



Cogne Yannick

CEA-Marcoule Li2D & plateforme IBISA ProGénoMix,
Bagnols-sur-Cèze

Bioinformatique et protéomique, une alliance à haute valeur ajoutée pour mieux explorer la variabilité biologique intra-population et inter-espèces

Les animaux sentinelles sont largement utilisés pour surveiller la qualité de notre environnement. Nous avons exploré la réponse des gammarides d'eau douce aux polluants biodisponibles par protéogénomique. Pour explorer la biodiversité moléculaire de ces animaux, nous avons mesuré par une approche shotgun sans marquage l'abondance de leurs protéines chez 164 individus représentant 7 groupes taxonomiques. Nous avons également séquencé le transcriptome d'un mâle et d'une femelle de chacun de ces 7 groupes. Un tel jeu de données multi-omiques ne peut être pleinement exploité qu'avec des outils informatiques spécifiquement développés, notamment pour les organismes vivants dont on ne connaît pas encore le génome.

Nous avons exploré différentes stratégies pour améliorer l'assemblage des données de séquençage en se basant sur le nombre de spectres MS/MS assignés comme paramètre. Nous avons aussi optimisé la construction de la base de données de séquences de protéines dérivées de la traduction des transcriptomes assemblés. Après interprétation des données protéomiques, deux populations de *Gammarus pulex* ont été comparées afin de caractériser la divergence protéomique intra-population induite par le site de prélèvement, l'un des sites étant contaminé par du cadmium, l'autre servant de référence non contaminée. Nous avons observé que la variabilité protéomique intra-population de *G. pulex* exposé à long terme était plus élevée par rapport à la population non contaminée. Ces résultats montrent que prendre en compte la variabilité de la cohorte d'échantillons est important pour mieux définir les acteurs moléculaires induits dans une condition spécifique dans une approche protéomique comparative à très large échelle.

References

- [1] Gouveia D et al. (2019) Ecotoxicoproteomics: A decade of progress in our understanding of anthropogenic impact on the environment. *J Proteomics* 198:66-77
- [2] Cogne et al. (2019a) De novo transcriptome assemblies of 14 gammarids individuals for proteogenomic analysis of 7 different taxonomical groups. *Nature Scientific Data*, en révision.
- [3] Cogne et al. (2019b) Comparative proteomics in the wild: accounting for intrapopulation variability improves describing proteome response in a *Gammarus pulex* field population exposed to metallic contamination. *Aquatic toxicology*, en révision.