



# Étude fonctionnelle du microbiote racinaire par des approches de méta-transcriptomique

*Susete ALVES CARVALHO – Team PlantMicBio – RA-BRA/IGEPP*

# Ce qui se fait ...

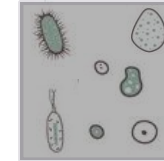


## Plante hôte :

- Génome de référence disponible
- Étude des gènes exprimés pour différentes conditions

*génomique*

*transcriptomique*



Microbiote racinaire  
et/ou rhizosphérique

## Microbiote :

- Analyse de la diversité génomiques
- Analyses différentielles sur cette diversité (présence/absence ou abondances d'OTU ou ASV)

*méta-génomique*

*Delia radicum*



## Bioagresseurs :

- Génome de référence disponible
- Étude des gènes exprimés pour différentes conditions

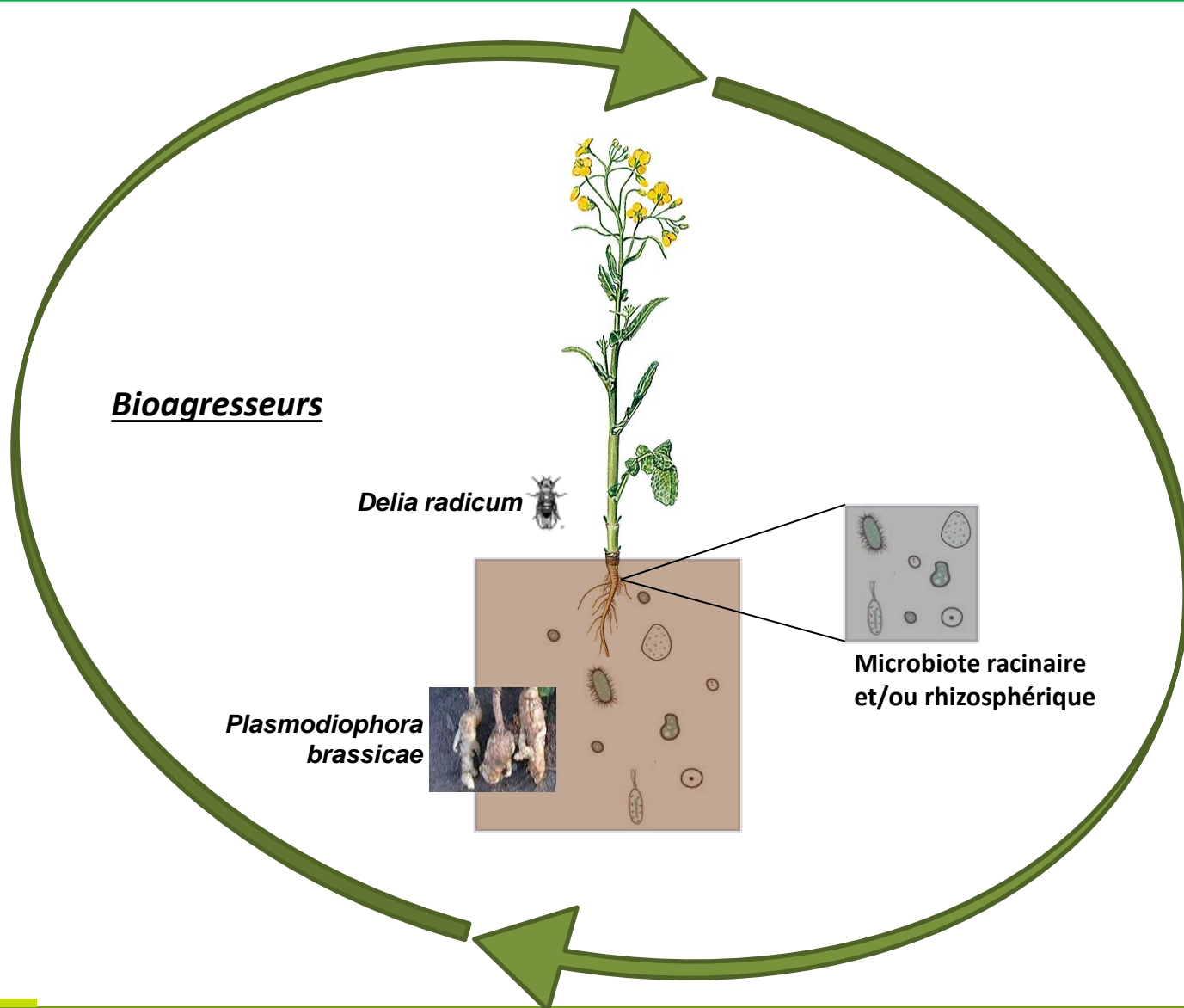
*génomique*

*transcriptomique*

*Plasmodiophora  
brassicae*



# Interactions Plante/Bioagresseur(s)/Microbiote



# Interactions Plante/Bioagresseur(s)/Microbiote

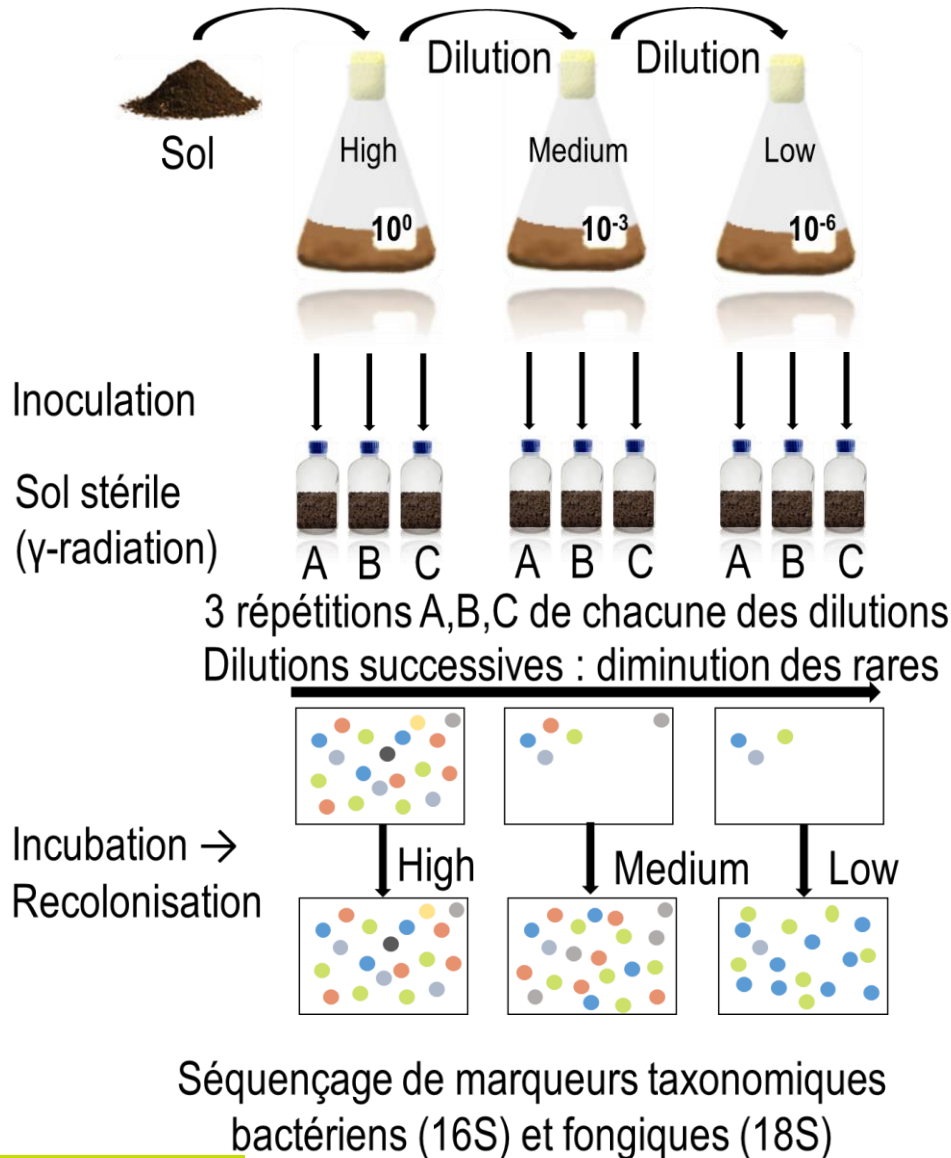
## **Mécanismes de sélection du microbiote par les plantes.**

Description des communautés microbiennes en fonction des sols d'origine et pratiques culturales associées, du génotype de plante → Structure et assemblage des communautés de plus en plus décrits chez plantes saines et infectées.

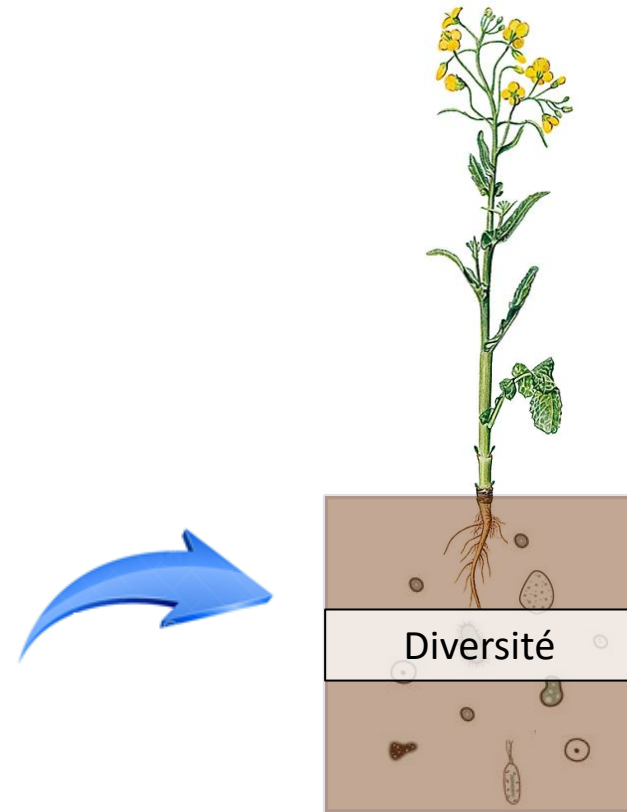
**Effet des communautés microbiennes sur la santé des plantes:** de la description à la fonction? Conséquences fonctionnelles pour l'adaptation de la plante à différents stress.

- Comment l'environnement microbien du sol peut moduler :
  - ✓ des fonctions de l'agent pathogène?
  - ✓ des fonctions de réponse de la plante à l'infection?

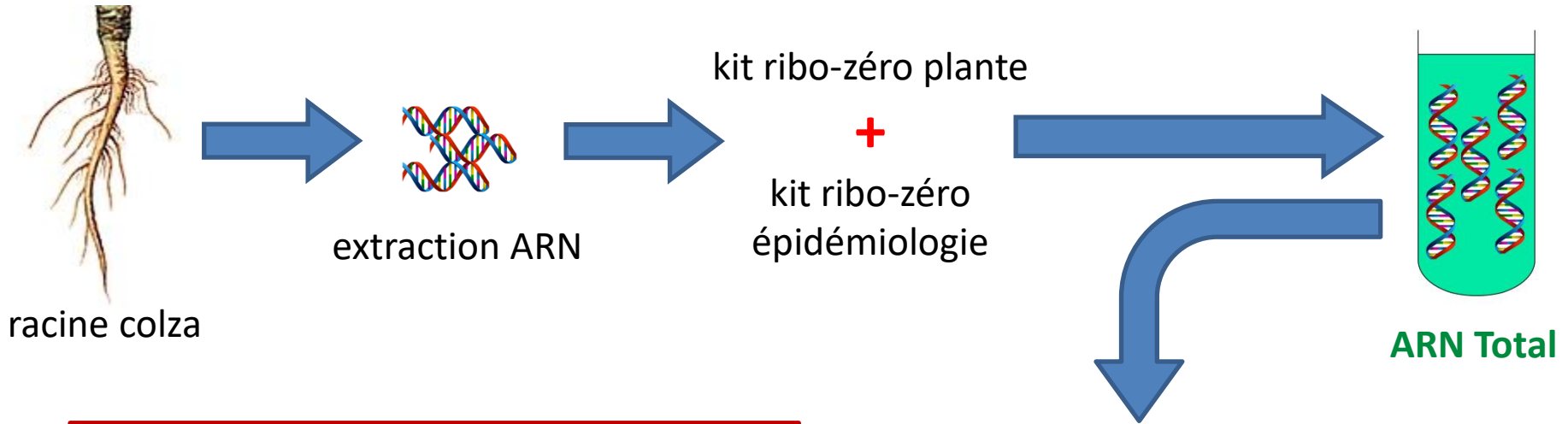
# Préparation et caractérisation des sols



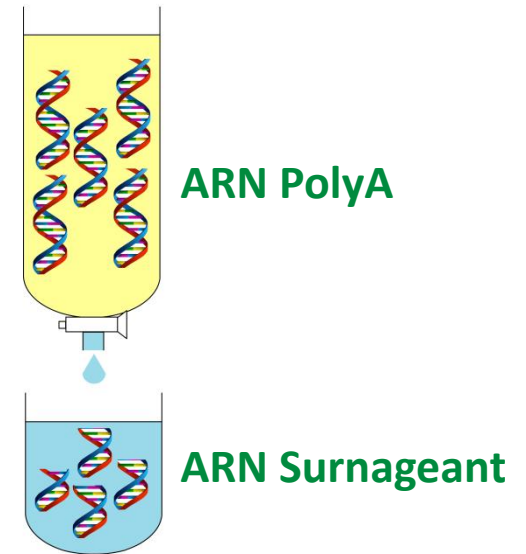
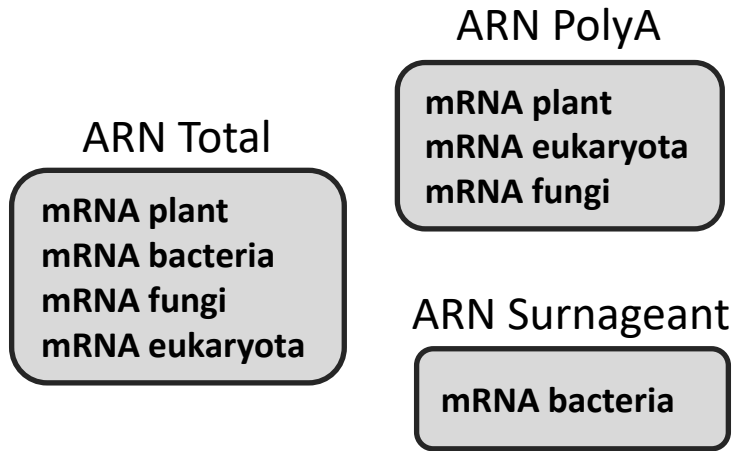
**Écosystème** : racines de colza s'étant développées pendant 5 semaines (stade végétatif 7 - 8 feuilles) sur 3 diversités de sol.



# Les 1ers essais : Préparation ARN

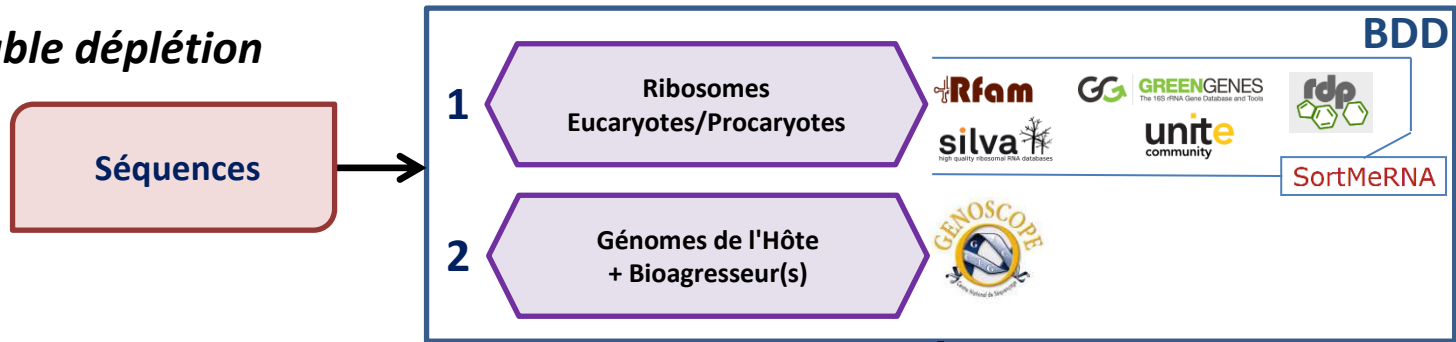


## Composition attendue des fractions :

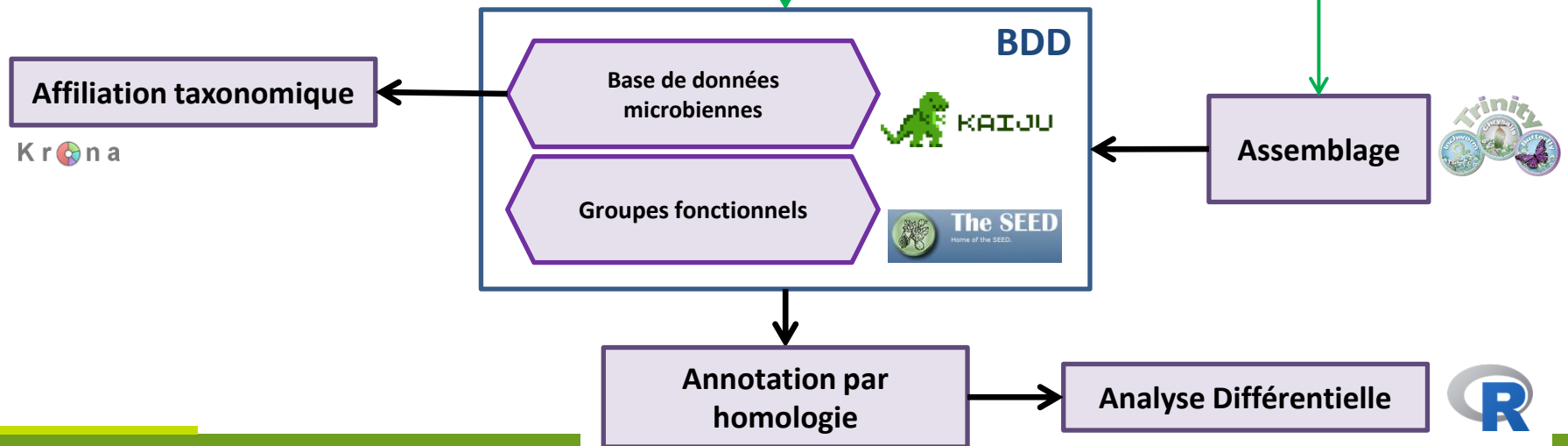


# Pipeline d'analyse des données

## 1<sup>ère</sup> étape : Double déplétion



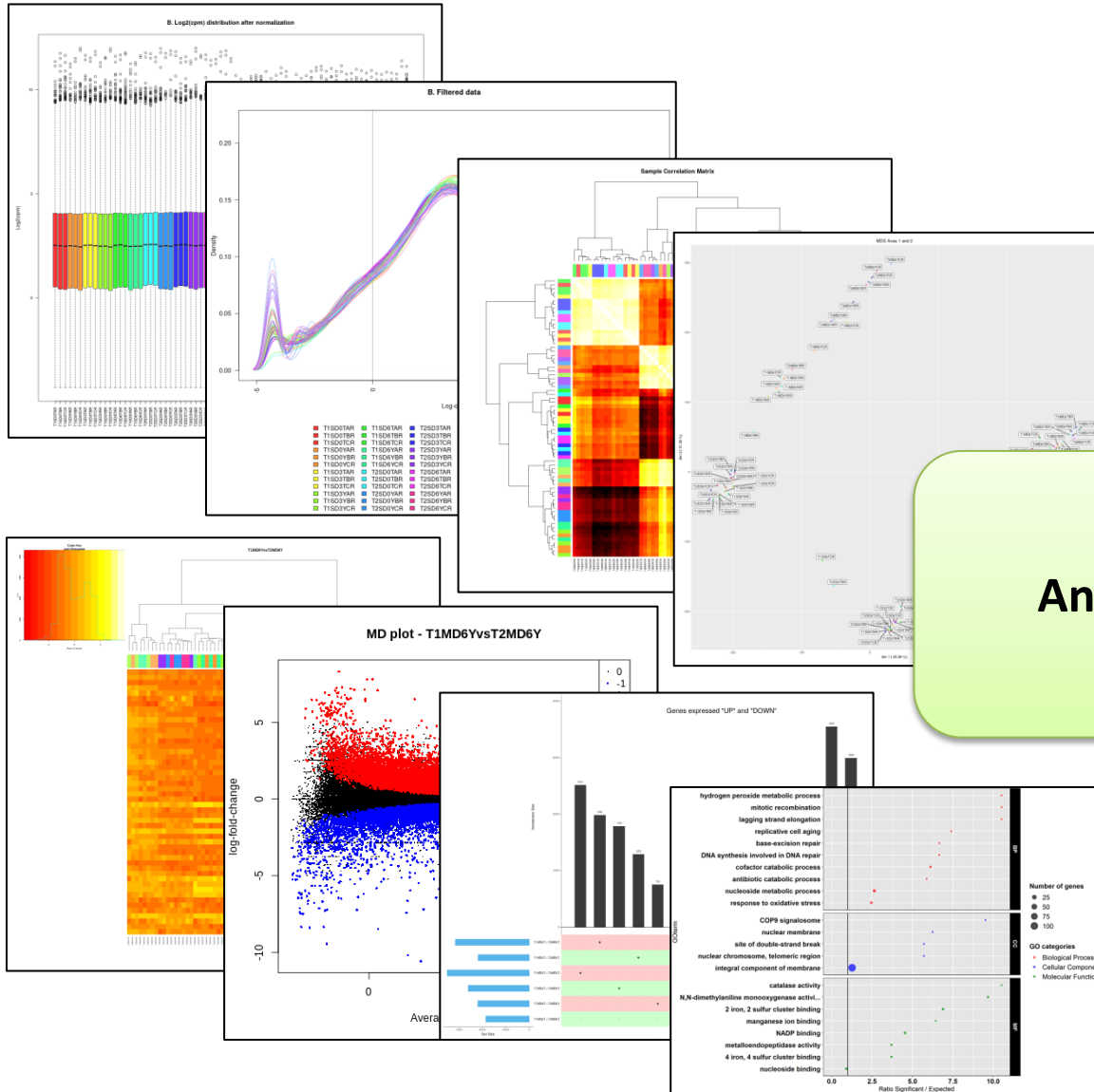
## 2<sup>ème</sup> étape : Annotations



# Analyse différentielle



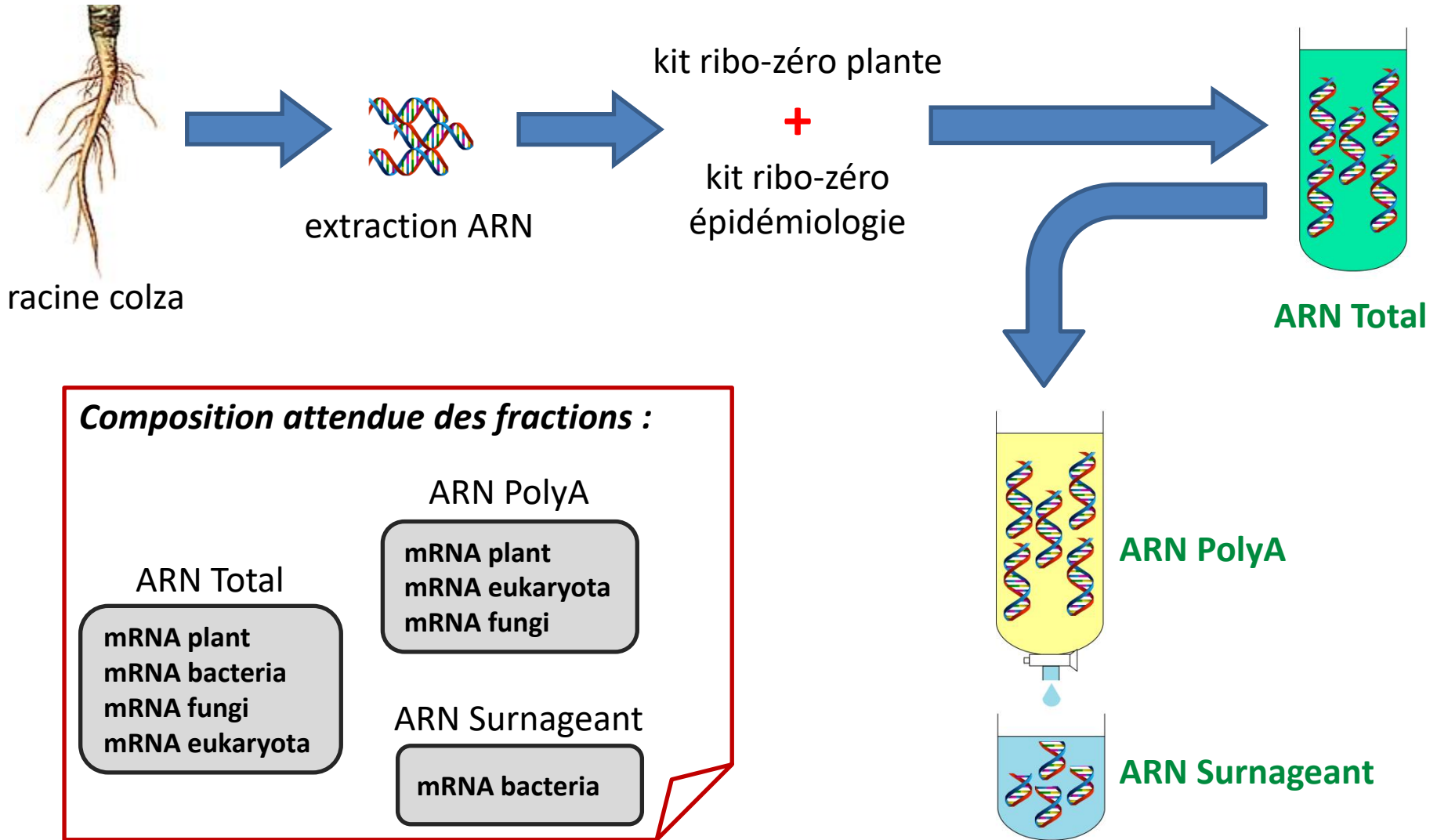
Analyse Différentielle



Analyses réaliser via askoR

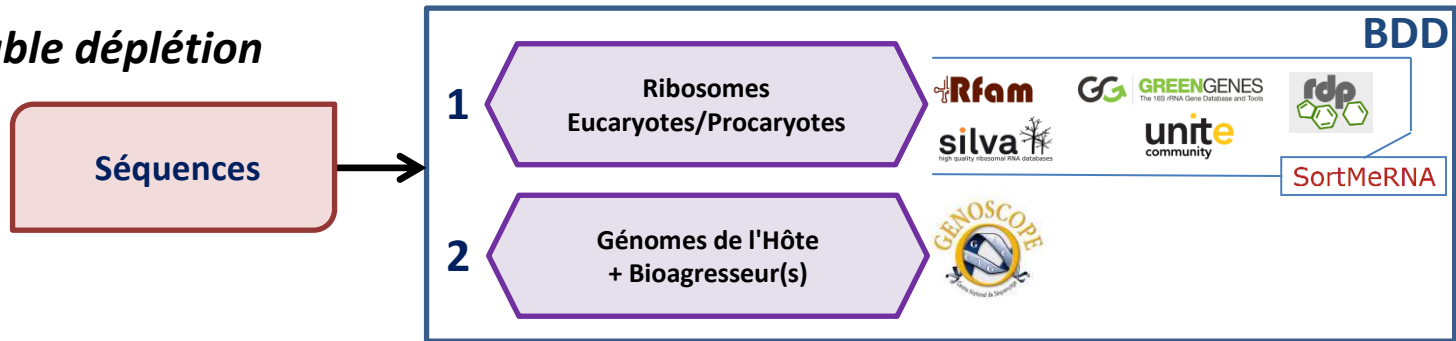


# Les 1ers essais : Préparation ARN



# Résultats des premières analyses

## 1<sup>ère</sup> étape : Double déplétion



### Proportion de séquences identifiées comme :

- Ribosomiques 5%
- Hôte 94%
- **Potentiellement microbiote 1%**

Reste environ 1M de reads paires-end.  
Trop faible profondeur pour réaliser un assemblage ...

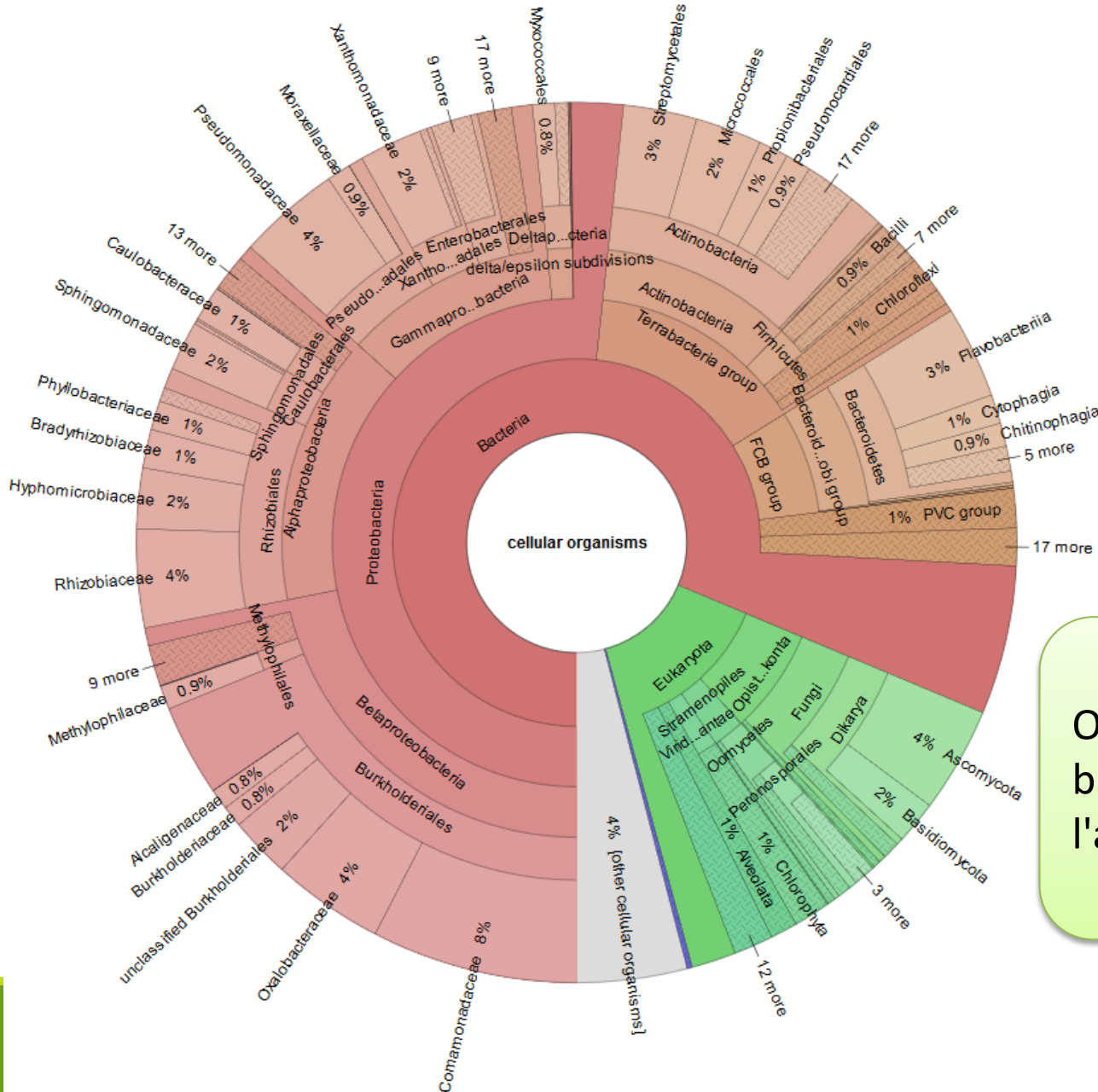
# Résultats des premières analyses



Base de données microbiennes

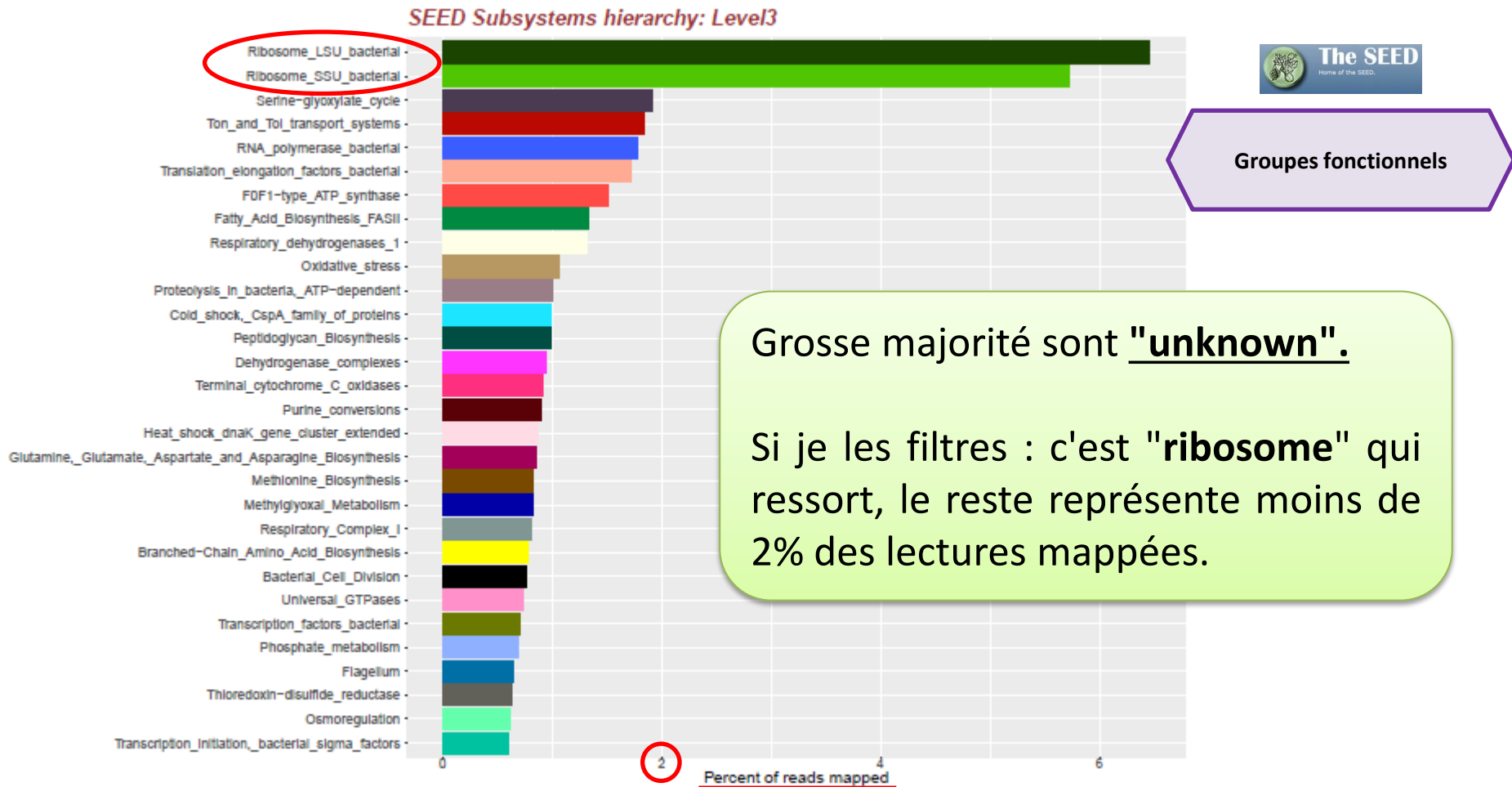


Affiliation taxonomique



On retrouve des ensemble bactériens cohérent avec l'attendu.

# Résultats des premières analyses



# *Conclusions et perspectives*

---

- Étudier d'autres pistes pour l'amplification de la fraction bactérienne.
- Améliorer/compléter les annotations taxonomiques et fonctionnelle.
- Finir de valider le pipeline.

*Team  
GenScale*



*Team PlantMicBio  
(RA BRA IGEPP)*



**Merci !**

*Des bioinfos qui m'ont bien aidé !*

