

Analyse par spectrométrie de masse très haute résolution d'échantillons issus de digesteurs anaérobies soumis à des stress salins

INRAE



Lieux :

1. INRAE, Unité de recherche PROSE (Procédés Biotechnologiques au Service de l'Environnement - Antony, 92) <https://www6.jouy.inrae.fr/prose/>
2. Ecole polytechnique, LCM (Laboratoire de Chimie Moléculaire – Palaiseau, 91) <https://portail.polytechnique.edu/lcm/fr>

Encadrement : Olivier Chapleur olivier.chapleur@inrae.fr
Angéline Guenne angelina.guene@inrae.fr
Edith Nicol edith.nicol@polytechnique.edu

Contexte : La digestion anaérobie, ou méthanisation, est un processus microbologique de dégradation de la matière organique qui produit du biogaz, riche en méthane, qui peut être valorisé énergétiquement. Elle est couramment utilisée pour traiter différents types de déchets organiques à l'échelle industrielle. Cependant, ce bioprocédé n'est pas totalement maîtrisé et présente un potentiel d'amélioration important. L'une des principales limites de la digestion anaérobie est sa grande vulnérabilité à différents inhibiteurs présents dans les déchets, comme le sel (NaCl) entre autres.

Lors d'une étude préliminaire, nous avons évalué l'effet de stress salins sur les performances de la digestion anaérobie et les dynamiques microbiennes. Pour cela, 30 pilotes de laboratoires ont été mis en place et soumis à dix niveaux de stress permettant d'engendrer des perturbations plus ou moins importantes des populations microbiennes (ajout de 0 à 50 g/L de sel). Des échantillons ont été prélevés à 9 points de temps dans ces pilotes et conservés à -20°C.

Objectif du stage : Afin d'approfondir les résultats déjà obtenus, nous souhaitons caractériser l'influence des niveaux de sels sur les voies métaboliques de la digestion anaérobie. Pour cela, nous voulons appliquer une approche de métabolomique non-ciblée, par spectrométrie de masse haute résolution, aux échantillons de l'étude décrite ci-dessus.

Dans ce cadre, les missions confiées au stagiaire consisteront à **1)** mettre en place un protocole spécifique d'extraction des échantillons (liquide et solide) pour permettre leur analyse par HRMS en introduction directe, **2)** réaliser la préparation et l'analyse des échantillons issus de l'étude présentée ci-dessus en spectrométrie de masse haute résolution, **3)** étudier le jeu de données obtenus avec différentes méthodes bioinformatiques et biostatistiques, afin d'identifier une série d'ions d'intérêt, **4)** caractériser plus spécifiquement certains de ces ions à l'aide d'approche de fragmentation MSⁿ.

Les analyses seront réalisées principalement sur un spectromètre de masse à très haute résolution (FT-ICR Solarix XR, Ecole polytechnique). Un spectromètre de masse haute résolution (LTQ-Orbitrap XL), disponible à PROSE, pourra également être utilisé.

Profil des candidats : Les candidats devront avoir un goût certain pour le travail de laboratoire, le projet proposé comportant une forte partie expérimentale, nécessitant rigueur et minutie. L'analyse de l'ensemble des données nécessitera d'avoir une bonne capacité de synthèse et d'analyse. Les données seront analysées avec différents logiciels nécessitant pour certains d'utiliser et de modifier des scripts existants (R).

En fonction de la durée du stage, l'étude du jeu de données obtenu (missions 3 et 4) sera plus ou moins approfondie.