

# 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

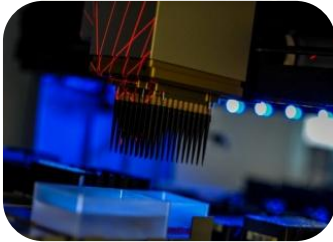
### La performance

- ▶ 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

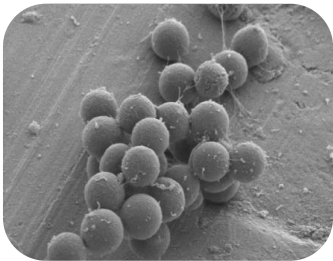
- ▶ Fabrication de banque (meta)génomique
- ▶ Réplication de banques
- ▶ Culture bactérienne automatisée, suivie de lyse et de filtration
- ▶ Développement à façon de nouveaux cribles eucaryotes
- ▶ Criblage à haut débit sur cellules eucaryotes incluant la mesure de l'activité de gènes rapporteurs par 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](mailto:contact@mgps.eu)