

# Le microbiome fongique du Canola, Structure et Variation





## The host–microbe interface within the gut

Fergus Shanahan MD, FRCP

Professor and Chair

*Department of Medicine, University College Cork, National University of Ireland, Cork, Ireland*

---

Colonization with bacteria is critical for the normal structural and functional development and optimal function of the mucosal immune system. Unrestrained mucosal immune activation in response to bacterial signals from the lumen is, however, a risk factor for inflammatory bowel disease. Therefore, mucosal immune responses to indigenous flora require precise control and an immunosensory capacity for distinguishing commensals from pathogens. The use of germ-free animal models with selective colonization strategies combined with modern molecular techniques promises to clarify the molecular signals responsible for host–flora interactions in health and disease. At least half of the resident flora cannot be cultured by conventional techniques but are identifiable by molecular methods. Collectively, the resident flora represent a virtual organ with a metabolic activity in excess of the liver and a microbiome in excess of the human genome. An improved understanding of this hidden organ holds secrets relevant to several infectious, inflammatory and neoplastic disease mechanisms.

**Key words:** bacterial flora; mucosal immunity; commensal bacteria; probiotics; lymphocyte; Crohn's disease; ulcerative colitis.

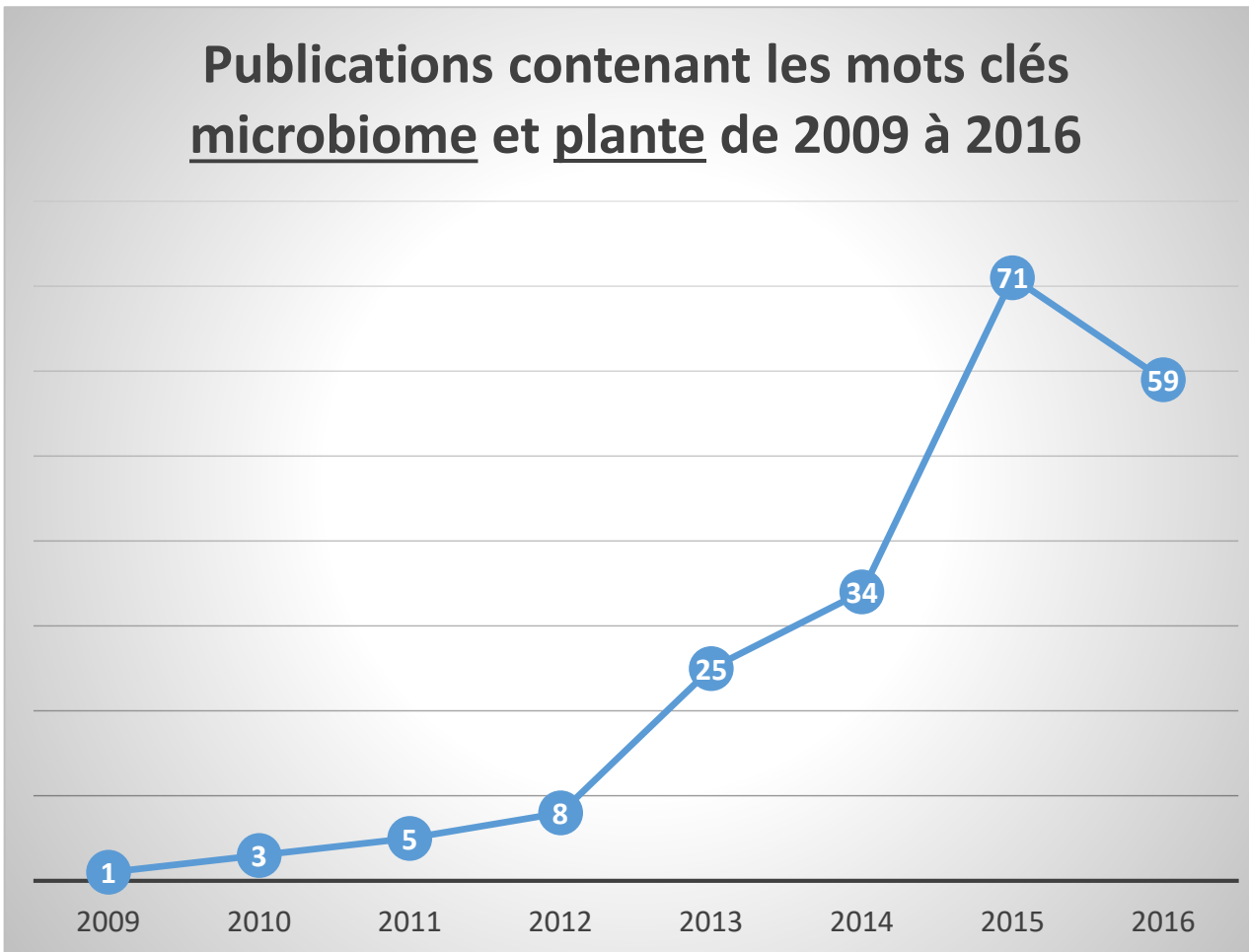
---

- Utilisé pour la première fois pour étudier la flore intestinale humaine
- Milieu relativement fermé
- Séquençage Sanger

Shanahan, F. (2002)

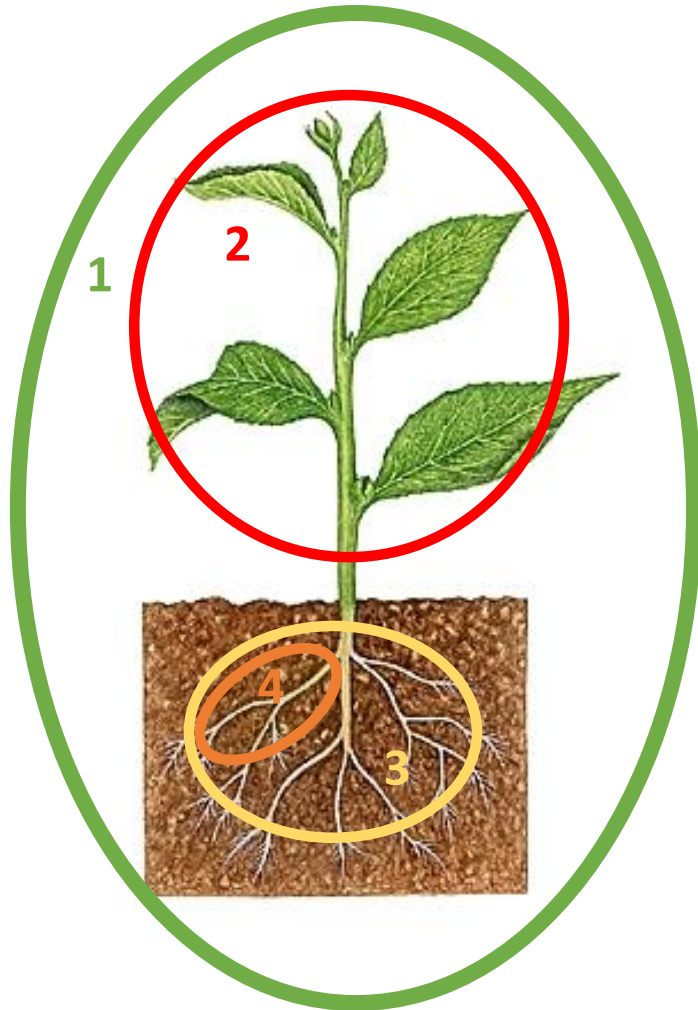
## Le microbiome chez la plante

### Publications contenant les mots clés microbiome et plante de 2009 à 2016



(Scopus, 2017)

- Un sujet récent qui suscite l'attention
- Milieu ouvert
- Une approche nouvelle afin d'étudier les écosystèmes
- Peut être défini en terme de fonctions métaboliques



Le microbiome c'est l'ensemble des microorganismes vivant dans un environnement spécifique.

- 1 – Microbiome de la plante**
- 2 – Microbiome des parties aériennes**
- 3 – Microbiome de la rhizosphère**
- 4 – Microbiome des racines**

## Le microbiome

1 – Core-microbiome

2 – Eco-microbiome partagé entre chaque milieux (a, b, c)

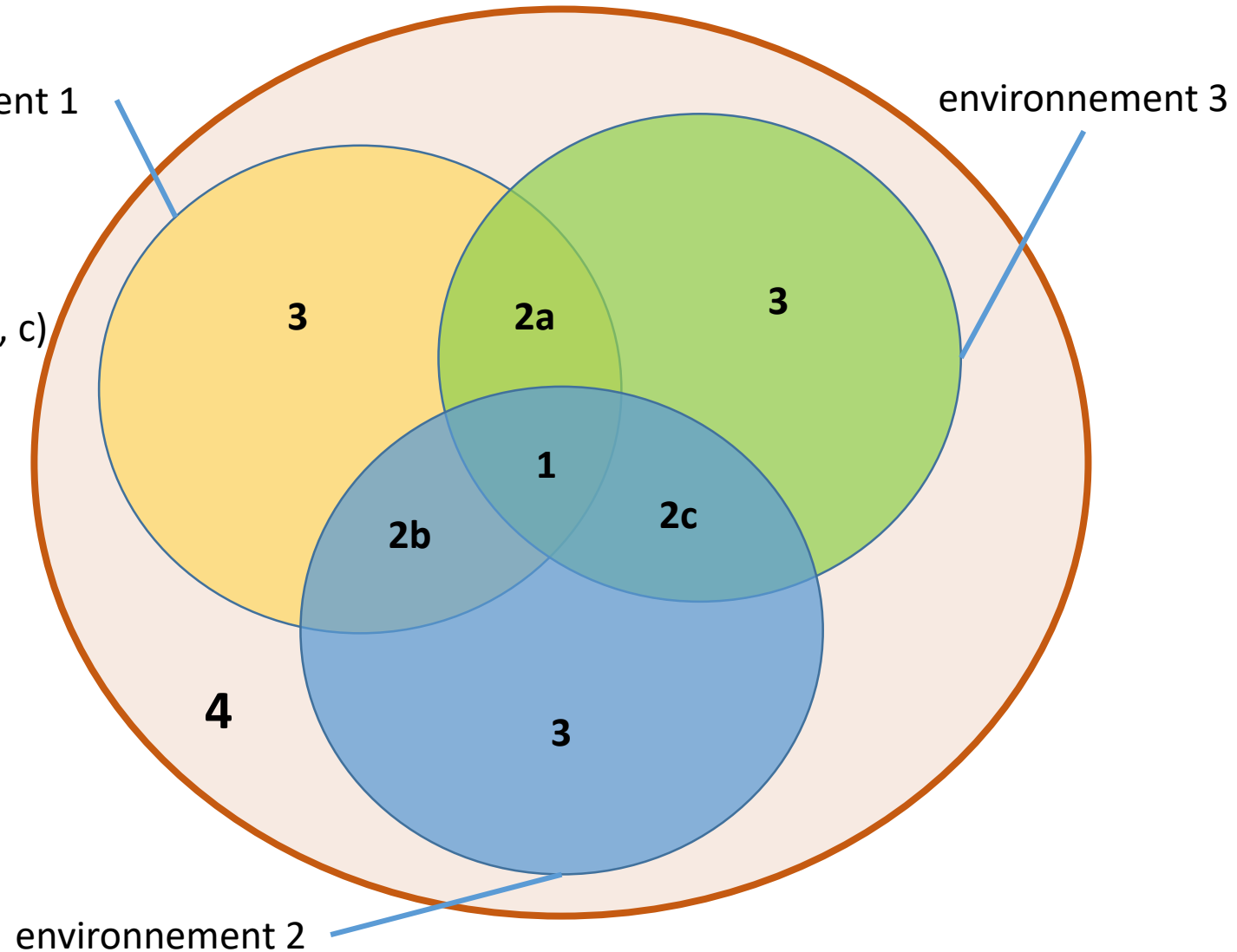
3 – Microbiome non partagé

4 – Pan-microbiome

Selon la définition de (Vandenkoornhuyse,  
Quaiser et al. 2015)

environnement 1

environnement 3



## La plante structure le sol

- Par ses exsudats racinaires (chimiotactisme)
- Elle recrute son propre microbiome
- Les symbioses racinaires ont un rôle dans son développement, la protection parasitaire et la nutrition de la plante.

La santé de la plante est aussi influencée par la diversité microbienne du sol et de ses racines.

- Plus il y a de **diversité** plus la plante a tendance à être en bonne santé (van der Heijden, de Bruin et al. 2016)

## Ce qui a des applications en agriculture

- Le concept de microbiome lie l'écologie à l'agronomie
- Permet d'aborder sous un nouvel angle la microbiologie du sol
- Lutte biologique, manipulation des communautés etc ...

Comment savoir qu'une plante a un core-microbiome ?

- Nécessité de passer par de la « science de la découverte »

Chez le canola la **monoculture n'est pas bénéfique**  
(Larkin and Honeycutt 2006 ; Harker, O'Donovan et al. 2015)

- Accumulation des taxons pathogènes dans le sol.
- Baisse de rendement.



Intérêt des rotations de cultures

- Augmente la diversité microbienne
- Par exemple fabaceae et nodules, céréales etc ...



**1** – Le canola a-t-il un core-microbiome fongique ? De quels taxons est-il constitué ?

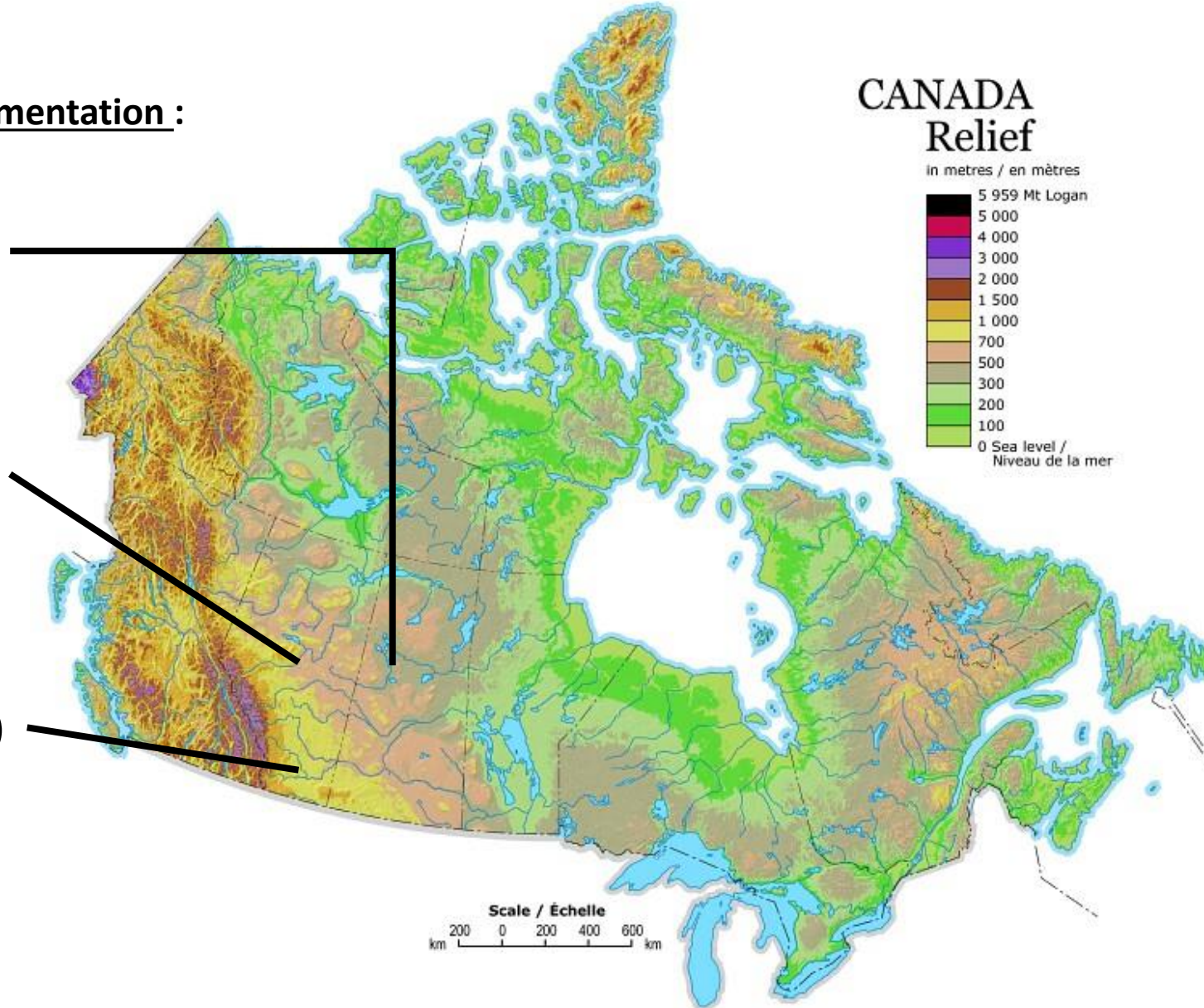
**2** – Y-a-t-il des taxons plus structurants que les autres au sein de ce core-microbiome ?

Sites d'expérimentation :

Scott (SK)

Lacombe (AB)

Lethbridge (AB)



	2008	2009	2010	2011	2012	2013
1	C <sub>LL</sub>	C <sub>LL</sub>	C <sub>LL</sub>	C <sub>LL</sub>	C <sub>LL</sub>	C <sub>LL</sub>
2	C <sub>RR</sub>	C <sub>RR</sub>	C <sub>RR</sub>	C <sub>RR</sub>	C <sub>RR</sub>	C <sub>RR</sub>
3	B	C <sub>LL</sub>	B	C <sub>LL</sub>	B	C <sub>LL</sub>
4	B	C <sub>RR</sub>	B	C <sub>RR</sub>	B	C <sub>RR</sub>
5	P	O	C <sub>LL</sub>	P	O	C <sub>LL</sub>
6	P	O	C <sub>RR</sub>	P	O	C <sub>RR</sub>

**Système d'assolement :**

Système randomisé en quatre blocs complets avec 13 rotations différentes (traitements)

La phase échantillonnée et utilisée dans l'étude est en jaune

C<sub>LL</sub> : Canola Liberty Link, ©Bayer

C<sub>RR</sub> : Canola Roundup Ready ©Monsanto (Bayer)

B : blé, P : pois, O : orge

**Hypothèse :**

Un assolement diversifié influence la structure des communautés fongiques de la rhizosphère du canola.

**Echantillonnage :**

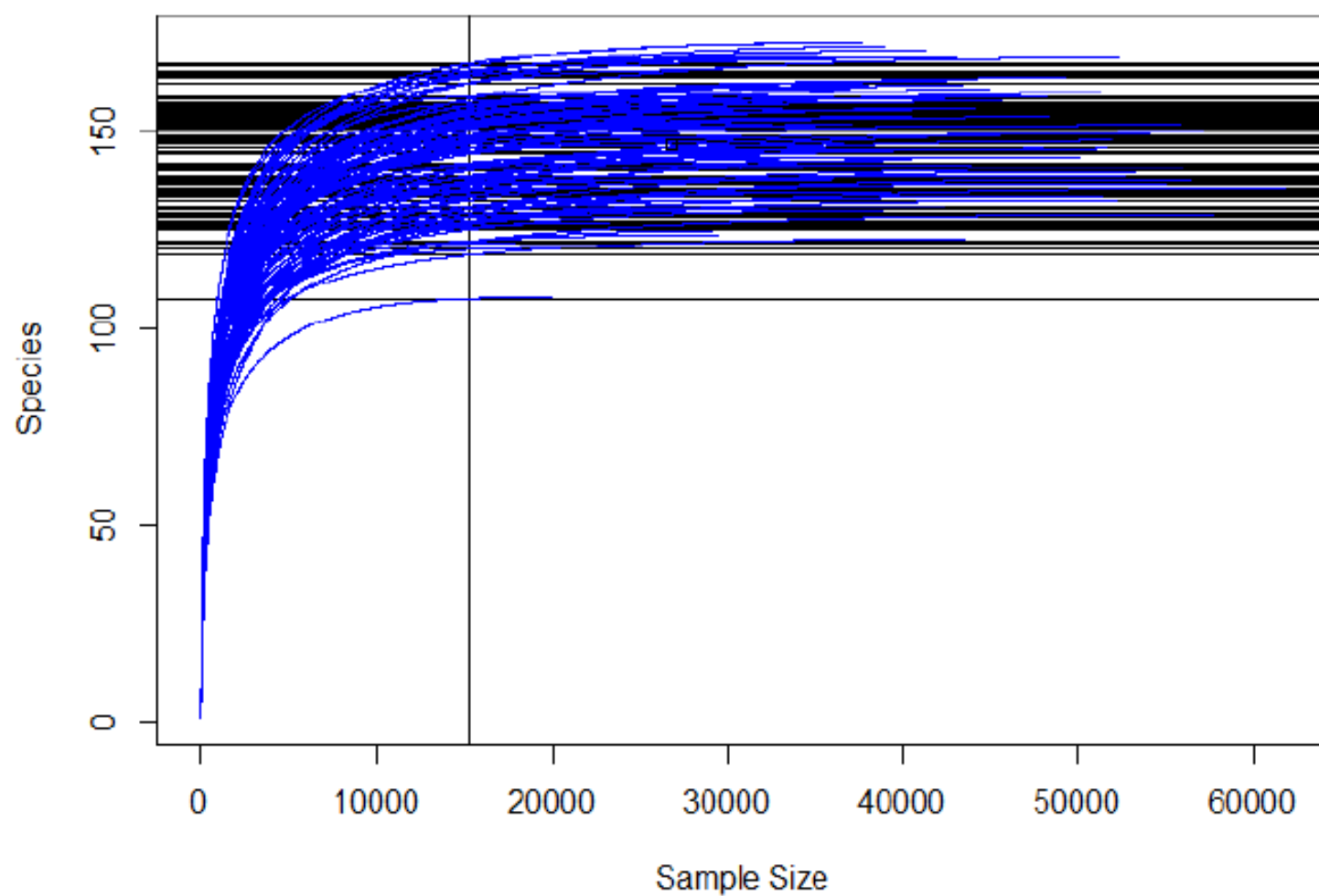
Les plants ont été déterrés puis agités.

La terre restée accrochée au racine a été récoltée à la brosse.



Extraction et séquençage illumina Miseq



Courbe de raréfaction de nos OTU (Operational Taxonomic Unit)

Plateau atteint pour  
tous les échantillons

## Analyses statistiques

- Calcul d'indices de diversité pour chacun des sites et des rotations (Shannon et richesse spécifique)
- Pour savoir si les rotation ont un effet sur structure des communautés : PERMANOVA
- Les taxons fongiques étant présents dans 100% des échantillons de manière systématique ont été attribué au core-microbiome
- Détermination des OTU corrélées au rendement, à l'émergence des plants et au temps d'arrivé du canola à maturité par tests de Spearman.



## Mesures de diversité fongique

Cropping system	Lacombe		Lethbridge		Scott	
		<i>Stderr</i>		<i>Stderr</i>		<i>Stderr</i>
LL-LL-LL-LL-LL- <u>LL</u> <sup>§</sup>	148,3	5,5	<b>132.3 ab</b> ¥	5	178	5,7
RR-RR-RR-RR- <u>RR-RR</u>	163	5,5	<b>131.3 b</b>	5	173,3	5,7
B-LL-B-LL-B-LL	160,8	5,5	<b>143.0 ab</b>	5	178	5,7
B-RR-B-RR-B- <u>RR</u>	157	5,5	<b>151.5 a</b>	5	176,3	5,7
P-O-LL-P-O-LL	155,8	5,5	<b>135.5 ab</b>	5	179,5	5,7
P-O-RR-P-O-RR	161	5,5	<b>144.5 ab</b>	5	171,5	5,7
<b>p</b>	0,4712		0,0273		0,873	

§ LL, canola Liberty Link; RR, canola Round Up Ready; B, blé; P, pois; O, orge. La phase 6 soulignée, est celle qui a été échantillonnée.

¥ Les moyennes suivies de lettres différentes sont significativement différentes à  $\alpha = 0.05$  d'après Tukey HSD ( $n = 24$ ).

## Mesures de diversité fongique

Cropping system	Lacombe		Lethbridge		Scott	
	<i>Shannon</i>					
LL-LL-LL-LL-LL- <u>LL</u>	3,635	0,062	3,434	0,069	3,551	0,209
RR-RR-RR-RR- <u>RR-RR</u>	3,755	0,062	3,466	0,079	2,986	0,209
B-LL-B-LL-B- <u>LL</u>	3,7	0,062	3,558	0,069	3,246	0,209
B-RR-B-RR-B- <u>RR</u>	3,789	0,068	3,535	0,069	3,417	0,209
P-O-LL-P-O- <u>LL</u>	3,761	0,062	3,499	0,069	3,372	0,209
P-O-RR-P-O- <u>RR</u>	3,751	0,062	3,569	0,069	3,335	0,209
<b>p</b>	0,2277		0,5976		0,2535	

§ LL, canola Liberty Link; RR, canola Round Up Ready; B, blé; P, pois; O, orge. La phase 6 soulignée, est celle qui a été échantillonnée.

¥ Les moyennes suivies de lettres différentes sont significativement différentes à  $\alpha = 0.05$  d'après Tukey HSD ( $n = 24$ ).



Y-a-t-il une influence des rotations de cultures sur la structure des communautés fongiques de la rhizosphère du canola ?

- Les rotations **ont un effet** sur la structure des communautés fongique sur l'ensemble des sites (P = 0,0337) (effet de site fort : P = 0,0038) (PERMANOVA)

```
          Df  sumsofSqs MeanSqs  F.Model  R2      Pr(>F)      **
site         1  3.7151   3.7151  16.1759 0.18636 0.0038      **
block        1  0.2554   0.2554   1.112  0.01281 0.0208      *
traitement   1  0.2407   0.2407   1.0482 0.01208 0.0337      *
```

Cropping system	Indicator		Identity		
	OTU	value	P values	(%)	
LL-LL-LL-LL-LL-LL <sup>§</sup>	otu35	43	0.0004	100%	<i>Phoma sclerotioides</i>
	otu117	47	0.0006	99%	<i>Leptosphaeria maculans 'brassicae'</i>
	otu51	29	0.0008	98%	<i>Dendryphion nanum</i>
	otu202	50	0.0028	99%	<i>Hypocrea</i> sp.
	otu184	35	0.0072	100%	Unknown fungus
	otu19	27	0.0338	100%	<i>Alternaria alternata</i>
	otu62	29	0.0484	100%	<i>Phoma sclerotioides</i>
RR-RR-RR-RR-RR-RR	otu30	34	0.0392	98%	<i>Penicillium janthinellum</i>
B-LL-B-LL-B-LL	otu158	49	0.002	99%	<i>Phaeosphaeria nodorum</i>
	otu42	36	0.0064	97%	<i>Articulospora proliferata</i>
	otu264	37	0.0076	97%	<i>Psathyrella</i> sp.
	otu108	28	0.0146	97%	<i>Chaetomidium leptoderma</i>
	otu253	13	0.0268	89%	Unknown fungus
	otu229	27	0.041	96%	Unknown fungus
B-RR-B-RR-B-RR	otu130	40	0.0016	100%	<i>Phaeosphaeria</i> sp.
	otu123	39	0.0026	100%	Pleosporales sp.
	otu153	25	0.0064	99%	<i>Mortierella antarctica</i>
	otu181	30	0.0184	96%	Unknown fungus
	otu215	32	0.0258	94%	Unknown fungus
P-O-LL-P-O-LL	otu48	33	0.0106	99%	<i>Epicoccum nigrum</i>
	otu31	29	0.012	99%	<i>Verticillium</i> sp.
P-O-RR-P-O-RR	otu89	41	0.0016	99%	<i>Bipolaris sorokiniana</i>
	otu72	32	0.003	99%	<i>Acremonium</i> sp.
	otu20	28	0.0032	100%	<i>Fusarium</i> sp.
	otu27	31	0.0112	100%	<i>Fusarium</i> sp.
	otu40	32	0.0172	100%	<i>Fusarium solani</i>
	otu63	30	0.0426	100%	<i>Microdochium bolleyi</i>
	otu148	29	0.0458	100%	<i>Cryptococcus stepposus</i>
	otu47	24	0.0472	99%	<i>Cylindrocarpon</i> sp.
	otu207	29	0.049	95%	Unknown fungus

➤ Taxons associés aux différents assolements (obtenus par BLAST)

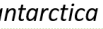
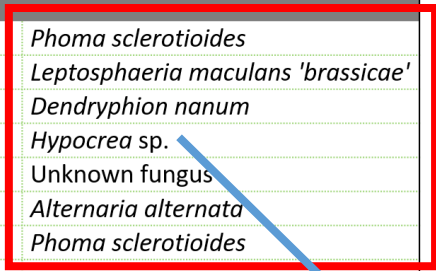
Taxons probablement pathogènes

Cropping system	Indicator		Identity		
	OTU	value	P values	(%)	
LL-LL-LL-LL-LL-LL <sup>§</sup>	otu35	43	0.0004	100%	<i>Phoma sclerotioides</i>
	otu117	47	0.0006	99%	<i>Leptosphaeria maculans 'brassicae'</i>
	otu51	29	0.0008	98%	<i>Dendryphion nanum</i>
	otu202	50	0.0028	99%	<i>Hypocrea</i> sp.
	otu184	35	0.0072	100%	Unknown fungus
	otu19	27	0.0338	100%	<i>Alternaria alternata</i>
	otu62	29	0.0484	100%	<i>Phoma sclerotioides</i>
RR-RR-RR-RR-RR-RR	otu30	34	0.0392	98%	<i>Penicillium janthinellum</i>
B-LL-B-LL-B-LL	otu158	49	0.002	99%	<i>Phaeosphaeria nodorum</i>
	otu42	36	0.0064	97%	<i>Articulospora proliferata</i>
	otu264	37	0.0076	97%	<i>Psathyrella</i> sp.
	otu108	28	0.0146	97%	<i>Chaetomidium leptoderma</i>
	otu253	13	0.0268	89%	Unknown fungus
	otu229	27	0.041	96%	Unknown fungus
B-RR-B-RR-B-RR	otu130	40	0.0016	100%	<i>Phaeosphaeria</i> sp.
	otu123	39	0.0026	100%	Pleosporales sp.
	otu153	25	0.0064	99%	<i>Mortierella antarctica</i>
	otu181	30	0.0184	96%	Unknown fungus
	otu215	32	0.0258	94%	Unknown fungus
P-O-LL-P-O-LL	otu48	33	0.0106	99%	<i>Epicoccum nigrum</i>
	otu31	29	0.012	99%	<i>Verticillium</i> sp.
P-O-RR-P-O-RR	otu89	41	0.0016	99%	<i>Bipolaris sorokiniana</i>
	otu72	32	0.003	99%	<i>Acremonium</i> sp.
	otu20	28	0.0032	100%	<i>Fusarium</i> sp.
	otu27	31	0.0112	100%	<i>Fusarium</i> sp.
	otu40	32	0.0172	100%	<i>Fusarium solani</i>
	otu63	30	0.0426	100%	<i>Microdochium bolleyi</i>
	otu148	29	0.0458	100%	<i>Cryptococcus stepposus</i>
	otu47	24	0.0472	99%	<i>Cylindrocarpon</i> sp.
	otu207	29	0.049	95%	Unknown fungus

➤ Taxons associés aux différents assolements (obtenus par BLAST)

Taxons probablement pathogènes

Agents antagonistes



Cropping system	Indicator		Identity	
	OTU	value	P values	(%)
LL-LL-LL-LL-LL-LL <sup>§</sup>	otu35	43	0.0004	100%
	otu117	47	0.0006	99%
	otu51	29	0.0008	98%
	otu202	50	0.0028	99%
	otu184	35	0.0072	100%
	otu19	27	0.0338	100%
	otu62	29	0.0484	100%
RR-RR-RR-RR-RR-RR	otu30	34	0.0392	98%
B-LL-B-LL-B-LL	otu158	49	0.002	99%
	otu42	36	0.0064	97%
	otu264	37	0.0076	97%
	otu108	28	0.0146	97%
	otu253	13	0.0268	89%
	otu229	27	0.041	96%
B-RR-B-RR-B-RR	otu130	40	0.0016	100%
	otu123	39	0.0026	100%
	otu153	25	0.0064	99%
	otu181	30	0.0184	96%
	otu215	32	0.0258	94%
P-O-LL-P-O-LL	otu48	33	0.0106	99%
	otu31	29	0.012	99%
P-O-RR-P-O-RR	otu89	41	0.0016	99%
	otu72	32	0.003	99%
	otu20	28	0.0032	100%
	otu27	31	0.0112	100%
	otu40	32	0.0172	100%
	otu63	30	0.0426	100%
	otu148	29	0.0458	100%
	otu47	24	0.0472	99%
	otu207	29	0.049	95%

otu35 100% *Phoma sclerotioides*

otu117 99% *Leptosphaeria maculans 'brassicae'*

otu51 98% *Dendryphion nanum*

otu202 99% *Hypocrea sp.*

otu184 100% Unknown fungus

otu19 100% *Alternaria alternata*

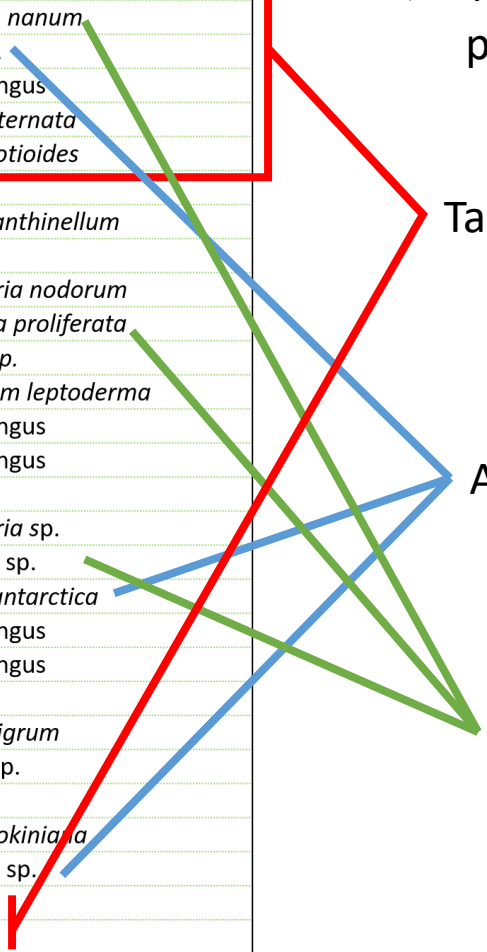
otu62 100% *Phoma sclerotioides*

➤ Taxons associés aux différents assolements (obtenus par BLAST)

Taxons probablement pathogènes

Agents antagonistes

Endophytes





Taxons	Identification	Identité
otu19	<i>Alternaria alternata</i>	100%
otu29	<i>Alternaria infectoria</i>	100%
otu37	<i>Bionectria ochroleuca</i>	100%
otu55	<i>Coniothyrium sp.</i>	99%
otu47	<i>Cylindrocarpon sp.</i>	99%
otu51	<i>Dendryphion nanum</i>	99%
otu27	<i>Fusarium cf. graminearum</i>	100%
<b>otu4</b>	<i>Fusarium sp.1</i>	100%
otu20	<i>Fusarium sp.</i>	100%
otu16	<i>Fusarium sp.2</i>	100%
otu11	<i>Fusarium sp.3</i>	100%
otu2	<i>Nectria sp.</i>	99%
otu187	<i>Nectriaceae sp.</i>	100%
otu62	<i>Phoma sclerotioides</i>	100%
otu7	<i>Plectosphaerella cucumerina</i>	100%
otu31	<i>Plectosphaerella sp.</i>	100%

Taxons	Identification	Identité
otu33	<i>Cladosporium cladosporioides</i>	100%
otu3	<i>Cladosporium cladosporioides</i>	100%
otu97	<i>Cryptococcus tephrensii</i>	100%

Taxons	Identification	Identité
otu91	<i>Chaetomium globosum</i>	99%
otu87	<i>Cystofilobasidium macerans</i>	100%
otu113	<i>Geomyces sp.</i>	100%
otu5	<i>Humicola grisea</i>	99%
otu57	<i>Mortierella alpina</i>	99%
otu6	<i>Mortierella elongata</i>	98%
otu9	<i>Solicoccozyma aerea</i>	100%
otu22	<i>Ulocladium sp.</i>	100%

Taxons	Identification	Identité
otu24	Fungal sp.	100%
otu77	Fungal sp.	100%
otu43	<i>Vishniacozyma victoriae</i>	100%

Un seul OTU significativement corrélé avec le rendement : OTU4 (*Fusarium*)  $R = -0,63$

Taxons	Identification	Identité
otu19	<i>Alternaria alternata</i>	100%
otu29	<i>Alternaria infectoria</i>	100%
otu37	<i>Bionectria ochroleuca</i>	100%
otu55	<i>Coniothyrium sp.</i>	99%
otu47	<i>Cylindrocarpon sp.</i>	99%
otu51	<i>Dendryphion nanum</i>	99%
otu27	<i>Fusarium cf. graminearum</i>	100%
<b>otu4</b>	<i>Fusarium sp.1</i>	100%
otu20	<i>Fusarium sp.</i>	100%
otu16	<i>Fusarium sp.2</i>	100%
otu11	<i>Fusarium sp.3</i>	100%
otu2	<i>Nectria sp.</i>	99%
otu187	<i>Nectriaceae sp.</i>	100%
otu62	<i>Phoma sclerotioides</i>	100%
otu7	<i>Plectosphaerella cucumerina</i>	100%
otu31	<i>Plectosphaerella sp.</i>	100%

**PATHOGENES**

Taxons	Identification	Identité
otu33	<i>Cladosporium cladosporioides</i>	100%
otu3	<i>Cladosporium cladosporioides</i>	100%
otu97	<i>Cryptococcus tephrensii</i>	100%
Taxons	Identification	Identité
otu91	<i>Chaetomium globosum</i>	99%
otu87	<i>Cystofilobasidium macerans</i>	100%
otu113	<i>Geomyces sp.</i>	100%
otu5	<i>Humicola grisea</i>	99%
otu57	<i>Mortierella alpina</i>	99%
otu6	<i>Mortierella elongata</i>	98%
otu9	<i>Solicoccozyma aerea</i>	100%
otu22	<i>Ulocladium sp.</i>	100%
Taxons	Identification	Identité
otu24	Fungal sp.	100%
otu77	Fungal sp.	100%
otu43	<i>Vishniacozyma victoriae</i>	100%

Taxons	Identification	Identité
otu19	<i>Alternaria alternata</i>	100%
otu29	<i>Alternaria infectoria</i>	100%
otu37	<i>Bionectria ochroleuca</i>	100%
otu55	<i>Coniothyrium sp.</i>	99%
otu47	<i>Cylindrocarpon sp.</i>	99%
otu51	<i>Dendryphon nanum</i>	99%
otu27	<i>Fusarium cf. graminearum</i>	100%
<b>otu4</b>	<i>Fusarium sp.1</i>	100%
otu20	<i>Fusarium sp.</i>	100%
otu16	<i>Fusarium sp.2</i>	100%
otu11	<i>Fusarium sp.3</i>	100%
otu2	<i>Nectria sp.</i>	99%
otu187	<i>Nectriaceae sp.</i>	100%
otu62	<i>Phoma sclerotioides</i>	100%
otu7	<i>Plectosphaerella cucumerina</i>	100%
otu31	<i>Plectosphaerella sp.</i>	100%

Taxons	Identification	Identité
otu33	<i>Cladosporium cladosporioides</i>	100%
otu3	<i>Cladosporium cladosporioides</i>	100%
otu97	<i>Cryptococcus tephrensis</i>	100%

### MUTUALISTES

Taxons	Identification	Identité
otu91	<i>Chaetomium globosum</i>	99%
otu87	<i>Cystofilobasidium macerans</i>	100%
otu113	<i>Geomyces sp.</i>	100%
otu5	<i>Humicola grisea</i>	99%
otu57	<i>Mortierella alpina</i>	99%
otu6	<i>Mortierella elongata</i>	98%
otu9	<i>Solicoccozyma aeria</i>	100%
otu22	<i>Ulocladium sp.</i>	100%

Taxons	Identification	Identité
otu24	Fungal sp.	100%
otu77	Fungal sp.	100%
otu43	<i>Vishniacozyma victoriae</i>	100%

Taxons	Identification	Identité
otu19	<i>Alternaria alternata</i>	100%
otu29	<i>Alternaria infectoria</i>	100%
otu37	<i>Bionectria ochroleuca</i>	100%
otu55	<i>Coniothyrium sp.</i>	99%
otu47	<i>Cylindrocarpon sp.</i>	99%
otu51	<i>Dendryphion nanum</i>	99%
otu27	<i>Fusarium cf. graminearum</i>	100%
<b>otu4</b>	<i>Fusarium sp.1</i>	100%
otu20	<i>Fusarium sp.</i>	100%
otu16	<i>Fusarium sp.2</i>	100%
otu11	<i>Fusarium sp.3</i>	100%
otu2	<i>Nectria sp.</i>	99%
otu187	<i>Nectriaceae sp.</i>	100%
otu62	<i>Phoma sclerotioides</i>	100%
otu7	<i>Plectosphaerella cucumerina</i>	100%
otu31	<i>Plectosphaerella sp.</i>	100%

Taxons	Identification	Identité
otu33	<i>Cladosporium cladosporioides</i>	100%
otu3	<i>Cladosporium cladosporioides</i>	100%
otu97	<i>Cryptococcus tephrensii</i>	100%
Taxons	Identification	Identité
otu91	<i>Chaetomium globosum</i>	99%
otu87	<i>Cystofilobasidium macerans</i>	100%
otu113	<i>Geomyces sp.</i>	100%
otu5	<i>Humicola grisea</i>	99%
otu57	<i>Mortierella alpina</i>	99%
otu6	<i>Mortierella elongata</i>	98%
otu9	<i>Solicoccozyma aerea</i>	100%
otu22	<i>Ulocladium sp.</i>	100%

### SAPROPHYTES

Taxons	Identification	Identité
otu24	Fungal sp.	100%
otu77	Fungal sp.	100%
otu43	<i>Vishniacozyma victoriae</i>	100%



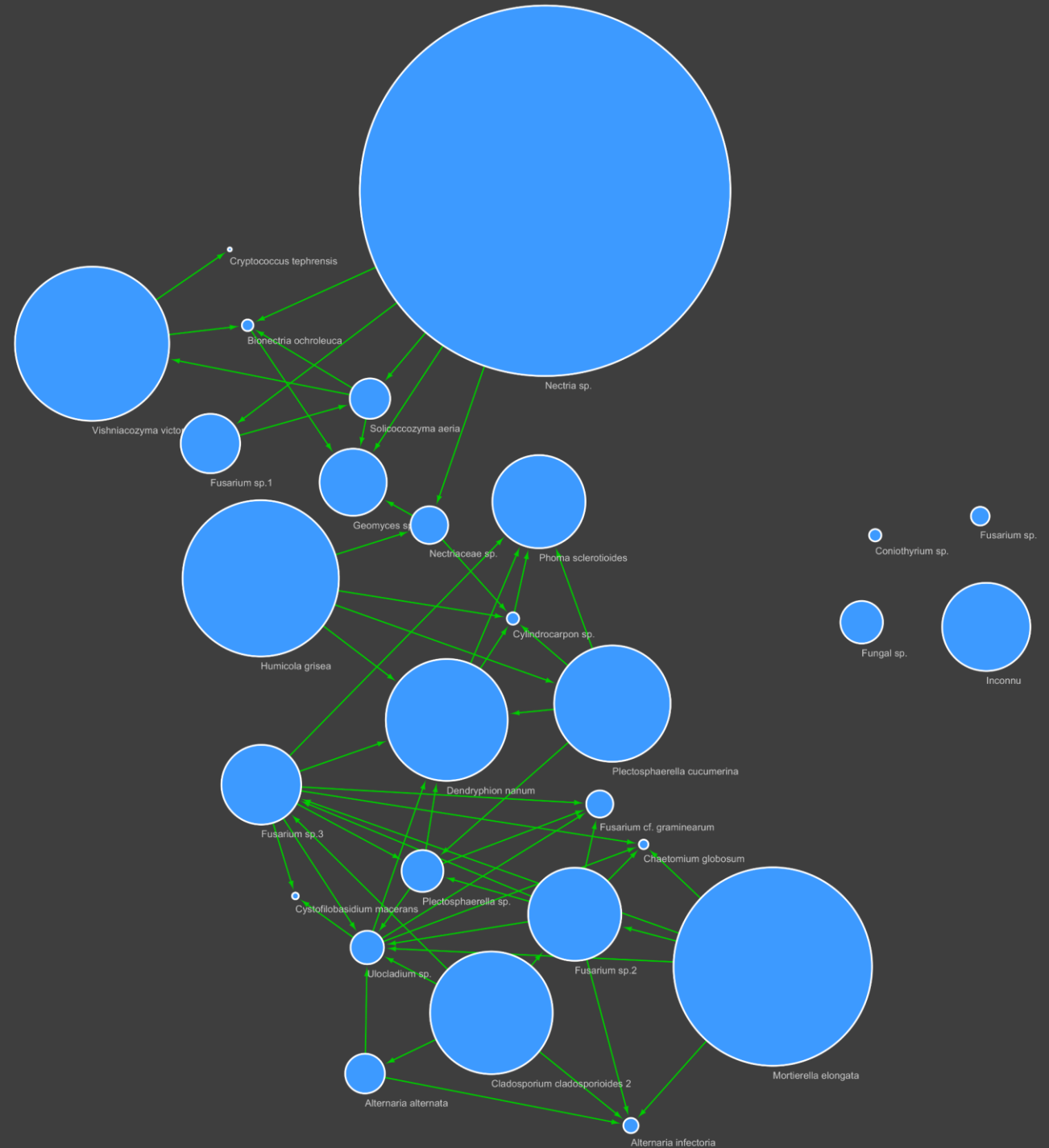
Taxons	Identification	Identité
otu19	<i>Alternaria alternata</i>	100%
otu29	<i>Alternaria infectoria</i>	100%
otu37	<i>Bionectria ochroleuca</i>	100%
otu55	<i>Coniothyrium sp.</i>	99%
otu47	<i>Cylindrocarpon sp.</i>	99%
otu51	<i>Dendryphion nanum</i>	99%
otu27	<i>Fusarium cf. graminearum</i>	100%
<b>otu4</b>	<i>Fusarium sp.1</i>	100%
otu20	<i>Fusarium sp.</i>	100%
otu16	<i>Fusarium sp.2</i>	100%
otu11	<i>Fusarium sp.3</i>	100%
otu2	<i>Nectria sp.</i>	99%
otu187	<i>Nectriaceae sp.</i>	100%
otu62	<i>Phoma sclerotioides</i>	100%
otu7	<i>Plectosphaerella cucumerina</i>	100%
otu31	<i>Plectosphaerella sp.</i>	100%

Taxons	Identification	Identité
otu33	<i>Cladosporium cladosporioides</i>	100%
otu3	<i>Cladosporium cladosporioides</i>	100%
otu97	<i>Cryptococcus tephrensii</i>	100%
Taxons	Identification	Identité
otu91	<i>Chaetomium globosum</i>	99%
otu87	<i>Cystofilobasidium macerans</i>	100%
otu113	<i>Geomyces sp.</i>	100%
otu5	<i>Humicola grisea</i>	99%
otu57	<i>Mortierella alpina</i>	99%
otu6	<i>Mortierella elongata</i>	98%
otu9	<i>Solicoccozyma aerea</i>	100%
otu22	<i>Ulocladium sp.</i>	100%

Taxons	Identification	Identité
otu24	Fungal sp.	100%
otu77	Fungal sp.	100%
otu43	<i>Vishniacozyma victoriae</i>	100%

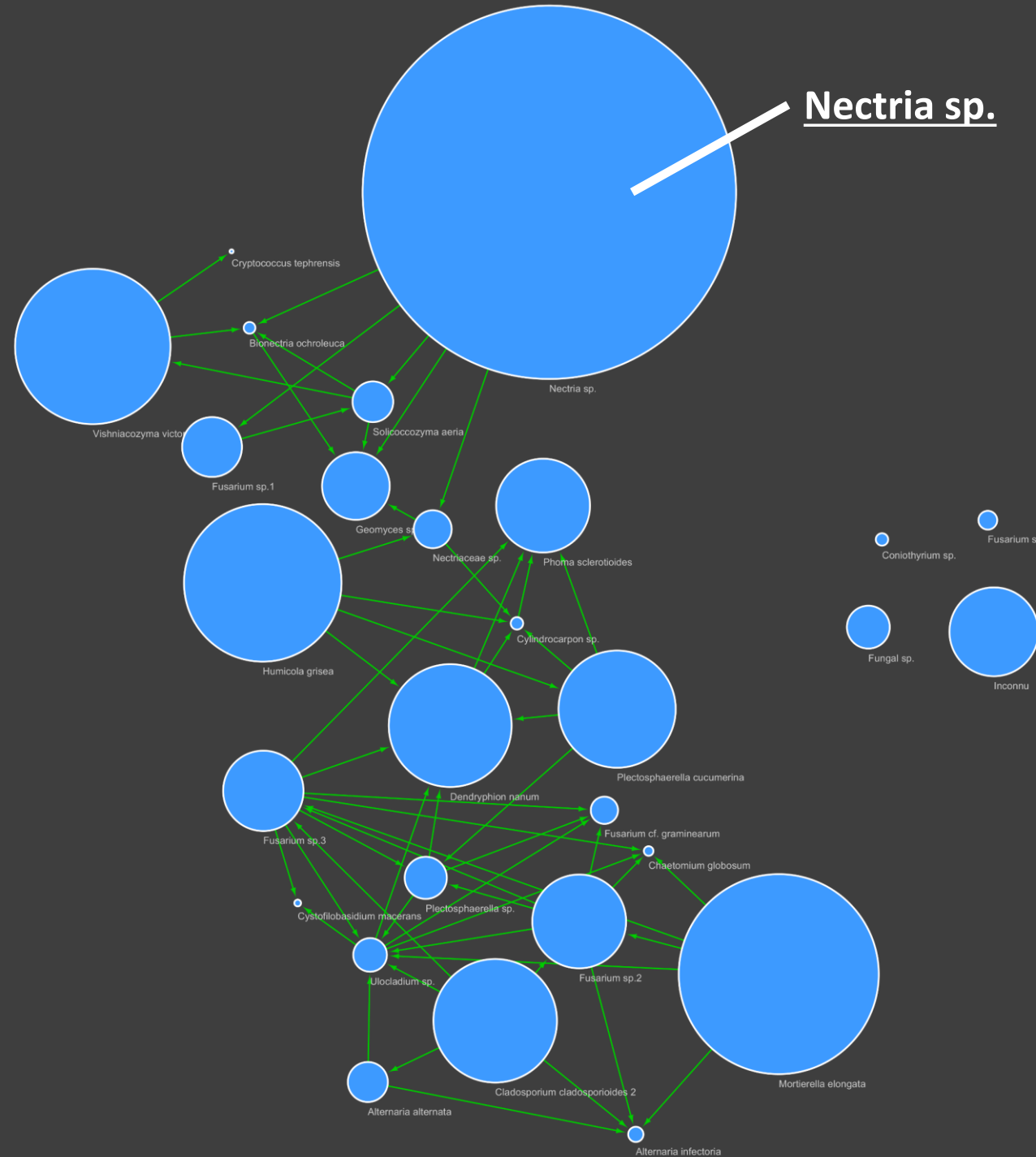
INCONNUS

# Réseau des interactions positives du core-microbiome du canola



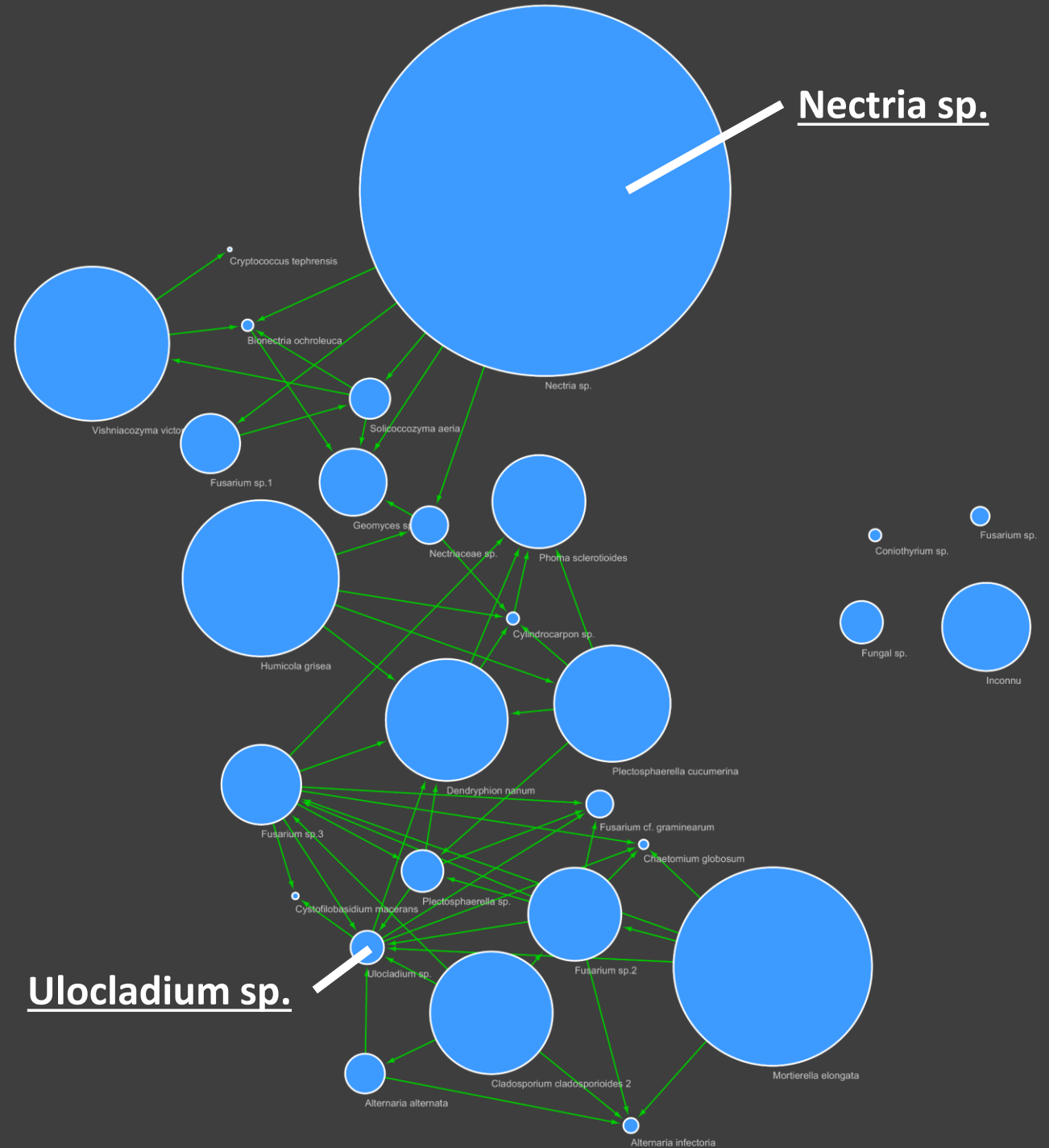
➤ Les OTU 55, 20, 24 et 77 n'interagissent pas avec les autres.

# Réseau des interactions positives du core-microbiome du canola



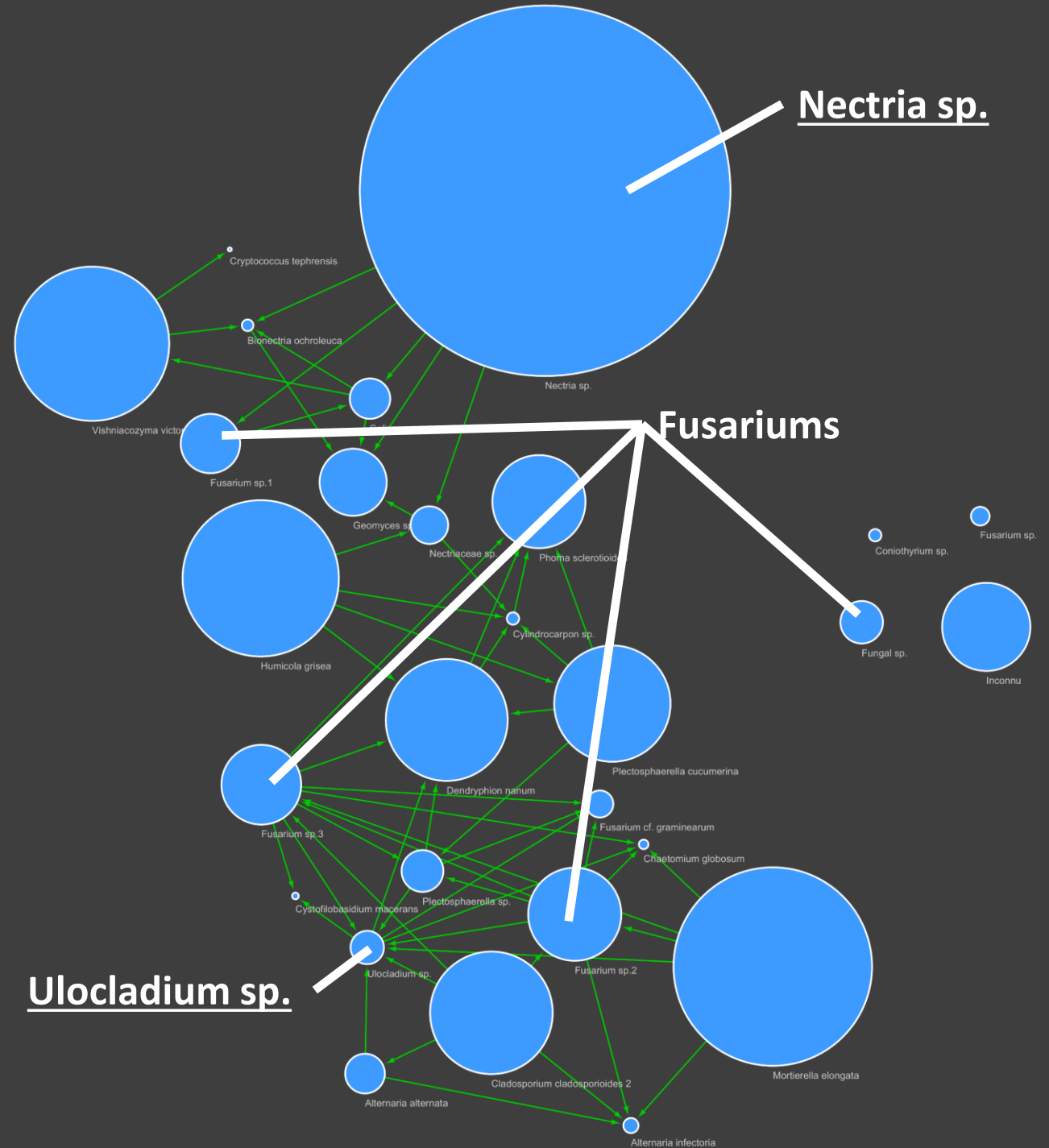
➤ Les OTU 55, 20, 24 et 77 n'interagissent pas avec les autres.

Réseau des interactions positives du core-microbiome du canola



➤ Les OTU 55, 20, 24 et 77 n'interagissent pas avec les autres.

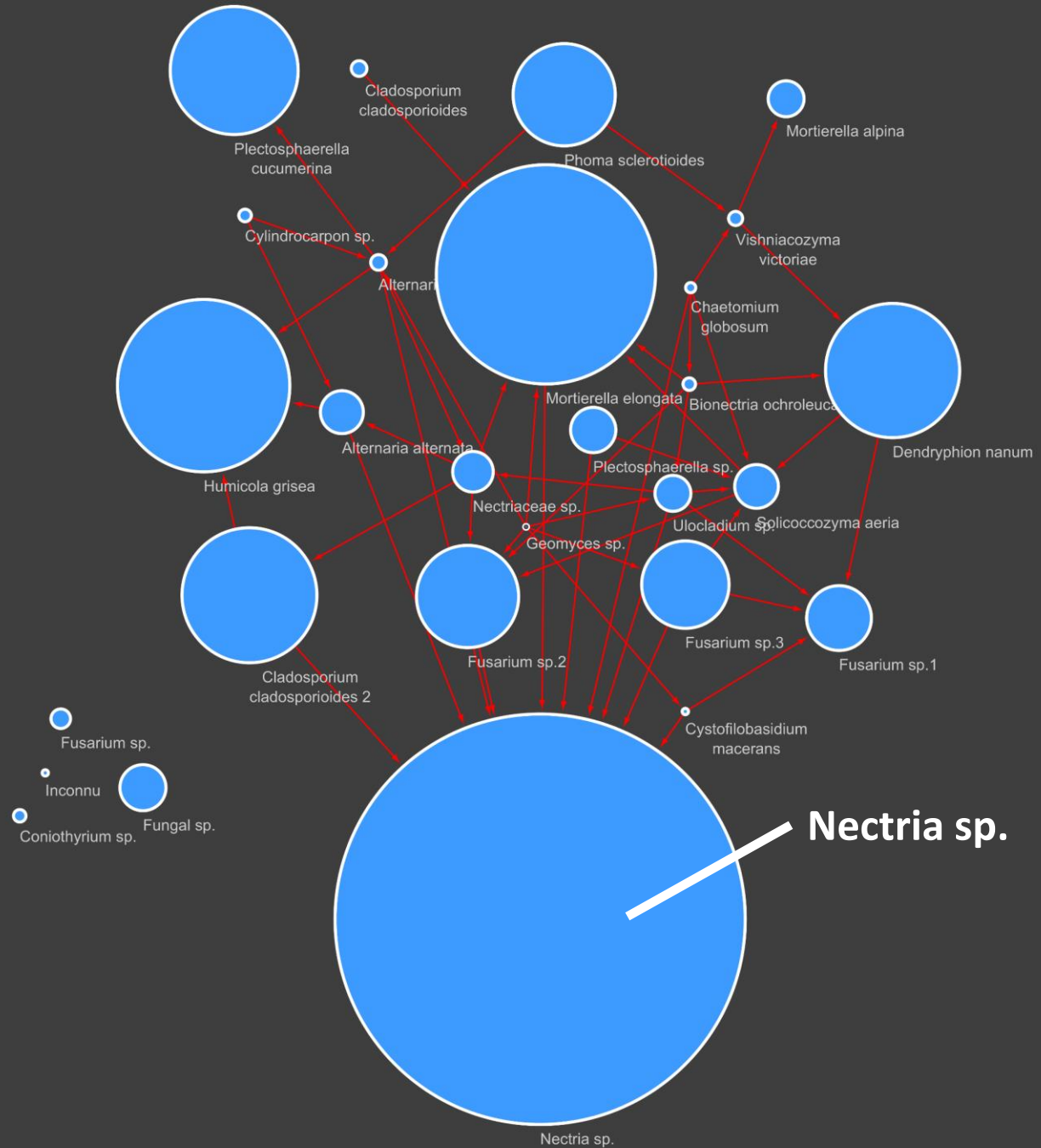
Réseau des interactions positives du core-microbiome du canola



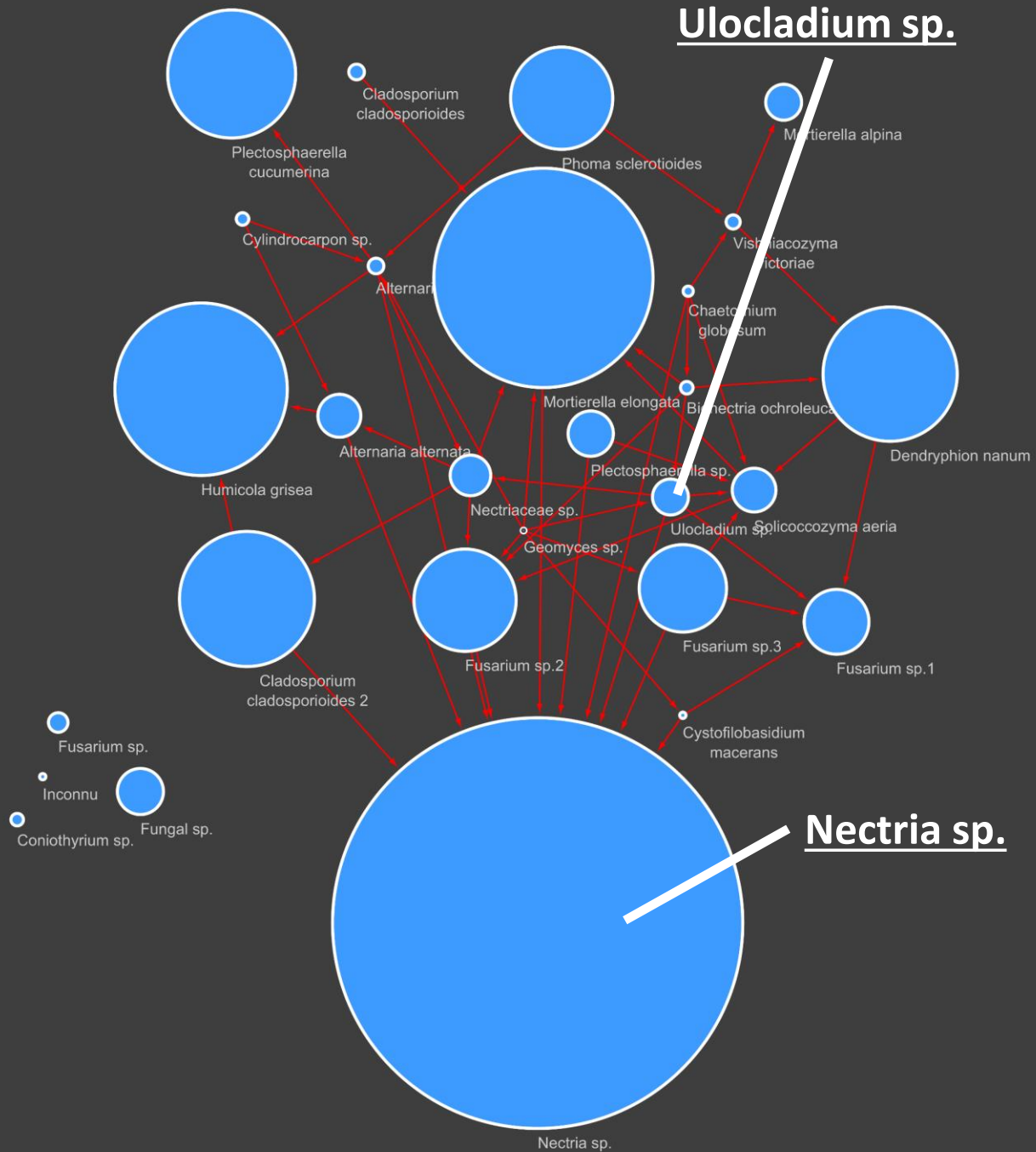
➤ Les OTU 55, 20, 24 et 77 n'interagissent pas avec les autres.



# Réseau des interactions négatives du core-microbiome du canola



Réseau des interactions négatives du core-microbiome du canola



Une autre façon d'étudier les réseaux microbiens : **ARM**

## Inferring Intra-Community Microbial Interaction Patterns from Metagenomic Datasets Using Associative Rule Mining Techniques

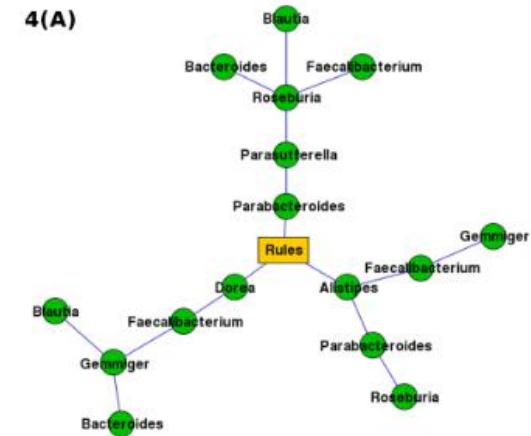
Disha Tandon<sup>©</sup>, Mohammed Monzoorul Haque<sup>©</sup>, Sharmila S. Mande\*

Bio-Sciences R&D Division, TCS Research, Tata Consultancy Services Limited, 54-B, Hadapsar Industrial Estate, Pune 411013, Maharashtra, India

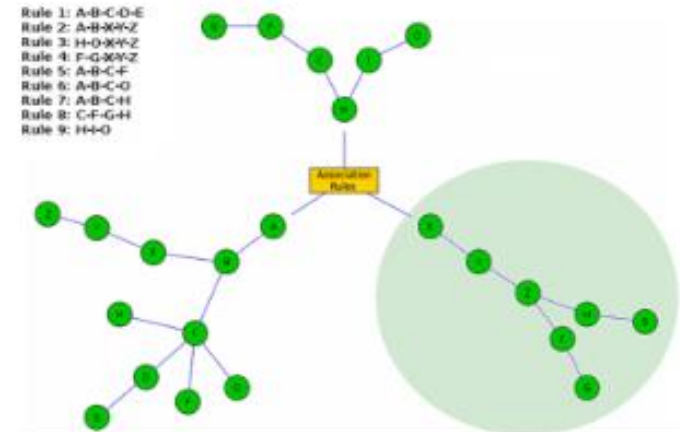
<sup>©</sup> These authors contributed equally to this work.

\* [sharmila.mande@tcs.com](mailto:sharmila.mande@tcs.com)

PLoS ONE (2016)



Rule 1: A-B-C-D-E  
 Rule 2: A-B-X-Y-Z  
 Rule 3: H-O-X-Y-Z  
 Rule 4: F-G-X-Y-Z  
 Rule 5: A-B-C-F  
 Rule 6: A-B-C-O  
 Rule 7: A-B-C-H  
 Rule 8: C-F-G-H  
 Rule 9: H-H-O



Une autre façon d'étudier les réseaux microbiens : ARM

## Inferring Intra-Community Microbial Interaction Patterns from Metagenomic Datasets Using Associative Rule Mining Techniques

Disha Tandon<sup>©</sup>, Mohammed Monzoorul Haque<sup>©</sup>, Sharmila S. Mande<sup>\*</sup>

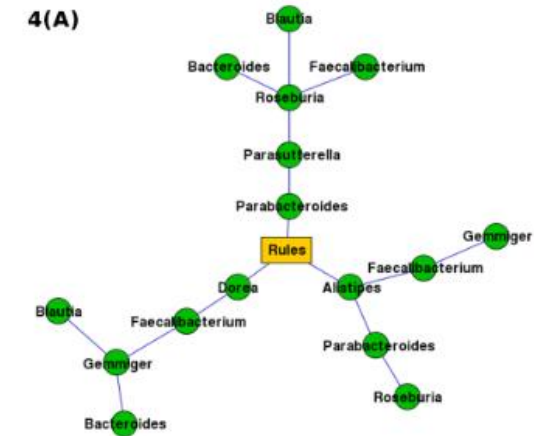
Bio-Sciences R&D Division, TCS Research, Tata Consultancy Services Limited, 54-B, Hadapsar Industrial Estate, Pune 411013, Maharashtra, India

<sup>©</sup> These authors contributed equally to this work.

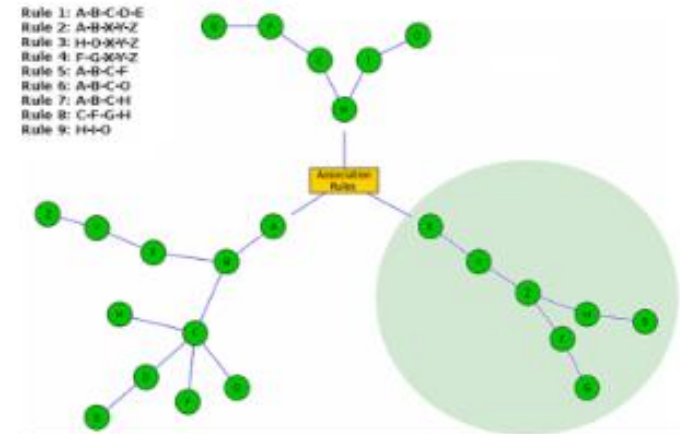
<sup>\*</sup> [sharmila.mande@tcs.com](mailto:sharmila.mande@tcs.com)

PLoS ONE (2016)

Intéressant sur le papier mais ne marche pas



Rule 1: A-B-C-D-E  
Rule 2: A-B-X-Y-Z  
Rule 3: H-O-X-Y-Z  
Rule 4: F-G-X-Y-Z  
Rule 5: A-B-C-F  
Rule 6: A-B-C-O  
Rule 7: A-B-C-H  
Rule 8: C-F-G-H  
Rule 9: H-H-O



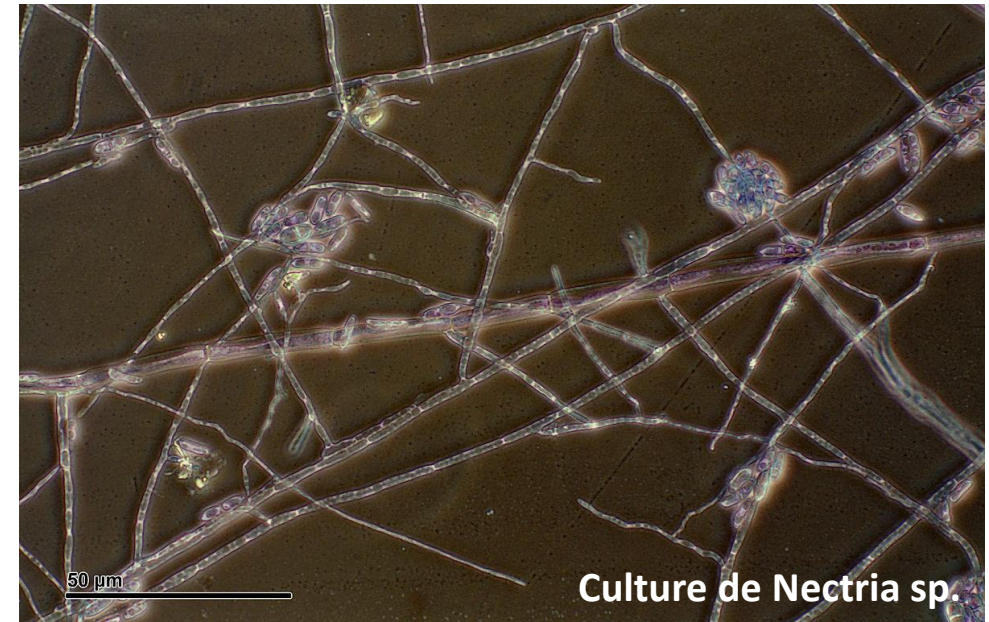


## On sait que :

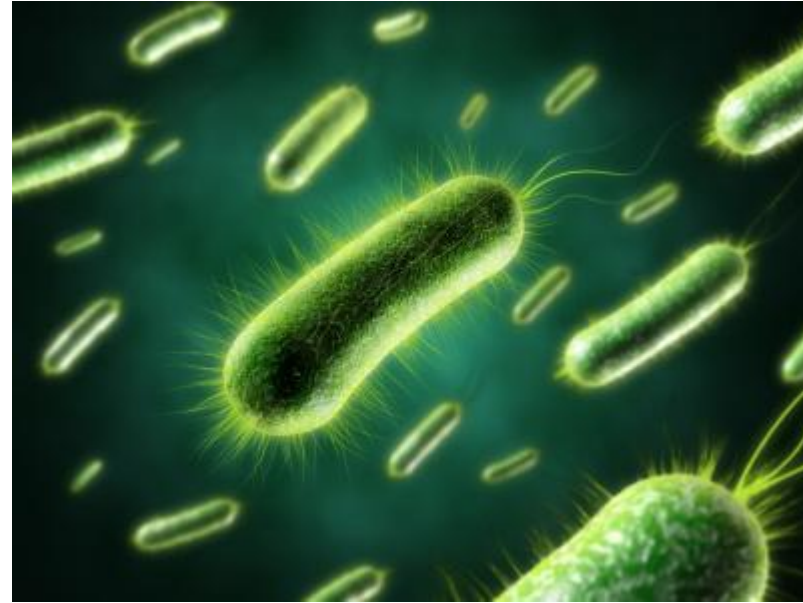
- Les rotations de culture influencent la structure des communautés fongiques
- Le canola a bien un core-microbiome
- Les taxons *Nectria* sp. et *Ulocladium* sp. sont significativement plus corrélés aux autres champignons du microbiome que les autres ( $P = 0,026$  et  $p = 0,048$ )

## Mais :

- Nos trois sites sont-ils représentatifs de tous les environnements dans lequel pousse le canola ? (probablement pas)
- Réseaux complexes dont les interactions sont difficiles à interpréter







Qu'en est-il des bactéries ? Des archaee ?  
Des protozoaires ? Ou même des virus ?



**Je vous remercie de votre attention.**

