

UMR 1313 - GABI

GeMS

Animation

Fany Blanc
Jordi Estellé

Thématique globale

L'équipe GéMS étudie les interactions entre variations génétiques de l'hôte, microbiote intestinal et l'immunité, et leurs effets sur la santé et la robustesse du porc et du poulet. Pour y parvenir, elle couple des approches « -omiques » avec de l'immuno-phénotypage de précision et/ou à haut-débit des animaux, in vivo et in vitro.

**université
PARIS-SACLAY**

Rattachement à l'**Université
Paris-Saclay**

Rattachement à l'**école
doctorale ABIES** (Agriculture, Alimentation, Biologie, Environnement, Santé) et **SDSV** (Structure et dynamique des systèmes vivants)


SAPS

Sciences Animales PARIS SACLAY

Membre de **SAPS**

Sciences Animales Paris-Saclay


**France
Futur
Élevage**

Membre de l'Institut Carnot
France Futur Elevage

Génétique animale et biologie intégrative (GABI)

Equipe Génétique, Microbiote, Santé

Questions scientifiques

1- Recherche et caractérisation de la variabilité individuelle des phénotypes liés à la santé

Nous cherchons à caractériser la variabilité individuelle et à identifier des signatures de réponses face à des challenges « santé » tels que des vaccinations, des infections (Salmonella, Eimeria, etc), le sevrage ou le mélanome. Nos espèces cibles sont le porc et la poule, et par des collaborations, nous étudions aussi d'autres espèces d'élevage. Nous travaillons sur la compréhension fine des mécanismes immunitaires impliqués dans les réponses à ces différents challenges par des études transcriptomiques de tissus cibles pouvant aller à des échelles cellulaires uniques ou spatiales. Nous évaluons également le potentiel prédictif des paramètres immunitaires mesurés avant les challenges afin de déterminer des indicateurs de l'immuno-compétence des animaux. Enfin, nous cherchons à mettre en évidence les compromis entre la santé et les performances de production, ainsi qu'entre la santé et le comportement/bien-être des animaux.

2- Effets de la génétique des hôtes, leurs microbiotes et interactions avec l'environnement sur la santé des animaux d'élevage

L'objectif est de caractériser le déterminisme et la causalité de la variabilité des phénotypes de santé, en prenant en compte les interactions entre les facteurs génétiques des hôtes et leur microbiote dans des environnements divers et changeants. Nous combinons des méthodes génomiques et métagénomiques, sur les caractères d'immunité, de robustesse et de résistance aux pathogènes et sur les biomarqueurs identifiés en 1. Nous travaillons en conditions expérimentales et en conditions de terrain diverses (par exemple production conventionnelle vs. biologique). Du côté de l'hôte, nous évaluons l'impact de la génétique sur les phénotypes de santé en réalisant des études d'héritabilité et d'association à l'échelle du génome dans le but d'identifier des mutations causales candidates. Du côté du microbiote, les effets du métagénome sont étudiés par des études de microbiabilité, d'abondance différentielle et d'association à l'échelle du métagénome afin d'estimer les principales relations entre le microbiote et les phénotypes de l'hôte. Nous étudions aussi le déterminisme de la génétique de l'hôte sur les écosystèmes du microbiote, en mettant en œuvre des approches de corrélation génétique (phénotypes vs. microbiote) et des analyses d'association sur les descripteurs du microbiote. Cette démarche combinée s'inscrit dans le concept d'hologénomique, que nous explorons par des études sur les lignées divergentes sélectionnées pour des entérotypes intestinaux porcins ou des phénotypes de santé. Les possibilités de mise en œuvre d'expériences de sélection hologénomique sont également prises en compte dans nos études, avec des approches théoriques en collaboration. Finalement, nous travaillons à l'amélioration de la connaissance des génomes et leur variabilité (par exemple, initiatives FAANG, PigGTEx, ChickenGTEx), avec une approche générique mais aussi en ciblant la réponse immunitaire et les gènes du CMH chez les porcs et les poulets. Nous contribuons également à l'amélioration des catalogues de référence des métagénomes pour les microbiotes étudiés dans notre équipe.





UMR 1313 - GABI

Dispositifs de recherche :

-- Expérimentations avec les UE GenESI (Le Magneraud ; porc) et PEAT et PFIE (Nouzilly ; poule).

- Production des données génomiques avec INRAE @BRIDGE, Jouy-en-Josas et GeT-PlaGe, Toulouse et des données métagénomiques avec MetaGenoPolis



3- Approches Génotype au Phénotype (G2P) in vitro pour des caractères d'intérêt pour la santé

Ce thème est en continuité avec notre participation aux efforts internationaux d'annotation du génome et la mise au point de la production d'organoïdes et de stratégies d'édition génomique par CRISPR/Cas9 chez le porc. Il s'agit d'établir un lien de causalité entre la variabilité génétique et épigénétique dans les éléments fonctionnels du génome (codants, et surtout régulateurs) et les phénotypes d'intérêt mesurables dans des systèmes in vitro, tels que les organoïdes sur lesquels nous développons les techniques CRISPR/Cas9. Cette approche G2P s'inscrit dans la logique éthique des 3R, et elle est complémentaire à l'expérimentation animale. Le développement d'outils CRISPR/Cas9 in vitro sera aussi très utile pour tester des variants candidats définis par les autres thématiques de l'équipe sur les systèmes in vitro les mieux adaptés. Les ouvertures souhaitées visent à complexifier les organoïdes, à les moduler dans l'espace (Organ-on-Chip) et à les étudier par imagerie et par transcriptomique sur cellule unique, pour enrichir de plus en plus la gamme des phénotypes mesurables.

4- Approches épidémiogénétiques et de modélisation de populations élevées en groupe

Nous développons une approche d'épidémiogénétique pour évaluer l'impact des caractères de santé individuels sur la santé du groupe. En effet, la sensibilité et l'infectiosité de l'animal concernant une maladie infectieuse n'impactent pas uniquement sa santé mais conditionnent aussi la santé de ses pairs via le processus de contagion. Nous développons dans un premier temps un modèle « poulet-coccidiose », par une approche de modélisation épidémiologique individu centrée. Ensuite, une expérimentation animale permettra d'estimer les paramètres génétiques des traits liés à la capacité à transmettre la maladie. A moyen terme, nous élargirons nos recherches à d'autres pathogènes d'intérêt en production avicole et/ou porcine. L'intensification des efforts de l'équipe de recherche concernant la gestion des maladies infectieuses s'inscrit dans une démarche tournée vers l'agroécologie et nourrira des réflexions dans un contexte One Health.

Expertises

Notre équipe a développé pour ses travaux des expertises dans la conception de dispositifs expérimentaux, le phénotypage de paramètres immunitaires sur de grandes cohortes d'animaux, ainsi qu'en génomique fonctionnelle et métagénomique.

Partenaires

L'équipe GéMS collabore avec d'autres équipes de l'unité GABI, des unités recherches INRAE de plusieurs départements (GA, PHASE, SA, MICA) et des partenaires académiques nationaux et internationaux. Elle a également des partenariats avec des acteurs industriels (sélection, alimentation animale, industrie pharmaceutique).

Publications

<https://gabi.jouy.hub.inrae.fr/les-equipes/gems/publications-de-l-equipe-gems>

