

Pré-programme de la journée scientifique **Microbes et Interactions**

Mercredi 30 janvier 2019, auditorium de la Grande Galerie de l'Evolution, Museum National d'Histoire Naturelle

36 rue Geoffroy Saint-Hilaire, Paris 5ème. Accès (lien vers le site du Museum :

<http://www.grandegaleriedevolution.fr/fr/preparez-votre-visite/informations-pratiques/comment-venir>)

Bus : lignes 24, 57, 61, 63, 67, 89, 91 arrêt "Mosquée / Jardin des Plantes"

Métro, RER : ligne 5 Gare d'Austerlitz, ligne 7 Censier Daubenton, ligne 10 Jussieu ou Gare d'Austerlitz, RER C Paris-Austerlitz

Comité scientifique

Marc-André Selosse et Agnès Schermann

Orateurs confirmés

- Jeanne Ropars, chargée de recherche CNRS à l'université Paris-Sud (Orsay)
- Joël Doré, Directeur de Recherches à l'INRA, Jouy-en-Josas, UMR Micalis & US

MetaGenoPolis

- Marc-André Selosse, Professeur au Museum National d'Histoire Naturelle, Paris.
- Paola Furla, Professeur à l'Université Nice Sophia Antipolis, membre de l'Institut de Recherche sur le Cancer et le Vieillessement de Nice (IRCAN).
- Thomas Julou, Chercheur au Biozentrum, Bâle.
- Evelyne Forano, Directrice de Recherche UMR 0454 MEDIS (Microbiote Environnement Digestif et Santé) INRA-UCA, Theix.

Programme prévisionnel et résumés des conférences

(encore susceptible de légères modifications)

9h30-10h30 Jeanne Ropars : L'adaptation des champignons au fromage

L'adaptation est une question fondamentale en biologie évolutive : comment les organismes s'adaptent-ils à de nouveaux environnements ? Quels sont les mécanismes évolutifs mis en jeu ? Au cours des millénaires, l'Homme a sélectionné divers organismes vivants – plantes, animaux et microorganismes (bactéries, levures et moisissures) – à des fins alimentaires, esthétiques ou pharmaceutiques. Ces organismes domestiqués ont subi de fortes pressions de sélection liées à leur nouvel environnement contrôlé par l'Homme, auxquels ils ont dû s'adapter rapidement. La domestication est donc un cas spécifique d'adaptation sur une courte échelle de temps, et donc un modèle de sélection rapide et de diversification.

Les champignons sont des organismes modèles eucaryotes avec de nombreux avantages pour des études expérimentales (petits génomes, possibilité de réaliser des expérimentations *in vitro*). En utilisant des données génomiques et des expériences au laboratoire, les moisissures *Penicillium* utilisés en fromagerie ont révélé comment ils se sont adaptés au fromage.

10h30- 11h30 Joël Doré : Microbiote Intestinal et Santé.

Le microbiote intestinal est constitué de l'ensemble des microorganismes présents dans

nos intestins. Ce sont environ 100 000 milliards de bactéries avec une grande diversité de genres et d'espèces (1), mais également des virus et phages, des archaea et des eucaryotes. La composante dominante est, chez le sujet sain, remarquablement stable en composition, avec en moyenne 600 000 gènes du microbiome intestinal dominant qui vont apporter une contribution fonctionnelle s'exprimant aux interfaces : entre microbes, avec l'aliment et avec l'hôte. Acquis dès la naissance et stabilisé vers l'âge de 3 ans, le microbiote constitue un élément clé de la symbiose hôte-microbes (2), dont l'équilibre peut être altéré, notamment dans les maladies chroniques (3). Le maintien de cette relation intime, qui conditionne santé et bien-être, représente ainsi un enjeu majeur en matière de prévention et, le cas échéant, de traitement de l'homme symbiotique.

1. Qin J, Li R, Raes J, et al. A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing. *Nature*. 2010;464:59-65.
2. Van de Guchte M, Blottière H, Doré J. Humans as holobionts : implications for prevention and therapy. *Microbiome*. 2018;6:81
3. Le Chatelier E, Nielsen T, Qin J, et al. Richness of human gut microbiome correlates with metabolic markers. *Nature*. 2013;500:541-6

11h45-12h45 Marc-André Selosse : Les mycorhizes et leur (co)évolution.

La symbiose mycorhizienne est une association ancestrale des plantes terrestres, qui a permis la sortie des eaux de leurs ancêtres. Elle s'est diversifiée depuis plus de 400 millions d'années, en permettant le plus souvent un échange entre sucres de la plante et sels minéraux collectés par le champignon. Elle a pu être secondairement perdue. De nombreux dispositifs ont coévolué entre les partenaires, en particulier des petits peptides sécrétés qui interviennent dans la régulation de l'interaction. Mais la coévolution concerne aussi la stabilité évolutive du mutualisme : contrairement à une idée reçue, tous les couples plantes-champignons ne sont pas mutualistes ; certains champignons (ou certaines plantes) peuvent se comporter en tricheurs, c'est-à-dire en parasites dans une interaction normalement mutualiste. Nous explorerons les dispositifs limitant les dérives tricheuses (les « marchés biologiques »), puis nous verrons comment les réseaux mycorhiziens entre plantes voisines structurent les communautés végétales par le biais de tricheries plus ou moins marquées.

14h30-15h30 Paola Furla : Le corail et son microbiote à l'ère de l'anthropocène

15h30 16h30 Thomas Julou : L'évolution expérimentale: leçons et perspectives

16h45 17h45 Evelyne Forano : Les interactions au sein du microbiote ruminal : coopérer pour réussir

Les ruminants utilisent très efficacement la biomasse végétale grâce à un microbiote très abondant et diversifié présent dans leur rumen, composé de plusieurs milliers d'espèces de bactéries, archées, champignons et protozoaires. Dans ce compartiment digestif, sont en effet dégradés les divers composants de la ration alimentaire, ensuite fermentés en un mélange d'acides gras à chaîne courte (acides acétique, propionique, butyrique), d'ammoniaque, de gaz carbonique et de méthane. Les acides gras à chaîne courte et les microorganismes générés fournissent respectivement la majorité de l'énergie métabolisable du ruminant et la majeure partie des acides aminés absorbés dans l'intestin. Le méthane est éructé et représente, outre

sa participation à l'effet de serre, une perte de carbone et d'énergie pour l'animal. Les nombreuses interactions existant au sein du microbiote ruminal conduisent à un écosystème relativement stable et résilient, permettant une transformation extrêmement efficace des polysides végétaux en protéines animales.

17h 45 18h15 : Les intentions des programmes concernant la microbiologie (à confirmer)

Jeudi 31 janvier, journée des formateurs

9h 30 à 10h 30 Questions -réponses (lieu à préciser)

Avec Marc-André Selosse et Evelyne Forano

- 10 h 45 à 12h 15 "Les bactériophages, prédateurs de bactéries" (atelier 1h30)

Animateurs : Christine Pourcel, Gilles Vergnaud, avec la contribution de Guislaine Refrégier.

Préambule :

Lorsque l'on étudie des bactéries, on a souvent affaire à des millions de cellules « filles » descendant d'une bactérie mère, et qui ont toutes le même chromosome, à l'exception de mutations naturelles qui apparaissent à une fréquence de 1 pour 100 000 ou 1 million. Chaque bactérie se divisant environ toutes les 20min, on arrive très rapidement à une descendance de plusieurs dizaines de millions dans une colonie. Dans cette colonie il y a de nombreux mutants prêts à permettre l'adaptation de la communauté à des changements du milieu ou à des agressions.

Les virus de bactéries appelés bactériophages sont les organismes vivants les plus nombreux sur la planète. Par contre, ils sont dépendants de leur hôte, on dit que ce sont des parasites obligatoires : ils ne peuvent se multiplier qu'après avoir infecté une bactérie. Chaque espèce bactérienne peut être infectée par plusieurs bactériophages différents. L'infection conduit soit à la mort de la bactérie et la production d'une centaine de phages, soit pour les phages qu'on appelle tempérés à l'intégration du chromosome du phage dans le chromosome bactérien sous la forme d'un prophage. La bactérie possédant un prophage est dite lysogène ; elle survit et est immunisée contre des phages de la même famille.

Atelier/enquête :

Un prélèvement d'eau d'égout a été effectué afin de rechercher la présence de substances capables de tuer des bactéries *Escherichia coli*.

Si l'on a récupéré un phage il sera possible de l'amplifier, de purifier son chromosome et de le faire séquencer pour identifier les informations génétiques les plus fondamentales du vivant. S'il s'agit d'une molécule toxique de type bactéricine, il faudra la purifier et l'analyser biochimiquement.

L'analyse d'un bactériophage peut être poursuivie par l'isolement de bactéries qui lui sont résistantes. Ceci permet de mieux comprendre les interactions dynamiques entre hôtes et pathogènes.

L'atelier présentera ainsi des méthodes d'exploration de la chimie et de la biologie du

vivant, des connaissances sur le fonctionnement des gènes et sur les interactions hôte-pathogènes, et permettra de discuter de potentiels futurs médicaments. Les ressources utilisées sont accessibles en ligne, et donc pourront être réinvesties dans des projets avec des élèves.

- 10 h 45 à 11h 45 (en parallèle de l'atelier) : La souchothèque du Museum : visite guidée

Lien vers la souchothèque : <https://www.mnhn.fr/fr/collections/ensembles-collections/ressources-biologiques-cellules-vivantes-cryoconservees/souches-fongiques>