

Analyse du microbiote avec la technologie Nanopore : jusqu'à quel point l'identification à l'espèce est-elle réellement possible ?

Fanie Shedleur-Bourguignon; William P Thériault;
Alexandre Thibodeau

CHAIRE DE RECHERCHE EN
SALUBRITÉ DES VIANDES



Université 
de Montréal

9 avril 2026

Séquençage du microbiote par amplicon 16S

- L'analyse du microbiote est aujourd'hui courante
- Amplicon 16S, Illumina, technologie la plus utilisée



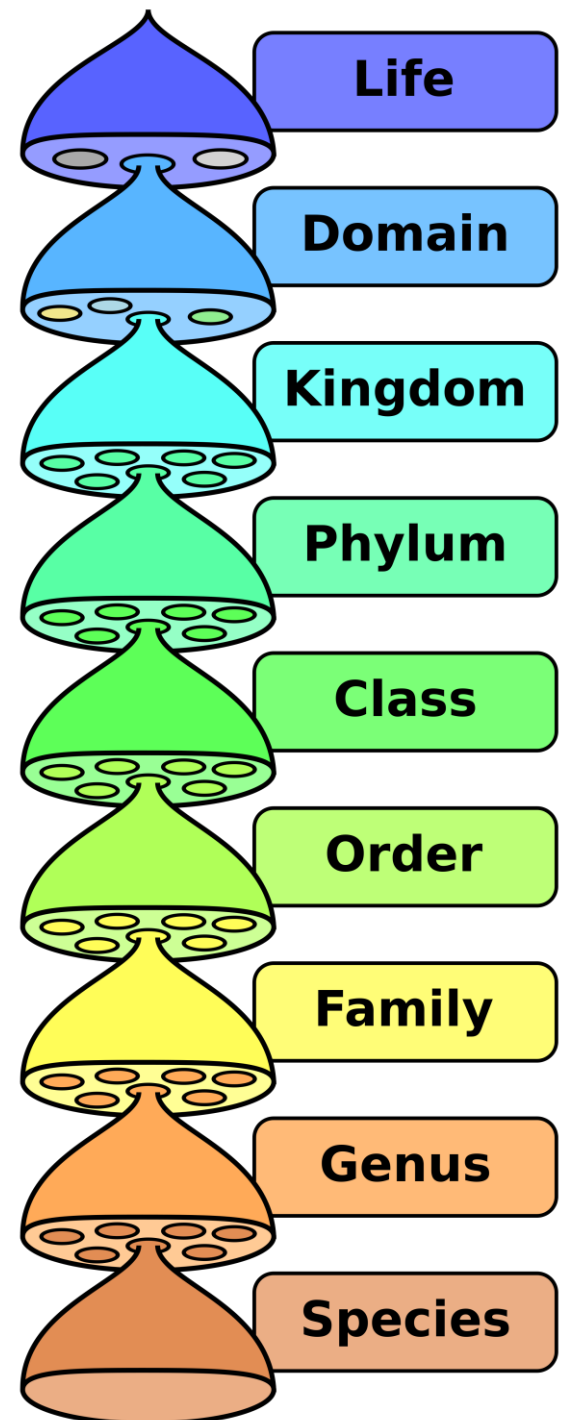
CONSERVED REGIONS: unspecific applications

VARIABLE REGIONS: group or species-specific applications



16S par amplicon « défis »

- Régions: V3V4 ou V4 = pipelines différents
- Différentes exp devraient être analysées ensemble
- ASV ou OTU ?
- **Limité au genre**
 - Frustrant!



Microbiote: 16S complet

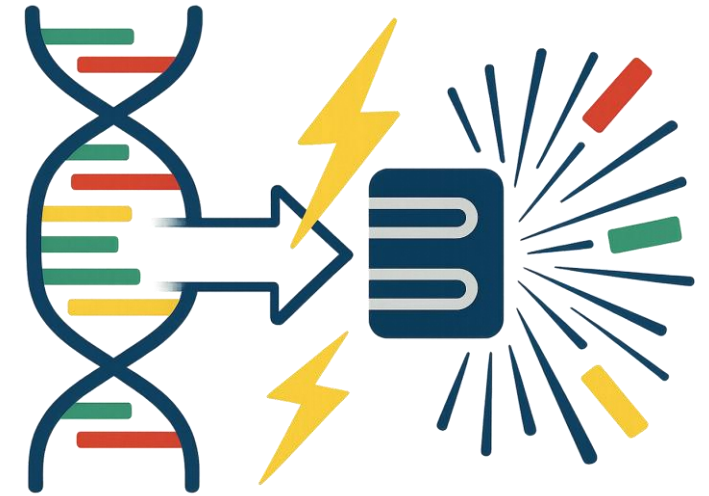
Avantages et défis

- Avantages

- Full 16S → au labo de diagnostic déjà utilisé
 - Techniquement assez pour « l'espèce »
- Nanopore ou PacBio
 - Nanopore: délocalisation au champ, « abordable »

- Défis(Nanopore)

- Taux d'erreur élevé, même avec nouvelle chimie
- Erreur = augmente artificiellement la richesse = plus de capacité info
- Séquences longues = nécessite plus de capacité informatique
- **Pipelines classiques 16S inapproprié**



Source: Copilot AI slop

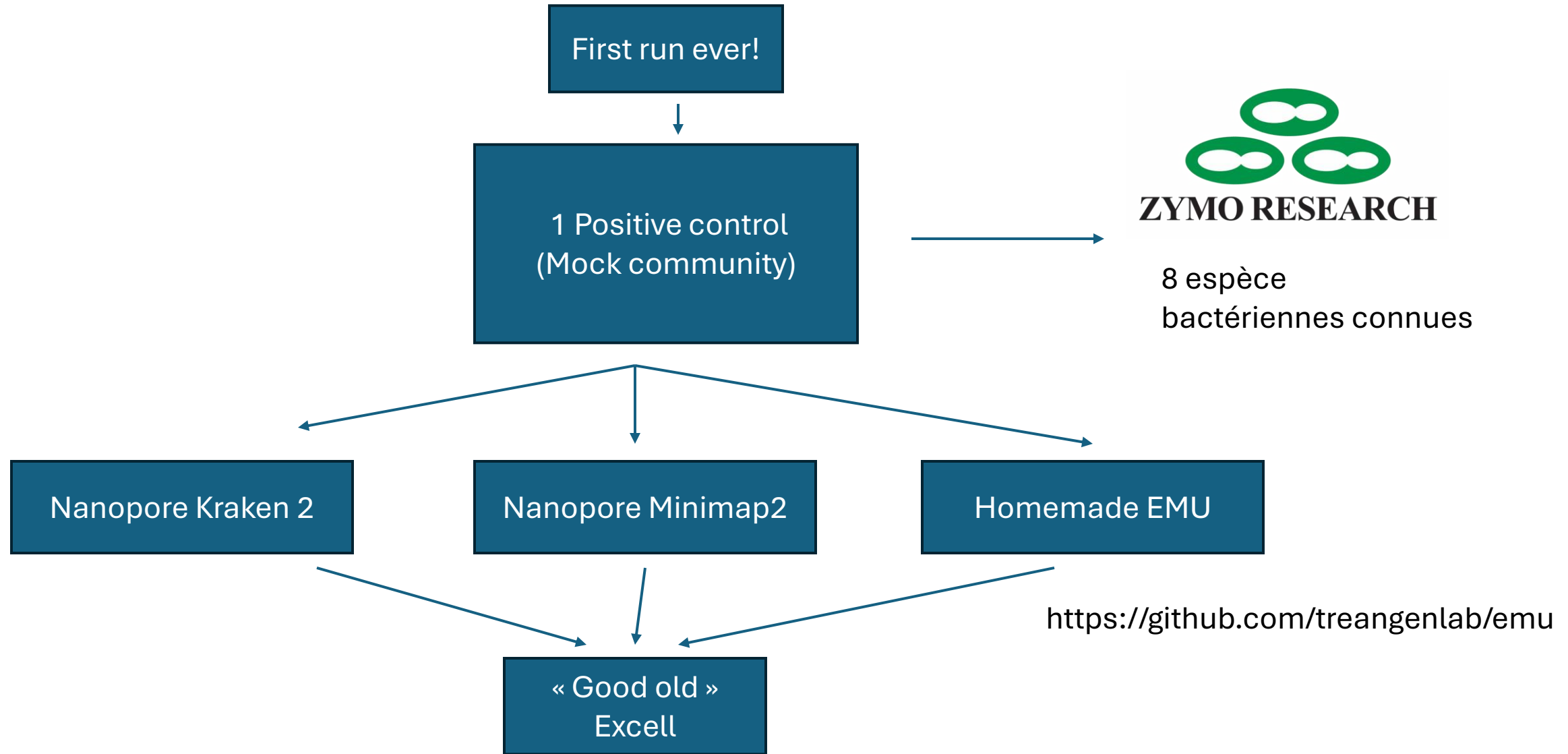
Nanopore outils

- Des outils existent
 - Pas de consensus sur lequel utilisé
- Nanopore fournit des Workflows
 - Faciles à utiliser
 - Environnement graphique intuitif
 - Windows
 - Quelques options d'analyses disponibles
 - Atouts certains pour confiance aveugle
 - Personnellement, le premier outil que j'ai utilisé
 - Heureusement que j'avais un contrôle positif!
 - Qui m'a poussé vers d'autres solutions



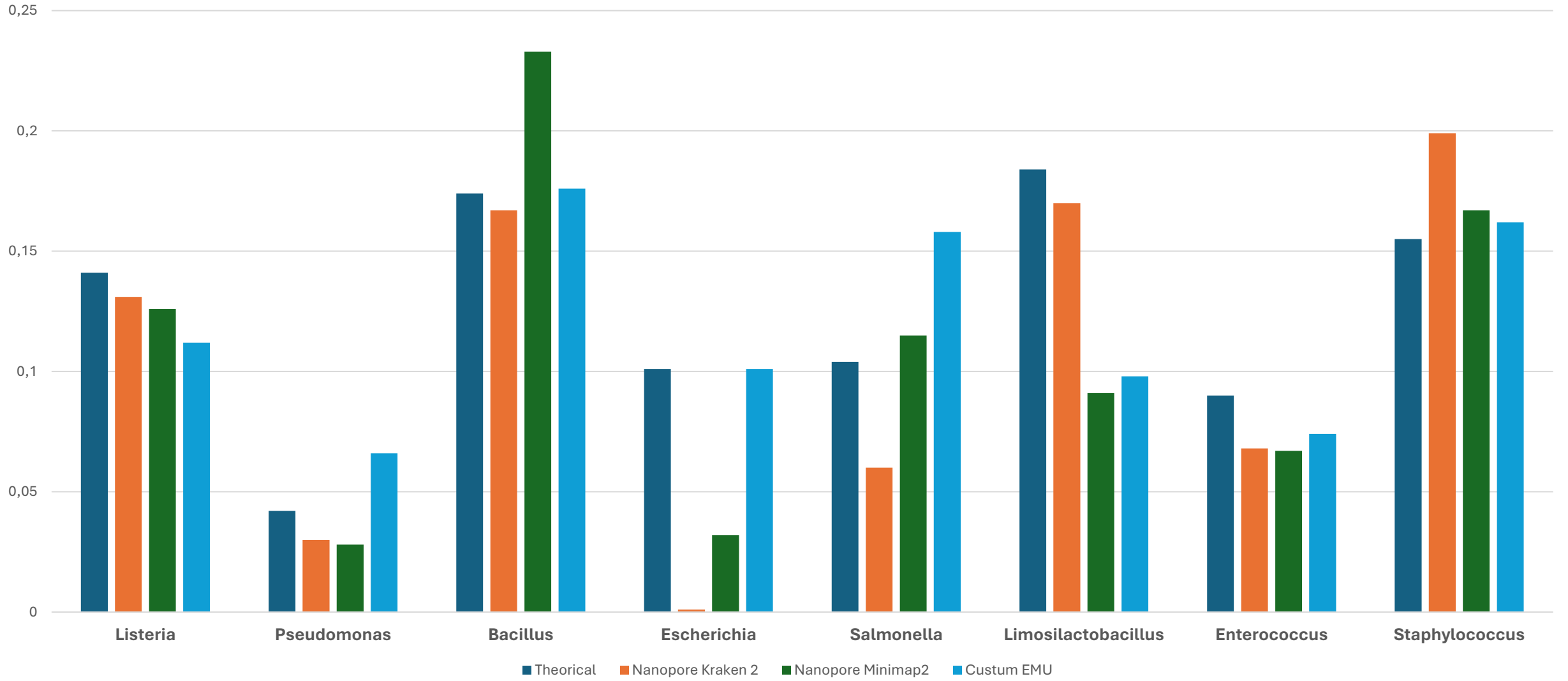
Source: Copilot

Study methodology/story

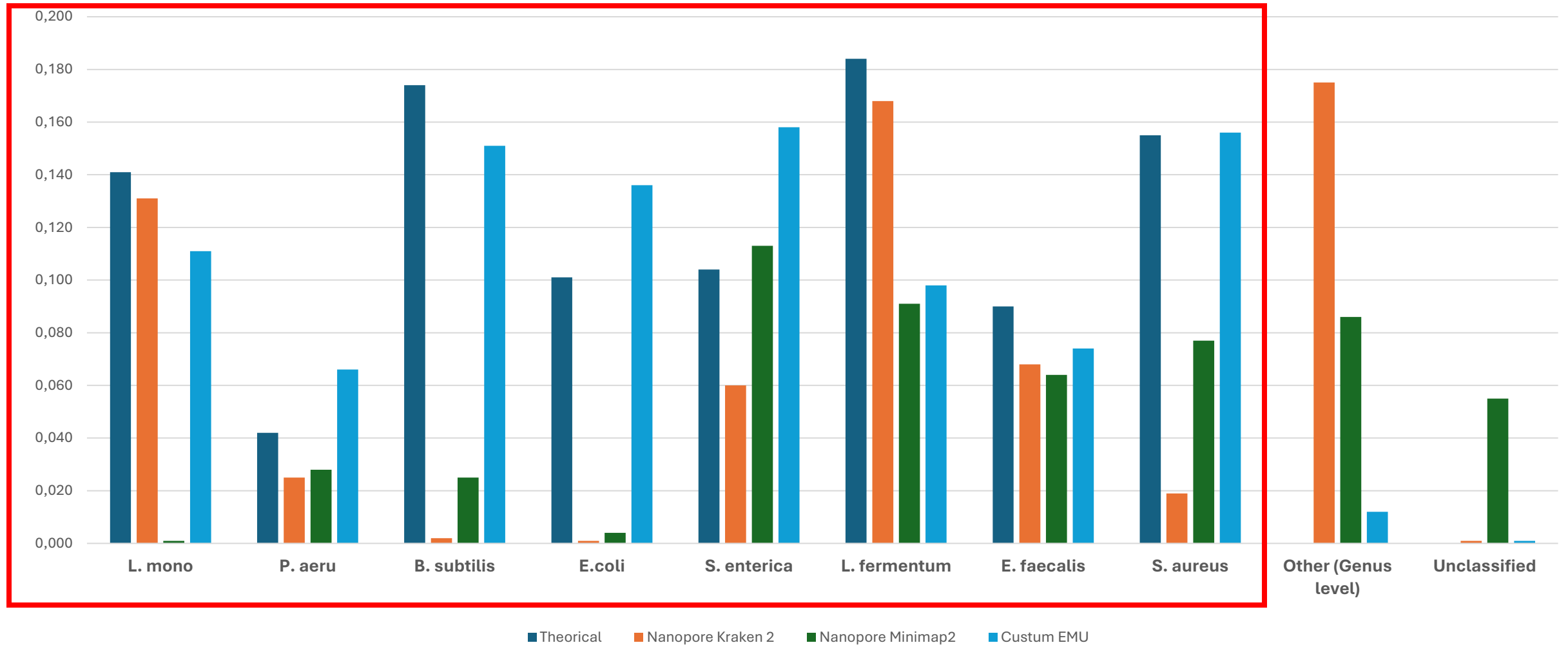


Nanopore outils= ok

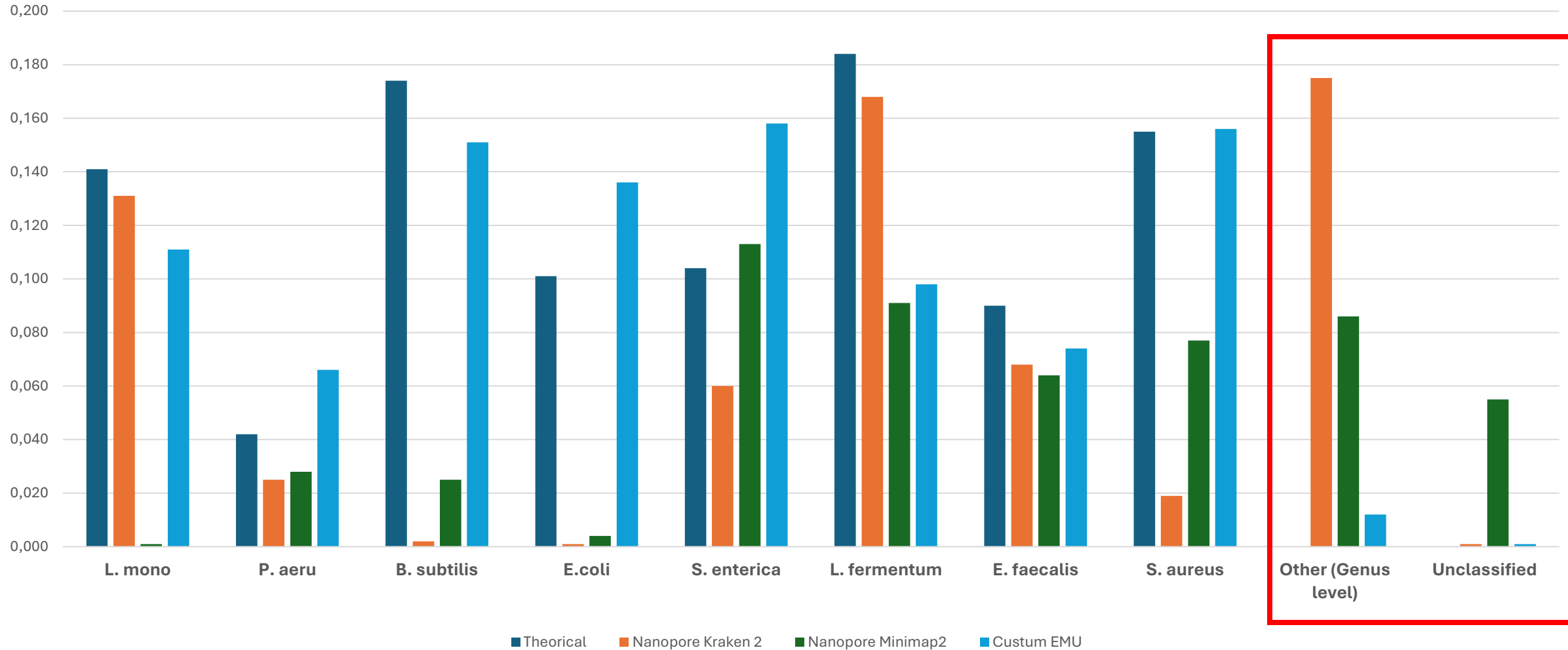
analyse au **genre** (abondance relative)



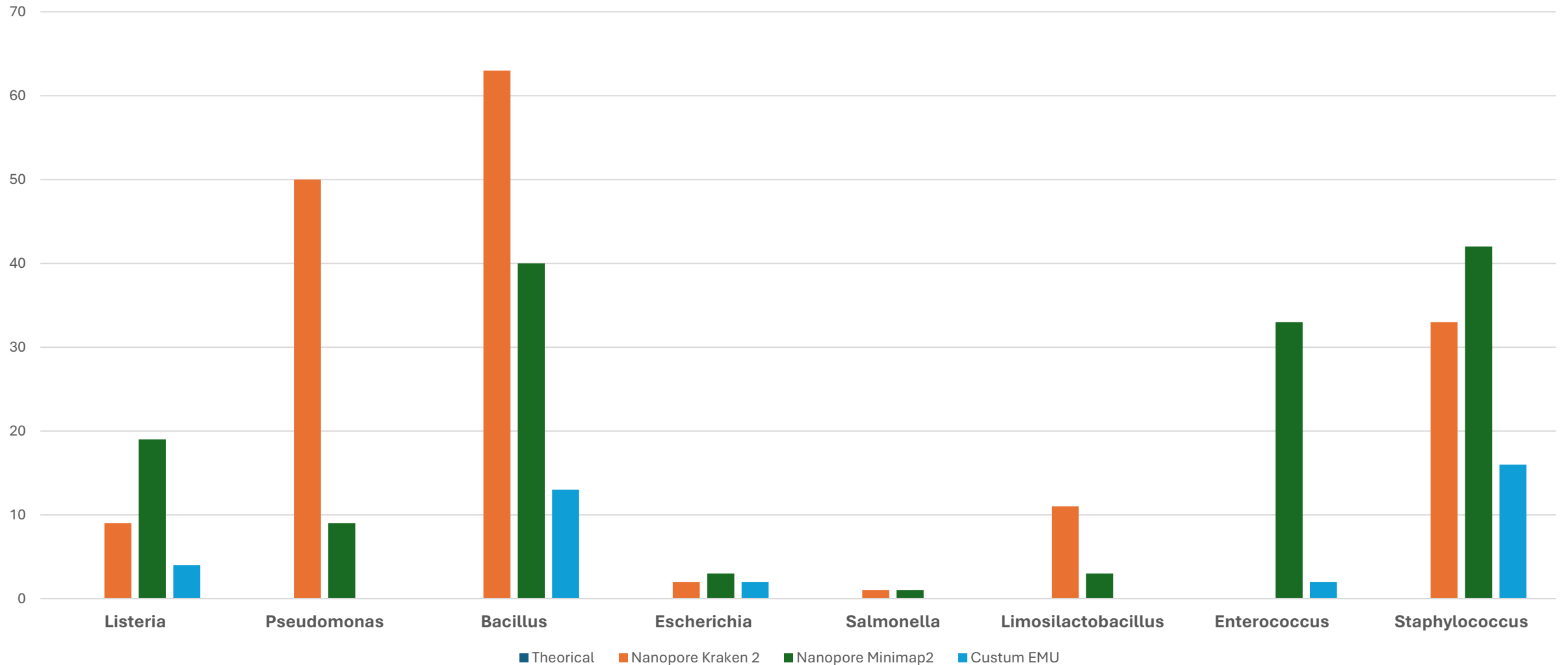
Nanopore outils pas ok: **analyse à l'espèce** (abondance relative)



Nanopore outils pas ok: analyse à l'espèce (abondance relative)



Nanopore outils pas ok: **autres espèces** identifiées (nombre de)



Article | Published: 30 June 2022

Emu: species-level microbial community profiling of full-length 16S rRNA Oxford Nanopore sequencing data

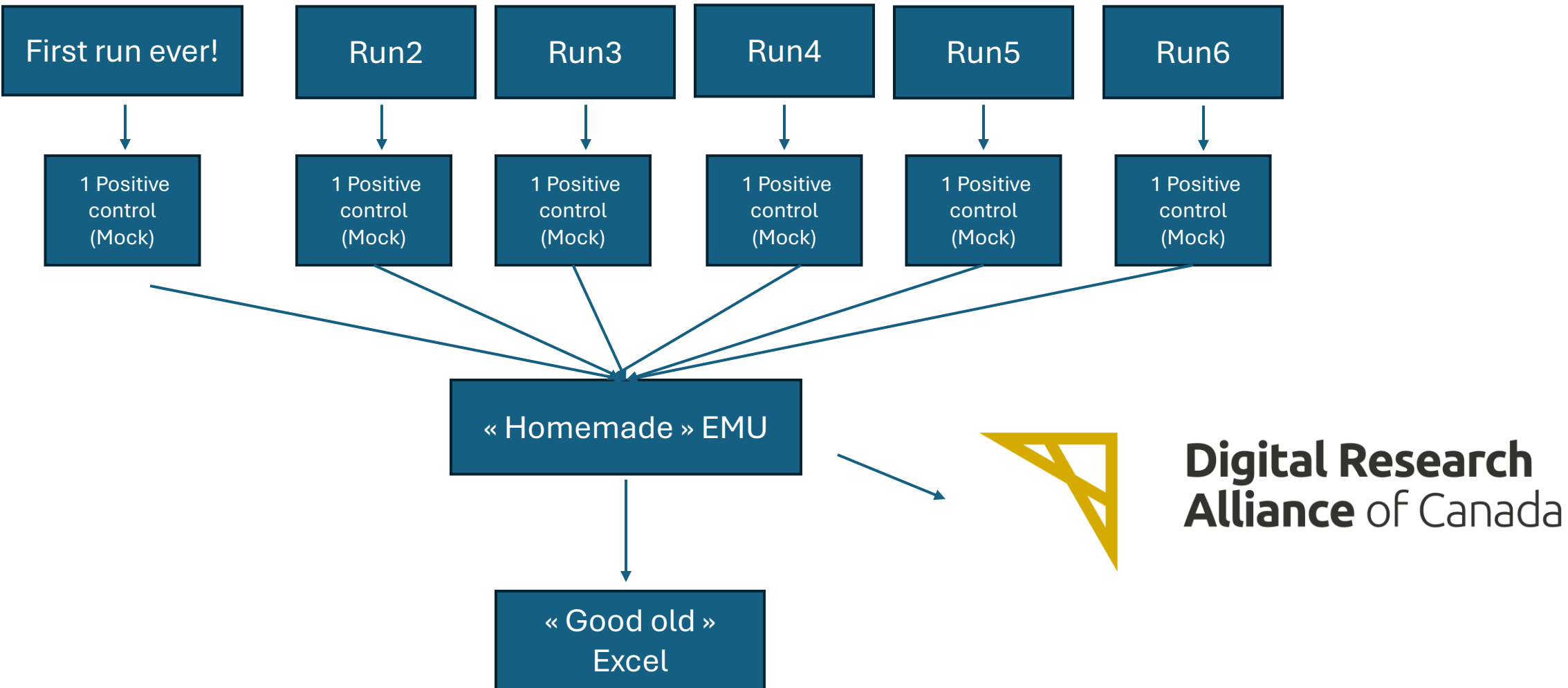
[Kristen D. Curry](#) , [Qi Wang](#), [Michael G. Nute](#), [Alona Tyshaieva](#), [Elizabeth Reeves](#), [Sirena Soriano](#), [Qinglong Wu](#), [Enid Graeber](#), [Patrick Finzer](#), [Werner Mendling](#), [Tor Savidge](#), [Sonia Villapol](#), [Alexander Dilthey](#)  & [Todd J. Treangen](#) 

Nature Methods **19**, 845–853 (2022) | [Cite this article](#)

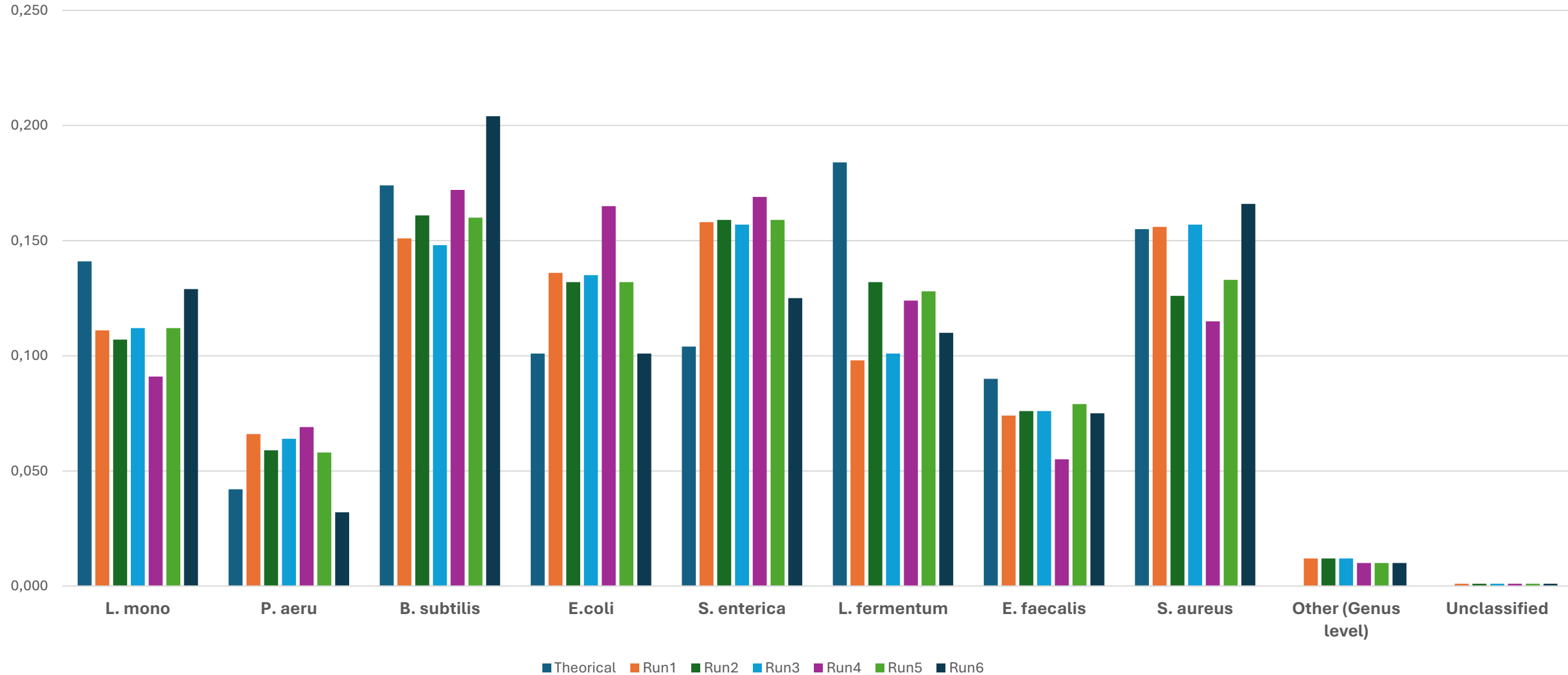
20k Accesses | **336** Citations | **162** Altmetric | [Metrics](#)



Méthode



Résultats d'expériences différentes pas égaux: mais globalement pas si pire! (abondance relative)



Messages à retenir?

- Outils au genre = équivalents
 - Attention: mauvaise identification peu être contamination
- Analyse à l'espèce, peut importe l'outil et la technique, attention!
 - **Contrôles positifs!!!**
 - Et négatif
- Nanopore 16S complet: pas parfait, mais quand même très bien
 - Attention surtout aux espèces à faible abondance: réalité ou fiction?
- **Dans tous les cas, VALIDER VOS ANALYSES!**
- Communauté artificielle commerciale intéressante, mais peu d'espèce
 - Valider votre espèce préférée!
 - Solution: contrôle commercial modifiée selon but de l'expérience
- Attention aux papiers de microbiote sans contrôles... ou analysés à l'espèce avec le workflow Nanopore par défaut.