échantillon (ESM) plus économe qu'un autre (LSM) pour le métabolisme énergétique: cf rythme de croissance des plantes
- Nécessité de réplicats de sites pour valider



Eumetasol



Seasonal dynamics of alpine plant and microbial resource interactions



Bardgett et al, 2005



Unraveling the molecular basis of soil functional ecology



An aerial photograph of a mountainous landscape. The terrain is a mix of green and brownish-yellow grass, with scattered rocks and small, rounded trees with vibrant red and orange autumn foliage. A paved road with white markings is visible in the lower-left corner. The text "Merci de votre attention" is centered in the middle of the image.

**Merci de votre
attention**

Metabolisme du sucre :

des voies métaboliques divergentes entre les deux sols

