



Recueil des abstracts

5ème Journées de Génétique Moléculaire (JGM24)

Journée d'étude sur la Biologie Moléculaire et de Bioinformatique

Thématiques et abstracts :

1- Développement et validation d'un pipeline de bio-informatique pour l'analyse des séquences d'ADN de Mélanome de bases de données publiques. « Effets des variations d'ADN sur le traitement à Vemurafenib »

Boudjema Abdallah, Bendimerad Sidi Mohamed et Senhadji Anes.

Laboratoire de Génétique moléculaire et Cellulaire (LGMC), USTO-MB, Oran, Algérie.

Résumé

Le Mélanome cutané est un cancer des mélanocytes de la peau, connu pour être agressif, métastatique et mortel. Le traitement est à base de Vemurafenib, cette molécule cible les cellules portant la mutation BRAFV600E. Cependant des patients développent des résistances par rapport à cette molécule.

L'objectif de cette étude était de rechercher, au niveau de l'ADN, les mutations qui expliqueraient cette résistance. Nous avons extrait 23 séquences d'ADNs de la base de données ENA (European Nucleotide Archive). Ces ADNs proviennent de la lignée cellulaire A375 résistante à ce traitement.

Les séquences ont été traitées, selon un pipeline adapté, en utilisant des outils de bio-informatiques, en lignes de commande sous « Linux » et valider sur GALAXY (plateforme de bio-informatique gratuite).

Nous avons observé de nombreuses mutations qui affectent principalement les gènes DNMT1, APOB, ADAMTS9, FGFR2 et RAS, qui pourraient être impliquées dans la résistance à la molécule Vemurafenib. Par ailleurs, nos résultats ont confirmé l'implication des voies de signalisation PI3K, NOTCH et JNK (MAPK) dans le processus de résistance.

Cette étude nous a permis d'identifier des régions du génome qui serait intéressant d'examiner dans une étude ultérieure plus approfondie portant sur un échantillon de sujets atteints de la population algérienne.

Mots clés : Mélanome, Vemurafenib, résistance, DNA seq, Bio-informatique.



2-Analyse des biomarqueurs de la réponse individuelle à la radiothérapie : Une étude de cas sur le cancer du cavum”

Abdarrahmane rym¹, Bensedik Khadidja², Messal Ahlem¹, boukerche abdelbaki³, zakia Aid³, Fatiha Benlakhdar³

1: Laboratoire de Génétique moléculaire et Cellulaire (LGMC), USTO-MB, Oran, Algérie.

2: École Supérieure des Sciences Biologiques (ESSBO), Oran, Algérie.

3: Faculté de Médecine - Université d'Oran 1 - Service de Radiothérapie - EHSO Emir Abdelkader

Résumé :

La réponse individuelle à la radiothérapie varie considérablement en fonction des caractéristiques génétiques et biologiques propres à chaque patient. Cette étude se concentre sur l'identification et l'analyse des biomarqueurs impliqués dans la réponse au traitement chez les patients atteints de cancer du cavum. À travers une approche bio-informatique et l'analyse de données génomiques, cette recherche vise à mieux comprendre les mécanismes sous-jacents influençant l'efficacité de la radiothérapie, afin de contribuer au développement de thérapies personnalisées et d'améliorer les résultats cliniques.

Mots clés : Biomarqueurs, Radiothérapie, Analyse génomique, Cancer du cavum

3-Analyse in silico pour la détection du SARS-CoV-2 dans le contexte de la variabilité génétique du variant omicron en Algérie

Chahinez Amira DAHMANI^{1,2}, Asmaa AZZOUNE³, Abdallah BOUDJEMA²

1 : Département de Biologie, Faculté des S.N.V, Université de Mostaganem, Algérie.

2 : Laboratoire de Génétique Moléculaire et Cellulaire (LGMC), Université USTO-MB, Oran, Algérie.

3 : Ecole Supérieure des Sciences Biologiques (ESSBO), Oran, Algérie.

Résumé :

De nombreuses mutations génétiques du SARS-COV-2 ont soulevé des inquiétudes concernant son potentiel de transmissibilité accrue et d'échappement immunitaire. Ainsi, plusieurs kits de détection de ce virus ont été conçus pendant la pandémie de la COVID-19, précisément les kits de RT-qPCR.

Dans cette étude, nous avons testé la compatibilité des différents amorces et sondes moléculaires disponibles dans divers kits commerciaux vendus à l'international avec toutes les séquences de SARS-CoV-2 analysées en Algérie.

Les séquences du variant «Omicron» (446 séquences) du SARS-CoV-2 ont été alignées en utilisant le logiciel Genious. Nous avons également utilisé les séquences d'amorces et de sondes de sept kits de RT-qPCR : CDC China, Charité Germany, HKU Hong Kong, NIH Thailand, NIID Japon, CDC US et Institut Pasteur. Nous avons utilisé le "primer check v2.0" (VIROSCIENCE LAB) pour identifier les différentes mutations en fonction des séquences de SARS-CoV-2. Des tests statistiques ont été réalisés par calcul du test Khi2.



Ce travail nous a permis de conclure que les quatre kits RT-qPCR suivants : CDC China, Charité Germany, HKU Hong Kong et Institut Pasteur semblent être plus spécifiques pour la détection du génome Omicron algérien et donc pour le diagnostic de la COVID-19 en Algérie.

Mots-clés : Algérie ; COVID-19 ; SARS-CoV-2 ; Variant Omicron

4-Analyse bio-informatique des SNPs non-synonymes dans le gène CTNS : Implications fonctionnelles pour la cystinose

Adda Neggaz Leila, Dahmani Amira Chahinez et Derriche Ibtissem.

Laboratoire de Génétique moléculaire et Cellulaire (LGMC), USTO-MB, Oran, Algérie.

Résumé :

La cystinose est une maladie génétique rare causée par des mutations dans le gène CTNS, entraînant une accumulation de cystine dans les lysosomes. Cette accumulation résulte d'un dysfonctionnement de la cystinosine, un transporteur de cystine localisé à la membrane lysosomale. Une meilleure compréhension des mutations impliquées est essentielle pour éclairer les bases moléculaires de la maladie. Cette étude préliminaire a utilisé des approches bio-informatiques pour identifier et analyser les SNP non-synonymes (nsSNPs) susceptibles d'altérer la fonction de la cystinosine.

Parmi les 12 028 SNPs analysés, 163 nsSNPs ont été détectées et évaluées à l'aide des outils SIFT, PolyPhen-2, CADD, SNPs&GO, PROVEAN, I-Mutant et DynaMut. Les analyses fonctionnelles et structurelles ont révélé 19 nsSNPs unanimement classées comme délétères. Ces mutations touchent principalement des régions hautement conservées de la cystinosine, suggérant un impact potentiel sur sa stabilité structurelle et sa capacité à transporter la cystine. Les résultats de cette étude préliminaire mettent en évidence des mutations dont l'impact potentiel sur la cystinosine mérite d'être approfondi. Ces observations fournissent des éléments importants qui pourraient contribuer à une meilleure compréhension des écanismes moléculaires sous-jacents à la cystinose.

Mots clés : cystinosine, nsSNP, Bio-informatique



5-Analyse Bioinformatique des Gènes Biosynthétiques Antimicrobiens de *Bacillus amyloliquefaciens* subsp. *Plantarum*. R5

Nawel SELAMI ^{1,2,*}, Chahrazed AIBECHÉ ^{1,2}, Fatima El-Houaria ZITOUNI-HAOUAR ³,
Nassima DRAOU ^{1,2}, Assia ZEMMOUR¹, Hassiba BOKHARI^{1,2}, Abderrezak DJABEUR ^{1,2}

¹Université des Sciences et de la Technologie d'Oran Mohamed Boudiaf (USTO-MB), Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie, Département de Biotechnologie

²Laboratoire des Productions, Valorisations Végétales et Microbiennes (LP2VM), B.P. 1505, El-Mn'aour, Oran 31000, Algérie.

³Université Oran 1 Ahmed Ben Bella, Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie, Département de Biotechnologie, Laboratoire de Biologie des Microorganismes et Biotechnologie, Oran 31000, Algérie.

Résumé

Les maladies phytopathogènes constituent une menace croissante pour l'agriculture mondiale, exigeant des solutions durables et respectueuses de l'environnement. Les métabolites antimicrobiens produits par des microorganismes tels que *Bacillus amyloliquefaciens* subsp. *plantarum* apparaissent comme une alternative prometteuse aux pesticides chimiques. Cette étude explore le potentiel de la souche R5 en tant qu'agent de biocontrôle, à travers une analyse génomique *in silico* et des tests *in vitro*.

L'analyse, réalisée à l'aide de l'outil antiSMASH, a identifié 17 clusters de gènes biosynthétiques (BGCs) dans le génome de la souche R5, impliqués dans la production de métabolites secondaires antifongiques. Six de ces clusters partagent une similarité de 100 % avec des clusters connus, incluant des composés importants comme la fengycine, la bacillisine et la bacillaène. L'étude a également révélé des clusters uniques, notamment un cluster de type PKS avec une faible similarité (7 %) à des clusters existants, suggérant la présence de nouveaux métabolites.

Les tests *in vitro* ont confirmé la production de ces composés, montrant une activité antifongique notable contre *Fusarium* sp et *Aspergillus* sp, avec des taux d'inhibition respectifs de 80 % et 75 %. Ces résultats positionnent la souche R5 comme une candidate prometteuse pour des applications de biocontrôle en agriculture.

Mots-clés : *Bacillus amyloliquefaciens* subsp. *plantarum*, endophyte, gènes antimicrobiens, biocontrôle.



6-Analyse du locus CSD et diversité génétique des abeilles locales en Algérie

Fridi Riad, Tabet Aoul Nacera, Mahami Fatma Zohra

Laboratoire de Génétique moléculaire et Cellulaire (LGMC), USTO-MB, Oran, Algérie.

Résumé

Les abeilles jouent un rôle clé dans l'équilibre écologique et la productivité agricole.

Cependant, leur déclin, observé notamment en Algérie, menace ces écosystèmes. Cette étude explore la diversité génétique de deux sous-espèces locales d'*Apis mellifera* (*A. m. intermissa* et *A. m. sahariensis*) à travers l'analyse du locus de détermination du sexe CSD, amplifié et séquencé pour 146 abeilles mâles. Les données obtenues ont été complétées par 183 séquences européennes issues du projet SeqApiPop. Une grande variabilité génétique a été constatée, avec 119 haplotypes identifiés, dont 81 inédits par rapport aux bases de données internationales. L'analyse des substitutions non synonymes et synonymes a mis en évidence une sélection positive dans cette région du génome. Les relations phylogénétiques ont été étudiées par des analyses moléculaires (arbres de vraisemblance maximale, réseaux haplotypiques, ACP) réalisées avec divers outils bio-informatiques (MEGA X, Network 10, R). Aucune structuration génétique marquée entre sous-populations d'*Apis mellifera* n'a été relevée. Les nouveaux haplotypes découverts fournissent une ressource importante pour les études futures sur le locus CSD et enrichissent les connaissances sur la diversité génétique des abeilles mellifères. Ces résultats offrent également des perspectives pour des programmes de sélection visant à préserver et renforcer les populations d'abeilles domestiques.

Mots Clés : *Apis mellifera*, abeille, locus CSD, haplotype, diversité génétique, , Algérie