

Programme prévisionnel

Action Nationale de Formation MetaBioDiv

Objectif de la Formation

A travers les pressions anthropiques, démographiques, climatiques et leurs impacts sur la dynamique, l'évolution des écosystèmes et cycles biogéochimiques associées, les questions prédominantes dans la communauté scientifique sont, entre autres : Quelle est la structure, la composition et la diversité des communautés régulant les flux des éléments majeurs et traces ("qui est là?"...)?; mais aussi "Quelle est la dynamique (résilience, dispersion, sélection...) des communautés sujettes à des perturbations biotiques, abiotiques dans une dimension spatio-temporelle?". Le champ d'application des méthodes et techniques enseignées, bien que centré sur le domaine marin par les intervenants, concerne tout autant les écosystèmes terrestres et ceux associés à l'homme (e.g santé, microbiome humain).

Pour pouvoir répondre aux questionnements scientifiques ci-dessus, la formation que nous proposons, **ciblant à la fois les procaryotes et eucaryotes**, permettra de :

- Comprendre l'apport du metabarcoding dans les sciences de l'environnement et l'océanologie
- Maîtriser le processus analytique du metabarcoding dans toutes ses dimensions
- Développer sa capacité d'autonomie en bio-analyse
- Développer son sens critique et les bonnes pratiques sur les méthodes d'analyse et leur mise en œuvre
- Accompagner les participants dans l'analyse de leurs propres données

Axes Pédagogiques de la Formation

- Définir le concept de Metabarcoding et son apport dans les sciences de l'environnement
- Utiliser les bases de données en fonction du marqueur (16S rRNA, 18S rRNA)
- Utiliser les outils R associés au domaine : Phyloseq, Microbiome, Vegan, Dada2, ANCOM, SpiecEasi...
- Assimiler la séquence des processus analytique, identifier les erreurs
- Distinguer l' α - et la β -diversité
- Calculer les indices de l' α -diversité et appliquer les tests statistiques appropriés
- Analyser la β -diversité
- Choisir entre les différents indices de (dis)similarité (Bray Curtis, unfrac...)
- Différencier les méthodes d'ordination (PCA, NMDS, PCoA, RDA...)
- Intégrer les paramètres biotiques et abiotiques dans une analyse

- Critiquer, discuter, interpréter les résultats, proposer une synthèse et formuler des conclusions
- Analyser et interpréter en autonomie ses propres données metabarcoding à partir du script complet de la formation

Les Grands Axes du Programme

Axe 1 : Métabarcoding

- Généralités et implication dans les sciences environnementales et en océanologie
- Approche globale, séquençage, stratégies, choix des primers, limites

Axe 2 : Nouvelle approche : Amplicon Sequence Variants DADA2

- Description de l'approche sequencing correction (ASV) versus OTU
- **Preprocessing** des données (TP) avec Dada2
- Visualisation et vérification de la qualité des séquences
- Paramétrage, Filtration, correction des séquences, détection chimères, assemblage, normalisation.

Axe 3 : Étude de l'alpha diversité (Cours théorique et TP)

- Introduction à Phyloseq
- Manipulation des objets Phyloseq (table abondance, taxonomie, phylogénie, séquences)
- Concepts, les différents indices (Observed, Shannon, Simpson, Chao1, Phylogenetic Diversity...)
- Calculs d'indices et comparaisons : Normalité, tests statistiques appropriés (Anova, Kruskal...)
- Représentations graphiques des indices, courbes de raréfactions
- Représentation de type Barplot (différents niveaux taxonomiques)

Axe 4 : Étude de la beta diversité (Cours théorique et TP)

- Concepts, indices de (dis)similarité (Bray Curtis, Unifrac), transformations (hellinger, z-score)
- Matrices de distances et choix des méthodes d'ordination non-contraintes et contraintes (PCA, PCoA, NMDS, db-RDA...)
- Intégration des paramètres environnementaux – régressions multiples
- Représentations graphiques (ordination/Clustering)
- Co-occurrences, corrélogramme (SpeicEasi)
- Abondance Différentielle (ANCOM-BC) : Approche CoDA