ANR JCJC
Seabiomic
(CE21; 2021-2023)

Etude des réseaux d'interactions bactériennes dans le microbiome des produits de la mer, en vue d'un procédé de biopréservation dirigé

Delphine Passerini[1], Laetitia Kolypczuk[1], Alexandre Cormier[2], Françoise Leroi[1]

E-mail: delphine.passerini@ifremer.fr

[1]MASAE, EM3B Lab, IFREMER, Nantes, France
[2]IRSI, SeBimer, IFREMER, Brest, France

❖ Introduction et Objectif

La biopréservation* est une méthode douce de conservation des aliments qui s'appuie sur les compétitions bactériennes. L'efficacité de la biopréservation des produits de la mer pour lutter contre le pathogène *Listeria monocytogenes* a déjà été montré à travers plusieurs exemples. Cependant, cette approche est plus complexe quand plusieurs espèces sont ciblées. C'est le cas pour empêcher la dégradation organoleptique qui est généralement corrélée à la présence de plusieurs espèces altérantes. Aujourd'hui, la biopréservation reste une méthode empirique. Chaque matrice et chaque condition de stockage nécessite la sélection de souches protectrices appropriées, probablement car leur efficacité dépend de la composition du microbiote endogène et de sa dynamique. Nous avons donc entrepris, par une approche *in vitro*, la description de l'ensemble des interactions bactériennes du microbiote du saumon afin de comprendre les effets de l'addition de souches protectrices sur la dynamique de la communauté microbienne.

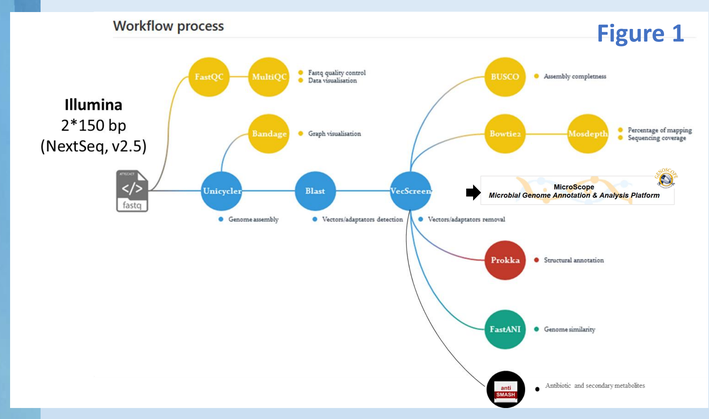
❖ Résultats

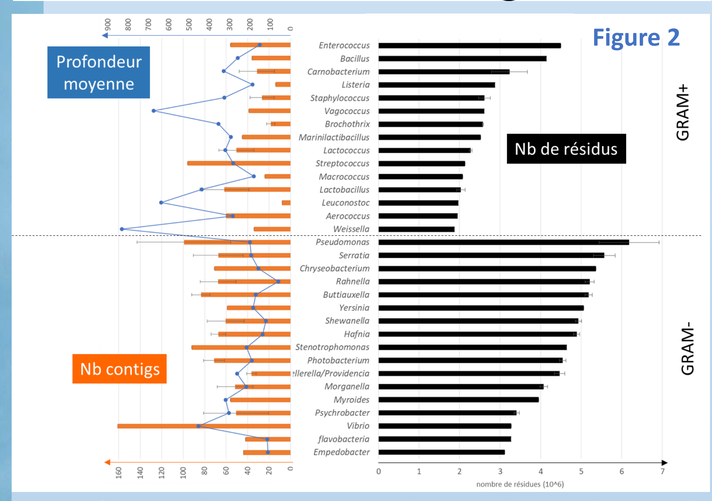
100 souches isolées de microbiote de saumon

sélectionnées parmi les 4000 isolats de la souchothèque du laboratoire

Approche génomique

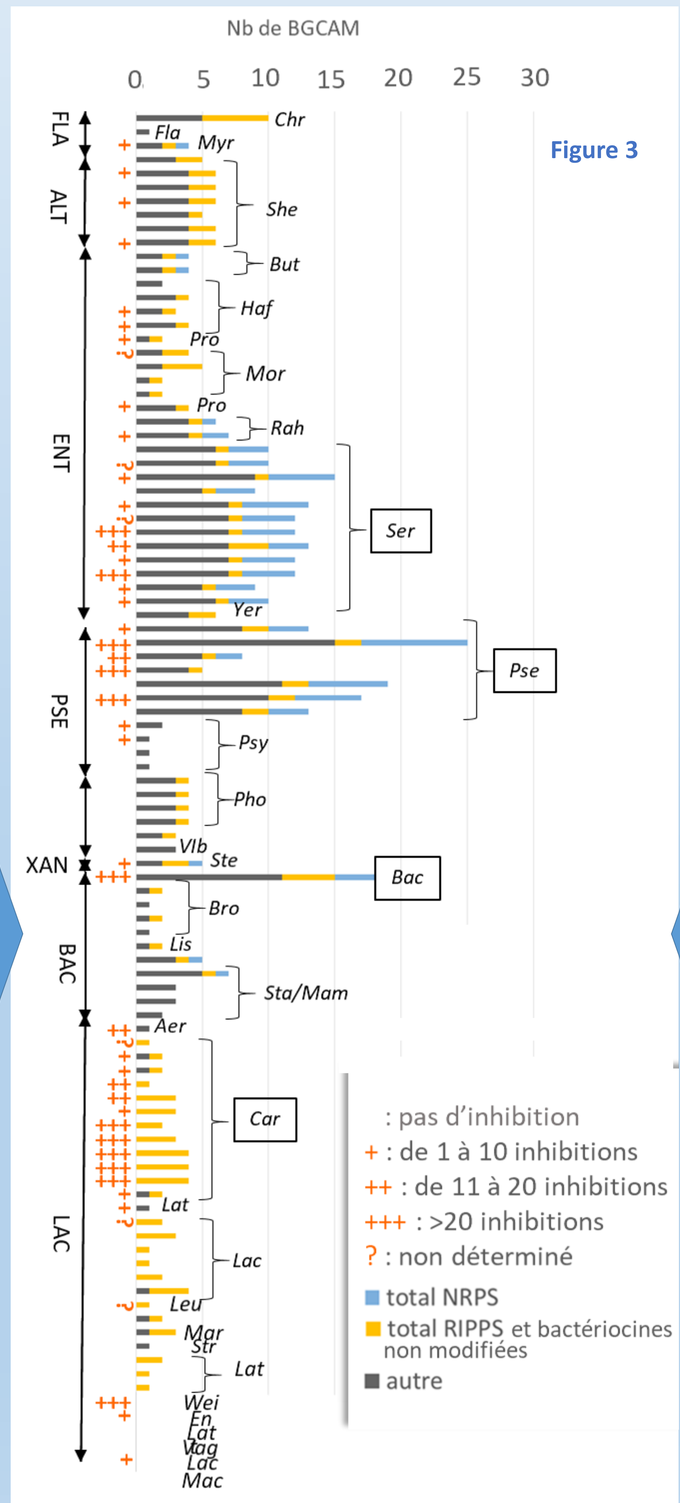
Séquençage, assemblage, annotation





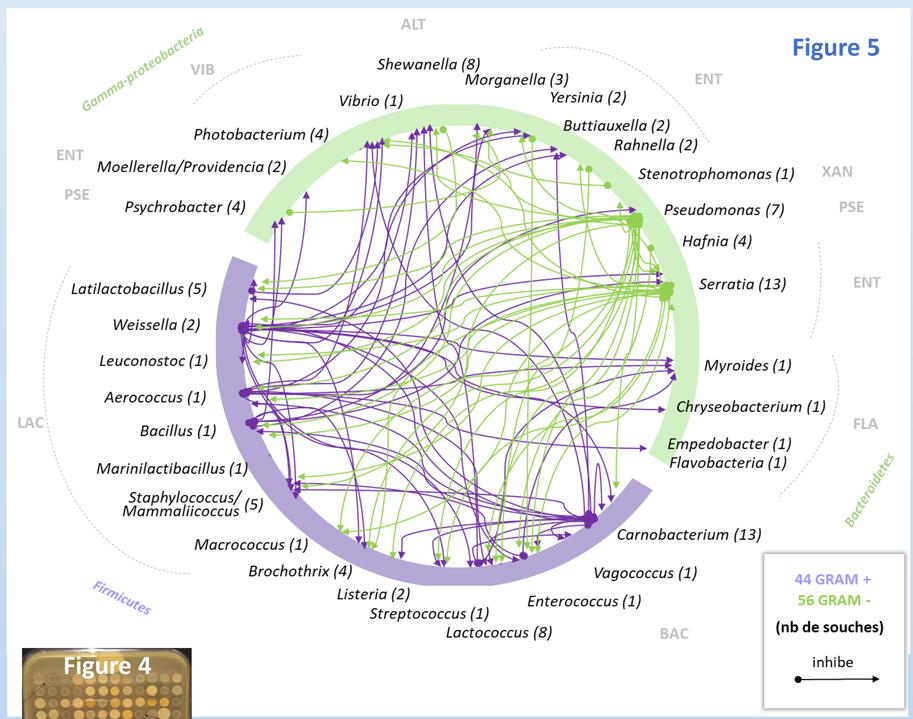
CELIA (automatiC gEnome assembLy marine prokAryotes), pipeline d'analyses bioinformatiques développé à Ifremer (**Figure 1)**, a permis l'assemblage des données de séquençage Illumina de manière automatisée. Le nombre de résidus, la profondeur moyenne de séquençage et le nombre de contigs pour chacun des 32 genres bactériens sont représentés **Figure 2**. Les génomes ont été déposés sur la plateforme d'annotation automatique MAGE (Genoscope, Evry). L'annotation des clusters de biosynthèse de composés antimicrobiens (BGCAM) a été réalisé par le pipeline Antismash V5. Entre 0 et 23 BGCAM ont pu être identifiés par génome. Sur les 497 BGCAM totaux, la moitié concernent la synthèse de molécules peptidiques. Au total 83 bactériocines non modifiées, 52 RiPPs (Ribosomally synthesized and post-translationally modified peptides), 93 NRP (Nonribosomal Peptides) ont été mis en évidence (**Figure 3**).

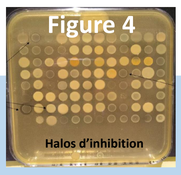
Composés antimicrobiens



Approche fonctionnelle

Activités antibactériennes





L'activité antibactérienne des 100 souches contre elles-mêmes ont été réalisées de manière miniaturisée, par la méthode « spot on lawn », principalement en milieu TSB (Trypticase Soya Broth) ou BHIS (Brain Heart Infusion + 1,5% NaCl), à 26°C ou 15°C (**Figure 4**). Sur 10812 tests, 613 halos d'inhibition (soit 6%) ont été observés. La moitié des souches ont présenté au moins 1 halo d'inhibition. La **Figure 5** représente les inhibitions observées entre les différents genres bactériens. Certains genres comme *Carnobacterium*, *Bacillus*, *Serratia* et *Pseudomonas* paraissent particulièrement compétitifs dans les conditions testées et présentent dans leur génome de nombreux clusters de gènes codant des RIPPS et/ou NRPS (**Figures 3 et 5**).

***La biopréservation** est basée sur l'inoculation de micro-organismes protecteurs ou de leurs métabolites dans l'aliment pour empêcher le développement de germes indésirables, pathogènes pour l'homme ou altérant le produit.

Pour revue: *Borges F et al., Contribution of omics to biopreservation: Toward food microbiome engineering. Front. Microbiol. (2022)*

❖ Conclusion

La combinaison des approches génomique et fonctionnelle a permis de mettre en évidence un réseau d'interactions bactériennes et un important potentiel synthétique de molécules antimicrobiennes à l'échelle du microbiome. Cette étude sera approfondie, notamment en ce qui concerne l'analyse fine des BGCAM et la diversité intra-genre et intra-espèce. Elle permettra de sélectionner des couples de souches modèles pour étudier la régulation des BGCAMs par transcriptomique et pouvoir, à plus long terme, proposer des moyens de contrôler la dynamique des microbiotes des produits de la mer.