

METAFUN

Métagénomique fonctionnelle

MetaFun est une plateforme de métagénomique fonctionnelle dont l'objectif est d'étudier la diversité d'expression de microbiotes intestinaux de l'homme pour **comprendre les interactions entre les bactéries de l'intestin et les cellules humaines**.

Cette nouvelle approche repose sur **un ensemble de technologies de criblage à haut débit** qui permet d'analyser les génomes de tous les microorganismes d'une niche écologique, y compris ceux, largement majoritaires, qui ne sont pas cultivables.

Une Méthode

Construction de banques génomiques et métagénomiques

Construction de cribles cellulaires

Criblage fonctionnel de banques de clones porteurs de larges fragments d'ADN métagénomiques ou génomiques

- ▶ Identification d'interactions bactéries-cellules

Mise en œuvre de bio-essais cellulaires associés à une stratégie à haut débit.

- ▶ Identification de gènes bactériens fonctionnels et de voies métaboliques complètes impliqués dans le dialogue avec l'hôte.



Des applications

Identification de fonctionnalités microbiennes d'intérêt : anti-inflammatoire, anti-proliférative, satiétogène,...

- ▶ Probiotiques (sélection de souches, mécanismes d'action)
- ▶ Molécules d'intérêt thérapeutique

Stratégies de sélection de suppléments nutritionnels ou d'aliments fonctionnels apportant des bénéfices ciblés

- ▶ Recommandations nutritionnelles

Les atouts de la plateforme

Une expertise

- ▶ Identification de plusieurs dizaines de clones bioactifs intéressants jusqu'à la mise en évidence des molécules impliquées
- ▶ **18** publications depuis 2010
- ▶ **3** demandes de brevet

L'expérience

- ▶ **3** Projets européens dont MetaCardis
- ▶ **4** Projets ANR dont FunMetaGen
- ▶ **3** Projets industriels

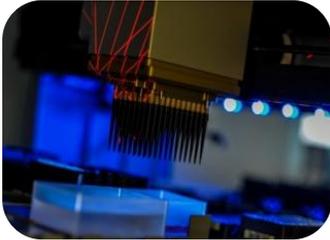
La performance

- ▶ Une capacité de criblage de 500 000 clones bioactifs par an
- ▶ Des procédés entièrement automatisés garantissant le respect des standards de qualité

Un plateau technique d'exception

- ▶ Fabrication de banque (meta)génomique
- ▶ Réplication de banques
- ▶ Culture bactérienne automatisée, suivie de lyse et de filtration
- ▶ Développement à façon de nouveaux cribles eucaryotes
- ▶ Criblage à haut débit sur cellules eucaryotes incluant la mesure de l'activité de gènes rapporteurs par spectrométrie, luminescence (HTS) et fluorescence (HCS)
- ▶ Analyse et tri cellulaire par cytométrie en flux

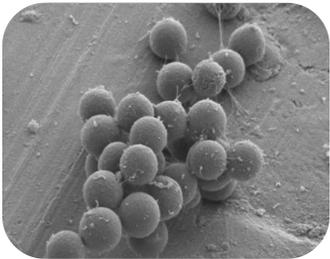
PARTENARIATS



MetaFun met au service de ses partenaires industriels et académiques ses compétences et son personnel spécialisé pour :

-  La construction de projets de métagénomique fonctionnelle
 - Conseil et design de l'étude
 - Création de banques métagénomiques ou génomiques grands fragments
 - Criblage et analyse des résultats

-  La réalisation du criblage à haut débit à partir de banques existantes : de la conception du projet à l'analyse des résultats



Quelques publications significatives

De Wouters et al. *PLoS One* in press 2014 – Optimisation de toutes les étapes de criblage – définition des SOPs.

Cotillard et al. *Nature* 2013 – Réponse du microbiome au régime alimentaire

Blottière HM et al. *Curr Opinion Microbiol.* 2013 – Etat des lieux et perspectives de la métagénomique

Nepelska M et al. *PLoS One* 2012 – Le microbiote intestinal régule une voie clé des processus cellulaires

Lakhdari O et al. *PLoS One* 2010 – Premières découvertes de gènes microbiens impliqués dans les interactions bactéries – hôtes par métagénomique fonctionnelle



INRA

Domaine de Vilvert

Unité MGP – Bâtiment 325

78352 Jouy-en-Josas

France

contact@mgps.eu