

## FICHE DE RECUEIL DES FAITS MARQUANTS DEPARTEMENTS/CENTRES

(Renseigner une fiche par fait marquant.

Les départements/centres peuvent choisir de faire la synthèse de plusieurs FM en une seule fiche si pertinent)

**Année concernée :** 2021 (Publication ou réalisation de 2021)

**Fiche envoyée par :** MICA/Jouy-en-Josas

**Priorité attribuée au FM (à renseigner par le CD/PC) :**

**Titre du fait marquant :** Les bases moléculaires de l'adaptation d'une flavobactérie pathogène des poissons

**Catégorie: Publication doi :** 10.1038/s43705-021-00029-9

**Contact :** Pierre NICOLAS (MaIAGE) – Tatiana ROCHAT (VIM)

**Unité :** MaIAGE - VIM

**Département :** MathNUM & MICA (MaIAGE) – SA (VIM)

**Centre INRAE :** Jouy-en-Josas

**OS ou OP INRAE 2030 (cf. classification proposée en annexe) :** OS 1.3 et OS 2.3, OP 1.3

**Metaprogramme (si adapté) :**

**Mots-clés (rubrique libre) :** aquaculture, bactéries pathogènes, transcriptomique

**Résumé (10 à 15 lignes max. à rédiger sous une forme exportable dans le Rapport Annuel.)**

L'aquaculture connaît la croissance la plus rapide de tous les secteurs contribuant à l'alimentation humaine, mais elle est confrontée au défi du contrôle de maladies infectieuses encore peu connues. La compréhension de la biologie de ces agents pathogènes aquatiques est capitale à la mise en place de stratégies de lutte. Parmi ceux-ci, la bactérie *Flavobacterium psychrophilum* est responsable de la flavobactériose dont les épisodes infectieux récurrents sont associés à de fortes mortalités et à l'utilisation d'antibiotiques, avec un impact économique et écologique important dans les élevages de salmonidés à l'échelle mondiale. Afin d'apporter des connaissances nouvelles sur la biologie des flavobactéries et leurs mécanismes de pathogénicité, des chercheurs INRAE ont étudié par une combinaison d'approches transcriptomiques, bioinformatique, et statistique, comment cette bactérie s'adapte aux différents environnements rencontrés durant son cycle de vie. Les résultats ont permis d'établir une cartographie détaillée du paysage transcriptionnel, d'identifier de nombreux éléments régulateurs de l'expression des gènes, et d'établir des liens entre l'expression de gènes précis et des environnements particuliers. La publication de cette étude est ainsi une étape clé dans l'identification de gènes intervenant dans l'adaptation à l'hôte et dans la virulence.

(400 à 500 mots/ 2700 à 3400 caractères max. pour l'ensemble des 4 rubriques ci-dessous)

**Contexte et enjeux :**

L'aquaculture connaît la croissance la plus rapide de tous les secteurs contribuant à l'alimentation humaine, mais elle est confrontée au défi du contrôle de maladies infectieuses encore peu connues. La compréhension de la biologie de ces agents pathogènes aquatiques est capitale à la mise en place de stratégies de lutte. Les bactéries de la famille des *Flavobacteriaceae* (phylum *Bacteroidetes*) sont l'une des principales causes de maladies dans les piscicultures d'eau douce. Parmi elles, l'espèce *Flavobacterium psychrophilum* est responsable de la flavobactériose dont les épisodes infectieux récurrents sont associés à de fortes mortalités

et à l'utilisation d'antibiotiques, avec un impact économique et écologique important dans les élevages de salmonidés à l'échelle mondiale. Bien que peu étudiées, les flavobactéries sont pourtant fréquentes dans de nombreux environnements comme le sol et les milieux aquatiques où, au-delà de leur responsabilité dans certaines maladies, elles jouent un rôle clé dans le cycle de la matière organique.

**Résultats :**

Afin d'apporter des connaissances nouvelles sur la biologie des flavobactéries et leurs mécanismes de pathogénicité, des chercheurs INRAE en collaboration avec la plateforme de séquençage de l'I2BC du CNRS ont étudié comment *Flavobacterium psychrophilum* s'adapte aux différents environnements rencontrés durant son cycle de vie. L'étude fournit, enfin, une vue globale de l'expression des gènes de la bactérie en lien avec sa niche écologique. L'analyse bioinformatique et statistique a permis d'établir une cartographie détaillée du paysage transcriptionnel qui révèle de nombreux éléments régulateurs de l'expression des gènes. Grâce à l'examen d'un nombre important de conditions biologiques reflétant différentes étapes de la vie de la bactérie, dans et hors de son hôte, des liens ont pu être établis entre l'expression de gènes précis et des environnements particuliers, faisant de cette étude une étape clé dans l'identification de gènes intervenant dans l'adaptation à l'hôte et dans la virulence. La publication dans un journal de l'*International Society for Microbial Ecology* s'accompagne d'un site web conçu pour faciliter l'exploitation des données par la communauté scientifique et hébergé par la plateforme de bioinformatique INRAE Migale.

**Perspectives :**

Ce travail s'inscrit dans une dynamique d'acquisition de connaissances fondamentales par des approches de génomique comparative et fonctionnelle sur les flavobactéries. L'étude transcriptomique de *Flavobacterium psychrophilum* a ouvert la voie à des études moléculaires qui permettront une meilleure compréhension de sa biologie. Elle est actuellement étendue à celle de l'interaction avec le poisson hôte (*dual transcriptomics*) permettant d'appréhender simultanément les mécanismes de réponse de l'hôte et de virulence de la bactérie.

**Valorisation :**

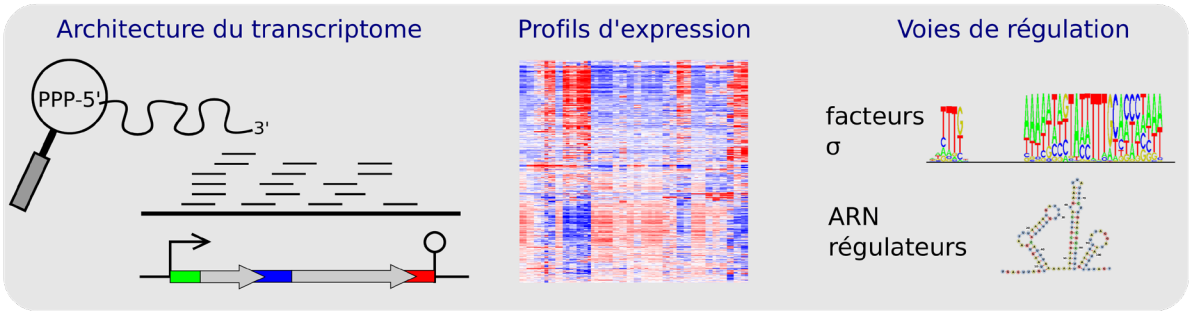
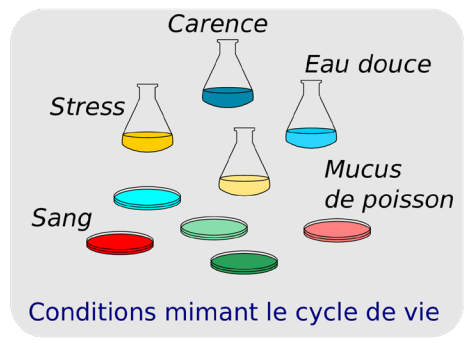
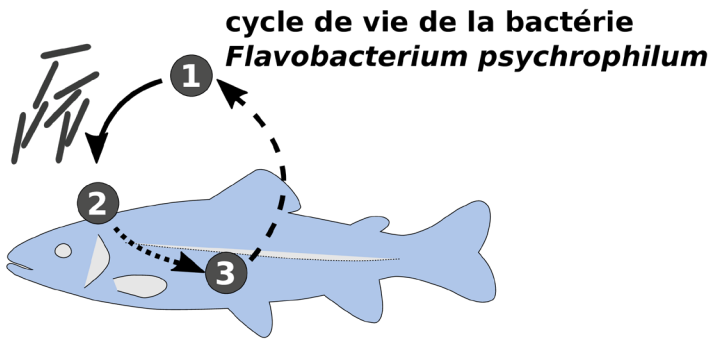
L'équipe « Equipe Infection et Immunité des poissons » (VIM) réinvestit les nouvelles connaissances sur les flavobactéries dans des projets de contrôle des maladies en collaboration avec la filière piscicole (projet FEAMP FlavoControl).

**Références bibliographiques :**

Guérin, C., Lee, B.H., Fradet, B. *et al.* Transcriptome architecture and regulation at environmental transitions in flavobacteria: the case of an important fish pathogen. *ISME COMMUN.* **1**, 33 (2021).  
<https://doi.org/10.1038/s43705-021-00029-9>

**Illustrations** (photos au format jpg, avec légende, auteur de la photo, et copyright s'il y en a un)

Résumé graphique de l'étude en pj.



**Des signaux environnementaux aux fonctions moléculaires**

## Annexe - Classification des faits marquants –INRAE 2030

- OS 1.1. Changement climatique : intégrer les démarches d'atténuation et d'adaptation
- OS 1.2. Biodiversité : un patrimoine mieux préservé et un levier d'action davantage mobilisé
- OS 1.3. Compréhension et mobilisation des mécanismes d'adaptation du vivant pour la sélection génétique et la préservation de la biodiversité
- OS 1.4. Evaluation et gestion des risques naturels et climatiques
- OS 1.1. Changement climatique : intégrer les démarches d'atténuation et d'adaptation
- OS 1.2. Biodiversité : un patrimoine mieux préservé et un levier d'action davantage mobilisé
- OS 1.3. Compréhension et mobilisation des mécanismes d'adaptation du vivant pour la sélection génétique et la préservation de la biodiversité
- OS 1.4. Evaluation et gestion des risques naturels et climatiques
- OS 2.1. Renforcer la compréhension des processus des transitions et enjeux d'autonomie
- OS 2.2. Progression vers des agricultures sans pesticide de synthèse
- OS 2.3. Transition des élevages
- OS 2.4. Construction des qualités des régimes alimentaires
- OS 2.5. Une alimentation saine et durable accessible et valorisante pour tous
- OS 3.1. Cycles du carbone, de l'azote et du phosphore dans les écosystèmes terrestres
- OS 3.2. Cycle de l'eau, relations entre grand et petit cycles
- OS 3.3. Traitement et usages des biomasses, coproduits, eaux usées et résidus organiques
- OS 3.4. Produits biosourcés : de nouvelles relations marchandes et dynamiques sociales
- OS 4.1. Emergences et re-émergences des maladies transmissibles, au sein et entre les systèmes environnementaux, agricoles et alimentaires
- OS 4.2. Pollutions, contaminants et exposome
- OS 4.3. Une nutrition préventive pour la santé publique et environnementale
- OS 5.1. Systèmes complexes et évolutifs
- OS 5.2. Capteurs et systèmes d'acquisition d'information
- OS 5.3. Des agro-équipements pour la transition agroécologique
- OS 5.4. Technologies de l'information, réseaux et nouveaux pouvoirs
  
- OP 1.1. Innover par la recherche partenariale en favorisant la co-construction et la co-réalisation
- OP 1.2. Anticiper les grands défis et éclairer les débats sociétaux et les politiques publiques par l'expertise scientifique
- OP 1.3. Ouvrir la science et partager les connaissances
- OP 2.1. Des écosystèmes académiques régionaux aux dispositifs de coordination nationale
- OP 2.2. Une présence et une coopération européennes essentielles
- OP 2.3. Une recherche de référence à l'international
- OP 2.4. Infrastructures de recherche
- OP 3.1. La stratégie RSE porteuse de sens et d'identité
- OP 3.2. INRAE, acteur investi dans la préservation de l'environnement
- OP 3.3. INRAE, employeur engagé
- OP 3.4. INRAE, acteur ouvert et transparent