

Comparaison des écosystèmes microbiens de la chaîne alimentaire de l'Homme

➤ Le projet Open 16S MICA

AG du CATI BOOM le 7 janvier 2021

Marion Leclerc & Hélène Chiapello

La révolution métagénomique

10 millions



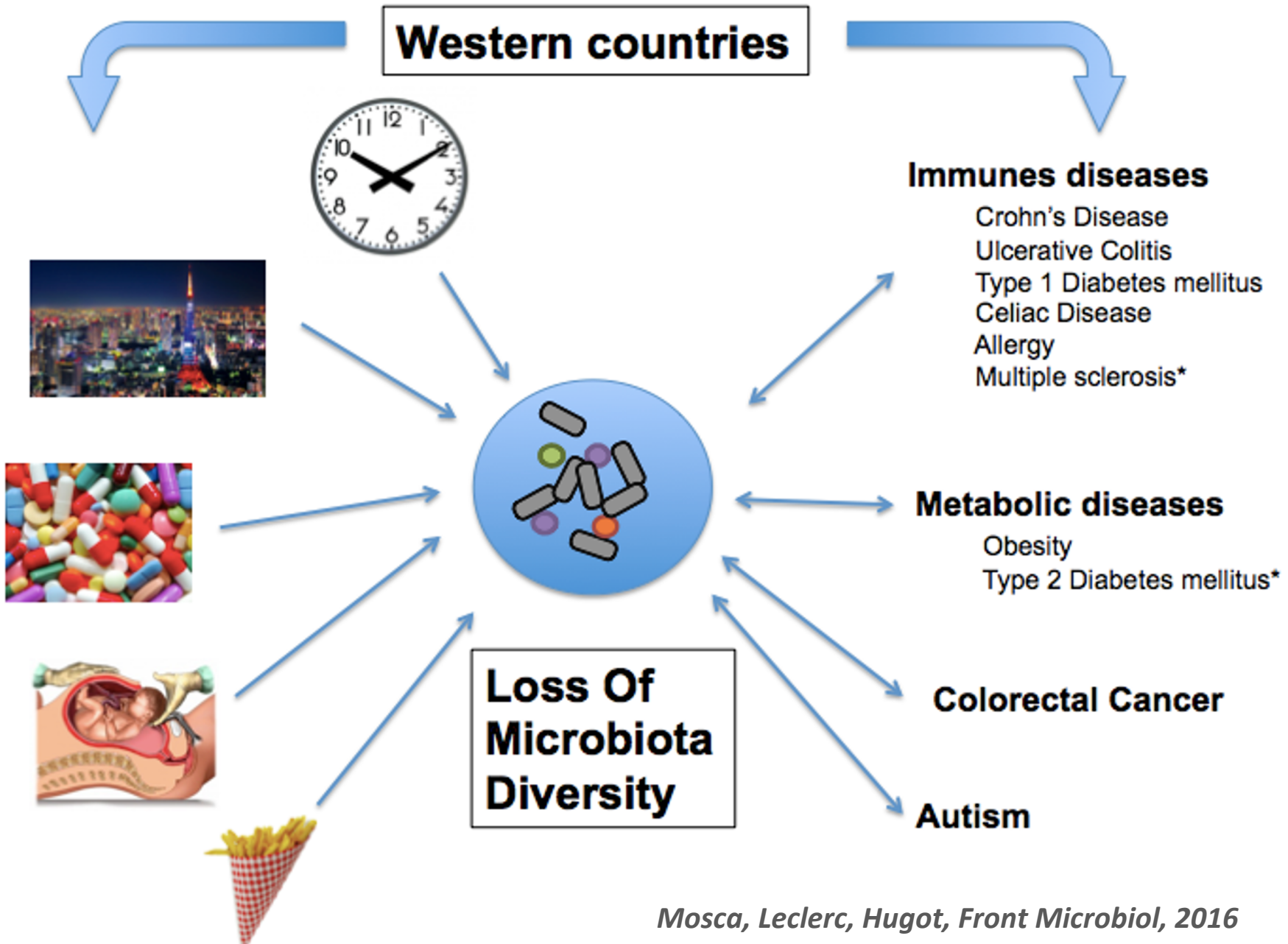
Génome humain
25 000 genes



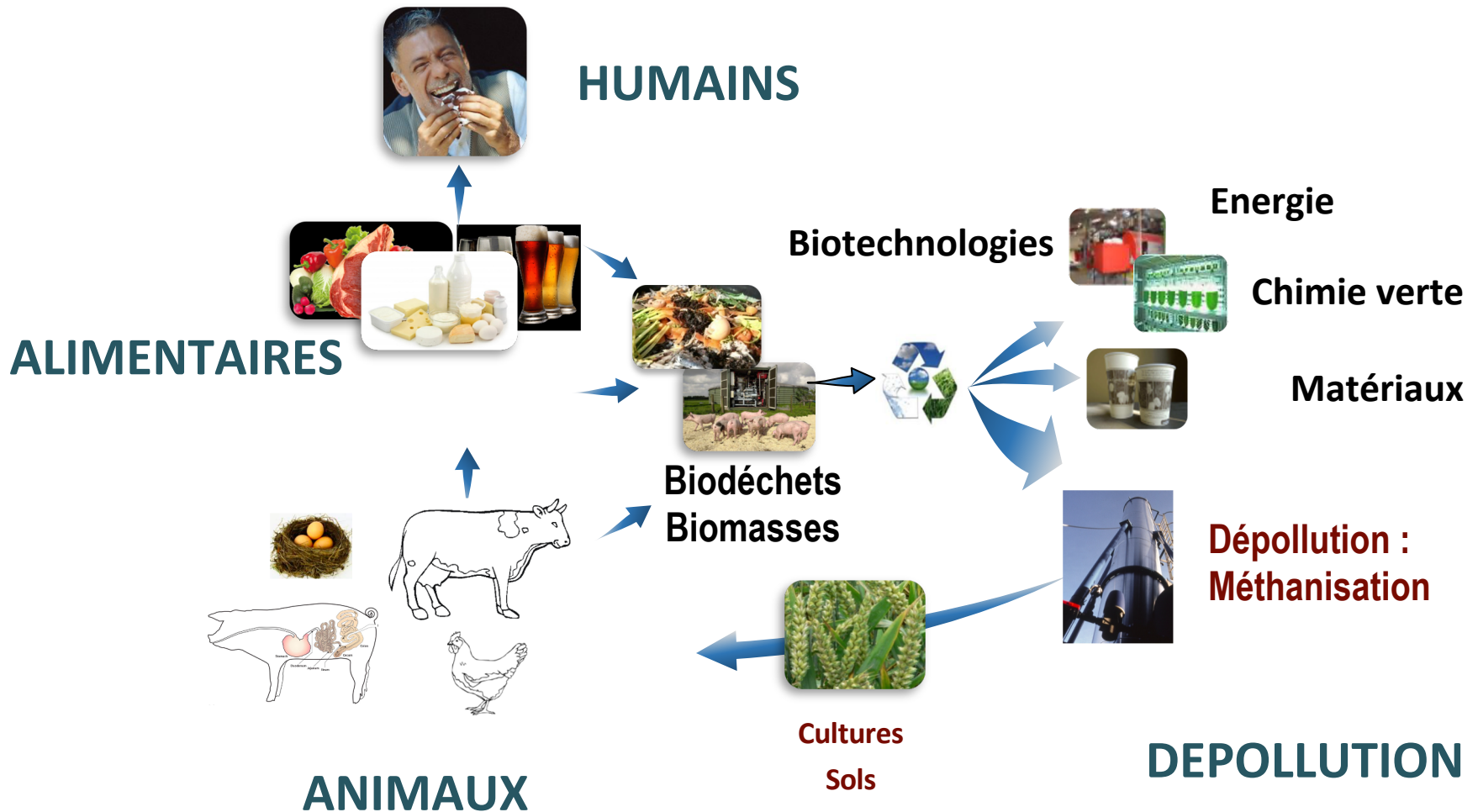
Métagénome du
microbiote intestinal

500 000 genes

• Lien microbiote et pathologies humaines



• Les écosystèmes alimentaires de l'Homme



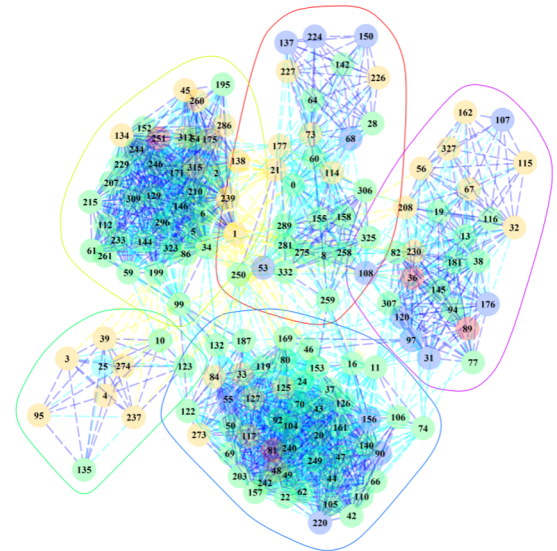
INRAE

Assemblée générale CATI BOOM
7-8 Janvier 2021

La métagénomique et la santé humaine

Quelles sont les interactions entre les microbiotes alimentaires et digestifs chez l'Homme?

Peu de données mais des premiers éléments dans la littérature



Bactéries et champignons des aliments sont actifs dans le microbiote digestif

LETTER

Nature 2015

doi:10.1038/nature12820

Diet rapidly and reproducibly alters the human gut microbiome

Lawrence A. David^{1,2†}, Corinne F. Maurice¹, Rachel N. Carmody¹, David B. Gootenberg¹, Julie E. Button¹, Benjamin E. Wolfe¹, Alisha V. Ling³, A. Sloan Devlin⁴, Yug Varma⁴, Michael A. Fischbach⁴, Sudha B. Biddinger³, Rachel J. Dutton¹ & Peter J. Turnbaugh¹



INRAE

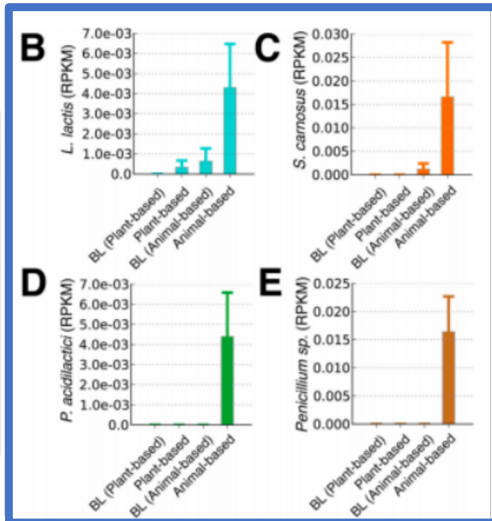
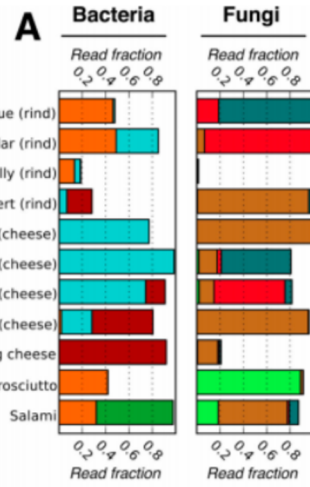
Assemblée générale CATI BOOM
7-8 Janvier 2021

Bactéries et champignons alimentaires sont actifs dans le microbiote intestinal



Fromages

Charcuteries



Lactococcus lactis

Staphylococcus carnosus

Pediococcus acidilactici

Penicillium sp.

ARNm= cDNA measured in feces

Les ARNm ont une demi-vie très courtes, ils indiquent une activité métabolique des bactéries des aliments

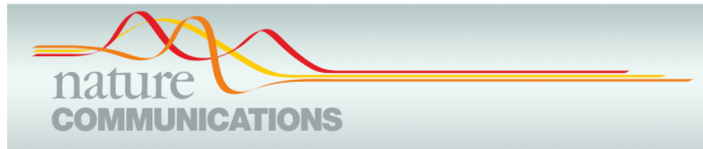


INRAE






Assemblée générale CATI BOOM
7-8 Janvier 2021

David *et al*, Nature, 2015

Les bactéries lactiques des aliments co-évoluent avec celles du microbiote digestif



Large-scale genome-wide analysis links lactic acid bacteria from food with the gut microbiome

Edoardo Pasolli^{1,2}, Francesca De Filippis ^{1,2}, Italia E. Mauriello¹, Fabio Cumbo ³, Aaron M. Walsh^{4,5}, John Leech^{4,5}, Paul D. Cotter ^{4,5}, Nicola Segata ³ & Danilo Ercolini ^{1,2}✉

Analyses métagénomiques et bioinformatiques massives

303 METAGENOMES DES ALIMENTS

151 from this study

BertuzziAS_2018	Surface ripened cheese
Escobar-ZepedaA_2016	Mexican ripened cheese
LeechJ_2019	Fermented food
MacoriG_2019	Cheese
MilaniC_2019	Parmesan cheese
PasolliE_2019	Yoghurt and dietary supplement
PfeferT_2018	Cheese
QuigleyL_2016	Continental type cheese
WalshAM_2016	● Milk kefir
WalshAM_2017	● Nunu
WolfeBE_2014	Smear ripened cheese

9445 METAGENOMES HUMAINS



Airways
Oral cavity
Skin
Vagina
Stool

.....→
Newborn Children Adults

Bilan des données de la littérature

Des espèces du microbiome alimentaire sont actives dans le tube digestif.

Des ré-arrangements génomiques ont lieu entre bactéries lactiques des aliment et du microbiote humain.

Limites

Les écosystèmes sont analysés de manière très cloisonnée

**Manque de vision au niveau de la chaîne alimentaire
Quelles sont les interactions?**

Compétition? Co-évolution? Coalescence?



Vers le projet Open 16S INRAe

INRAe et MICA disposent de nombreux jeux de données métagénomiques

Poser de nouvelles questions sur les écosystèmes alimentaires de l'Homme

Opportunité pour comprendre les liens entre les écosystèmes

Innovation= nouveaux probiotiques, réseaux d'espèces protectrices?

Open 16S = projet preuve de principe pour l'Open Data métagénomique



INRAe

Assemblée générale CATI BOOM
7-8 Janvier 2021

Unités impliquées et disposant de jeux de données

Unités

Ecosystèmes

MEDIS	Aliments fermentés, microbiotes humains, microbiote animaux de rente
SPO	Aliments fermentés pain
SQPOV SporAlim	Aliments fermentés
SAYFOOD	Microbiotes aliments
MICALIS	Microbiotes humains et alimentaires
STLO	Microbiotes animaux de rente, aliments
ISP	Microbiotes animaux de rente et humains
UMRF	Microbiotes humains, aliments fermentés, microbiote animaux de rente
PASTEUR_BPF	Microbiotes humains
LBE	Procédés de dépollution
PROSE Antony	Procédés de dépollution
INRAe/ Oniris Nantes	Aliments fermentés et environnement industriels
MGP*	Microbiotes humains, animaux de rente, fermenteurs
MAIAGE	Aliments fermentés, microbiotes humains, microbiote animaux de rente



➤ **Open 16S : Objectifs et mise en oeuvre**



- **Objectifs scientifiques (I)**

Partie 1 : Existe-t- il des espèces communes aux microbiotes alimentaires et humains?

1ères questions à travailler

1. Recherche d'espèces identiques entre les aliments et le microbiote digestif humain : *bactéries lactiques des genres Lactobacillus, Streptococcus, Bifidobacterium*
2. Rechercher d'espèces ayant des fonctions identiques dans le microbiote humain et les systèmes de dépollution méthaniseurs : Archaea méthanogènes peu abondantes des genres *Methanobacterium, Methanosaeta,...*

Contraintes : régions du 16S identiques séquencées et OTUs définis de manières identiques par les équipes

Il faudra parfois ré-analyser les jeux de données



- **Objectifs scientifiques (II)**

Partie 2 : Recherche de réseau de corrélations identiques

Hypothèses :

- ❑ Les chaînes trophiques microbiennes anaérobies présentent des similarités : production et ré-utilisation d'hydrogène chez l'Homme, l'animal, les méthaniseurs de dépollution
- ❑ Production et ré-utilisation du lactate; “syntrophie”

Partie 3 : Recherche d'interactions entre microbiotes alimentaires et digestifs



Le projet MICA Open 16S du point de vue Open Data

Un projet pilote transversal pour la mise en oeuvre de la politique Open Science du département MICA

Contexte

- Réflexion “ancienne” au sein du département MICA, réactualisée aux assises MICA 2019 et dans le cadre de la préparation du nouveau SSD :

Priorité identifiée : Adopter une démarche Open Data à partir de projets existants à l'échelle du département Mica intégrant différents équipes/unités

- Fort intérêt d'un grand nombre d'équipes du département pour ce projet
- Politique proactive de l'INRAE sur l'Open Science et Open Data

Opportunités

- Questions scientifiques inédites à poser
- Approches innovantes à développer pour l'organisation, le partage et l'analyse des jeux de données du projet
- Le CATI BOOM est identifié comme un collectif essentiel à la réussite du projet pour ses compétences bioinformatiques et biostatistiques



Comment on fait ?

Le projet MICA Open 16S du point de vue Open Data

Nombreux défis à relever

- Culturels et juridiques
- Scientifiques (faisabilité des questions transversales à instruire)
- Bioinformatiques et organisationnels => BOOM

Des premières actions à discuter au sein du CATI

1. Collecte des jeux de données MICA Open 16S

- Proposer une organisation pour collecter et stocker les jeux de données en lien avec l'infrastructure

The logo for MICA, featuring the word 'mica' in a stylized orange font with a small 'le' in a lighter orange font to its right.

- Adopter des **bonnes pratiques** en respectant les principes **FAIR**

Findable 
Accessible 
Interoperable 
Reusable 

Comment on fait ?

Des premières actions à discuter au sein du CATI (suite)

2. Proposer des outils pour associer les métadonnées aux jeux de données

- choisir le standard à utiliser pour associer les métadonnées aux jeux de données
- choisir l'outil logiciel ou l'entrepôt permettant de gérer et d'interroger ces métadonnées

3. Partage des résultats d'analyses bioinfo et biostats

- Identifier les cas où les données devront être ré-analysées
- Proposer un workflow d'analyse modulaire et reproductible
- Mettre à disposition de tous les résultats d'analyse via une interface type Shiny



Conclusion

Atelier 1 dédié au projet Open 16S pendant le hackathon 7-8 janvier

- > 12 agents intéressés
- > Objectif : initier des premières actions dans un format Preuve de Concept
- > Les méthodes et outils mis en place pourront être repris dans d'autres projets transversaux de ce type (metagénomique shotgun)

Réunion de lancement du projet MICA Open16S prévue en février 2021

- > Comité de pilotage : Stéphane Chaillou, Marie Champomier Vergès, Hélène Chiapello, Marion Leclerc, François Marras
- > Contact : mica-open16S@inrae.fr
- > Les membres du CATI intéressés sont les bienvenus



INRAE

➤ Merci pour votre attention

