



## La médaille Louis Pasteur 2014 récompense Claudine MEDIGUE, responsable du LABGeM de l'Institut de génomique du CEA, pour sa contribution majeure à la compréhension des génomes bactériens et de leur métabolisme

**Claudine MEDIGUE, responsable du LABGeM de l'Institut de génomique du CEA - laboratoire CNRS/CEA/UEVE labellisé Genopole - a reçu la médaille Louis Pasteur décernée par l'Académie des sciences lors de la séance solennelle du 25 novembre dernier. Cette distinction récompense les recherches de son laboratoire ainsi que leur valorisation au sein de MicroScope, une plate-forme unique en France et en Europe, offrant aux biologistes les outils et les données pour mieux comprendre les génomes bactériens, en particulier leur métabolisme dont une large part reste encore inconnue de nos jours.**

### Le Laboratoire d'Analyses Bioinformatiques pour la Génomique et le Métabolisme

Claudine MEDIGUE est Directrice de recherche CNRS. Elle dirige le Laboratoire d'Analyses Bioinformatiques pour la Génomique et le Métabolisme (LABGeM) de l'Institut de génomique du CEA, et orchestre - avec David VALLENET, chercheur CEA au LABGeM - les évolutions et le service de la plate-forme bio-informatique MicroScope.

Le LABGeM est un groupe de bioinformatique localisé au sein du Centre National de Séquençage (Genoscope) en Essonne. Les recherches du Laboratoire portent sur le développement de nouvelles méthodes d'annotation et d'analyses comparatives des génomes bactériens et de leur métabolisme, et sur la recherche de nouvelles activités enzymatiques, tout

en participant activement à différents projets d'exploration génomique et métabolique de micro-organismes.

« L'objectif majeur de notre groupe de recherche est de produire des résultats biologiques via l'élaboration de méthodologies d'annotation comparative des génomes de micro-organismes, aujourd'hui disponibles ou en cours de séquençage. », explique Mme MEDIGUE.

Dans ce but, deux types d'activités sont conjointement menées :

- la conception et la mise en oeuvre d'outils informatiques, qu'il s'agisse de méthodes spécifiques, de stratégies d'analyse plus complexes, de bases de données spécialisées ou encore de sites web, offrant un libre accès aux méthodes et aux bases de données développées par le Laboratoire ;

- l'application de ces outils à l'annotation et l'exploration de génomes bactériens.

« A ce stade, nos activités interagissent étroitement avec des biologistes « de la paillasse » afin d'obtenir un retour des vérifications expérimentales de certaines hypothèses formulées *in silico* », ajoute Claudine MEDIGUE. « Bien que nos applications aient été initialement orientées vers l'étude de génome de micro-organismes pathogènes, nous avons été conduits ces dernières années à élargir le cadre de nos analyses à des génomes procaryotes très différents, en particulier des bactéries de l'environnement séquencées au Genoscope »

Devant l'augmentation des demandes, en termes de projets d'annotation et



© B. Eymann - Claudine Médigue recevant la médaille Louis Pasteur de l'Académie des sciences

d'analyses comparatives de génomes bactériens, le LABGeM a souhaité développer, avec l'équipe informatique du Genoscope, une infrastructure informatique performante. La plate-forme MicroScope rassemble aujourd'hui toutes ces méthodes bio-informatiques pour l'annotation syntaxique, fonctionnelle, et relationnelle ainsi que les résultats générés et l'expertise des biologistes, dans une base de données accessibles via une interface Web conviviale.

### MicroScope, une plate-forme intégrative d'outils et de données rassemblant plus de 3500 génomes bactériens

L'objectif de la plate-forme MicroScope est de proposer un service pour la (ré) annotation et l'analyse comparative de génomes bactériens. Elle vise à :

→ l'analyse complète de génomes nouvellement séquencés (ou à ré-annoter), y compris les analyses comparatives (synténies) avec l'ensemble des génomes bactériens aujourd'hui disponibles et la prédiction de leurs réseaux métaboliques ;

→ l'intégration et la maintenance des résultats dans une base de données relationnelle ;

→ la mise à la disposition de l'ensemble des données d'annotation qui peuvent alors être consultées et « expertisées » via l'interface graphique Web MaGe ;

→ la formation et le suivi des utilisateurs de la plateforme MicroScope.

Les chercheurs disposent ainsi d'outils bio-informatiques puissants pour analyser leurs données génomiques, explorer les résultats stockés dans la base de données - qui répertorie aujourd'hui pas moins de 3500 génomes bactériens - et avancer dans la connaissance des gènes bactériens et de leurs fonctions. Les biologistes peuvent aussi enrichir la base des résultats issus de leurs expérimentations. Cette plate-forme intégrative d'outils et de données facilement accessibles aux chercheurs n'a pas d'équivalent en France ni en Europe. Le service est d'ailleurs largement ouvert, y compris au niveau international (plus de 60% des comptes utilisateurs sont d'origine étrangère).

### A la découverte de nouvelles fonctions et activités enzymatiques bactériennes

Un des grands enjeux du travail de Claudine MEDIGUE et de son équipe est la connaissance du métabolisme des bactéries, c'est-à-dire les réactions chimiques qui leur permettent de vivre et de se multiplier. « Un pan gigantesque de ce métabolisme est encore inconnu », souligne Mme MEDIGUE, qui révèle que « chez les bactéries étudiées, entre 20 et 50% des gènes ont une fonction biologique ignorée aujourd'hui ».

La découverte de nouvelles fonctions et activités enzymatiques bactériennes ouvrira la voie à de nombreuses applications comme le développement de procédés biologiques de production industrielle ou le traitement des polluants par bioremédiation. Elle contribuera aussi à des progrès médicaux, grâce notamment à une meilleure connaissance des bactéries pathogènes de l'Homme, mais aussi à une nouvelle compréhension des bactéries avec lesquelles nous vivons, comme celles de notre microbiote intestinal, dont l'impact sur notre santé est désormais prouvé.

S. DENIS

Pour en savoir plus :

[www.genoscope.cns.fr/agc/microscope/home/](http://www.genoscope.cns.fr/agc/microscope/home/)  
[cmedigue@genoscope.cns.fr](mailto:cmedigue@genoscope.cns.fr)  
[vallenet@genoscope.cns.fr](mailto:vallenet@genoscope.cns.fr)  
[mage@genoscope.cns.fr](mailto:mage@genoscope.cns.fr)



## Auriez-vous besoin d'un MiniVap™ ?

Bien entendu, il ne vous viendrait pas à l'idée d'utiliser un sèche-cheveux pour évaporer vos échantillons de chromatographie sur une seule microplaque, mais vous pourriez bien en avoir assez d'attendre votre tour pour utiliser pour cela le gros évaporateur de votre service. Si tel est votre cas, vous avez besoin d'un MiniVap de Porvair. Cet appareil est petit, rapide, adaptable, et n'endommagera pas vos échantillons. Allez sur [www.telechargements.microplaques.fr](http://www.telechargements.microplaques.fr) pour de plus amples informations.



porvair sciences

Téléphone +33 (0) 5.63.03.19.89  
Email: [ventes@microplaques.fr](mailto:ventes@microplaques.fr)  
[www.microplaques.fr](http://www.microplaques.fr)