



**HAL**  
open science

## Dégradation d'un anticancéreux dans les eaux usées - Une médaille d'or pour l'équipe GO Paris-Saclay

William Briand, Ousmane Dao, Guillaume Garnier, Raphaël Guegan, Britany  
Marta, Clémence Maupu, Julie Miesch, Kenn Papadopoulo, Arthur Radoux,  
Julie Rojahn, et al.

### ► To cite this version:

William Briand, Ousmane Dao, Guillaume Garnier, Raphaël Guegan, Britany Marta, et al.. Dégradation d'un anticancéreux dans les eaux usées - Une médaille d'or pour l'équipe GO Paris-Saclay. Médecine/Sciences, 2018, 34 (12), pp.1111–1114. 10.1051/medsci/2018304 . hal-02176491

**HAL Id: hal-02176491**

**<https://hal.science/hal-02176491v1>**

Submitted on 25 May 2020

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License



## Compétition iGEM 2018

### Une médaille d'or pour l'équipe GO Paris-Saclay

# METHO TREXIT

> iGEM (pour *international genetically engineered machine*) est un concours international autour de la biologie synthétique réunissant des étudiants de toutes disciplines (mathématiques, physique, biologie, arts, etc.). « L'objectif est de construire un système biologique fonctionnel complexe, en assemblant des composants individuels moléculaires simples et standardisés (fragments d'ADN), appelés « briques biologiques » (biobriques), sorte de « legos » moléculaires, entreposés au MIT (*Massachusetts Institute of Technology*) (le *registry of standard biological parts* contient environ 20 000 biobriques). C'est une démarche proche de celle de l'ingénieur qui assemble des circuits électroniques ». En 2004, lors de sa création par le

MIT (→), la compétition iGEM regroupait une quarantaine de projets ; 14 ans plus tard, elle accueille 350 équipes (6 000 étudiants, avec leurs instructeurs) issues des universités du monde entier. Elle culmine en un *Giant Jamboree*<sup>1</sup> de quatre jours à Boston en novembre, au cours duquel les équipes présentent leur projet. Le « wiki » de la compétition ([www.igem.org](http://www.igem.org)) présente l'ensemble des projets ainsi que le palmarès. Cette année, ont été décernées 114 médailles d'or, 68 d'argent et 107 de bronze. Neuf équipes françaises étaient engagées. <

(→) Voir l'article de J. Peccoud et L. Coulombel, dont certains passages sont repris dans ce « chapo », m/s n° 5, mai 2007, page 551

## NOUVELLE

### Dégradation d'un anticancéreux dans les eaux usées

Équipe iGEM GO Paris-Saclay 2018

William Briand<sup>1</sup>, Ousmane Dao<sup>1</sup>, Guillaume Garnier<sup>1</sup>, Raphaël Guegan<sup>1</sup>, Britany Marta<sup>1</sup>, Clémence Maupu<sup>1</sup>, Julie Miesch<sup>1</sup>, Kenn Papadopoulos<sup>1</sup>, Arthur Radoux<sup>1</sup>, Julie Rojahn<sup>1</sup>, Yueying Zhu<sup>1</sup>

Superviseurs : Céline Aubry<sup>1,2</sup>, Phillipe Boulloc<sup>1,2</sup>, Stéphanie Bury-Moné<sup>1,2</sup>, Arnaud Ferré<sup>1,3</sup>, Sylvie Lautru<sup>1,2</sup>, Olivier Namy<sup>1,2</sup> et Mahnaz Sabeti-Azad<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Université Paris-Saclay, 91405 Orsay, France ;

<sup>2</sup>Institute for Integrative Biology of the Cell (I2BC), CEA, CNRS, Université Paris-Sud, Université Paris-Saclay, Gif-sur-Yvette, France ;

<sup>3</sup>MalAGE (mathématiques et informatique appliquées du génome à l'environnement), Inra, Université Paris-Saclay, 78350 Jouy-en-Josas, France.

[stephanie.bury-mone@i2bc.paris-saclay.fr](mailto:stephanie.bury-mone@i2bc.paris-saclay.fr)

[philippe.boulloc@i2bc.paris-saclay.fr](mailto:philippe.boulloc@i2bc.paris-saclay.fr)

[sylvie.lautru@i2bc.paris-saclay.fr](mailto:sylvie.lautru@i2bc.paris-saclay.fr)

Cette équipe a obtenu la médaille d'or

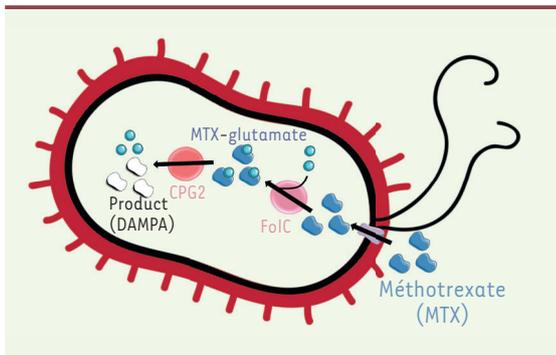
### Le problème : la pollution de l'eau par les médicaments

D'après l'Organisation de coopération et de développement économiques (OCDE), une augmentation drastique de la consommation de médicaments a été observée depuis le début des années 2000. En effet, la consommation d'antidiabétiques, d'antidépres-

seurs, d'antihypertenseurs et d'hypocholestérolémiants a doublé entre les années 2000 et 2005 [1]. N'étant pas complètement métabolisés par le corps humain, certains médicaments sont rejetés dans les eaux usées. Ainsi, plusieurs molécules ont été trouvées en quantité importante dans les eaux des effluents proches des hôpitaux, mais aussi dans les eaux de surface, la concentration de chaque médicament

pouvant atteindre le microgramme par litre [2]. Si ces quantités ne semblent pas alarmantes, elles représentent néanmoins un réel risque pour l'écosystème, mais également pour l'être humain. D'une part, l'accumulation des antibiotiques dans les eaux contribue à amplifier la résistance bactérienne à ces molécules [3]. D'autre part, ces substances menacent également certaines espèces aquatiques

<sup>1</sup> Mot anglais issu de l'hindi, apparu en 1910, qui désignait initialement un rassemblement de scouts.



**Figure 1. Voie de biotransformation du méthotrexate dans *E. coli*.** Les gènes *folc* et *cpg2* ont été introduits dans la souche *E. coli* châssis. *Folc* permet l'ajout d'un glutamate à la molécule de MTX. *Cpg2* convertit le complexe MTX-glutamate en DAMPA et en glutamate, métabolites peu toxiques.

en inhibant leur développement ou leur croissance, et provoquent des changements de comportement chez certaines d'entre elles [4]. Une étude démontre également que, *in vitro*, le développement de cellules embryonnaires humaines dans un milieu contenant une mixture de médicaments présents dans les eaux usées est altéré [5]. Enfin, peu d'études s'intéressent aux expositions chroniques et à l'effet synergique (bien qu'il soit établi) des médicaments dans les écosystèmes proches des effluents des hôpitaux, deux paramètres qui pourraient pourtant être une cause majeure de toxicité [6].

Notre projet avait pour objectif de travailler sur la dégradation d'un médicament utilisé en chimiothérapie antitumorale, le méthotrexate (MTX). La concentration de cet anticancéreux, mesurée dans certains effluents d'hôpitaux, peut atteindre 4 689 ng/μl [7]. Ceci peut s'expliquer par le fait que 60 à 90 % du MTX ingéré est excrété dans les urines sous forme active. De plus, il est rapidement métabolisé en 7-OH-MTX, un composé hautement toxique, qui n'a, quant à lui, jamais été recherché dans les eaux usées. À ce jour, peu d'études ont été réalisées concernant les effets du MTX dans l'environnement. Néanmoins, l'apport de petites doses de MTX dans l'habitat de poissons zèbres altérerait leur développement (nécrose de la tête et problème cardiaque congénital), pouvant aller jusqu'à l'arrêt de ce dernier [8, 9].

[10]. Nous proposons dans ce projet une solution adaptée à ce problème : celle-ci est principalement fondée sur l'expression, par une souche d'*Escherichia coli*, d'une carboxypeptidase hétérologue, actuellement utilisée sous forme purifiée pour lutter contre les effets d'une intoxication au MTX chez les patients traités par ce médicament [11]. Nous avons conçu notre système synthétique de telle façon qu'il soit susceptible d'être modifié et complété par l'ajout d'autres voies de dégradation d'un large panel de molécules produites par l'industrie pharmaceutique.

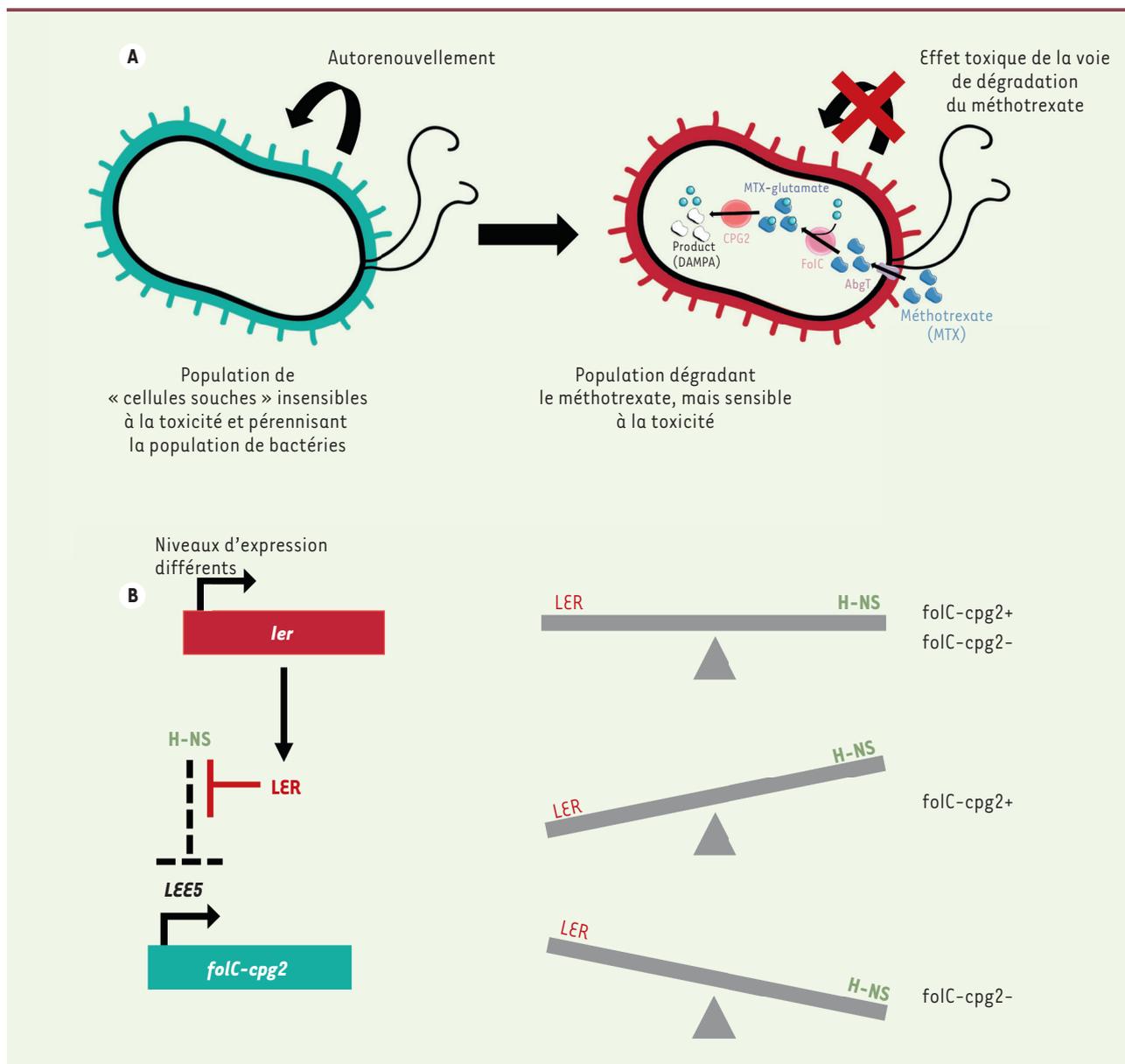
#### La solution : « Methotrexit », une usine bactérienne de nettoyage « HeteroGenious »

Nous proposons un bioréacteur confiné contenant une population de bactéries *E. coli* modifiées capables de dégrader les anticancéreux des eaux usées. Nous avons synthétisé et exprimé dans *E. coli* les gènes codant pour deux enzymes, la folylpolyglutamate synthase (FolC) et la carboxypeptidase G2 (Cpg2) ; la première ajoute une queue polyglutamate au MTX et la seconde coupe les liaisons amides de la molécule. L'ajout d'une queue polyglutamate au MTX est susceptible d'augmenter sa dégradation par des cellules exprimant Cpg2 [12, 13]. Cpg2 est, quant à elle, l'enzyme clé de notre système dans la mesure où elle permet la biotransformation du MTX en produits peu toxiques, le glutamate et le DAMPA (2,4-diamino-N10-méthylpteroïque acide-d3) (Figure 1). Nos expériences ont montré que le MTX était dégradé de manière efficace après

seulement cinq heures de culture en présence de bactéries exprimant Cpg2. Toutefois, l'expression de voies de biotransformation de composés toxiques peut altérer la croissance bactérienne, ce que nous avons observé dans le cas des bactéries exprimant à la fois FolC et Cpg2. Pour résoudre cet obstacle, nous avons développé un système permettant l'apparition de deux sous-populations bactériennes dont une n'exprime pas la voie de dégradation et donc échappe à sa toxicité (Figure 2A). Notre stratégie se fonde sur un système présent dans la souche de *E. coli*, EPEC [14]. Elle repose sur l'expression des protéines Ler (*LEE-encoded regulator*) et H-NS, respectivement un activateur et un inhibiteur de l'activité du promoteur *lee5*. *Lee5* étant un activateur de la transcription, les gènes sous son contrôle (dans notre cas, FolC-Cpg2) seront activés ou réprimés, selon son niveau d'activité. H-NS est exprimé de façon constitutive. Ainsi, le contrôle du niveau d'expression de la protéine Ler nous permet de déterminer la proportion des deux sous-populations (Figure 2B). La preuve de concept de cette stratégie a été testée avec le gène codant une GFP (*green fluorescent protein*), protéine fluorescente verte. Nous avons modélisé ce système : la division du travail entre les bactéries qui dégradent un toxique et celles qui assurent le renouvellement de la population peut permettre un maintien à long terme de populations bactériennes dépolluantes dans les cas de voies de dégradation très coûteuses pour le *fitness* des bactéries.

#### Conclusion

Nous avons construit des souches bactériennes capables de dégrader efficacement le MTX, ainsi qu'un système synthétique permettant de



**Figure 2. Principe du système « HeteroGenious ».** **A.** Lors de nos expériences, nous avons remarqué que la coexpression de folC et cpg2 était toxique pour nos bactéries. Pour éviter ce problème, nous avons conçu un système bimodal permettant la genèse de deux sous-populations : l'une exprime la voie de dégradation FolC-Cpg2, l'autre ne l'exprime pas et reste donc insensible à sa toxicité, permettant de pérenniser le réservoir de bactéries. Cette sous-population peut se diviser et engendrer à la fois des bactéries qui expriment, et d'autres qui n'expriment pas la voie de biotransformation du méthotrexate. La seconde sous-population exprime folC et cpg2 permettant la dégradation du méthotrexate. **B.** La construction de notre système dit *HeteroGenious* est inspirée de l'article de H. Leh et al. [14]. La compétition entre deux facteurs de transcription régulant l'activité du promoteur Lee5, répression pour H-NS et activation pour Ler, peut générer une hétérogénéité dans la population de bactéries. Les proportions respectives de ces deux sous-populations peuvent être définies en modifiant le niveau d'expression de Ler.

générer une division du travail dans les populations bactériennes. Ce projet ouvre de nouvelles perspectives dans le cadre de la lutte contre les polluants issus des hôpitaux. Par ailleurs, il offre aussi une autre

perspective : en effet, les souches ainsi générées pourraient peut-être constituer des probiotiques d'intérêt thérapeutique pour des patients sous chimiothérapie souffrant d'une intoxication au MTX. ♦

### Methotrexit, a HeteroGenious cleaning factory

#### LIENS D'INTÉRÊT

Les auteurs déclarent n'avoir aucun lien d'intérêt concernant les données publiées dans cet article.

