



Frédérique Le Roux

Professeure titulaire

Chaire d'excellence en recherche du Canada sur l'éco-évo-pathie des microbes dans la nature

Faculté de médecine – Département de microbiologie, infectiologie et immunologie

Université de Montréal, Québec

<https://microbiologie.umontreal.ca/recherche/professeurs-chercheurs/frederique-le-roux/>

Bataille microscopique : À la découverte des phages et bactéries dans leur habitat naturel

Jeudi 25 avril 2024 à 12 h 30

Pavillon Charles-Eugène Marchand, salle Hydro-Québec (1210)

Vous pouvez maintenant assister à la conférence via Zoom en cliquant sur ce lien :

[Accéder à la vidéoconférence](#) (pour une expérience plus agréable, préférez l'installation de l'application Zoom à l'utilisation du navigateur). >> [Instructions pour la configuration de l'audio](#) <<

Résumé:

Dans un contexte d'impasse thérapeutique des antibiotiques, les systèmes d'élevage, y compris l'aquaculture, pourraient bénéficier de l'exploitation des phages pour des pratiques respectueuses de l'environnement. Une utilisation efficace et sécurisée des phages, nécessite cependant de comprendre leur mode d'action et leur évolution. Or les connaissances des mécanismes d'infection par les phages sont principalement basées sur des systèmes modèles qui ne reflètent pas l'énorme diversité qui existe dans la nature.

En utilisant des populations naturelles de bactéries marines (*Vibrio*) infectant l'hôte creuse, nous avons montré que les phages sont en grande majorité des spécialistes. Leur spécificité dépend d'une part de leur capacité à se lier à la surface de l'hôte et d'autre part de leur faculté à résister aux mécanismes de défense intracellulaires. Chez *V. crassostreae*, nous pouvons suivre des lignées coévolutives dans l'environnement marin.

CONCERNÉ

Il s'agit d'espèces de phages capables de s'adsorber spécifiquement à des clades nichés au sein de *V. crassostreae*. Je présenterai les premiers résultats d'un suivi de ces lignées lors d'un échantillonnage en série temporelle et des analyses génomiques qui nous permettent de proposer des scénarios évolutifs.

Parmi les 1200 phages de notre collection, 18 membres de la famille des *Schizotequatrovirus* ont attiré notre curiosité en raison de leur spectre d'hôte plus large. Au-delà de l'exploration du coût du généralisme, ces phages nous offrent de belles surprises pour l'étude de la dynamique d'infection à l'échelle de la population. Enfin, l'analyse du génome d'un phage virulent a conduit à la découverte d'une nouvelle famille de phages satellites, qui utilisent la machinerie des phages pour promouvoir leur propre dissémination. Notre découverte souligne l'importance d'une caractérisation complète des phages et de leur hôte pour éviter la propagation de la résistance médiée par les satellites.

En conclusion, l'exploration des populations naturelles de phages et de bactéries constitue une étape essentielle dans le développement de connaissances fondamentales, fournissant ainsi une base solide pour envisager de manière éclairée de nouvelles avenues thérapeutiques dans la lutte contre les pathogènes, tout en préservant l'équilibre délicat de l'écosystème microbien.