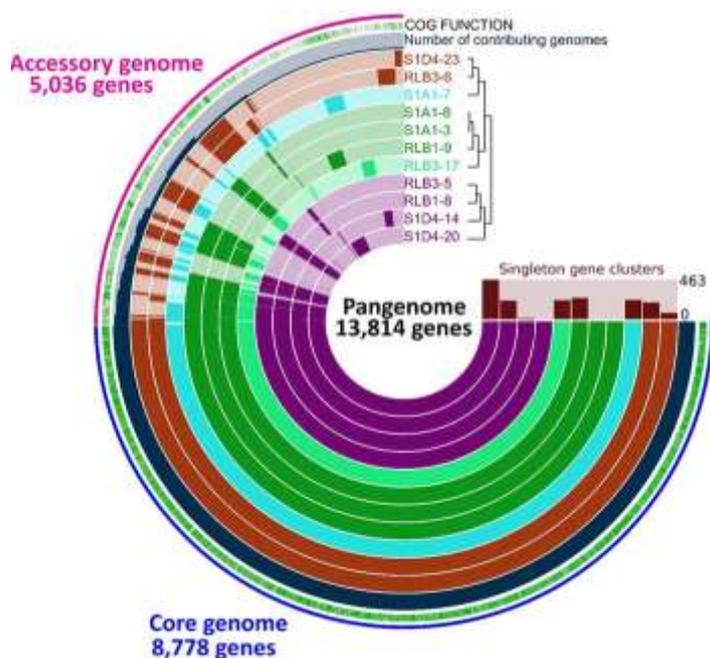


SexSo



Pocks' révélant les événements de transfert conjugatif de l'élément pSAM2 entre la bactérie donneuse *Streptomyces ambofaciens* ATCC23877 et *Streptomyces lividans* TK23



Génomique comparée au niveau intra-populationnel ; mise en évidence des gènes communes (core-genome) et des gènes spécifiques (accessory genome). Tidjani et al. mBio 2019.

Sex as a driving force for microbial community evolution in forest soil'

Responsables scientifiques : Pierre LEBLOND/Cyril BONTEMPS, DynAMic

Collaborations : Plate-forme de séquençage de l'I2BC Gif-sur-Yvette

Contexte —

Contrairement aux eucaryotes, les bactéries bien que dépourvues de méiose expérimentent la sexualité. La sexualité chez les bactéries, plus couramment appelée parasexualité, induit le transfert horizontal de gènes, et résulte de 3 mécanismes principaux (conjugaison, transduction, transformation). L'illustration ci-contre montre la formation de 'pock' révélant la conjugaison bactérienne chez les bactéries *Streptomyces*. Le HGT est le principal moteur de la diversification génétique des bactéries et d'adaptation à l'environnement.

Imputer le transfert repose sur la détection du transfert de fonction sélectionnable telles que la résistance aux drogues, aux métaux lourds, ou encore de capacités métaboliques, etc...améliorant l'adaptation de la cellule réceptrice à l'environnement. Cependant, il a été montré récemment que le transfert mène au remplacement de tout ou partie de gènes déjà présents au sein de la souche réceptrice. Ce phénomène, appelé remplacement allélique, implique la recombinaison homologue tandis que l'acquisition et la perte de séquences impliquent plus fréquemment la recombinaison illégitime. Le développement d'approches telles que le typage par le séquençage multilocus (MLSA) ou l'analyse comparative des génomes d'isolats apparentés permet d'appréhender ce phénomène.

Objectifs —

Notre objectif est de questionner la contribution du transfert horizontal à l'adaptation des bactéries et la dynamique de la communauté microbienne des sols. Pour cela, nous avons appliqué l'approche MLSA et le séquençage haut débit sur des isolats bactériens du sol disponibles grâce au projet Labex 2013 Inabact (animé par S. Uroz, IAM, BEF).

Démarche —

Nous avons exploré par génomique comparative les relations génétiques entre des isolats d'une même population de bactéries du sol (*Streptomyces*). Les souches utilisées ont été isolées à partir de micro-agrégats de sols (mm³) et distants au plus de quelques cm. Ces souches sympatriques présentent une distance phylogénétique très faible au niveau intra-spécifique (100% d'identité de la séquence du gène codant l'ARN 16S et faible polymorphisme en MLSA)

Résultats marquants —

- Le génome de 11 de ces souches a été entièrement séquencé en utilisant une approche innovante combinant la technologie Nanopore (MinION) et de l'illumina en collaboration avec la plateforme de séquençage I2BC (Gif). Cela nous a permis d'obtenir des génomes complets et d'initier des analyses de génomique comparative malgré leurs grandes tailles (env.12 Mb et parmi les plus grands génomes bactériens séquencés)
- L'analyse génomique en cours a permis de montrer que malgré un temps évolutif court les séparant, les souches constituant la population présentent une diversité génomique importante en terme de présence/absence de gènes, notamment répartis sous forme d'ilots génomiques.
- Nous avons pu montrer une géolocalisation particulière des événements conduisant à la variabilité entre génomes le long du chromosome.
- Certains ilots montrent la signature d'éléments génétiques mobiles (élément conjugatif intégré) tandis que d'autres contiendraient des déterminants du métabolisme secondaire.
- Nous avons pu montrer que certains de ces ilots génomiques variables pouvaient être en lien avec la production de biens communs (métabolites secondaires) au sein de la population.

Principales conclusions incluant des points-clés de discussion —

Ces résultats suggèrent qu'un fort niveau de plasticité du génome impacte la structure et l'adaptation des *Streptomyces* dans leur environnement. Les activités variables entre souches constituent des 'biens communs' de la population de *Streptomyces*. Les mécanismes rapides d'évolution pourraient avoir un rôle crucial à court terme dans le fonctionnement et l'homéostasie des populations des bactéries du sol

Perspectives —

Plusieurs articles sont en préparation sur ces résultats. De nouvelles analyses de génomique comparative, liées au fonctionnement de la population et à l'évolution des génomes bactériens sont toujours en cours

Valorisation —

Communication Grand public / diffusion :

<http://presse.inra.fr/Communiqués-de-presse/Une-bacterie-du-sol-championne-de-l-evolution-rapide>

<http://factuel.univ-lorraine.fr/node/12374>

Journal télévisé FR3 Lorraine du 19/20 : [une bactérie du sol, championne de l'évolution rapide](#).

Pour le voir en direct c'est à la TV ou dans le lien suivant : <https://france3-regions.francetvinfo.fr/grand-est/tv/direct/lorraine>

Pour le voir en replay : <https://france3-regions.francetvinfo.fr/grand-est/emissions/jt-1920-lorraine>



Publications :

Tidjani AR, Lorenzi JN, Toussaint M, van Dijk E, Naquin D, Lespinet O, Bontemps C, Leblond P. Genome Sequences of 11 Conspecific *Streptomyces* sp. Strains. *Microbiol Resour Announc.* 2019 Sep 19;8(38). pii: e00863-19. doi: 10.1128/MRA.00863-19.

Tidjani AR, Lorenzi JN, Toussaint M, van Dijk E, Naquin D, Lespinet O, Bontemps C, Leblond P. Massive Gene Flux Drives Genome Diversity between Sympatric *Streptomyces* Conspecifics. *mBio.* 2019 Sep 3;10(5). pii: e01533-19. doi: 10.1128/mBio.01533-19.

Tidjani AR, Bontemps C, Leblond P. Genome Sequences of Telomeric and sub-telomeric regions undergo rapid turnover within a *Streptomyces* population. *Sc. Rep.* en revision.

Communication dans des conférences :

Micro-time scale genome evolution among natural populations of *Streptomyces*

Maxime Toussaint, Abdoul-Razak Tidjani, Jean-Noël Lorenzi, Laurence Hotel, Olivier Lespinet, Cyril Bontemps, Pierre Leblond

International Symposium of the Biology of Actinomycetes, 2017, may 24-27 may, Jeju, Korea (communication orale).

Evolution génomique au sein d'une population naturelle de *Streptomyces*

Abdoul-Razak Tidjani, Maxime Toussaint, Jean-Noël Lorenzi, Laurence Hotel, Olivier Lespinet, Cyril Bontemps, Pierre Leblond

Actino2017, Lyon 18-20 Octobre 2017 (communication orale).

Massive gene fluxes in bacterial population fuels adaptation to soil forest ecosystem

Abdoul-Razak Tidjani, Maxime Toussaint, Jean-Noël Lorenzi, Olivier Lespinet, Cyril Bontemps, Pierre Leblond. Functional Ecology Conference, Nancy 10-12 décembre 2018 (communication orale)

Effet levier du projet : développement d'une collaboration internationale

Le projet SexSo a permis d'initier une collaboration avec visite de Michiel Vos à Nancy du 1er au 3 décembre 2017 grâce au soutien du labex et du master BioMANE (conférence master BioMANE). Cyril Bontemps et Pierre Leblond ont ensuite été invité du 2 au 5 Juillet pour une visite à l'European Centre for Environment and Human Health (localisé à Penryn/Truro, University of Exeter Medical School). CB a donné une conférence à cette occasion.

Cette collaboration a donné lieu à l'obtention du projet de recherche innovant GENTHRI à l'AO Labex Arbre 2018. Une thèse en co-direction a été initiée (Caroline Choufa) avec Michiel Vos (UK).