



HAL
open science

Les plateformes analytiques d'AnaEE-France : des outils au service de la connaissance de la biodiversité

Christian Mougin, Nathalie Cheviron, Samuel Mondy, Pierre Taberlet,
Philippe Vandenkoornhuyse

► To cite this version:

Christian Mougin, Nathalie Cheviron, Samuel Mondy, Pierre Taberlet, Philippe Vandenkoornhuyse. Les plateformes analytiques d'AnaEE-France : des outils au service de la connaissance de la biodiversité. Séminaire Ecoscope : Données et évaluation de la biodiversité. Quels enjeux, quels défis?, Dec 2017, Paris, France. 2017. hal-01662242

HAL Id: hal-01662242

<https://hal.science/hal-01662242>

Submitted on 4 Apr 2023

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Les plateformes analytiques d'AnaEE-France : des outils au service de la connaissance de la biodiversité



Christian MOUGIN¹, Nathalie CHEVIRON¹, Samuel MONDY², Pierre TABERLET³, Philippe VANDENKOORNHUYSE⁴.



¹UMR ECOSYS, INRA, AgroParisTech, Université Paris-Saclay, Plateforme Biochem-Env, 78026, Versailles, France

²UMR Agroécologie, INRA, Université de Bourgogne, CNRS, Plateforme GenoSol, 21065, DIJON

³UMR LECA, CNRS, Université de Grenoble Alpes, Université Savoie Mont-Blanc, Plateforme eDNA, 38058, GRENOBLE

⁴UMR ECOBIO, Université de Rennes, Plateforme GEH, 35042, RENNES

christian.mougin@inra.fr ; samuel.mondy@inra.fr ; pierre.taberlet@univ-grenoble-alpes.fr ; philippe.vandenkoornhuysse@univ-rennes1.fr

Introduction

AnaEE-France (Analyses et Expérimentations sur les Ecosystèmes – France, (<https://www.anaee-france.fr/>) est une infrastructure nationale de recherche dédiée à l'étude des écosystèmes continentaux et de leur biodiversité. Elle met à la disposition de la communauté scientifique internationale des plateformes expérimentales (en milieu contrôlé, semi-naturel ou naturel), des plateformes d'analyses et d'instrumentation partagée. AnaEE France permet aussi un accès aux données et à des plateformes de modélisation.

Dans cette infrastructure, les plateformes d'analyse biochimique et génomique, telles que Biochem-Env (<https://www.biochemenv.fr/>), GenoSol (https://www2.dijon.inra.fr/plateforme_genosol/), eDNA (<http://www-leca.ujf-grenoble.fr/moyens-techniques/les-plateaux-techniques/article/edna>) et Génomique Environnementale et Humaine (<https://geh.univ-rennes1.fr/>), sont des outils complémentaires de collecte de données pour la connaissance de la biodiversité.

Ces plateformes fournissent leurs données sur la biodiversité en mobilisant des compétences et des équipements de haut niveau.

La biochimie environnementale

La plateforme de biochimie environnementale développe et offre des méthodes de mesure et d'interprétation des indicateurs biochimiques pour connaître l'état des écosystèmes, mettre en place, suivre et assurer les actions pour leur protection et leur gestion. Actuellement, dans l'environnement (sols et sédiments), les données concernent les activités enzymatiques impliquées dans les cycles biogéochimiques et le métabolisme des macromolécules, et/ou traduisant l'activité métabolique globale de ces écosystèmes. La plateforme réalise également la mesure de bioindicateurs dans les organismes

Chaîne robotisée de mesure (Hamilton)

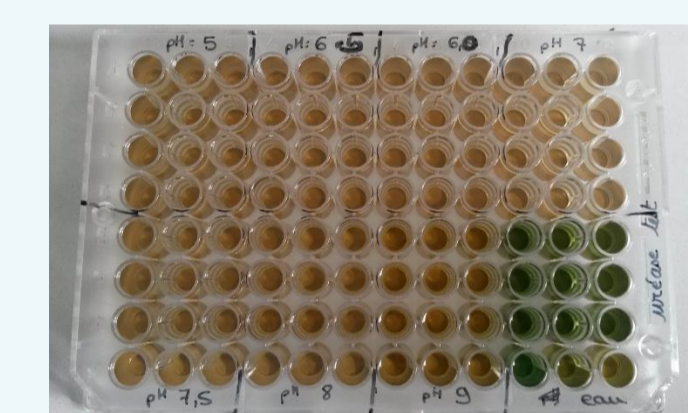
Équipement haut débit, unique en France

Exemples de projets réalisés:

Agrosystèmes et biodiversité fonctionnelle des sols (SOFIA)

Dynamiques de la biodiversité et des services écosystémiques pendant le développement péri-urbain. (Dynamiques)

Analyse de la biodiversité microbienne des sols (RMQS)



La génomique environnementale

Les plateformes de génomique environnementale permettent de quantifier à haut-débit des gènes ou l'expression de gènes, et d'aborder des questionnements d'épigénétique. Ces approches permettent d'étudier par exemple l'évolution de la composition, de la diversité génétique et fonctionnelle de communautés microbiennes sous contraintes : adaptation, altération de groupes microbiens. Elles permettent également la déconstruction de réseaux (métabarcoding), l'étude des liens entre niveau de diversité horizontale et verticale des réseaux trophiques des sols et le fonctionnement de ces derniers. Elles permettent aussi la collecte/identification de taxons rares (étude de l'ADN environnemental) à différentes échelles spatiales et contribuent à lever les verrous permettant d'accéder à la diversité connue et cryptique. AnaEE-France dispose également de capacités de conservation de ressources génomiques de sols.

Smartchip Real Time PCR (Wafergen/Takara)

Équipement très haut débit, unique en France



5184 réactions - 100nl par puits

14 configurations pour s'adapter à chaque projet

Applications : gene expression, genotyping, Target Enrichment

Séquenceurs Illumina

MiSeq et HiSeq 1500



PCR quantitative à Très haut débit

Analyse de l'expression des gènes, quantification,

Exemples de projets réalisés:

Détection de gènes de résistance aux antibiotiques dans l'environnement

Analyse fonctionnelle de gènes spécifiques du cycle de l'Azote

Analyse et quantification de gènes spécifiques de microbiotes

Etude de l'expression de gènes cibles impliqués dans stress thermique

« Target Enrichment »

Préparation très haut débit de banques amplicons : étude de la biodiversité microbienne par séquençage NGS d'amplicons 16S et 18S jusqu'à **384 échantillons sur 1 puce**

Séquençage sur MiSeq (2*250pb)

Stockage de données brutes sur des serveurs internes, analyse primaire en interne et utilisation de pipeline (FROGS, Toulouse) sur Galaxy

Exemples de projets réalisés:

Analyse de la diversité des champignons associés aux racines du riz

Analyse de la diversité des champignons, bactéries et Archées associés aux plantes clonales (Glechoma hederacea)

Analyse de la diversité des champignons et bactéries associés aux racines du blé

Analyse de la diversité bactériennes (métagénomique) d'aquifères de socle

Analyse de la biodiversité microbienne des sols (RMQS)

La gestion des données

Au sein d'AnaEE-France, les plateformes analytiques contribueront à la gestion et à la modélisation des données de biodiversité, en lien avec les services concernés de l'infrastructure.

Remerciements : AnaEE-France a été soutenu par le Programme Investissements d'Avenir INBS 2011 de l'Agence Nationale de la Recherche (ANR-11-INBS-0001).