

GD Biotech

09-11-2023

JoLiBio – JOurnée Lilloise de la BIOinformatique

Gaël Even, Responsable Bioinformatique

GD Biotech: Spin-off de Gènes Diffusion



Spécialiste de la sélection animale
R&D à l'Institut Pasteur de Lille
depuis 2002

2019



GD Biotech
AGRI-AGRO SOLUTIONS



www.gdbiotech.eu

Actif depuis 2022

- 17 collaborateurs
- Des savoir-faire complémentaires
- depuis 2014: 35 articles scientifiques publiés



DOUAI

Siège Gènes Diffusion



LILLE

Institut Pasteur de Lille (IPL)



LOOS

Eurasanté - CHU de Lille

GD Biotech

Séquençage
Haut Débit



Environnement
Microbiote



16S, 18S, WGS...

ex: gènes $\leftrightarrow$ composition

Plateforme analytique

- Biostatistique
- Pipeline Bioinformatique
- Visualisation des données



ex: composition $\leftrightarrow$ gain de poids

qPCR

ELISA-
Multiplexe



GD_{SCAN}

Plateforme
de
Génotypage

Génomique
ADN



ex: gènes $\leftrightarrow$

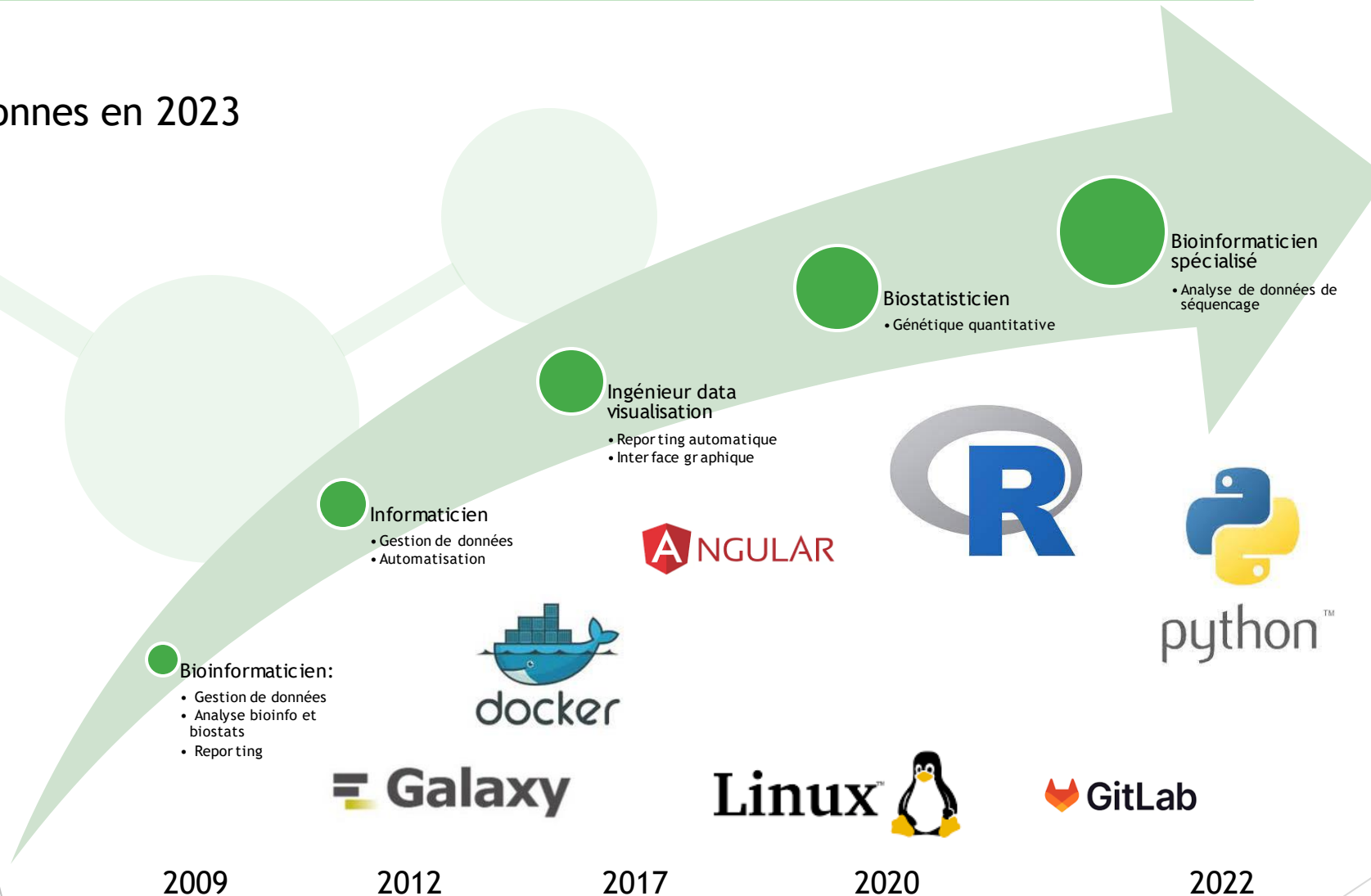
- Production de méthane
- Résistance aux maladies
- Efficacité alimentaire

Phénotypes
Performances



Focus compétence en bioinformatique

5 personnes en 2023

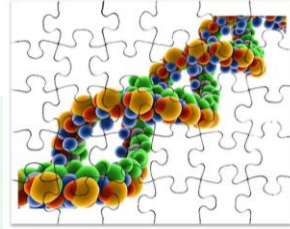


+4 thèses sur des sujets bioinformatiques sur la période

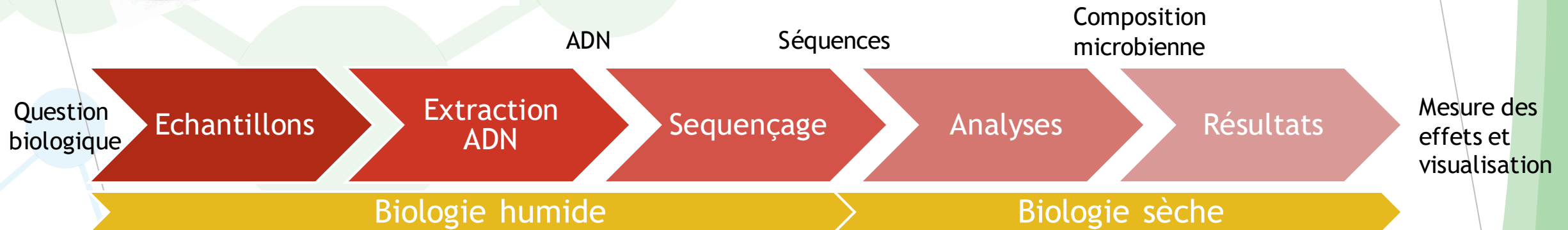
Notre vision en bioinformatique

- Accompagnement de la paillasse à la valorisation des données, adaptation aux besoins clients
- Utilisation de technologies open-source
- Pour le développement fondamental :
 - S'appuyer sur des équipes de recherche locales (montage de collaborations : thèse, stage...)
- Plusieurs types de prestations:
 - Collaboration : valorisation sous forme de publication -> Montée en compétence des équipes bioinfo. Plutôt avec des organismes publics ou assimilés;
 - Prestations "one-shot" : plutôt avec des petites structures;
 - Prestations suivies : au long cours, avec des co-développements. Plutôt des grands groupes.
- Une partie du travail en veille technologique -> amélioration continue

Métagénomique 2011-2018: optimisation des processus



- Reduire les biais
- Rationaliser les coûts
- Obtenir des résultats visuels et interprétables
- Automatiser les pipelines de bioinformatique



RESEARCH ARTICLE

Assessment of Common and Emerging Bioinformatics Pipelines for Targeted Metagenomics

Léa Siegwald^{1,2,3,4}, Hôlène Touzet², Yves Lemoine^{3,4}, David Hot^{3,4}, Christophe Audebert^{1,4}, Ségolène Caboche^{3,4}*



microorganisms

Article

The Impact of Bioinformatics Pipelines on Microbiota Studies: Does the Analytical “Microscope” Affect the Biological Interpretation?

Léa Siegwald¹, Ségolène Caboche^{1,2}, Gaël Even^{1,3}, Eric Viscogliosi², Christophe Audebert^{1,3} and Magali Chabé^{2,*}



Solutions d'amélioration des études de métagénomique ciblée

Thèse de Doctorat

soutenue le 23 mars 2017

en vue de l'obtention du grade de Docteur

dans la discipline « Génétique, génomique, bioinformatique »

par

Léa SIEGWALD



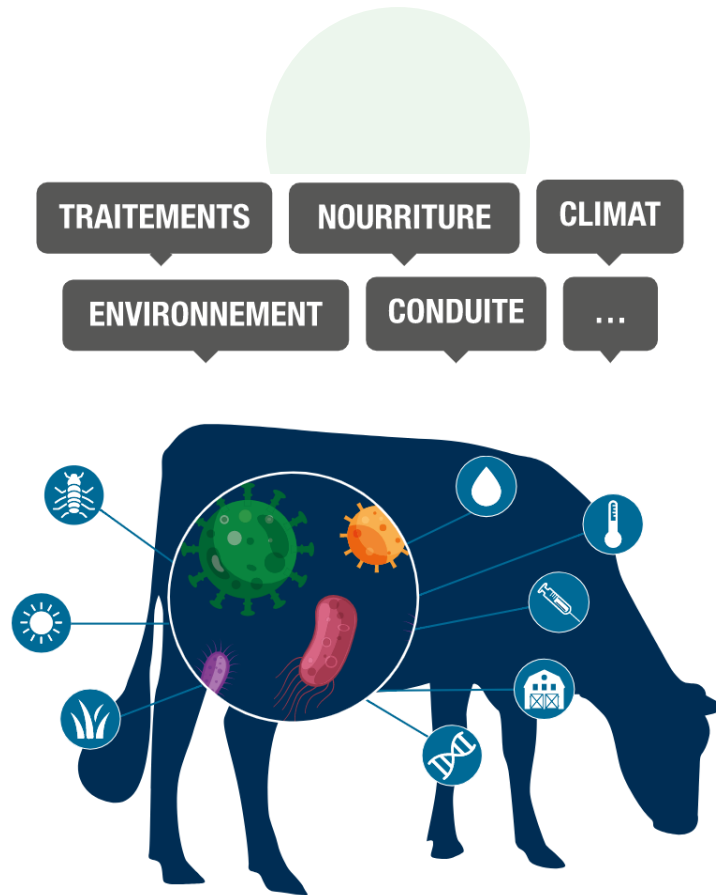
Protocoles pour une analyse robuste, répétable et reproductible !

GD Biotech: une application programme GHP

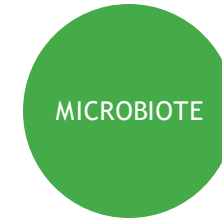
- Adapter l'offre génétique à l'environnement de l'exploitation (= microbiote)



Preuve de concept
sur 2000 animaux
+ 1000 /an



MACHINE LEARNING

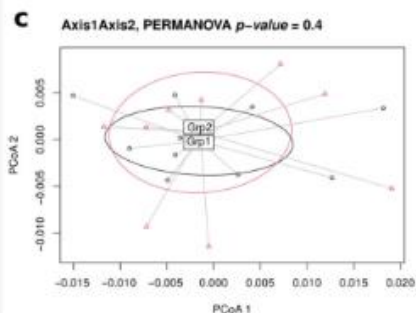
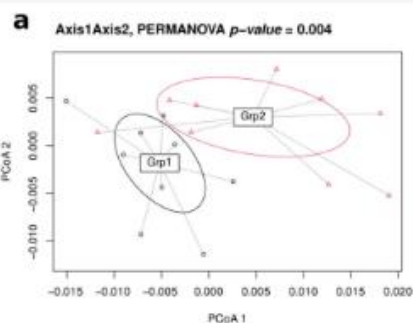


GD Biotech: une application Bact-to-Batch

Principe :

Faire de l'anti-clustering pour mieux répartir les souris à T0 de l'expérience.

En utilisant les données microbiotes



Open Access Article

Bact-to-Batch: A Microbiota-Based Tool to Determine Optimal Animal Allocation in Experimental Designs

by Gaël Even ^{1,2,†} , Anthony Mouray ^{3,4,†} , Nicolas Vandenabeele ^{3,4,†} ,
 Sophie Martel ^{1,2} , Sophie Merlin ^{1,2} , Ségolène Lebrun-Ruer ^{1,2} , Magali Chabé ^{5,*} and
 Christophe Audebert ^{1,2,*}

¹ GD Biotech-Gènes Diffusion, F-59000 Lille, France

² PEGASE-Biosciences, Institut Pasteur de Lille, F-59019 Lille, France

³ Plateforme d'Expérimentations et de Hautes Technologies Animales, Institut Pasteur de Lille, F-59019 Lille, France

⁴ Institut Pasteur de Lille, US 41-UAR 2014-PLBS, Université Lille, CNRS, Inserm, CHU Lille, F-59000 Lille, France

⁵ CNRS, Inserm, CHU Lille, Institut Pasteur de Lille, U1019-UMR 9017-CIIL-Centre d'Infection et d'Immunité de Lille, Université de Lille, F-59000 Lille, France

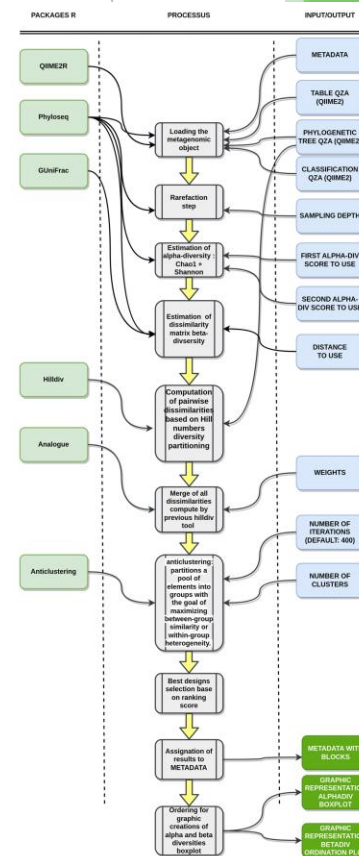
* Authors to whom correspondence should be addressed.

† These authors contributed equally to this work.

‡ This author contributed as second author.

Int. J. Mol. Sci. **2023**, *24*(9), 7912; <https://doi.org/10.3390/ijms24097912>

Received: 30 March 2023 / Revised: 17 April 2023 / Accepted: 18 April 2023 / Published: 26 April 2023



GD Biotech: nos atouts en métagénomique



EXPERTISES



Méthodologies robustes
→ limitation des biais



Focus sur les biostatistiques
→ donner du sens aux données

LIVRABLE INDUSTRIEL



GHP: un programme commercial

OUTILS

Kit de collecte à T° ambiante



Pipelines personnalisés adaptés aux
questions biologiques



MICIV: Interface simple d'utilisation
pour l'interprétation des résultats.



Industrialisation de solutions intégrées

Exemples d'applications en métagénomique

- Impact d'un biostimulant sur le sol : Empreinte du microbiote vs performances
- Impact d'un complément alimentaire
- Caractérisation du microbiote du sol ou de l'eau
- Suivi des eaux (eaux de baignade) et station d'épuration des eaux usées
- Traitement des déchets/bioréacteur à méthane
- Espèces humaines et animales (bovin, porcin, aviaire, poisson, souris, ...)
- ...

Focus "Viz" MICIV: MICrobiota Insight Viewer



Compétences :

- Ingénierie en data visualisation
- Bioinformatique
- Biostatistique

Démo disponible :

<https://miciv.genesdiffusion.com/auth/login>



SIGN IN

Email *

demo.miciv@genesdiffusion.com



Password *



Login

Selected Study
MICIV_DEMOSelected Analysis
ConditionGD Biotech
AGRI-AGRO SOLUTIONS

Design

Quality Check

Diversity

Composition

Signature

Functional Analysis

Global

Design

in each herd: 50% of the cows belong to the control group, 50% to the group receiving the feed supplement

Group Bcontrol
group

n > 450

gut
microbiota

90 days

Group Afeed
supplemented
group

n > 450

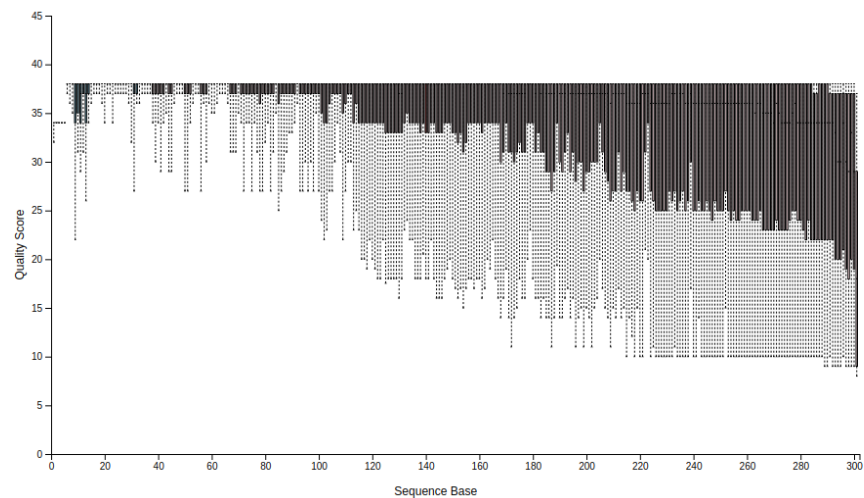
gut
microbiota

Design Quality Check Diversity Composition Signature Functional Analysis Global

Overview ASV SUMMARY Quality Plot Rarefaction

Click and drag on plot to zoom in. Double click to zoom back out to full size. Hover over a box to see the parametric seven-number summary of the quality scores at the corresponding position.

Forward Reads



Reverse Reads



Design Quality Check Diversity Composition Signature Functional Analysis Global

Overview ASV SUMMARY Quality Plot Rarefaction

Alpha rarefaction

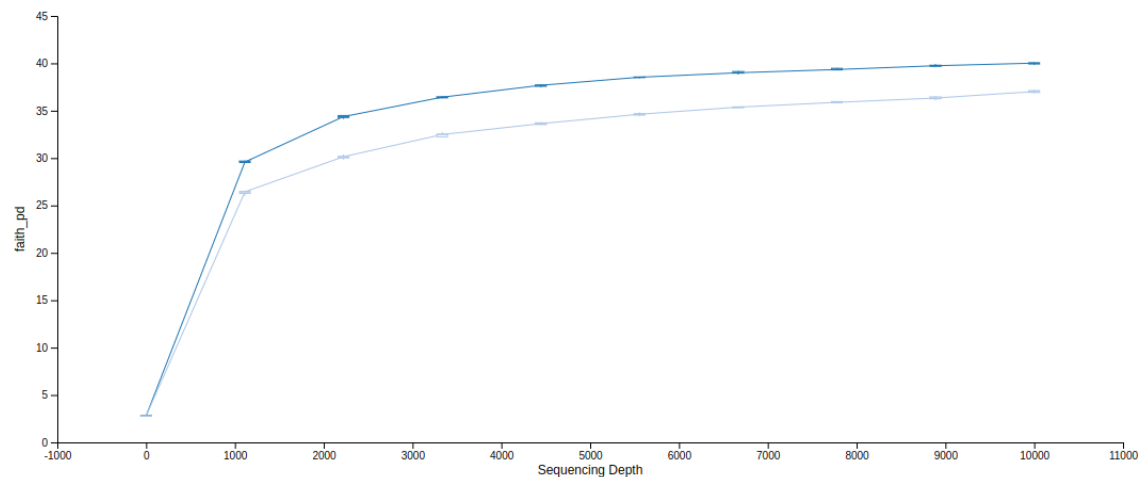
The following metadata columns have been omitted because they didn't contain categorical data, or the column consisted only of missing values: **Control**

Metric

faith_pd

Sample Metadata Column

Condition



Help

● Select All
● A
● B

Selected Study
MICIV_DEMO

Selected Analysis
Condition

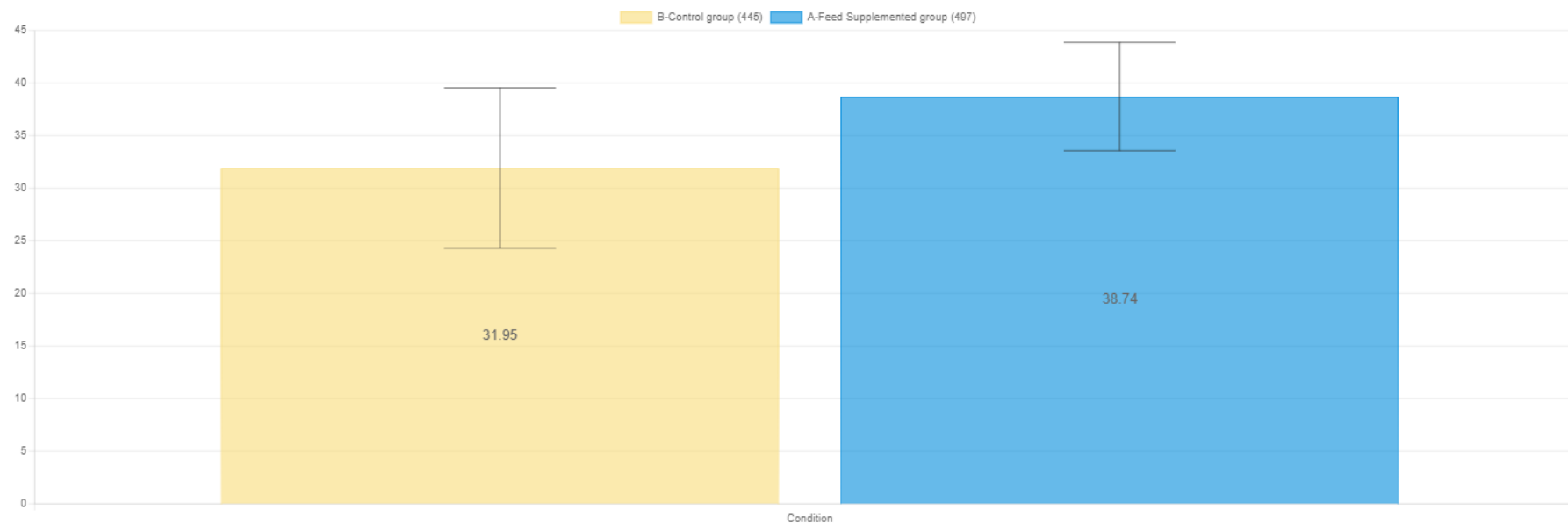


Design Quality Check Diversity Composition Signature Functional Analysis Global

Alpha Diversity Beta-Diversity Analysis

Diversity

Type of Diversity : ☒ Faith PD ☐ Observed Otus ☐ Shannon

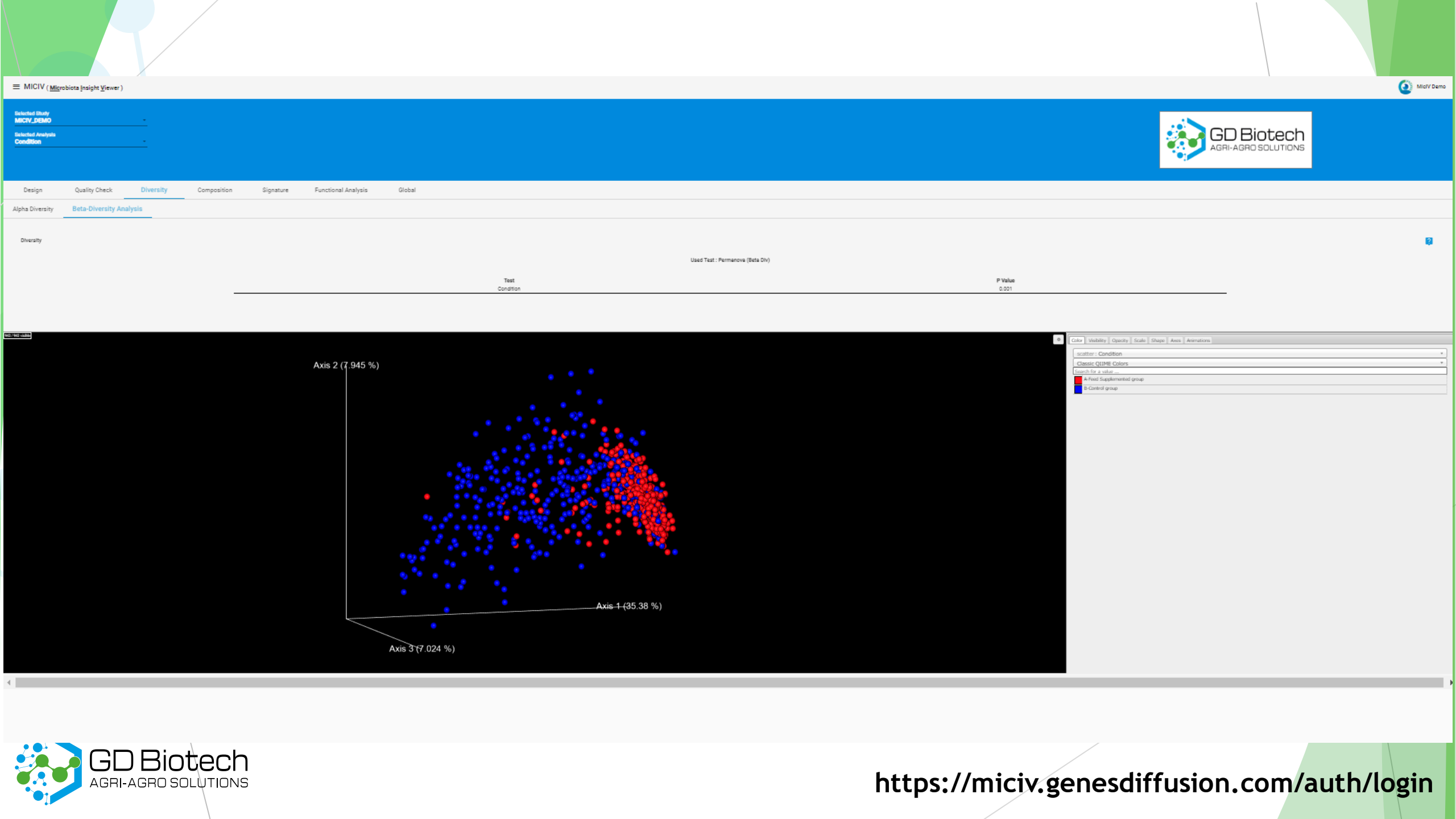


Used Test : Wilcoxon (Alpha Div)

Test
B vs A

P Value
4.6728879963203e-46

Export



Differential analysis of the composition (Condition)

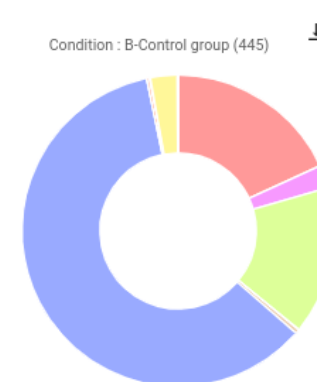
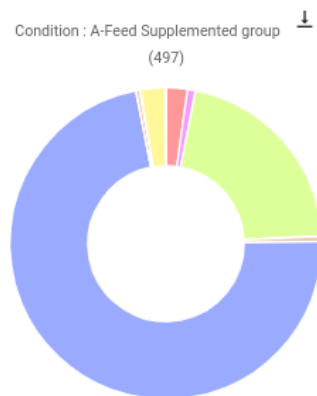
Phylum

Class

Order

Family

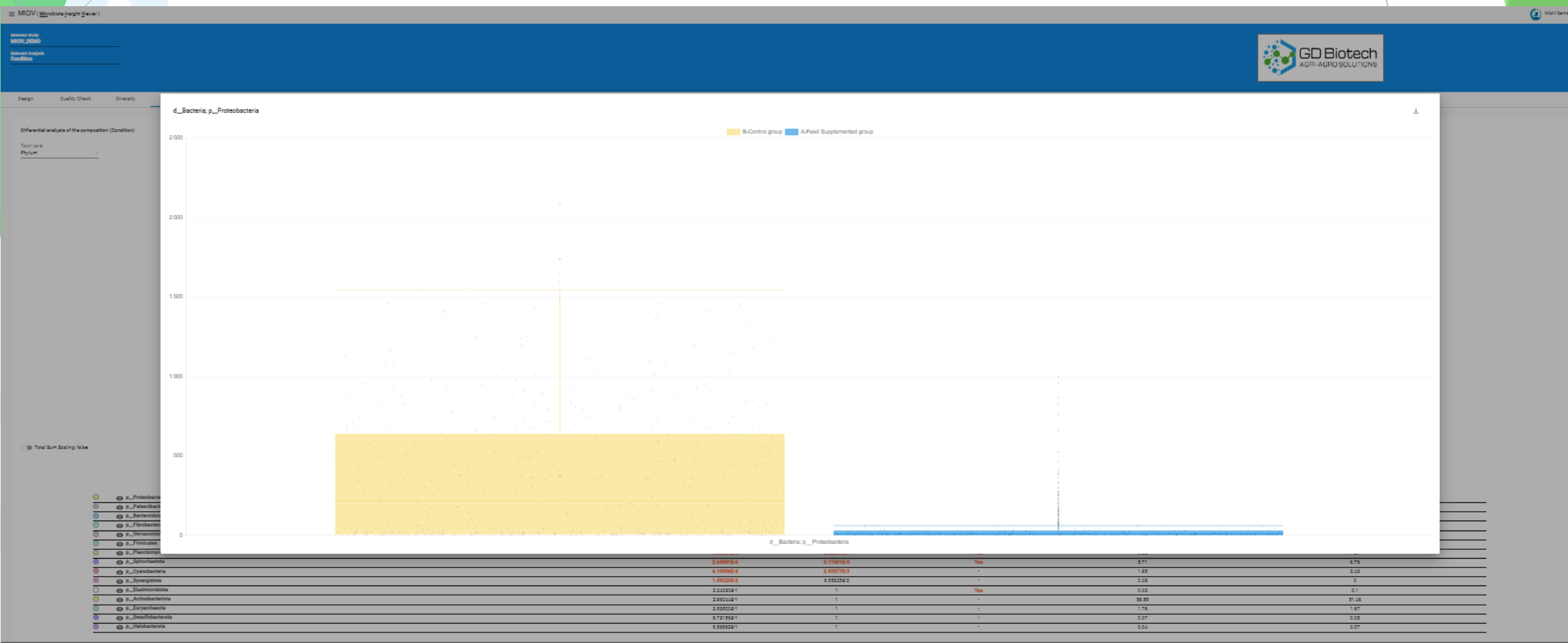
Genus

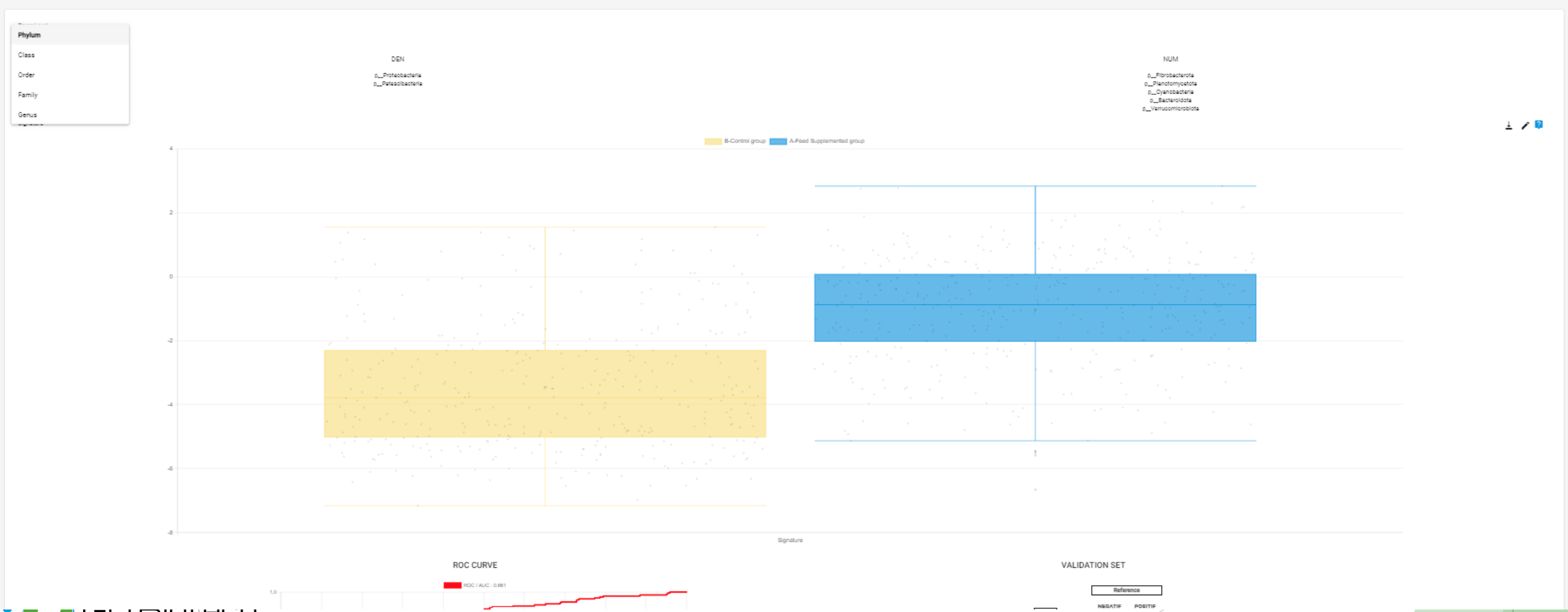


☐ Total Sum Scaling: false

Used Test : Ancom-BC test-differential testing - no structural zeroes

	Rvalue	Rvalue.fdr	In comcob-Wald	A-Feed Supplemented group	B-Control group
p__Proteobacteria	1.25577E-53	1.88366E-52	Yes	45.88	371.16
p__Patescibacteria	2.81083E-38	3.93516E-37	Yes	16.52	49.52
p__Bacteroidota	6.40593E-18	8.32770E-17	Yes	435.15	315.83
p__Fibrobacterota	7.75400E-13	9.30481E-12	Yes	1.58	0.59
p__Verrucomicrobiota	5.32657E-8	5.85923E-7	Yes	10.88	8.35
p__Firmicutes	5.56993E-8	5.85923E-7	Yes	1483.37	1236.29
p__Planctomycetota	7.58401E-8	6.82561E-7	Yes	1.21	0.52
p__Spirochaetota	2.64501E-6	2.11601E-5	Yes	6.76	5.71
p__Cyanobacteria	4.19396E-4	2.93577E-3	-	2.43	1.85
p__Synergistota	1.09220E-2	6.55325E-2	-	0	0.08
p__Elusimicrobiota	2.24030E-1	1	Yes	0.1	0.02
p__Actinobacteriota	2.86044E-1	1	-	51.46	56.59





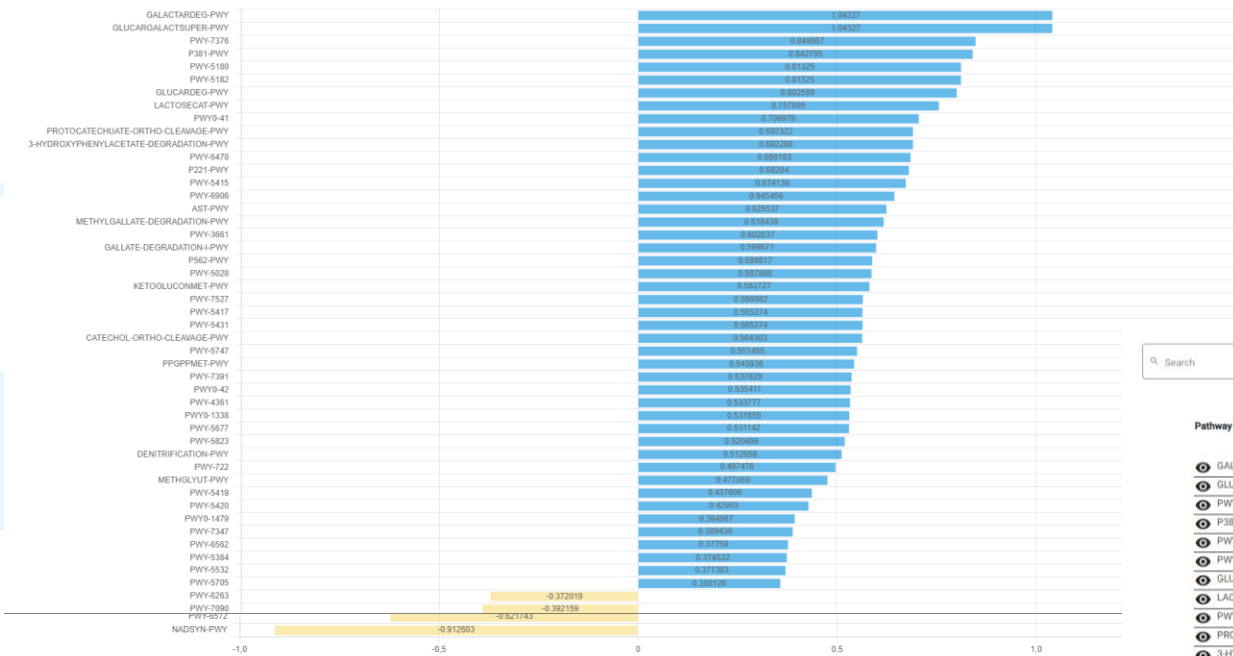
Selected Study
MICIV_DEMO

Selected Analysis
Condition



Design Quality Check Diversity Composition Signature **Functional Analysis** Global

Select your Functional Type ☒ MetaCyc pathway abundances ☐ KEGG ☐ EC



Search

Pathway	Description	Pvalue	Pvalue.fdr	In ALDEx2 and DESeq2	B-Control group	A-Feed Supplemented group
GALACTARDEG-PWY	D-galactarate degradation I	2.45259E-5	5.54285E-4	no	-5.84	-6.71
GLUCARGALACTSUPER-PWY	superpathway of D-glucarate and D-galactarate degradation	2.45259E-5	5.54285E-4	no	-5.84	-6.71
PWY-7376	cob(I)yrinate ac-diamide biosynthesis II (late cobalt incorporation)	1.97021E-4	2.38536E-3	no	-7.46	-8.17
P381-PWY	adenosylcobalamin biosynthesis II (late cobalt incorporation)	5.18408E-4	4.28635E-3	no	-7.33	-8.05
PWY-5180	toluene degradation I (aerobic) (via o-cresol)	4.47685E-4	4.08888E-3	no	-7.29	-7.84
PWY-5182	toluene degradation II (aerobic) (via 4-methylcatechol)	4.47685E-4	4.08888E-3	no	-7.29	-7.84
GLUCARDEG-PWY	D-glucarate degradation I	2.78438E-5	5.89918E-4	no	-3.92	-4.36
LACTOSECAT-PWY	lactose and galactose degradation I	5.68032E-5	8.3723E-4	no	-6.97	-7.85
PWY0-41	allantoin degradation IV (anaerobic)	7.91358E-5	1.11779E-3	no	-7.26	-7.83
PROTOCATECHUATE-ORTHO-CLEAVAGE-PWY	protocatechuate degradation II (ortho-cleavage pathway)	1.31028E-3	8.8837E-3	no	-7.27	-7.77
3-HYDROXYPHENYLACETATE-DEGRADATION-PWY	4-hydroxyphenylacetate degradation	1.62867E-4	2.04488E-3	no	-8.24	-8.69
PWY-6470	peptidoglycan biosynthesis V (β-lactam resistance)	2.86536E-3	1.27300E-2	no	-7.41	-8.11
P221-PWY	octane oxidation	3.88758E-4	4.08888E-3	no	-7.98	-8.41



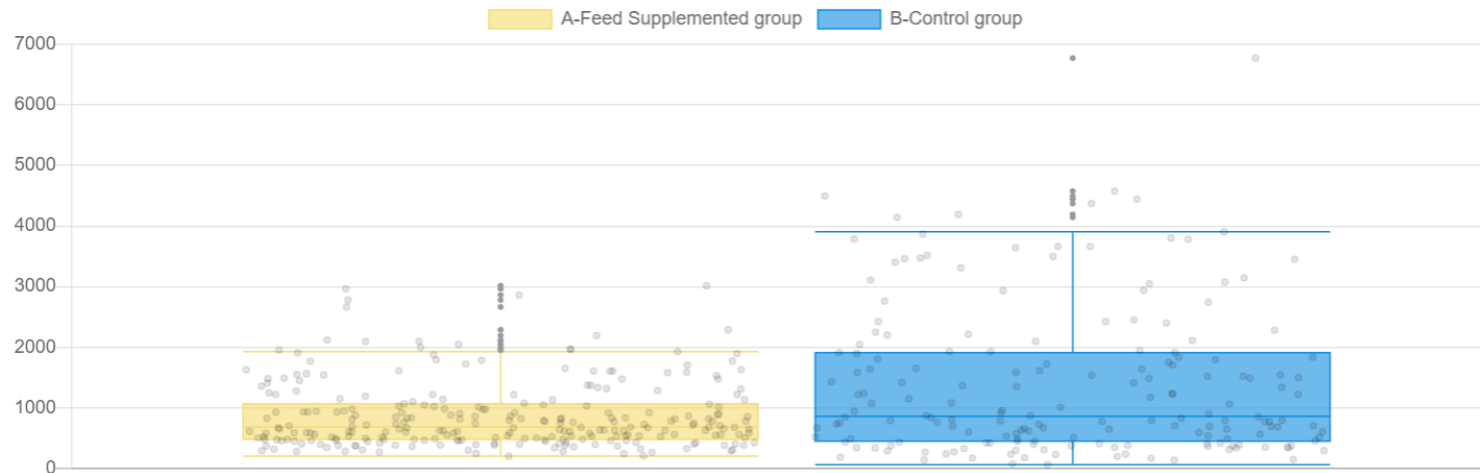
Selected Study
MICIV_DEMOSelected Analysis
Condition

Design

Quality Check

Select your Functional Type ☒ MetaCyc

methylphosphonate degradation I



Tools ▾

Sites ▾

Pathway Tools ▾

Help ▾

Subscribe to BioCyc

LOGIN

Create Free Account



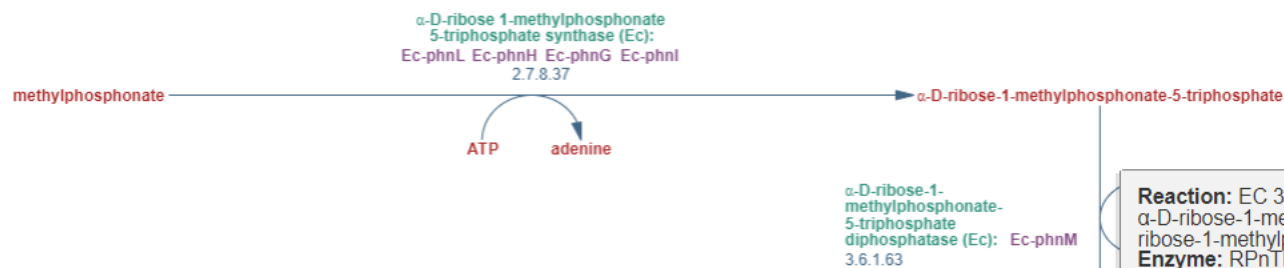
Change Current Database

Current Database: *MetaCyc*Search in Current Database: 

Provide Feedback



Add to SmartTable

MetaCyc Pathway: methylphosphonate degradation IDetail Level: *MetaCyc*

hide

Pathway:
methylphosphonate degradation I

OPERATIONS

- Show on Cellular Overview
- Species Comparison
- Customize or Overlay Omics Data on Pathway Diagram
- Generate Pathway Collage
- Download Genes

What's next ?

- 3ème génération : Adaptation et évolution de nos analyses à la technologie Nanopore
 - En microbiote/métagénomique : Stabiliser un pipeline analytique ;
 - Pour la génomique comparative (ex: résistance aux antibiotiques) ;
 - Vers une utilisation terrain?
- Intégration de l'IA (notamment générative) : beaucoup de promesses ...



Des questions ?



Merci pour votre attention

contact@gdbiotech.eu
<https://www.gdbiotech.eu/>



[linkedin.com/company/gdbiotech](https://www.linkedin.com/company/gdbiotech)

[linkedin.com/in/gael-even-76a8744](https://www.linkedin.com/in/gael-even-76a8744)