



Projet exploratoire  
2024 – 2025



## Métagénomique et métatranscriptomique du microbiote intestinal dans le contexte de la dysbiose induite par la super excrétion de *Salmonella* chez le porc

### Coordination

Florent KEMPF (ISP)  
[florent.kempf@inrae.fr](mailto:florent.kempf@inrae.fr)

### Mots clefs

Microbiote intestinal,  
*Salmonella*, super-  
excrétion, porc,  
métagénomique,  
métatranscriptomique

### Unités INRAE participantes

GABI  
ISP  
MaIAGE  
MGP

### Partenaires

University of Surrey  
(Royaume-Uni)  
ANSES (France)

La super excrétion de *Salmonella* est un problème sanitaire dans l'industrie porcine. Dans une étude précédente (PMID:36629432), il a été démontré que la perturbation de l'holobionte spécifique aux porcs à faible et à forte excrétion suit un scénario complexe. Premièrement, l'hôte présente un pic d'inflammation ; deuxièmement, une perturbation du microbiote intestinal a été observée, y compris des fonctions liées à la respiration anaérobie ; troisièmement, un pic d'excrétion de *Salmonella* a été observé, exacerbé chez les individus super-excréteurs.

Nous émettons l'hypothèse que les changements survenant dans le microbiote intestinal au niveau fonctionnel déterminent en fin de compte si un porc devient un animal à faible ou forte excrétion. C'est pourquoi nous proposons d'étudier cela en combinant la métagénomique (fonctions potentielles/prédites) et la métatranscriptomique (fonctions exprimées). Dans la cette étude, nous réanalyserons les échantillons déjà collectés dans PMID:36629432, afin d'effectuer une caractérisation métagénomique et métatranscriptomique des points temporels avant et immédiatement après l'infection.

En outre, une analyse intégrée nous permettra de déterminer laquelle des espèces métagénomiques exprime les fonctions cruciales, en particulier celles liées à la réponse inflammatoire et à la colonisation par *Salmonella*.

Ce projet apportera un complément précieux aux connaissances actuelles sur la super-excrétion de *Salmonella* et jettera les bases de la modulation du microbiote intestinal visant à réduire l'impact de *Salmonella* sur cet holobionte.

### Objectifs

L'objectif de MiMiSiPi est de développer une approche consistant en une caractérisation combinée d'échantillons complexes (par ex. microbiote intestinal ou échantillons "GM") par la métagénomique et la métatranscriptomique.

Nous proposons un parcours interdisciplinaire, réunissant bioinformaticiens, mathématiciens et microbiologistes, basé sur l'organisation de trois événements distincts :

1. un séminaire réunissant des personnes de l'Institut travaillant et/ou intéressées par la caractérisation combinée métatranscriptomique et métagénomique visant à étudier des échantillons complexes, tels que les échantillons GM
2. un workshop centré sur les intérêts, outils et perspectives de cette approche, en particulier ceux concernant l'association entre les espèces métagénomiques et les fonctions métatranscriptomiques exprimées, à travers la biostatistique et la modélisation mathématique
3. un stage de Master 2 avec une supervision conjointe se concentrant sur la reconstruction taxonomique des espèces métagénomiques et leur association avec les fonctions exprimées.

## Partenaires

Unité INRAE	Expertise	Département INRAE
GABI	Métagénomique porcine ; métatranscriptomique	GA
ISP	Salmonelles et salmonellose ; métagénomique	MICA
MaIAGE	Mathématiques ; modélisation ; analyse données	MATHNUM
MGP	Métagénomique porcine ; annotation fonctionnelle	/
Partenaire	Expertise	
ANSES (France)	<i>Salmonelles</i> en production porcine	
University of Surrey (Royaume-Uni)	<i>Salmonelles</i> en production porcine ; métagénomique	