Métagénomique : la face cachée de l’iceberg microbien

Notre connaissance actuelle de la diversité des micro-organismes est très limitée et peut être comparée à la face visible d’un iceberg soit… 10% de la réalité !

Depuis quelques années, le développement des outils de séquençage et l’approche de métagénomique permet d’accéder à la partie immergée de l’iceberg et de faire évoluer nos connaissances en écologie microbienne.

La métagénomique, ou génomique environnementale, **est une science qui a pour but d'étudier des microbiomes,** c’est-à-dire l'ensemble des génomes de tous les micro organismes (bactéries, levures, moisissures) prélevés dans un environnement, grâce aux nouvelles méthodes de séquençage de l’ADN à haut, voire très haut débit.

L’un des avantages de l’étude par métagénomique est qu’elle permet de s’affranchir de l’étape préalable de culture sur milieu de laboratoire, et donc d’**avoir accès à des micro organismes non cultivables**.

Deux approches : métagénomique et métabarcoding

La **métagénomique** désigne l’**exploration de la diversité microbienne globale d’un environnement, sans a priori, par séquençage de l’ADN de tous les génomes présents dans cet environnement**.

Si l’**objectif est d’étudier la richesse taxonomique d’un environnement ou de réaliser une analyse différentielle de la structure des communautés microbiennes entre deux échantillons**, une approche de type séquençage d’un fragment particulier d’ADN peut être réalisée en ciblant des séquences spécifiques. On parle alors de **métabarcoding**. En général, les séquences cibles sont les petites sous-unités de l’ADN ribosomique 16S pour les procaryotes ou 18S pour les eucaryotes.

Importance de l’échantillonnage

L’échantillonnage et la préparation des échantillons représentent des **étapes susceptibles d’induire des biais significatifs**, qui fausseront les analyses de métagénomique ou métabarcoding. Il est donc **primordial d’y accorder une attention toute particulière**.

Exemples d’applications

Dans le domaine végétal, ces approches se sont développées ces dernières années et sont actuellement utilisées pour **étudier le microbiome du sol ou ceux de la rhizo ou phyllosphère** (parties racinaires ou aériennes des plantes). Par exemple, l’équipe d’Ottensen *et al.* (2013) a cartographié par métabarcoding la diversité bactérienne et fongique des différentes parties anatomiques de la tomate (fleur, fruit, tige, racine et feuille).

Ces approches ouvrent des perspectives extraordinaires pour l’étude et la compréhension de la diversité microbienne et du fonctionnement des écosystèmes tels que le sol ou les plantes. Dans le domaine agricole, ces études peuvent aider à comprendre l’appauvrissement d’un sol, suivre l’effet de traitements phytosanitaires ou encore l’impact de changements climatiques sur les communautés microbiennes. **Le seul frein actuel à la métagénomique reste la gestion du déluge de données générées et leur traitement par analyse bio-informatique.**

Pour aller plus loin :

Champomier-Vergès M.C. et Zagorec M. (2015) La métagénomique : Développement et futures applications. Editions Quae : 116p

Ottesen A. R., González Peña A., White J. R., Pettengill J. B., Li C., Allard, S., et al. (2013). Baseline survey of the anatomical microbial ecology of an important food plant: Solanum lycopersicum (tomato). BMC Microbiol. 13:114.

Crédits photos :

iceberg underwater - © adimas

Figure 1 : Etude de la diversité bactérienne des différentes parties d’un plant de tomate par métabarcoding Source : Ottesen et al. (2013) Distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (http

://creativecommons.org/licenses/by/2.0),which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium,provided the original work is properly cited.