Merci à tous !

Colloque Doc'J 2024

Livret des abstracts

16 mai 2024 – Jouy-en-Josas

Abstract n°1

Thanh-Julie Nguyen[1]

[1]Dynenvie – MaIAGE

Impact des pesticides sur les pollinisateurs sauvages

Mots-clés : Pesticides, Pollinisateurs Sauvages, Contexte Paysagers, Impacts

En Europe, une espèce sur dix d'abeilles et de papillons sont menacées et les populations diminuent pour 37% des abeilles et 31% des papillons. Parmi les facteurs de déclin des populations de pollinisateurs sauvages, l'usage massif de pesticide en fait partie. Si l'effet néfaste de ces pesticides a été démontré pour l'abeille domestique, il est encore compliqué de comprendre les effets sur les pollinisateurs sauvages, dans la mesure où il y a une grande diversité de régimes, de modes de vie, de taille au sein de ces différents groupes.

La composition et la structure des paysages peuvent modifier l'exposition des pollinisateurs sauvages aux pesticides soit par des effets barrières ou par amplification dans le cas de paysages avec peu de ressources florales. Une question qui se pose alors est de savoir quel est l'impact des pesticides sur ces pollinisateurs sauvages, et dans quelle mesure les éléments du paysage peuvent diminuer ou augmenter ces effets. L'objectif de ma thèse est donc double : identifier les variables paysagères affectant l'exposition et l'impact des pesticides sur les pollinisateurs sauvages afin de répondre aux manques de connaissances actuelles. Le résultat de mon travail sera de comprendre les relations entre la diversité et l'abondance des espèces de pollinisateurs sauvages et l'exposition aux pesticides, mettre en évidence des variations dans la sensibilité des différentes espèces de pollinisateurs aux pesticides, et d'évaluer l'impact du contexte paysager sur la présence de pesticides et leur effet sur les populations de pollinisateurs sauvages.

Identifiants thématiques

- Microorganismes, Santé & Environnement
- Sciences Animales, Diversité, Adaptation & Santé

Remerciements

Merci aux organisateurs :
Laura OBRY (BaPS – Micalis)
Léa WAGNER (SyBER – Micalis)
Delphine POLVE (FInE – Micalis)
Marie STOSSKOPF (PIMs – Micalis)
Ronan SOUDY (ProbiHote – Micalis)
Constance PATIN (PhylHom – Micalis)
Armand BERNARD (Cosynus – Micalis)
Matthieu BERTRAND (EpiMic – Micalis)
Amrita RAJA-RAVI-SHANKAR (MECP2 – BREED)

Merci aux soutiens financiers :
La Présidence de Centre et son équipe : Nathalie TOUZE, Isabelle FOUCADE, Nadine ROGER, Anne LAGUILLEZ, Sylvie INIZAN
La DESSE
L'unité MTS (Médicaments et Technologies pour la Santé)

Merci aux soutiens logistiques :
Valérie DAVANT pour la communication et la charte graphique de Doc'J
Véronique MARRACCI pour les badges et les goodies
Fabienne DUCLUZEAU pour l'impression des posters
L'ADAS (Stéphane GAUBERT) pour le prêt de grilles de poster

Poster n°9

Giovany RUBIO[1]

[1]PROSE

Exploration de la dynamique microbienne basée sur la théorie thermocinétique de l'état de transition microbien

Mots-clés : Croissance microbienne, modélisation thermocinétique, levure oléagineuse, facteurs environnementaux.

La théorie de d'état de transition microbien (ETM), employant une approche thermocinétique ancrée dans la physique statistique, établit un lien entre la cinétique de croissance et le bilan énergétique du métabolisme cellulaire (Desmond-Le Quéméner & Bouchez, 2014). Ce modèle a fait ses preuves dans la simulation de communautés microbiennes et de cultures pures (Delattre et al., 2019).
Une exploration plus approfondie de la théorie ETM est essentielle pour comprendre l'impact des conditions environnementales (comme la température, le pH, la salinité) sur la dynamique de croissance. Il est possible d'appliquer les premiers principes de la thermodynamique de non-équilibre pour intégrer de manière prédictive l'effet de ces paramètres dans le modèle ETM.
La levure oléagineuse *Yarrowia lipolytica*, qui a montré son potentiel pour de multiples applications industrielles, est utilisée pour réaliser des cultures microbiennes dans différentes conditions environnementales afin d'étudier le taux de croissance. Les recherches en cours se concentrent sur l'étude de la dynamique de croissance microbienne en microplaques. La prochaine phase de cette étude sera axée sur l'avancement du modèle ETM.

Identifiant thématique

- Microorganismes, Santé & Environnement
- Sciences du Numérique & Modélisation des Systèmes

Abstract n°2

Gabriel Costa Monteiro Moreira[1], Hélène Kiefer[1], Hélène Jammes[1]
[1]MECP2 – BREED

Les processus épigénétiques d'adaptation chez les ruminants

Mots-clés : Épigénétique, Ruminants, Système immunitaire, Méthylation de l'ADN, Annotation fonctionnelle

Il y a une demande croissante pour produire des aliments plus sains en utilisant moins de ressources naturelles, en réduisant l'impact environnemental et en préservant la biodiversité. Il est donc essentiel de comprendre la base moléculaire des interactions entre le génotype et l'environnement dans l'expression des phénotypes. Les processus épigénétiques sont d'une grande importance dans la détermination des phénotypes et servent également de mémoire du vécu de l'animal. En appliquant et en intégrant des technologies de pointe et des tests épigénétiques (ex : des tests de profilage de la méthylation de l'ADN, de la chromatine ouverte et des marques d'histone), nous travaillons à l'identification de biomarqueurs pour diagnostiquer la santé et les performances individuelles. En étudiant l'épigénome des vaches laitières exposées à des températures contrastées (conditions de stress thermique), nous avons mis en évidence des variations de méthylation de l'ADN induites par le stress thermique qui peuvent affecter le système immunitaire du bétail. En établissant le profil du méthylome des cellules immunitaires du sang bovin et à l'aide d'annotation fonctionnelle, nous avons mis en évidence des régions régulatrices spécifiques à un sous-type de cellule (ex : des activateurs) qui peuvent réguler l'expression d'un gène connu pour jouer un rôle dans la réponse de l'hôte à l'infection et dans l'homéostasie du système immunitaire. Les biomarqueurs sélectionnés alimenteront également un outil d'épigénotypage en cours de développement (https://rumigen.eu), qui permet un génotypage à grande échelle/grande cohorte. En combinant tous les outils et les connaissances, notre recherche contribuera à mieux comprendre la fonction du génome sur l'adaptation des ruminants aux différents environnements.

Identifiant thématique

- Sciences Animales, Diversité, Adaptation & Santé

Abstract n°3

Henri Lagarde[1], Pauline Martin[1], Didier Boichard[1]

[1]G2B – GABI

Concevoir des programmes de sélection bovins de rupture accompagnant l'évolution du secteur a un horizon 20 ans

Mots-clés : Génétique, systèmes d'élevage bovins, prévision

Les filières bovines françaises allaitantes et laitières devront faire face à de nombreux défis d'ici 20 ans. On peut citer de façon non exhaustive la diminution de la consommation de viande bovine, la volatilité du coût des intrants, l'augmentation de la température, la sensibilité des cultures fourragères au déficit hydrique, les possibles futures règlementations ciblant la production de méthane par les bovins, l'émergence de pathogènes et la diminution du nombre d'éleveurs. L'amélioration génétique par sélection est l'un des leviers d'adaptation à ces changements.

Ce post-doctorat est organisé en deux temps. Dans un premier temps, il consistera en l'animation d'un groupe d'experts interdisciplinaire sur la filière bovine, afin de déterminer les scénarii d'évolution de l'élevage bovin d'ici 20 ans en France ainsi que la génétique bovine adaptée qui y serait associée. Des liens seront également établis avec des initiatives comparables, au niveau scientifique ou professionnels. Dans un deuxième temps, l'objectif sera de déterminer par simulation les schémas de sélection optimaux permettant de produire cette génétique bovine.

Les travaux menés dans ce post-doctorat feront l'objet d'un rapport prospectif sur l'évolution de l'élevage bovin français d'ici 20 ans, alimenteront en partie le groupe de travail bi-départemental GA et PHASE sur « L'expérimentation pour coconcevoir et évaluer des systèmes d'élevages bovins durables » et seront valorisés dans l'écriture d'articles scientifiques.

Ce post-doctorat d'une durée de 3,5 ans est financé par le PEPR agroécologie et numérique dans le cadre du projet CoBreeding.

Identifiant thématique

- Sciences Animales, Diversité, Adaptation & Santé

Poster n°8

Mélanie Mathis[1], Maria Ciobanu, Chrystelle Bureau, Angeline Guenne, Ludwig Jardillier, Ariane Bize

[1]PROSE

Identification des virus d'archées méthanogènes au sein de digesteurs anaérobies par une approche de tri des cellules d'archées par cytométrie en flux

Mots-clés : Archées méthanogènes, Cytochrome F420, Cytométrie en flux, Provirus, Séquençage Nanopore

Les virus d'archées jouent un rôle fondamental dans l'écologie microbienne en influençant les processus biologiques, en affectant et en régulant directement les communautés archéennes. Cependant, à ce jour, seuls une dizaine de virus d'archées méthanogènes ont été isolés et partiellement caractérisés. Les archées méthanogènes se développent au sein de nombreux biotopes anaérobies et sont distribuées dans dix ordres distincts, présentant ainsi une grande diversité phylogénique. Elles jouent un rôle majeur dans le cycle biochimique du carbone *via* la production de méthane. De plus, elles sont impliquées dans la méthanisation des biodéchets, un procédé essentiel pour la transition écologique. Connaître et mieux comprendre leurs virus présente donc un double intérêt, à la fois fondamental et appliqué. Mon projet de stage vise à identifier les provirus ou virus des archées méthanogènes au sein de digesteurs anaérobies, afin de caractériser leur diversité. Pour cela, un tri des cellules d'archées méthanogènes par cytométrie en flux sera réalisé en collaboration avec IDEEV DEEM, et suivi d'un séquençage de l'ADN extrait et amplifié à partir des cellules triées, avec la technologie Oxford Nanopore. Ce tri repose sur la présence du cytochrome F420 des archées méthanogènes, qui est autofluorescent sous sa forme oxydée, et plus particulièrement abondant chez les archées méthanogènes hydrogénotrophes. Les séquences obtenues permettront de réaliser une analyse génomique. Différents outils bioinformatiques seront employés pour détecter les séquences virales au sein de métagénomes et prédire leurs hôtes. Le contenu fonctionnel des virus sera ensuite étudié, en particulier pour rechercher la présence de gènes auxiliaires métaboliques.

Identifiant thématique

- Microorganismes, Santé & Environnement

Poster n°7

Delphine Polvé[1], Sandy Ribes, Claudia Bevilacqua, Florence Castelli, Céline Henry, Julie Cadiou, Nicolas Lapaque, Véronique Douard, Pierre Larraufie
[1]FInE – Micalis

Modulation des cellules entéroendocrines par le microbiote intestinal

Mots-clés : Microbiote intestinal, hormones intestinales, cellules entéroendocrines

Les cellules entéro-endocrines (CEE) sont des acteurs clés de l'épithélium intestinal en raison de leur capacité à produire et à sécréter des hormones intestinales en réponse aux changements dans leur environnement. Ces hormones jouent un rôle crucial dans le métabolisme énergétique, la digestion et le transit intestinal, qui sont des fonctions altérées dans de nombreuses pathologies et également associées à un déséquilibre du microbiote intestinal. On peut distinguer différentes populations de CEE le long du tube digestif, liées aux variations de l'environnement microbien. Un lien étroit entre le microbiote intestinal et les CEE est mis en évidence par la dérégulation de la circulation sanguine aux niveaux circulatoires de certaines hormones intestinales chez les souris axéniques.
Pour comprendre le rôle du microbiote dans la régulation des CEE, des souris dont le microbiote n'a pas été modifié ont été comparées à des souris traitées avec des antibiotiques à large spectre. La présence de microbiote a entraîné une diminution significative des niveaux de GLP-1 circulants, ainsi que des changements dans l'expression génétique de certaines hormones intestinales dans des régions intestinales spécifiques. Pour distinguer la réponse spécifique des CEE, ces cellules ont été triées en utilisant des souris exprimant une protéine fluorescente dans les CEE. Outre les variations de l'expression des gènes codant pour les hormones intestinales, une analyse transcriptomique a révélé des altérations du métabolisme énergétique de ces cellules, en particulier de la phosphorylation oxydative par le microbiote intestinal. Ces observations suggèrent qu'au-delà des mécanismes connus, la régulation métabolique intrinsèque des CEE pourrait avoir un impact sur leurs fonctions, ouvrant ainsi la voie à de nouvelles stratégies de régulation de leurs fonctions.

Identifiant thématique

- Microorganismes, Santé & Environnement
- Sciences Animales, Diversité, Adaptation & Santé

Abstract n°4

Solène Fresco[1]

[1]G2B – GABI

Peut-on sélectionner génétiquement des vaches laitières produisant moins de méthane ?

Mots-clés : Méthane, Génétique, Vaches laitières, Prédictions

La capacité des bovins à valoriser les fourrages constitue un grand avantage. Cependant, en dégradant les composés végétaux consommés par les vaches, les microorganismes ruminaux produisent du méthane. Le méthane étant un gaz à effet de serre hautement contributeur du changement climatique, l'agriculture, et en particulier l'élevage bovin, est souvent pointée du doigt concernant les émissions de méthane d'origine entérique. Cependant, il a été montré qu'à production laitière et consommation alimentaire égales, certaines vaches produisent moins de méthane que d'autres, révélant un potentiel pour sélectionner les animaux les moins émetteurs. La sélection génétique et génomique de vaches faiblement émettrices constitue donc une stratégie d'atténuation contre le changement climatique.

La mise en place d'une telle sélection nécessite des mesures assez précises et en grand nombre, mais les outils de mesure directe disponible à ce jour ne le permettent pas. Plusieurs outils de mesure indirecte ont été développés, en particulier des équations de prédiction des émissions de méthane à partir des spectres moyen infrarouge (MIR) du lait. Cela repose sur la fermentation ruminale, qui influence à la fois la production des acides gras que l'on retrouve dans le lait (et donc dans le spectre MIR) et la production du méthane.

Ces équations peuvent ensuite être appliquées aux spectres MIR collecté en routines pour les vaches au contrôle laitier, permettant de fournir un très grand nombre de phénotypes. Grâce à eux, il est alors possible d'étudier le déterminisme génétique des émissions de méthane et de développer une évaluation génétique permettant d'identifier les animaux les moins émetteurs.

Identifiants thématiques

- Sciences Animales, Diversité, Adaptation & Santé
- Agroécosystèmes & Environnement

Abstract n°5

Dylan Saunier[1], Eric Venot[1], Estelle Rathahao-Paris[1]

[1]Département Médicaments et Technologies pour la Santé (DMTS) – CEA - INRAE

Recherche automatique de marqueurs d'exposition aux contaminants chimiques alimentaires dans des matrices biologiques périnatales pour caractériser l'exposome chimique

Mots-clés : Bio-informatique, Chimie, Exposome

La détection et la caractérisation de xénobiotiques ou des marqueurs d'exposition au sein de matrices complexes constituent un enjeu majeur en chimie analytique. Le développement d'outils analytiques de plus en plus sensibles tels que la chromatographie liquide couplée à la spectrométrie de masse à haute résolution (LC-HRMS) a permis la détection d'un grand nombre de composés par analyse. Cependant l'augmentation résultante de données produites dans le cadre de projets toujours plus ambitieux rend cet exercice impossible à effectuer manuellement.

Ainsi, au sein de notre laboratoire, nous travaillons sur des approches automatisées de traitement de données par suspect screening et non ciblée.

La première consiste à rechercher des marqueurs d'expositions à partir d'une liste prédéfinie de composés chimiques en passant par la prédiction *in-silico* de leurs métabolites et la génération de leur signaux détectables en spectrométrie de masse.

L'approche non ciblée vise à extraire des signaux répondant à des critères assurant leur fiabilité ainsi que des caractéristiques de xénobiotiques, elle consiste à appliquer différents filtres pour identifier des clusters de signaux correspondant à la présence d'isotopes spécifiques (C,Cl,Br,S) et/ou de biotransformations connues (glucuronidation, sulfatation, conjugaison au glutathion) ainsi qu'à sélectionner les signaux en fonction de leurs fréquences de présences sur plusieurs échantillons, et enfin des propositions d'annotations sont effectué sur la base de données Pubchem pour identifier les xénobiotiques possibles.

Identifiants thématiques

- Microorganismes, Santé & Environnement
- Sciences du Numérique & Modélisation des Systèmes

Poster n°6

Alexandre Lecomte[1], Aurélie Derre-Bobillot[1], Nicolas Trainel[2], Anne-Marie Cassard[2], Pascale Serror[1] and Cristel Archambaud

[1]CPE – Micalis, [2]INSERM (U996) Univeristé Paris-Saclay

Les adiposomes dans les hépatocytes favorisent la multiplication intracellulaire *d'Enterococcus faecalis*

Mots-clés : *Enterococcus faecalis*, hépatocytes, multiplication intracellulaire, adiposome

Enterococcus faecalis est un pathogène opportuniste à Gram positif responsable d'infections nosocomiales et communautaires. À ce jour, *E. faecalis* est également l'une des rares bactéries pour lesquelles un lien entre la prolifération intestinale et la gravité des lésions hépatiques liées à l'alcool a été démontré. La gravité et la mortalité de l'hépatite alcoolique sont compatibles avec la présence d'*E. faecalis* exprimant la cytolysine, une toxine capable de lyser les bactéries et les cellules. Dans le foie de la souris, *E. faecalis* est reconnu par les macrophages, ce qui entraîne une inflammation et des lésions hépatiques. Nous avons récemment montré *qu'E. faecalis* se multiplie et survit dans les hépatocytes. Ce mode de vie intracellulaire est associé à l'apparition de microcolonies intracellulaires, ce qui indique que les hépatocytes peuvent servir de niche à *E. faecalis*. Il reste à déterminer si le mode de vie intracellulaire d'*E. faecalis* dans les hépatocytes contribue aux lésions hépatiques. En combinant des modèles cellulaires d'infection, un criblage génétique bactérien, et des agents pharmacologiques pour moduler les voies de signalisation de l'hôte, nous avons identifié des candidats bactériens impliqués dans l'invasion ou la multiplication intracellulaire d'*E. faecalis* dans les hépatocytes. Nous avons également montré que les adiposomes favorisent la multiplication intracellulaire d'*E. faecalis* dans les hépatocytes. Enfin, nous avons identifié un régulateur transcriptionnel d'*E. faecalis* impliqué dans la régulation du niveau des gouttelettes lipidiques. Nous pensons que ces travaux permettront de mieux comprendre la contribution de la croissance intracellulaire d'*E. faecalis* aux lésions hépatiques.

Identifiant thématique

- Microorganismes, Santé & Environnement

Poster n°5

Lindsay Goulet, Florian Plaza Oñate, Pauline Barbet, Edi Prifti, Eugeni Belda, Emmanuelle Le Chatelier, Guillaume Gautreau
[1]IBS - MetaGenoPolis

CroCoDeEl : détection automatique de la cross-contamination dans les données métagénomiques

Les échantillons soumis au séquençage métagénomique peuvent être contaminés au cours des étapes de laboratoire par de l'ADN provenant d'une source externe (*i.e* : réactifs de laboratoire) ou d'autres échantillons traités simultanément (cross-contamination). Ces contaminations peuvent fausser les résultats et, si elles ne sont pas détectées, aboutir à des conclusions erronées. Bien qu'il s'agisse d'un problème critique, la cross-contamination reste peu étudiée. Quelques outils ont été mis au point, mais ils souffrent de nombreuses limites, notamment d'un manque de sensibilité.
En inspectant les profils d'abondance des espèces dans les échantillons de cohortes publiques, nous avons identifié des *patterns* spécifiques à cette contamination. Nous présentons ici CroCoDeEL, un outil qui recherche automatiquement ces *patterns* afin d'identifier les échantillons contaminés. CroCoDeEL s'appuie sur un modèle supervisé pré-entraîné avec des données semi-simulées. Notre approche ne nécessite pas de contrôles négatifs, fonctionne avec des échantillons apparentés (partage naturel de souches comme mère et enfant), discrimine les sources de contamination des échantillons contaminés et estime les taux de contamination.
L'analyse comparative de deux cohortes publiques entièrement curées par des yeux experts a révélé que CroCoDeEL identifie les échantillons contaminés et leurs sources de contamination respectives, même à des taux faibles (jusqu'à 0,1 %) si la profondeur de séquençage le permet. L'utilisation de CroCoDeEL sur 13 cohortes axées sur le cancer colorectal humain a révélé que la contamination est un problème très répandu.
Nous pensons que notre travail souligne l'urgence de traiter systématiquement la cross-contamination afin de garantir la robustesse des études basées sur des données métagénomiques.

Identifiant thématique

- Microorganismes, Santé & Environnement

Abstract n°6

Arthur Lequertier[1]

[1]MaIAGE

Transmission d'information au travers d'un réseau métabolique

Mots-clés : Bactérie, réseaux métabolique, théorie de l'information

Le métabolisme bactérien peut être représenté mathématiquement comme un vaste réseau de réactions chimiques. Dans de tels réseaux, les perturbations propagées peuvent véhiculer des informations sur les perturbations environnementales. Pour quantifier ces informations, nous devons étudier les réponses des composants du système en présence de bruit. Nous étudions ici la réponse du système aux perturbations suivant des distributions de probabilité. L'information mutuelle entre les variables du modèle est utilisée pour quantifier leurs dépendances sous forme de transfert d'informations. Nous nous attendons à ce que ce travail nous aide à comprendre les capacités de traitement du signal des bactéries, en tenant compte du bruit interne et environnemental ainsi que des incertitudes.

Identifiants thématiques

- Microorganismes, Santé & Environnement
- Sciences du Numérique & Modélisation des Systèmes

Abstract n°7

Mathilde Sola[1], Camille Champion[1], Raphaëlle Momal[1], Emmanuelle Le Chatelier[1], Adrien Paravel[1], Sandrine Auger[1], Jean-Marc Chatel[1], Mahendra Mariadassou[1], Magali Berland
[1]IBS – MGP

Reconstruction *in silico* d'une niche écologique : vers le design de consortia de probiotiques de nouvelle génération

Mots-clés : Microbiote intestinal, réseaux d'interaction, inférence de réseau, niche écologique, Probiotiques de Nouvelle Génération

Depuis quelques années, les chercheurs orientent de plus en plus leurs travaux de recherche vers l'étude du rôle des bactéries du microbiote sur la santé. L'altération de sa structure, appelée dysbiose, pourrait expliquer la susceptibilité des individus à développer certaines pathologies. Ainsi, pour retrouver un équilibre dans l'écosystème, de nombreuses stratégies consistent à découvrir et utiliser des espèces bactériennes comme nouveaux outils à visée préventive et thérapeutique : les probiotiques de nouvelle génération. Le microbiote intestinal regroupe une multitude de bactéries issues d'espèces différentes, interagissant de diverses façons. Les réseaux d'interaction sont des outils mathématiques permettant d'étudier les liens de dépendance et les associations entre entités au sein d'un système biologique. Il est possible, à partir des données d'abondance, de reconstruire des graphes, dont les nœuds représentent les espèces bactériennes et les arêtes la cooccurrence entre ces espèces. Deux méthodes ont récemment été développées à MGP avec des approches différentes pour mieux connaître le voisinage d'une espèce d'intérêt. Le projet « GuildOmics », fruit d'une collaboration entre MGP et MICALIS, est un parfait exemple d'application de cette démarche. Ce projet, centré autour de *Faecalibacterium prausnitzii*, a pour objectif de développer des consortia de nouvelle génération où les bactéries interagissent les unes avec les autres en coopération, pour favoriser l'effet protecteur de l'espèce d'intérêt reconnue active dans l'écosystème intestinal. La phase in silico, établie grâce à des données provenant de plusieurs grandes cohortes publiques, a mis en évidence un certain nombre d'espèces compagnons. La phase de validation expérimentale est actuellement en cours.

Identifiants thématiques

- Microorganismes, Santé & Environnement
- Sciences du Numérique & Modélisation des Systèmes

Poster n°4

Nathan Gérard[1], Angeline Guenne, Ariane Bize, Miguel Iniesto
[1]PROSE

Etude du potentiel bio-industriel des cyanobactéries dans le traitement des eaux usées

Mots-clés : eaux usées, cyanobactéries, biomarqueurs, tapis microbien, métabarcoding 16S

Les cyanobactéries, présentes dans les milieux aquatiques, sont des organismes photosynthétiques pouvant former, en association avec d'autres microorganismes, des structures complexes appelées « tapis microbien ». Ces tapis ont la capacité de recycler la matière organique et de décomposer les substances polluantes. Leur sensibilité aux altérations induites par les activités humaines en fait des indicateurs précieux de la santé des écosystèmes aquatiques. Pour observer l'impact des activités humaines sur des tapis microbiens, des microcosmes ont été établis en laboratoire où un tapis microbien provenant d'un milieu hypersalin sera exposé pendant 3 à 4 mois à trois eaux usées différentes issues des activité humaines (eaux usées urbaine, eaux agricoles, et une eau synthétique dopée en pesticide). Un suivi longitudinal de la composition des communautés microbiennes et de paramètres physico-chimiques clés sera réalisé. Ainsi, à la suite de cette exposition, les régions V4V5 de l'ADNr 16S seront séquencées avec la technologie Illumina MiSeq. Une analyse bio-informatique permettra d'identifier les cyanobactéries des différents tapis microbiens. En étudiant la dynamique de ces communautés dans des conditions contrôlées, nous cherchons à créer une « table de référence » et à identifier des biomarqueurs potentiels permettant de détecter rapidement les effets de la pollution. De plus, cette recherche pourrait permettre d'identifier des organismes capables de dégrader ou d'éliminer ces contaminants. Une meilleure compréhension de ces communautés pourrait permettre, à plus long terme, de mieux préserver les écosystèmes aquatiques des perturbations anthropiques.

Identifiant thématique

- Microorganismes, Santé & Environnement

Poster n°3

Antoine Daussin[1*], Pauline Barbet[1*], Mathieu Almeida[1] , Aurélie Caille[2] ,Claire Cherbuy[3] , Nathalie Meunier[2] , Nicolas Pons[1] , Victoria Meslier[1]
[1]MetaGenoPolis, [2] UNH (Unité de Nutrition Humaine) Université Clermont Auvergne, [3]Micalis
*Contribution égale

MetaNutriDB, une collection de cohortes publiques de données métagénomiques et nutritionnelles.

Mots-clés : Métagénomique Shotgun, Microbiome intestinal humain, Nutrition, Fibre, Base de données

Avec les nombreuses preuves du rôle du microbiote intestinal dans diverses pathologies, il est nécessaire de réaliser des méta-analyses plus solides et plus complètes sur le lien entre le microbiote intestinal et la santé. Les données métagénomiques shotgun, accessibles au public, permettent de tester des hypothèses sur les facteurs qui déterminent l'équilibre intestinal dans la santé et la maladie. Le régime alimentaire est l'un des principaux facteurs qui façonnent le microbiote intestinal et il est intrinsèquement lié à l'équilibre du microbiote intestinal. Dans ce contexte, nous avons développé MetaNutriDB, la première collection de métagénomique du microbiome intestinal humain associée aux données nutritionnelles de l'hôte. Nous avons collecté des données métagénomiques provenant d'études publiques avec leurs métadonnées correspondantes (santé de l'hôte, type d'étude, objectifs de l'étude, outils de séquençage et profondeur, données démographiques, cliniques et nutritionnelles). Les données nutritionnelles ont été collectées avec un focus sur le régime alimentaire, l'apport en fibres et la présence d'informations sur l'apport nutritionnel. Quatorze cohortes ont été collectées à partir d'études observationnelles ou interventionnelles publiées après 2015 sur des adultes humains disposant d'échantillons métagénomiques et d'au moins une information nutritionnelle. MetaNutriDB comprend 4040 échantillons, dont 2911 individus sains et 66 malades provenant de 14 pays différents. Nous avons également développé une interface facile à utiliser pour la communauté scientifique afin de trouver et de classer les échantillons de MetaNutriDB dans des catégories spécifiques, telles que les apports en macronutriments et micronutriments disponibles, les études ou les spécificités individuelles. MetaNutriDB sera complétée par d'autres cohortes accessibles au public afin de contribuer davantage à l'étude de la relation entre le microbiote intestinal et l'alimentation.

Identifiants thématiques

- Microorganismes, Santé & Environnement
- Sciences & Ingénierie de l'Alimentation

Abstract n°8

Léa Wagner[1], An Hoang[2], Olivier Borkowski[1], Matthieu Jules[1]

[1]SyBER – Micalis ; [2]BioRetroSynth – Micalis

Développement d'un système acellulaire pour l'expression des génomes bactériens

Mots-clés : cell-free, génome, transcriptomique, *E. coli*

Les systèmes acellulaires à base de lysats sont des mélanges complexes d'enzymes et de petites molécules qui peuvent effectuer des processus biologiques *in vitro*, tels que la transcription, la traduction et des cascades de réactions biochimiques. Ils sont générés en extrayant la machinerie de la cellule par lyse cellulaire, puis en enrichissant le lysat obtenu avec un tampon. Ce tampon fournit des ribonucléosides, des acides aminés, un système de régénération de l'ATP et plusieurs cofacteurs biochimiques, ce qui permet d'exprimer n'importe quel ADN d'intérêt. En raison de leur composition biochimique simplifiée et de l'absence de membranes cellulaires, les systèmes acellulaires sont des outils inestimables pour élucider les processus cellulaires, comme l'ont démontré les travaux précurseurs de Nirenberg et Matthaei (années 1960) dans le décryptage du code génétique. De nos jours, ces systèmes trouvent de nombreuses applications dans la production de protéines, la biodétection et le développement de circuits génétiques en biotechnologie.
Mon projet de doctorat vise à développer un système acellulaire basé sur le lysat d'*Escherichia coli* qui permet l'expression d'un génome bactérien entier, résultant en un transcriptome qui peut être séquencé par RNA-seq. Ne nécessitant qu'un génome (extrait ou synthétisé), un tel système permettra d'approfondir notre compréhension des bactéries non cultivables (qui constituent par exemple 70 % du microbiote intestinal humain) en révélant des paysages transcriptionnels et en testant des mécanismes de régulation au niveau génomique dans différentes conditions biochimiques.

Identifiants thématiques

- Microorganismes, Santé & Environnement
- Sciences du Numérique & Modélisation des Systèmes

Abstract n°9

Tania Kamwouo[1], Sylvie Bouttier[1], Séverine Domenichini[1], Claire Janoir[1]
[1]BaPS – Micalis

Caractérisation de la structure en réseau de la matrice extracellulaire du biofilm de *Clostridioides difficile*

Mots-clés : Biofilm, matrice, *Clostridioides difficile*, ADN extracellulaire

Clostridioides difficile est une bactérie à Gram positif, strictement anaérobie et sporulée, responsable d'infections intestinales nosocomiales et communautaires. Le problème majeur des infections de *C. difficile* est la survenue de récidives, dans 15 à 30% des cas après un premier épisode, dont plus de la moitié sont des rechutes, liées à la même souche. Ces récidives sont dues à la capacité de la bactérie à persister dans le tube digestif sous ses formes de résistance : sous forme de spores et peut-être aussi sous forme de biofilm. Bien qu'il n'existe à ce jour aucune preuve formelle de la formation d'un biofilm in vivo, des arguments plaident en faveur de cette hypothèse. *C. difficile* est capable de former des biofilms in vitro. Selon les souches, les biomasses de ces biofilms sont plus ou moins importantes et cohésives. Nous avons montré par différentes techniques, dont l'imagerie par microscopie confocale à balayage laser, que l'ADN extracellulaire (eDNA) est le composant central de la matrice qui assure la cohésion du biofilm. Ce rôle est lié à la présence d'un réseau de filaments fins, qui lie les bactéries entre elles. En l'absence de cet eDNA, le biofilm se disperse, mais l'effet de dispersion sur le biofilm est plus ou moins important selon les souches. D'autres composants tels que certaines protéines ou polysaccharides ont également été identifiés au sein de la matrice, dont le polysaccharide II, composant essentiel de la surface de *C. difficile*, qui semble faire partie ce réseau filamenteux.

Identifiant thématique

- Microorganismes, Santé & Environnement

Poster n°2

Philippine Coeugnet[1], Julie Labatut, Sophie Hooge
[1]GABI & LISI – Equipe GIBBS

L'innovation pour la transition agroécologique en sélection animale et végétale : analyse et accompagnement des processus et dispositifs de co-conception

Mots-clés : co-conception, sélection participative, agro-écologie

La transition agroécologique nécessite une révision des pratiques de recherche et notamment une ouverture de la recherche aux parties prenantes non scientifiques. De plus, sélection animale et sélection végétale sont la plupart du temps hermétiques, alors que la transition agroécologique nécessite notamment de faire des liens entre les différents processus biologiques impliqués dans les systèmes agricoles. Il est donc nécessaire de développer de nouveaux dispositifs afin de recoupler les processus de conception en sélection animale et végétale et réviser les processus d'innovation en incluant les parties prenantes non scientifiques. Dans ce contexte, le post doc vis à répondre à la question de recherche suivante : Quelles sont les propriétés indispensables au fonctionnement d'un dispositif de co-conception de schémas de sélection pour la transition agroéocologique mobilisant une hétérogénéité de savoirs et de parties prenantes ? Afin de répondre à cette question, Le postdoc vise à observer et accompagner les collègues du projet COBREEDING en charge de mettre en place des cas concrets de co-conception sur diverses espèces: (i) l'introduction de races locales de poules dans des systèmes de culture, (ii) la conception de schéma de sélection bovine disruptifs pour répondre aux contraintes du changement climatique et (iii) la reconception de l'unité expérimentale de Versailles Saclay vers l'agroécologie.

Identifiant thématique

- Territoire, Gouvernance, Innovation en Société

Poster n°1

Auneau Camille[1], Xiaojun Liu, Joel Awinzure Agumah, André Pauss, Laura André, Thierry Ribeiro, Sabrina Guérin-Rechdaoui, Vincent Rocher, Carlyne Lacroix, Olivier Chapleur, Ariane Bize, Céline Roose-Amsaleg
[1]PROSE

Effet du propionate sur les communautés microbiennes de la méthanisation, en pilotes semi-continus

Mots-clés : Méthanisation, Micro-organismes, Biostatistique, Métabarcoding.

La méthanisation est un processus biologique naturel anaérobie de conversion de matière organique en biogaz, riche en méthane et dioxyde de carbone. Il fait intervenir des bactéries et des archées et se déroule en quatre étapes successives : hydrolyse, acidogenèse, acétogenèse et méthanogenèse. Cette dernière étape est exclusivement réalisée des archées méthanogènes. Ces communautés microbiennes sont sensibles aux changements environnementaux, pouvant entraîner une inhibition et réduire la production de biogaz. Ainsi, le propionate, un acide gras volatil produit lors de l'acidogenèse, peut inhiber les archées méthanogènes lorsqu'il est présent en concentration élevée. Malgré cela, les études sur l'inhibition de la méthanisation par le propionate sont encore peu nombreuses. Afin d''identifier des biomarqueurs susceptibles de prévenir cette inhibition, quatre pilotes semi-continus, méthanisant des boues d'épuration urbaines, ont été exposés à différentes concentrations de propionate de sodium (NaPro, de 0 à 13g/L). Des données de métabarcoding d'ADNr 16S ont été générées afin d'étudier la réponse des communautés microbiennes à l'inhibiteur. Dans le cadre de mon stage, j'analyse actuellement ces données à l'aide de méthodes bioinformatiques, et statistiques supervisées et non-supervisées. Les résultats ont révélé une inhibition dans les réacteurs à plus fortes teneurs en NaPro, ainsi qu'un effet temporel marqué sur les communautés microbiennes. De plus, une analyse supervisée a permis d'identifier des groupes taxonomiques impactés par une forte concentration en NaPro. Ces derniers ont toutefois des abondances assez faibles. Par la suite, des méthodes statistiques supplémentaires seront appliquées pour affiner les résultats, et l'accent sera également mis sur l'interprétation biologique.

Identifiant thématique

- Microorganismes, Santé & Environnement

Abstract n°10

Paola RAMIREZ[1]
[1]PROSE

Dynamiques du transfert gaz-liquide dans un pilote triphasique de biofiltration

Mots-clés : Aération, Biofiltration, Transfert Gaz-liquide, Modélisation.

La biofiltration constitue un procédé intensif de traitement des eaux résiduaires urbaines, basé sur un réacteur à lit fixe qui combine la filtration des matières en suspension et le traitement biologique. Les biofiltres nitrifiants émettent du N_2O , un puissant gaz à effet de serre. Il est essentiel de comprendre les interactions gaz-liquide des biofiltres nitrifiants en raison de leurs influences sur l'aération et les émissions de ce gaz. Pour cela, une méthode d'expérimentation et de modélisation a été utilisée. Nous avons mis en service un pilote de biofiltration de même hauteur qu'un biofiltre industriel, avec des billes de polystyrène comme lit fixe. Le pilote dispose de capteurs pour mesurer les débits liquides et gazeux, ainsi que le niveau d'oxygène. Différentes méthodes expérimentales ont été utilisées pour étudier les dynamiques transfert d'oxygène dans des conditions abiotiques et elles ont été modélisées en utilisant plusieurs réacteurs en série. D'après les résultats, des disparités de comportement entre les différentes zones du réacteur sont observées, et sont influencées par les coefficients de transfert spécifiques et les flux d'oxygène générés par la phase liquide ascendante. La modélisation tient compte des conséquences de la pression et de la diminution du gaz causées par la hauteur du système. Grâce à cette méthode, il est possible d'évaluer les coefficients de transfert et les concentrations de gaz dans le processus de biofiltration. Par ailleurs, un suivi à long terme sous conditions biotiques a été assurée pour analyser les dynamiques de transfert pendant la nitrification.

Identifiant thématique

- Microorganismes, Santé & Environnement

Abstract n°11

Léa Huet[1]

[1]BaPS – Micalis

Les enzymes de synthèse des polysaccharides de surface de *Clostridioides difficile*, des nouvelles cibles thérapeutiques ?

Mots-clés : paroi cellulaire, polysaccharides, *Clostridioides difficile*, structures de surface, essentialité.

Clostridioides difficile est une bactérie pathogène, gram positif anaérobie strict, sporulant, mobile et toxinogène. Les infections à *C. difficile* (ICD) provoquent des symptômes qui vont de diarrhées simples à la colite pseudomembraneuse qui peut dans certains cas aller jusqu'à la mort. Le traitement aux ICDs est l'utilisation d'antibiotiques, cependant des résistances apparaissent. C'est pourquoi il est important de chercher de nouvelles cibles thérapeutiques contre *C. difficile*. La surface de *C. difficile* comprend un acide lipotéichoïque (LTA), un peptidoglycane sur lequel est relié le polysaccharide II (PSII) et une couche S essentielle, composée de protéine SlpA, liées de manière non covalente au PSII. Un locus prédit comme essentiel contenant tous les gènes codant les protéines de synthèse du PSII et du LTA a été mis en évidence. Le projet se concentre sur l'étude de deux gènes de ce locus, CD2783 impliqué dans la synthèse du PSII et *tuaG* prédit comme impliqué dans la synthèse du LTA. Dans le cadre de l'étude de l'essentialité du PSII, deux mutants construits avant mon arrivée au laboratoire et ont été caractérisés au cours du stage via protéomiques et différents phénotypes ont été testés. Mes travaux confirment bien que le PSII est le support pour toutes les protéines CWPs. Le second objectif est de vérifier l'essentialité de gène *tuaG* et son implication via la construction d'un mutant létal conditionnel. Le gène *tuaG* est essentiel à la survie de la bactérie, ce qui pourrait implique que le LTA est également essentiel à la survie des bactéries.

Identifiant thématique

- Microorganismes, Santé & Environnement

Abstract n°12

Victor Lecoeuche[1], Yannick Fayolle[1], Eleftheria Ntagia[1], Théodore Bouchez[1]

[1]PROSE

Les électrodes de diffusion de gaz pour améliorer le processus d'électrosynthèse microbienne

Mots-clés : Electrosynthèse microbienne, génie des procédés, transfert de masse, systèmes bioélectrochimiques, électrodes de diffusion de gaz

Trouver des méthodes de synthèse de composés chimiques durables et des technologies d'atténuation et d'élimination du dioxyde de carbone sont deux défis majeurs qui doivent être relevés. Comme solution potentielle, l'électrosynthèse microbienne est un processus biologique visant à convertir le dioxyde de carbone et les électrons issus de l'oxydation de la biomasse en composés chimiques. Une cellule bioélectrochimique se compose de deux chambres entre lesquelles seuls les ions et les électrons sont échangés. L'oxydation de la biomasse a lieu dans l'un de ces compartiments, appelé anode, tandis que la conversion du dioxyde de carbone en composants à valeur ajoutée a lieu dans la cathode. L'interface entre les micro-organismes et les électrodes doit être étudiée et améliorée afin d'obtenir une meilleure productivité, de réduire les coûts et de rendre le processus extensible. L'électrode de diffusion de gaz est une technologie prometteuse qui pourrait être employée au niveau de la cathode pour délivrer des électrons et du dioxyde de carbone exactement au même endroit, créant ainsi une zone de croissance idéale pour les micro-organismes réducteurs de CO_2. Ces dernières années, quelques études associant l'électrosynthèse microbienne et l'électrode à diffusion de gaz ont été publiées. Chacune de ces études présente de bons résultats, mais la déconvolution des différents paramètres impliqués dans ces systèmes rend l'évaluation du système complexe. Des efforts de recherche supplémentaires devraient être consacrés à la compréhension des interactions entre l'électrode de diffusion de gaz et les communautés microbiennes impliquées dans le processus. L'expérimentation et la modélisation sont deux approches qui pourraient être combinées pour construire et appliquer ces connaissances afin d'améliorer les interfaces électrode/microbes et les performances du processus d'électrosynthèse microbienne.

Identifiants thématiques

- Microorganismes, Santé & Environnement
- Agroécosystèmes & Environnement