



Sciences du Vivant - Environnement
et Développement durable

CONFÉRENCES JACQUES-MONOD

Rapport sur la Conférence :

Génomique environnementale : du génome individuel aux génomes de communautés complexes d'organismes

Report on the Conference :

Environmental Genomics: from individual genomes to genomes of complex communities

President: **J. Peter W. YOUNG**

University of York, Department of Biology 3, P.O. Box 373, YORK YO10 5YW, U.K.

Vice-President: **Frédéric PARTENSKY**

Station Biologique, UMR 7144 "Adaptation et Diversité en Milieu marin" CNRS / UPMC, Equipe Prokaryotes Photosynthétiques Marins, B.P. 74, 29682 ROSCOFF Cedex, France

Roscoff (Brittany), France

9-13 June 2007 – 9-13 juin 2007

Version française

Justification scientifique

Le développement récent et spectaculaire des techniques d'analyse à haut débit des acides nucléiques et des protéines, au début limitée à l'étude des organismes modèles d'intérêt médical (bactéries pathogènes, homme, etc.) ou biotechnologique (souris, plantes, levures, etc.), s'est depuis quelques années étendu non seulement aux organismes cultivés d'intérêt écologique, mais aussi aux populations naturelles d'organismes. Dans le même temps, la génomique au sens large — discipline qui étudie les génomes sous tous leurs aspects — a dépassé une vision centrée sur la simple analyse des séquences nucléiques et des fonctions géniques, pour s'étendre à l'étude de l'organisation de l'information génétique, des interactions intracellulaires sous forme de réseaux de gènes, de l'évolution des organismes ainsi que de la diversité phylogénétique et fonctionnelle des communautés biologiques. Ces développements technologiques et conceptuels ont permis l'émergence de la « génomique environnementale » qui vise à étudier la diversité génétique et fonctionnelle des communautés complexes d'organismes, le fonctionnement coordonné des génomes dans un environnement donné ou encore la dynamique et la plasticité des génomes face aux contraintes biotiques ou abiotiques.

La conférence Jacques Monod « Génomique environnementale : du génome individuel aux génomes de communautés complexes d'organismes » organisée à Roscoff du 9 au 13 juin 2007 a fait un point très complet sur les avancées et les défis posés par cette nouvelle discipline, en mêlant des chercheurs s'intéressant à des organismes écologiquement importants et des pionniers de « l'écogénomique » qui travaillent sur du matériel directement prélevé dans le milieu naturel, sans le biais des techniques de culture. La conférence a rassemblé des spécialistes de la plupart des approches utiles pour répondre aux nombreuses questions que pose l'étude des communautés complexes d'organismes et de leurs interactions.

Public

La conférence a été suivie par 104 personnes, dont 18 doctorants, soit 17,3% du public. Les participants sont venus de 15 pays différents, avec 5 nationalités principales (France : 48 ; Etats-Unis 16 ; Royaume Uni : 15 ; Allemagne : 9 ; Pays-Bas : 3). Une majorité d'inscriptions a eu lieu durant les 4-5 jours précédant la date limite, et nous en avons accepté plusieurs après cette date pour compenser les quelques défections. Quatre conférenciers invités se sont désistés moins de deux semaines avant le début du congrès, mais deux ont pu être remplacés en promouvant des participants au titre de conférenciers. Vu la densité et la diversité du programme, cette absence n'a pas causé de « manque » trop criant, si ce n'est, peut être, en bioinformatique. Au total, nous avons eu 27 conférenciers invités (Etats-Unis : 9 ; France : 8 ; Royaume Uni : 4 ; Allemagne : 3 ; autres pays : 3). Nous avons sélectionné 12 participants qui nous ont donné de courtes présentations orales (15 minutes au total). Les autres participants ont présenté 52 posters, au total.

Le public était constitué de biologistes et d'écologistes venant d'horizons très divers (eucaryotes unicellulaires et pluricellulaires, procaryotes libres ou intracellulaires, virus, environnement terrestre et marin, etc.).

A la date de la rédaction de ce rapport, l'analyse des fiches de commentaires n'avait pas été réalisée, mais l'impression générale semble avoir été très positive pour la plupart des participants tant du point de vue du contenu scientifique de la conférence que de

l'organisation pratique (logement, restauration, voyages, excursion, etc.) qui s'est passée sans problèmes, mise à part l'arrivée tardive de quelques conférenciers qui ont raté des connexions d'avion.

Peu de temps après la conférence, un des participants nous a envoyé le message suivant qui nous a particulièrement touchés :

"I am not kidding when I say that that was just about the best conference I have ever attended. The science was thrilling and well-presented in the posters and the talks, the atmosphere was bubbling, the views were to die for, the food was mouth-watering and the organisation was efficient yet done with the nicest of light touches."

Programme

Le programme a débuté par deux conférences introductives de haut niveau, l'une par N. Moran concernant l'évolution génomique des bactéries endosymbiotiques d'insectes, la seconde par J.M. Tiedje qui est revenu sur la notion d'espèce chez les bactéries, telle que nous pouvons maintenant l'approcher avec les innombrables données génomiques disponibles. Ont suivi six sessions couvrant une grande diversité de thèmes et de techniques :

- La session 1 « Diversité naturelle: aptitude, espèces et répartition de la diversité » nous a dévoilé les perspectives offertes par les nouvelles techniques de biologie moléculaire (tels que le séquençage massif) pour l'étude de la diversité fongique (P. Vandenkoornhuys), C. Horner-Devine nous a donné des éléments de réflexion sur les relations entre diversité spécifique des bactéries et aire géographique, D. Delneri sur le rôle des mutations dans l'adaptation au milieu chez les levures et M. Ainouche sur les conséquences phénotypiques de la polyploidie chez les plantes.
- La session 2 « Métagénomique: l'ADN environnemental révèle l'incultivable » nous a donné un bon aperçu des avancées concernant la diversité fonctionnelle des populations naturelles de cyanobactéries marines et de leurs virus (O. Béjà), la diversité des communautés peuplant la glace ancienne de l'Antarctique (P. Falkowski), la diversité des gènes de résistance aux antibiotiques dans la flore du sol (L. Moe) ou encore la capacité de nitrification des archées incultivées du sol (C. Schleper). Une impressionnante conférence d'E. Allen nous a montré comment on pouvait exploiter des données métagénomiques pour étudier la génétique des populations microbiennes en développant des outils de bioinformatique spécifiques.
- La session 3 « génomique comparative: recherche dans les bases de données pour traquer des connaissances nouvelles » nous a notamment montré ce que l'analyse comparative des génomes peut nous apprendre sur les relations entre taille et vitesse d'évolution des génomes (P. Bork), comment une même fonction (telle que la réponse au stress oxydatif) a évolué au sein d'un groupe de bactéries en fonction de leur mode de vie (F. Barloy-Hubler) ou encore ce que l'on peut apprendre des analyses comparatives des structures de protéines (P. Bourne). D. Scanlan nous a aussi parlé de mesures à l'échelle océanique de la distribution d'écotypes de cyanobactéries marines.
- La session 4 intitulée « la génomique comparée révèle les propriétés partagées et uniques des génomes » a débuté par une conférence remarquable sur l'importance méconnue des génomes viraux dans la physionomie des génomes bactériens et archaeobactériens (P. Forterre). Cette session nous a aussi montré les avancées en génomique des populations de plantes (A. Caicedo). Enfin, J.P.W. Young a mis en évidence les différences entre « core genome » et génome accessoire chez les alpha-protéobactéries.

- La session 5 intitulée la « génomique fonctionnelle: quels organismes font quoi dans l'environnement? » nous a renseigné sur le rôle des éléments transposables dans les génomes eucaryotes (E. Lerat), nous a montré les possibilités offertes par la technique des isotopes stables pour étudier les interrelations entre phylogénie et fonction dans les populations naturelles de bactéries (C. Murrell) nous a fourni d'intéressants exemples d'exploitation de gènes de bactéries incultivées, tels que des gènes impliqués dans le quorum sensing et dont l'activation pourraient empêcher la formation de biofilms (R. Schmitz-Streit) ; elle nous a également montré les adaptations structurales des bactéries vivant en milieu acide, notamment la multiplication de métallo-protéines spécifiques (M. Ferrer-Martinez). Sur un modèle très différent, le ver des grands fonds *Alvinella pompejana*, O. Poch nous a montré ce que peut apporter l'analyse des ADNc.
- Enfin, lors la session de clôture « une vue de l'océan – la génomique marine », F. Partensky nous a parlé de la diversité et de l'évolution des complexes collecteurs de la lumière chez les *Synechococcus* marins, basée sur l'étude comparative de 11 génomes, A. Allen nous a fait un point des connaissances sur la génomique des diatomées et C. Boyen nous a parlé des principaux résultats du réseau d'excellence Marine Genomics Europe.

La grande majorité des conférences était de très haut de gamme et d'intérêt suffisamment général pour susciter l'attention des participants bien au delà de leur champ scientifique ou de leurs modèles d'étude traditionnels. La plupart des présentations orales sélectionnées parmi les participants étaient également d'excellent niveau. Les deux sessions de posters (d'une heure chacune) ont également été très appréciées.

Perspectives et Recommandations

Malgré le succès de cette conférence et l'enthousiasme qu'elle a visiblement suscité, aucune décision n'a été prise à ce jour quant à l'organisation d'une autre CJM sur ce sujet, car le vice-président ne souhaite a priori pas renouveler l'exercice. Le sujet est cependant suffisamment intéressant et novateur pour justifier une série de conférences et nous espérons donc que d'autres collègues (dont au moins un aura participé à la conférence) prendront le relai.

Parmi les recommandations que nous aimerions fournir pour que la prochaine conférence soit encore meilleure, notons la durée des sessions de posters (1 heure) qui s'est avérée trop courte pour voir l'ensemble des affiches, d'autant qu'elles étaient réparties entre deux salles. Il faudrait prévoir au moins deux heures par session. Egalement, la durée des conférences sélectionnées était un peu courte (environ 12 minutes + 3 minutes de questions) : 15+5 (ou idéalement 20+5) aurait été préférable quitte à n'en sélectionner que 8-10 au lieu de 12 (ce qui, dans le cas présent, se serait avéré difficile...) et/ou à réduire de 2 ou 3 le nombre de conférences invitées (en ne remplaçant pas les désistements par exemple!). Enfin, 1 ou 2 sessions de discussion générale de 30 minutes chacune aurait sans doute encore amélioré l'intérêt de la conférence.

En ce qui concerne l'organisation générale des Conférences Monod, nous recommandons qu'elles se dotent rapidement d'un système performant d'inscription en ligne. La gestion en ligne des inscriptions, ainsi que la possibilité de pouvoir modifier le programme en temps réel (car l'expérience montre qu'il évolue souvent jusqu'au dernier jour : changement de conférenciers, changement des titres des conférences, etc.) seraient des plus utiles car ils feraient gagner un temps précieux aux organisateurs tout en permettant une meilleure information au jour le jour des participants.

English Version

Scientific justification

The recent spectacular development of high-throughput techniques for the analysis of nucleic acids and proteins, at first limited to the study of model organisms of medical or biotechnological interest (pathogens, human, mouse, yeast, plants), has in recent years been extended not only to cultured organisms of ecological interest but also to natural populations. At the same time, genomics in the wide sense – the study of genomes in all their aspects – has moved beyond the simple analysis of sequences and gene functions to encompass the organisation of genetic information, intracellular interactions of networks of genes, the evolution of organisms, and the phylogenetic and functional diversity of biological communities. These technological and conceptual developments have led to the emergence of “environmental genomics”, which aims to study the genetic and functional diversity of complex communities of organisms, the coordinated functioning of genomes in a given environment, and the dynamics and plasticity of genomes in the face of biotic or abiotic constraints.

The Jacques Monod Conference “Environmental Genomics: from individual genomes to genomes of complex communities”, held at Roscoff on 9-13 June 2007, made a full survey of the advances and challenges of this new discipline, mixing researchers interested in ecologically important organisms with pioneers of “ecogenomics” who work on material taken directly from the environment without the bias of culture techniques. The conference brought together specialists in most of the useful approaches for answering the countless questions posed by the study of complex communities of organisms and their interactions.

Participants

The conference was attended by 104 people, including 18 PhD students (17.3%). The participants came from 15 different countries, with 5 principal nationalities (France 48, USA 16, UK 15, Germany 9, Netherlands 3). Most registrations were received during the 4-5 days immediately before the deadline, and we accepted some after that date to compensate for cancellations. Four invited speakers withdrew less than two weeks before the start of the conference, but we were able to replace two of them by promoting registered participants to the status of invited speakers. In view of the fullness and diversity of the programme, the absences did not create any serious gaps, except perhaps in bioinformatics. Altogether, we had 27 invited speakers (USA 9, France 8, UK 4, Germany 3, other countries 3). We selected 12 participants who gave us short oral presentations (in 15 minute slots). The other participants presented 52 posters in total.

The audience was composed of biologists and ecologists from very diverse fields (unicellular and multicellular eukaryotes, free-living and intracellular prokaryotes, viruses, terrestrial and marine environments, etc.).

At the time of writing of this report, the analysis of the feedback forms has not been completed, but the general impression seemed to be very positive for most participants, both from the point of view of the scientific content and of the practical organisation (accommodation, meals, travel, excursion, etc.), which went smoothly apart from the late arrival of several speakers who missed flight connections.

Shortly after the meeting, one of the participants sent us the following message, which we particularly appreciated:

“I am not kidding when I say that that was just about the best conference I have ever attended. The science was thrilling and well-presented in the posters and the talks, the atmosphere was bubbling, the views were to die for, the food was mouth-watering and the organisation was efficient yet done with the nicest of light touches.”

Programme

The programme began with two high-level introductory lectures, the first by N. Moran described genome evolution of insect endosymbiotic bacteria, while the second by J. M Tiedje revisited the species concept for bacteria, which can now be approached using the wealth of genomic data that is available. Six sessions followed, covering a great diversity of themes and techniques:

Session 1 “Natural diversity: fitness, species and patterns of diversity” unveiled the perspectives offered by the new molecular biology techniques (such as high-throughput sequencing) for the study of fungal diversity (P. Vandenkoornhuyse). C. Horner-Devine reflected on the relationship between species diversity and geographic area, D. Delnieri on the role of mutations in environmental adaptation by yeast, and M. Aïnouche on the phenotypic consequences of polyploidy in plants.

Session 2 “Metagenomics: community DNA illuminates the unculturable” gave us a good view of advances in the functional diversity of natural populations of marine cyanobacteria and their viruses (O. Béjà), the diversity of communities living in ancient Antarctic ice (P. Falkowski), the diversity of antibiotic resistance genes in the soil flora (L. Moe), and the nitrification capacity of uncultivated soil archaea (C. Schleper). An impressive lecture by E. Allen showed us how one could exploit metagenomic data to study microbial population genetics by developing specific bioinformatic tools.

Session 3 “Comparative genomics: mining the databases for new knowledge” showed us how the comparative analysis of genomes can inform us about the relation between size and rate of genome evolution (P. Bork), how a particular function (response to oxidative stress) evolved in a group of bacteria as a consequence of their way of life (F. Barloy-Hubler), and what one can learn from comparative analysis of protein structure (P. Bourne). D. Scanlan also spoke to us about measurements of the distribution of marine cyanobacterial ecotypes on an oceanic scale.

Session 4 “Comparative genomics enlightens shared and unique properties” began with a noteworthy lecture on the neglected importance of viral genomes in the formation of bacterial and archaeal genomes (P. Forterre). This session also covered advances in the population genomics of plants (A. Caicedo). Finally, P. Young illustrated the differences between the core and accessory genome in alphaproteobacteria.

Session 5 “Functional genomics: which organisms do what in the environment?” taught us about the role of transposable elements in eukaryotic genomes (E. Lerat), showed us the possibilities offered by the stable isotope technique for studying the relationship between phylogeny and function in natural bacterial populations (C. Murrell), and gave us interesting examples of the exploitation of genes of uncultivated bacteria, such as genes that are involved in quorum sensing and whose inactivation can prevent the formation of biofilms (R. Schmidt-Streit). We also learned about the adaptations of bacterial living in acid environments, notably the multiplicity of specific metalloproteins (M. Ferrer-Martinez). For a very different

system, the deep-sea worm *Alvinella pompejana*, O. Poch showed us what cDNA analysis can reveal.

Finally, in the closing session “An ocean view – marine genomics”, F. Partensky spoke to us about the diversity and evolution of light-harvesting antennae in marine *Synechococcus*, based on the comparative study of 11 genomes, A. Allen brought us up to date on diatom genomics, and C. Boyen outlined the main findings of the Marine Genomics Europe network of excellence.

The great majority of presentations were of the highest quality and of sufficient general interest to sustain the attention of participants well outside their own research field or normal study systems. Most of the oral presentations selected from among the participants were at an equally excellent level. The two poster sessions (one hour each) were also very well appreciated.

Perspectives and Recommendations

Despite the success of this conference and the obvious enthusiasm that it generated, no decision was taken at the time about the organisation of another JMC on the same subject, because the vice-president did not wish to commit himself to this. Nevertheless, the subject is sufficiently interesting and innovative to justify a series of conferences, and we hope that other colleagues (of whom at least one should have participated in this meeting) will take up the baton.

Among the recommendations that we would like to make in order that the next conference may be even better, we note the duration of the poster sessions, which turned out to be too short (1 hour) to see all the posters, especially as they were split between two rooms. At least two hours should be allowed per session. Also, the selected talks were a little short (about 12 minutes + 3 minutes of questions): 15+5 (or ideally 20+5) would be preferable even though it would mean choosing just 8-10 rather than 12 (which, in the present case, would have proved difficult ...) and/or reducing the number of invited speakers by 2 or 3 (by not replacing the withdrawals, for example!). Finally, one or two 30-minute general discussion sessions would no doubt have made the conference even more interesting.

As for the general organisation of Monod Conferences, we strongly recommend that they rapidly adopt a working system for online registration. The management of registrations on line, as well as the possibility of modifying the programme in real time (because experience shows that it often evolves right up to the last day, as a result of changes in speakers or lecture titles) would be very useful because they would save precious time for the organisers while allowing better information from day to day for the participants.