

Caractérisation in situ du contenu génomique de virus d'archées méthanogènes au sein de bioprocédés de fermentation de déchets organiques

Projet ANR-17-CE05-0011-01

DS02 - Energie, propre, sûre et efficace

Résumé

Les déchets organiques solides sont une ressource prometteuse pour la production de biocarburants et synthons par des bioprocédés anaérobies. Cependant, leur matrice complexe, hétérogène et variable dans le temps rend leur valorisation complexe : la bioraffinerie des déchets est en phase de recherche exploratoire. Pour orienter les voies de fermentation et établir des procédés stables, de nouveaux leviers opérationnels sont nécessaires. Aussi, les virus de microorganismes pourraient servir de base au développement d'outils de biocontrôle ciblant spécifiquement certains groupes fonctionnels microbiens. Dans d'autres domaines (médical, agro-alimentaire, épuration des eaux usées), des virus sont en effet déjà utilisés ou considérés dans une optique de biocontrôle. Concernant la bioraffinerie des déchets, les archées méthanogènes nuisent à la production de molécules à plus haute valeur ajoutée que le méthane mais leurs virus sont encore peu connus, si bien que le développement de telles stratégies de biocontrôle n'est aujourd'hui pas possible.

Le projet VIRAME vise donc à caractériser in situ le contenu génomique de virus d'archées méthanogènes dans les bioprocédés anaérobies de valorisation des déchets organiques. Etablir le lien entre un virus et l'identité de son hôte au sein d'écosystèmes complexes est un défi puisqu'ils ne partagent pas toujours de gènes. Pour lever ce verrou, le lien entre voies de méthanogénèse actives, archées les catalysant et contenu génomique des virus infectant ces archées sera établi grâce à une approche intégrée originale couplant des techniques de pointe en écologie moléculaire (méta-omiques, isotopie, en particulier « Stable isotope probing » SIP) et des analyses in silico classiques (génomique comparative) et spécifiques (analyse de CRISPR spacers, de provirus, composition en kmers). Le contenu génomique de virus d'archées méthanogènes sera étudié au sein de microcosmes répliqués et des métaviromes de méthaniseurs de déchets seront également comparés à ceux des microcosmes. La diversité des familles virales et les gènes dont les fonctions sont liées au cycle de vie des virus et à l'écophysiologie des archées méthanogènes seront notamment examinés.

Sur le plan expérimental, des conditions spécifiques et l'utilisation de divers substrats carbonés, marqués ou non au ^{13}C , permettront d'activer sélectivement différentes voies de méthanogénèse puis d'identifier virus et cellules ayant incorporé du ^{13}C . Des inocula issus de méthaniseurs industriels seront employés.

L'équipe d'origine du coordinateur a déjà accumulé et publié des données mettant en évidence l'incorporation de substrats marqués au ^{13}C par les archées méthanogènes, dans des microcosmes inoculés avec de telles biomasses et similaires à ceux qui seront établis pour ce projet.



Coordinatrice Dr Ariane BIZE

UR PROSE – INRAE, Centre de Jouy-en-Josas – Antony
ariane.bize[at]inrae.fr – +33.1.40.96.60.89



UR 1461 PROSE

INRAE Centre Île de France Jouy-en-Josas – Antony
1 rue Pierre-Gilles de Gennes
92761 Antony Cedex
www6.jouy.inrae.fr/prose/

	Sites du projet virame.inrae.fr – anr.fr/Projet-ANR-17-CE05-0011
	Partenaires scientifiques et techniques <ul style="list-style-type: none">➤ Institut Pasteur Unité de Virologie des archées – Département de Microbiologie➤ Laboratoire Microorganismes: Génome et Environnement (LMGE) UMR 6023 – CNRS – Université Clermont Auvergne➤ Plateforme de bioinformatique MIGALE – UR MaIAGE Mathématiques et Informatique Appliquées, du Génome à l'Environnement INRAE – Centre de Jouy-en-Josas – Antony   
	Financement de l'ANR <ul style="list-style-type: none">➤ 248 383 €
	Durée <ul style="list-style-type: none">➤ Octobre 2017 – 60 mois

**UR 1461 PROSE**

INRAE Centre Île de France Jouy-en-Josas – Antony
1 rue Pierre-Gilles de Gennes
92761 Antony Cedex
www6.jouy.inrae.fr/prose/