

**Nom du laboratoire d'accueil : UMR 454 MEDIS INRA-UCA (Microbiologie, Environnement Digestif et Santé), Clermont-Ferrand.**  
**Directeur : Pierre PEYRET**

**Nom et fonction de l'encadrant : Evelyne FORANO, DR2 INRA**  
**Co-encadrant : Rafael Muñoz-Tamayo, CR2, MoSAR, INRA-AgroParisTech**

**Sujet de recherche : Quantification dynamique du métabolisme d'une bactérie du rumen *Fibrobacter succinogenes* par des approches omiques**  
**Durée : six mois**

**Présentation du sujet (incluant les techniques et approches à mettre en œuvre) :**

Le microbiote du rumen joue un rôle essentiel dans la nutrition des ruminants en dégradant et fermentant les aliments, les transformant ainsi en source d'énergie et de protéines pour l'hôte. Afin d'optimiser ces fonctions, il est nécessaire de connaître les mécanismes impliqués et de pouvoir prédire l'effet de facteurs biotiques ou abiotiques sur la structure et l'activité de cet écosystème complexe. Dans cet objectif, la modélisation mathématique offre une approche puissante vers une compréhension du fonctionnement de l'écosystème ruminal. La pertinence d'un modèle mathématique est fortement liée à la qualité des données sur lesquelles le modèle a été construit. Dans ce contexte, le projet vise à produire des données afin de caractériser la dynamique du métabolisme à l'échelle du génome d'une espèce majeure du rumen exerçant une fonction clé, la bactérie cellulolytique *Fibrobacter succinogenes*. Pour cela, des cultures *in vitro* de l'espèce ciblée seront réalisées avec différents substrats et les métabolites produits seront quantifiés. Des co-cultures avec d'autres espèces ruminales majeures pourront également être conduites. Le transcriptome de *Fibrobacter succinogenes* seul (ou en co-culture) sera analysé par RNASeq. Les principaux objectifs sont 1) de quantifier la dynamique du métabolisme de *F. succinogenes*, 2) de fournir des données clés pour la construction d'un modèle mathématique de son métabolisme. L'objectif à terme est d'intégrer les données de transcriptomique et la modélisation mathématique, en vue de décrire et prédire les interactions entre les différentes espèces bactériennes en co-culture. Ce projet sera réalisé en collaboration entre l'UMR MEDIS (E. Forano) où seront réalisées les expérimentations de Microbiologie, et l'UMR Modélisation Systémique Appliquée aux Ruminants (R. Muñoz-Tamayo, INRA, AgroParisTech, Paris) pour la partie modélisation. Le RNASeq et l'analyse des données seront réalisés en collaboration avec GénoToul (C. Klopp). Des missions à Paris sont prévues dans le cadre du stage pour le développement d'un modèle mathématique préliminaire. Le projet associe des approches de microbiologie, génomique, transcriptomique et mathématiques.

**Mots clés : Rumen - fermentation - transcriptome - *Fibrobacter succinogenes* - modélisation**

**Références bibliographiques récentes de l'équipe (3 maximum)**

- Comtet-Marre S, Parisot N, Lepercq P, Chaucheyras-Durand F, Mosoni P, Peyretailade E, Bayat A R, Kevin J. Shingfield K J, Peyret P, Forano E. 2017. Metatranscriptomics reveals the active bacterial and eukaryotic fibrolytic communities in the rumen of dairy cow fed a mixed diet. Front. Microbiol. doi: 10.3389/fmicb.2017.00067

- Despres J, Forano E, Lepercq P, Comtet-Marre S, Jubelin G, Chambon C, Yeoman CJ, Berg Miller ME, Fields CJ, Martens E, Terrapon N, Henrissat B, White BA, Mosoni P. 2016. Xylan degradation by the human gut *Bacteroides xylanisolvens* XB1A involves two distinct gene clusters that are linked at the transcriptional level. BMC Genomics. 17:326. DOI 10.1186/s12864-016-2680-8

- Muñoz-Tamayo R, Giger-Reverdin S, Sauviant D 2016. Mechanistic modelling of in vitro fermentation by rumen microbiota. Anim. Feed Sci. Technol. 220, 1-21.

**Contact : Nom : Evelyne FORANO Tél : 04 73 62 42 48 Email : evelyne.forano@inra.fr**