



Union des professeurs des classes
préparatoires aux grandes écoles
agronomiques, biologiques
géologiques et vétérinaires

Vers les métiers des sciences du vivant & géosciences

Journées d'octobre de l'UPA

Lundi 21 et Mardi 22 octobre 2024



Révolutions technologiques interdisciplinaires pour la recherche en biologie



Lundi 21.10.2024

9h30 - 18h00

Mardi 22.10.2024

9h00 - 16h00

Lycée Henri IV

23 rue Clovis

75005 Paris

SCIENCES DU VIVANT

TECHNOLOGIES

SEQUENCAGE

RECHERCHE

IMAGERIE

INTELLIGENCE ARTIFICIELLE

UPA - <https://blog.prepasbio.org/>

Programme

Révolutions technologiques interdisciplinaires pour la recherche en biologie

LUNDI 21 OCTOBRE 2024

9h30 : Accueil café - Lycée Henri IV

10h00 - 12h00 : Conférences

12h00 : Buffet

14h - 18h15 : Conférences

20h00 : Dîner au restaurant

MARDI 22 OCTOBRE 2024

9h00 - 12h : Conférences

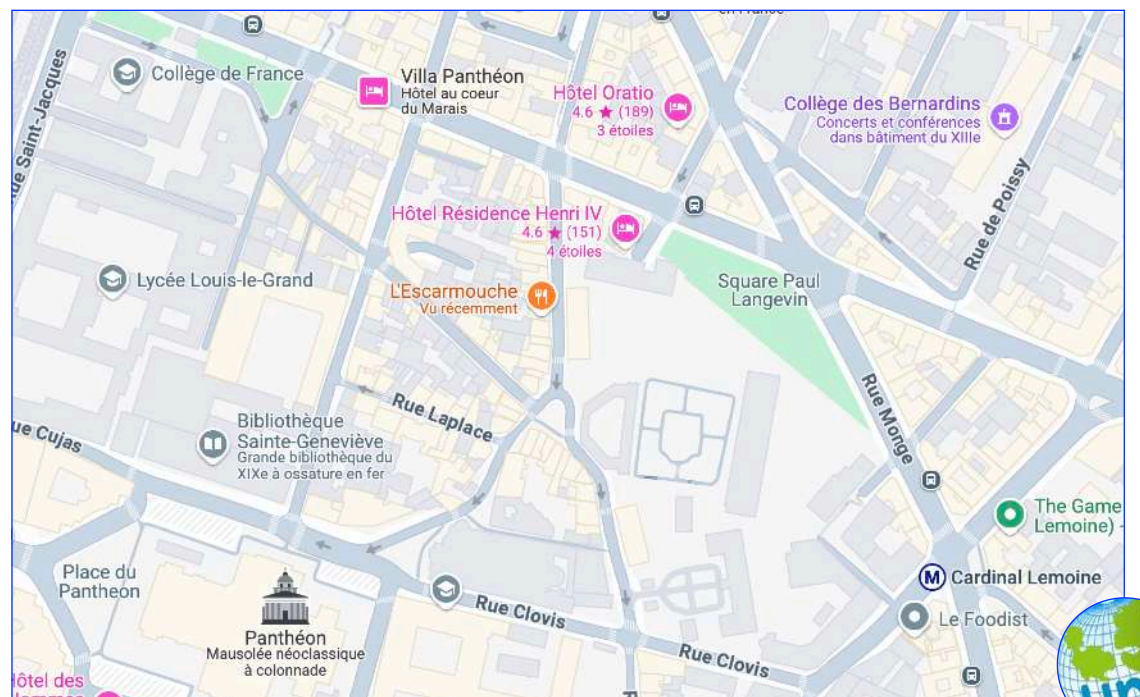
12h : Déjeuner pris à l'extérieur

13h30 - 15h30 : Conférences



Inscriptions. <https://www.helloasso.com/associations/union-des-professeurs-des-cpge-agronomiques-biologiques-geologiques-et-veterinaires/evenements/journees-d-octobre-de-l-upa-2024>

Dîner des Journées. Le repas du lundi soir aura lieu au restaurant l'Escarmouche : 40 rue de la Montagne Sainte Geneviève, 75005 Paris.



Conférences

Les exposés sont regroupés en quatre grands thèmes reflétant les avancées actuelles de la recherche en biologie. Entre ces thématiques, deux interventions spécifiques sur les mathématiques appliquées à la biologie complètent le programme.

LUNDI 21 OCTOBRE 2024

10h - 12h : Neurophysiologie

10h - 11h	Clément Léna (Institut de Biologie de l'ENS) : Comment étudie-t-on le lien entre fonctions et circuits dans le cerveau ?
11h - 12h	Michaël Zugaro (Collège de France) : Électrophysiologie massivement parallèle pour l'étude des dynamiques cérébrales.

14h - 18h15 : Génomique / Maths & Bio / Biochimie du futur

14h - 15h	Camille Berthelot (Institut Pasteur) : Technologies de séquençage en cellule unique en biologie médicale et évolutive.
15h - 16h	David Bikard (Institut Pasteur) : Les technologies CRISPR-Cas: histoire et applications.
Pause	
16h15 - 17h15	Amandine Veber (Université Paris Cité) : Comprendre le développement des champignons filamenteux : un enjeu écologique et industriel.
17h15 - 18h15	Laetitia Mony (Institut de Biologie de l'ENS) : Utiliser la lumière pour contrôler la fonction des protéines.

MARDI 22 OCTOBRE 2024

9h - 12h : Génomique / Maths & Bio

9h - 10h	Olivier Hyrien (Institut de Biologie de l'ENS) : Cartographie et modélisation de la réplication du génome : apports du séquençage nanopore et de l'intelligence artificielle.
10h - 11h	Pierre Baduel (Institut de Biologie de l'ENS) : Révéler la diversité cachée des éléments transposables à l'échelle de l'espèce par le séquençage en lectures longues.
11h - 12h	Vincent Calvez (Université Brest) : Mouvement de foules chez des bactéries : un sujet à l'interface entre mathématiques et biologie .

13h30 - 15h30 : Génomique / Biochimie du futur

13h30 - 14h30	Alexis Gautreau (Ecole Polytechnique) : Origine et traitement des cancers, les apports du séquençage.
14h30 - 15h30	Thierry Rose (Institut Pasteur) : COVID-19, grippe aviaire, mpox...les nouvelles générations de tests diagnostiques pour faire face aux pandémies.



Résumés

Camille Berthelot : Technologies de séquençage en cellule unique en biologie médicale et évolutive.

CNRS et Institut Pasteur

Cheffe de l'équipe «Génomique fonctionnelle comparative »

Nommées "Méthode de l'année" par Nature en 2013 et 2019, les technologies de séquençage en cellule unique révolutionnent depuis quelques années notre compréhension du fonctionnement des organes et des tissus complexes. Dans le cadre de cette présentation, j'introduirai comment fonctionnent les principales méthodes aujourd'hui utilisées pour caractériser l'expression des gènes, leur régulation, et l'organisation spatiale des tissus. Je présenterai quelques uns des apports marquants à la biologie fondamentale et médicale, et j'aborderai nos travaux sur l'évolution de l'utérus et de son fonctionnement chez les primates.

David Bikard : Les technologies CRISPR-Cas: histoire et applications.

Institut Pasteur

Responsable du groupe « Biologie Synthétique »

Les technologies CRISPR-Cas ont révolutionné notre capacité à réaliser des modifications précises du génome. Cette présentation retracera l'histoire de leur découverte comme système immunitaire des prokaryotes, et explorera leurs applications actuelles, allant de la recherche fondamentale à la thérapie génique. J'aborderai également les développements technologiques récents qui exploitent des systèmes CRISPR-Cas de manière toujours plus innovante.

Pierre Baduel : Révéler la diversité cachée des éléments transposables à l'échelle de l'espèce par le séquençage en lectures longues

CNRS et institut de Biologie de l'École normale supérieure

Chef de l'équipe « Dynamiques du génome et variation épigénétiques »

Les éléments transposables (ET), par leur capacité de se répliquer et de se déplacer dans le génome, sont des mutagènes majeurs qui peuvent souvent jouer un rôle fonctionnel important sur le plan adaptatif et évolutif. Bien que les ET constituent une fraction significative du génome chez la plupart des organismes eukaryotes, la majorité d'entre eux sont inactifs et en décomposition, ne laissant qu'une minorité mobile, appelée le "mobilome". Cette fraction est clé dans la dynamique des ET mais reste néanmoins très mal comprise, car nous n'en avons qu'une compréhension limitée au seul ou aux quelques génomes jusqu'à présent assemblés par espèce. Grâce aux nouvelles technologies de séquençage en lecture longue, nous sommes désormais en mesure d'assembler et d'analyser les génomes de dizaines voire centaines de lignées par espèce permettant d'obtenir une vision globale du nombre, type, et taux de transposition des ET actifs à l'échelle d'une espèce, ouvrant ainsi la voie à une meilleure compréhension des mécanismes générant la diversité génétique, une question centrale en biologie et en évolution.

Vincent Calvez : Mouvement de foules chez des bactéries : un sujet à l'interface entre mathématiques et biologie

CNRS et Université de Brest

Laboratoire de Mathématiques de Bretagne Atlantique

Je présenterai le fruit d'une collaboration entre une équipe de mathématiciens (V. Calvez, M. Romanos) et une équipe de biologistes (T. Mignot, JB Saulnier) sur la modélisation de dynamiques collectives chez la bactérie prédatrice *Myxococcus xanthus*. Ce sera l'occasion de parler à la fois de grandes questions de modélisation (l'émergence de mouvement collectif à partir de règles individuelles) et d'un projet en particulier (comment *M. xanthus* résout les contraintes de congestion pour former des motifs synchronisés à l'échelle de la population ?). Le travail s'appuie sur une intégration ambitieuse de données de microscopie à haute résolution (segmentation, suivi et analyse de trajectoires) et de modélisation mathématique multi-échelle (équations aux dérivées partielles, simulations individu-centrées).

Alexis Gautreau : Origine et traitement des cancers : les apports du séquençage

École Polytechnique

Président du Département de Biologie

Les tumeurs cancéreuses peuvent être caractérisées par les mutations qu'elles portent. Ces mutations en activant des voies de signalisation permettent aux cellules cancéreuses de proliférer même quand elles ne devraient pas. Ces mutations sont donc à l'origine du développement des cancers. La thérapie ciblée des voies de signalisation activées permet en général de restreindre cette prolifération anormale et de faire régresser les tumeurs. Les nouvelles techniques de séquençage de l'ADN ont donc permis de faire des pas de géants dans la compréhension et les traitements des cancers. Cependant des tumeurs devant répondre à des thérapies ciblées ne répondent pas; d'autres répondent au départ, mais acquièrent une résistance par la suite; et certaines tumeurs ne présentent même pas de mutation ! Nous verrons comment ces enjeux-là peuvent toujours être abordés avec les techniques de séquençage. Enfin nous estimerons nos chances de succès pour aborder le vrai défi qui est de prédire le meilleur traitement du cancer d'un patient sur la base des mutations de sa tumeur...



Olivier Hyrien : Cartographie et modélisation de la réplication du génome : apports du séquençage nanopore et de l'intelligence artificielle

CNRS et institut de Biologie de l'École normale supérieure

Chef de l'équipe « Réplication des chromosomes eucaryotes »

En 1968 Huberman et Riggs montrèrent par autoradiographie de molécules d'ADN que les chromosomes eucaryotes se répliquent par activation, échelonnée au cours de la phase S, d'un grand nombre d'origines de réplication bidirectionnelles. Cette technique permettait de mesurer les distances entre origines de réplication et les vitesses de progression des fourches de réplication mais ne disait rien de l'emplacement des origines sur le génome. En principe, le génome entier pourrait se répliquer à partir d'un nombre suffisant d'origines placées au hasard. Cependant, la localisation des origines à des emplacements précis permet de coordonner la direction de la réplication avec celle de la transcription et d'éviter des collisions frontales néfastes entre les deux machineries. La question de la localisation des origines de réplication a donc fait l'objet d'un grand nombre d'études au cours des six dernières décennies. Nous en retracerons quelques jalons et décrirons les progrès conceptuels et techniques les plus récents.

Clément Léna : Comment étudie-t-on le lien entre fonctions et circuits dans le cerveau ?

INSERM et institut de Biologie de l'École normale supérieure

Chef de l'équipe « Neurophysiologie des Circuits Cérébraux »

Les fonctions du cerveau généralement dépendent de l'interaction de multiples régions cérébrales. L'étude des interactions entre régions du cerveau et leur rôle dans les fonctions cérébrale est un problème redoutablement complexe. Pour le résoudre, les biotechnologies ont connu plusieurs évolutions majeures au cours des deux décennies passées (actuateurs et senseurs génétiquement encodés, approches de transgénèse virale, neurophysiologie multi-sites, cartographie big-data, etc.) qui permettent aujourd'hui de penser les bases neurophysiologiques des fonctions cérébrales en termes plus globaux. Quels sont les principaux outils à notre disposition? Que retirer de leur mise en oeuvre? Cette présentation donnera quelques idées de réponse à ces questions.

Laetitia Mony : Utiliser la lumière pour contrôler la fonction des protéines

INSERM et institut de Biologie de l'École normale supérieure

Équipe « Récepteurs du Glutamate et Synapses Excitatrices »

Les agents pharmacologiques, ou "drogues", constituent la manière classique de sonder la fonction des récepteurs et canaux ioniques et, en cas de dysfonctionnement, de corriger leur fonction. Cependant les approches pharmacologiques sont limitées par leur faible résolution spatio-temporelle et leurs potentiels effets hors cible. Pour s'affranchir de ces limitations, les scientifiques ont développé des approches de contrôle des récepteurs basées sur la lumière, permettant de contrôler les protéines d'intérêt dans une région précise et à un temps donné. Cette présentation passera en revue les différentes façons de rendre une protéine photosensible, et plus particulièrement les approches d'optopharmacologie, qui s'appuient sur l'utilisation de composés chimiques photosensibles. La présentation se focalisera sur les applications en neurobiologie et leur potentiel pour mieux comprendre la physiologie du système nerveux et corriger son dysfonctionnement dans différents cadres pathologiques.

Amandine Veber : Comprendre le développement des champignons filamenteux : un enjeu écologique et industriel.

Directrice de Recherche CNRS et Université de Paris-Cité

Les champignons filamenteux forment une très large famille d'espèces ayant un rôle important dans le fonctionnement de nombreux écosystèmes. Ils se développent spatialement grâce à la croissance et à la multiplication de structures filamenteuses qui permettent l'absorption et le partage de nutriments et d'autres molécules chimiques. Dans cette intervention, on s'intéressera à différentes manières de modéliser la croissance du mycélium et à ce que la confrontation entre modèles et données expérimentales apporte à la compréhension de ce système biologique complexe.

Thierry Rose : COVID-19, grippe aviaire, mpox...les nouvelles générations de tests diagnostiques pour faire face aux pandémies

Institut Pasteur

Directeur « Plateforme d'Innovation et de Développement de Tests Diagnostiques »

Pour répondre aux défis de diagnostics, plus rapides, moins chers et plus sensibles, la biologie moléculaire et la biochimie transforment des fragments d'anticorps de camélidés et des luciférases de crevettes en une solution pour les tests d'infection quantitatifs à très haut débit pour les laboratoires et qualitatifs pour le point de soin

Michael Zugaro : Électrophysiologie massivement parallèle pour l'étude des dynamiques cérébrales

Directeur de Recherche CNRS et Collège de France

Chef de l'équipe « Rythmes Cérébraux et Codage Neural de la Mémoire »

L'essor des technologies d'enregistrement massivement parallèle nous permet aujourd'hui de suivre en temps réel les dynamiques collectives de vastes ensembles de neurones à différentes échelles de temps orchestrées par différents rythmes cérébraux. L'hippocampe est une des rares structures cérébrales qui traite des informations complexes (non sensorielles ou motrices) mais dont on comprend relativement bien le fonctionnement depuis la mise en évidence de son rôle central dans la mémoire, et l'étonnante découverte de ses cellules de lieu, qui codent la position de l'animal dans son environnement. Ma présentation sera l'occasion de discuter les bases neurales de la mémoire (notamment spatiale), l'activité cérébrale pendant le sommeil, les rythmes cérébraux, ou encore l'organisation essentiellement motrice et anticipatrice du système nerveux central, en insistant sur les approches technologiques et analytiques qui nous permettent de les étudier.

