

An overview of scientific support offered by INRAE TRANSFERT in the field of genomics

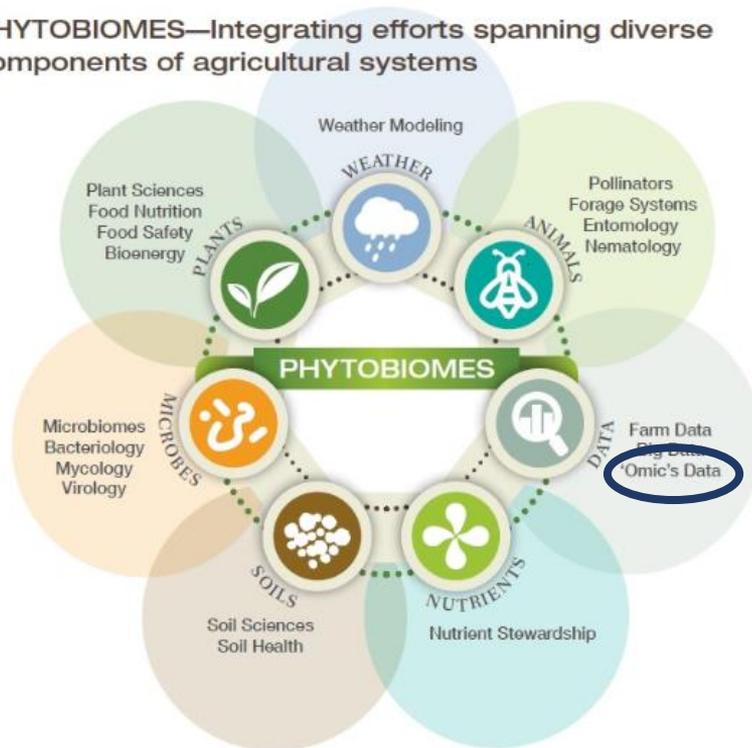
1. For the better characterization of plant-microbe interaction
2. For the development of new environmental-friendly agronomical strategies.

Marina MOLETTA-DENAT, Clémence GENTHON
INRAE TRANSFERT

➤ Vers une meilleure compréhension du phytobiome

Pour de nouveaux outils de gestion des agroécosystèmes

PHYTOBIOMES—Integrating efforts spanning diverse components of agricultural systems



➤ Panorama des différentes stratégies de métagénomique

Outil pour comprendre et gérer les équilibres des populations microbiennes



	Métagénomique ciblée <i>Short read</i>	Métagénomique ciblée <i>Long read</i>	Shallow Shotgun <i>Short read</i>	Standard Shotgun <i>Short read</i>	Deep Shotgun <i>Short read</i>
Indices alpha et betadiversité	X	X	X	X	X
Abondance des OTU dans l'échantillon	X	X	X	X	X
Identification au niveau Genre	X	X	X	X	X
Identification au niveau Espèce		X	X	X	X
Tous les domaines microbiens simultanément			X	X	X
Identification et abondance des fonctions				X	X
Assemblage des MAGs					X
Annotation des MAGS					X
Recherche des gènes d'intérêt (virulence, AMR...)					X

Exploring environmental microbiomes

Waters, Air, Food, Plants, Animals, Insects



Amélioration de la **RESOLUTION TAXONOMIQUE** grâce au séquençage Long Fragment et à l'analyse du 16S pleine longueur (V1V9)

- ✓ Environ **63%** des taxons assignés avec l'approche Full 16
- ✓ Environ **27%** avec la method standard (ex: V4V5)

Using long-read sequencing



DNA extraction

DNA extraction of microbiome samples and quality controls + optimization of protocols + DNA and RNA long term storage



Pac Bio High-Fidelity sequencing

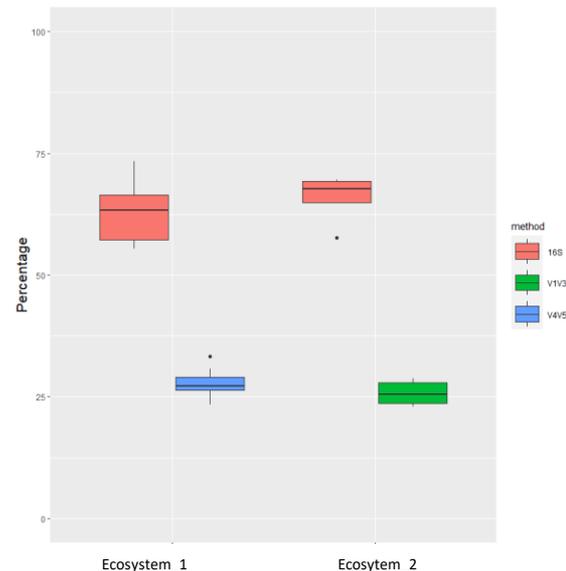
Targeted 16S amplification and full -length fragment sequencing



Bioinfo/Biostat

Identification and abundance of bacteris involved on ecosystemic services or contamination sources

Proportion of classified species depending on sample types





Caractérisation moléculaire des micro-organismes bénéfiques

Prérequis pour l'homologation de nouvelles souches de microorganismes à usage phytosanitaire



EUROPEAN COMMISSION
DIRECTORATE-GENERAL FOR HEALTH AND FOOD SAFETY
Food Safety, Sustainability, and Innovation
Pesticides and Biocides

MICROBIAL WHOLE-GENOME SEQUENCING



Identification du microorganisme

Assemblage du génome



Draft
Haute qualité

Analyse de la structure / fonction des gènes

*Prédiction des régions codantes/non codantes
Annotation fonctionnelle (NR,GO,KEGG...)*

Etude du polymorphisme

*Identification des variations génétiques simples
Identification des variations de structure de grande taille*

Microbiologie et pathogénicité

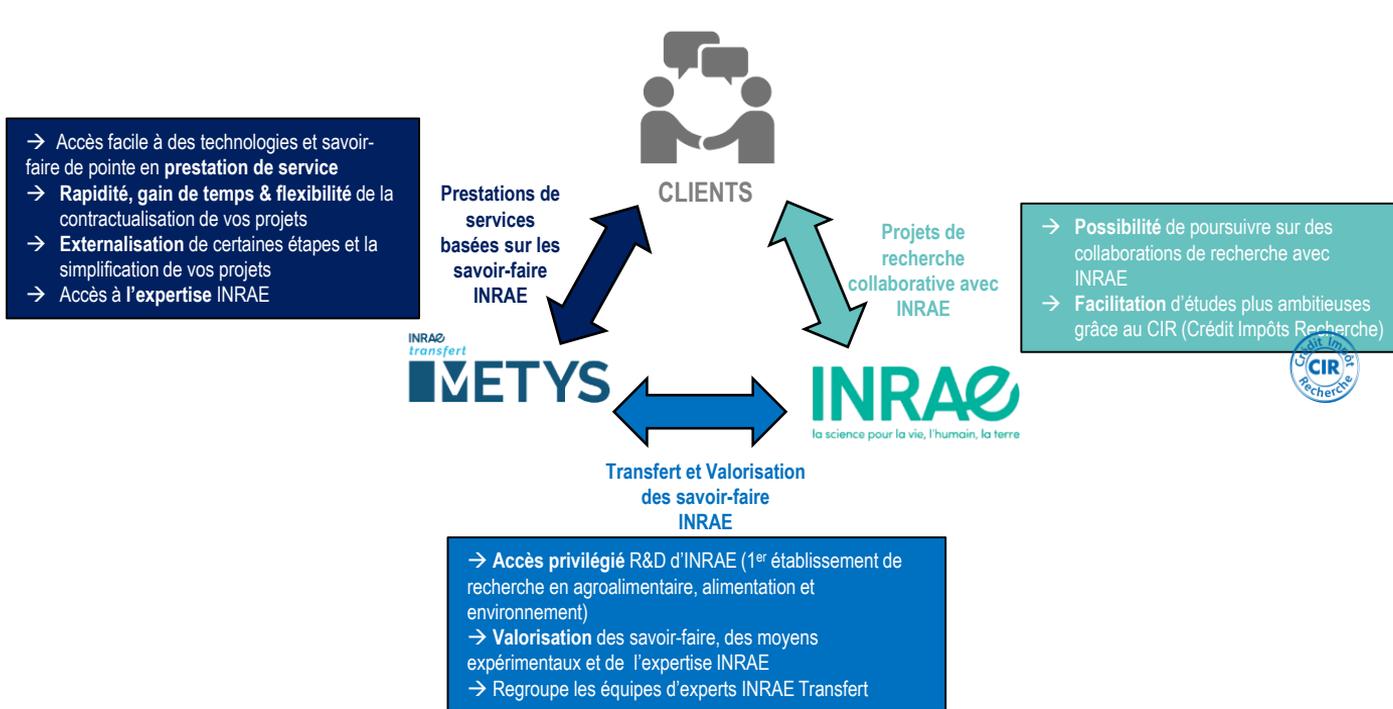
*Recherche des facteurs de virulence
Recherche des gènes d'antibiorésistance*

	Basic WGS	Advanced WGS	Complete WGS
Identification du microorganisme	x	x	x
Assemblage du génome	x		
Assemblage du génome <i>Draft</i>			
Assemblage du génome <i>Haute qualité</i>		x	x
Analyse de la structure / fonction des gènes			
Analyse de la structure / fonction des gènes <i>Prédiction des régions codantes/non codantes</i>	x	x	x
Analyse de la structure / fonction des gènes <i>Annotation fonctionnelle (NR,GO,KEGG...)</i>	x	x	x
Etude du polymorphisme			
Etude du polymorphisme <i>Identification des variations génétiques simples</i>		x	x
Etude du polymorphisme <i>Identification des variations de structure de grande taille</i>			x
Microbiologie et pathogénicité			
Microbiologie et pathogénicité <i>Recherche des facteurs de virulence</i>		x	x
Microbiologie et pathogénicité <i>Recherche des gènes d'antibiorésistance</i>		x	x



METYS : une interface entre la recherche publique et les entreprises

Accédez à des technologies de pointes en génomique





Pour en savoir plus

Poster N°6

Site web : <https://metys-inrae-transfert.fr/>

Venez nous rendre visite !



GenoToul GeT-PlaGe, INRAE Toulouse