

Communiqué de presse – 3 septembre 2019

Une bactérie du sol championne de l'évolution rapide

La compréhension des mécanismes d'évolution génétique pourrait permettre de mieux comprendre la capacité d'adaptation et d'interaction des bactéries à leur environnement. Des chercheurs de l'Inra et de l'Université de Lorraine ont mis en évidence une vitesse d'évolution insoupçonnée chez des bactéries présentes autour des racines (rhizosphère), les *Streptomyces*. Cette particularité permettrait aux individus de bénéficier de nombreux gènes supplémentaires, en combinant différents gènes d'intérêt. Cet enrichissement génétique promeut une coopération au sein de la population afin d'assurer sa cohésion. Ces travaux sont publiés le 3 septembre 2019 dans la revue *mBio*.

L'évolution des espèces est souvent considérée comme un processus lent. Pourtant, des chercheurs de l'Inra et de l'Université de Lorraine ont découvert des bactéries sœurs chez des *Streptomyces*, descendant d'un ancêtre commun récent, possédant de nombreux gènes spécifiques et une histoire évolutive distincte. Ils ont mis en évidence d'importants phénomènes de transfert et de recombinaison de gènes qui donnent lieu à une évolution rapide.

Comment ces échanges de gènes s'organisent-ils au sein d'une population ? Quelle est la proportion de gènes échangés lorsqu'on compare des bactéries sœurs ? Pour répondre à ces questions, les scientifiques ont isolé et séquencé à partir de micro-agrégats de sol de la taille d'une tête d'épingle, 11 *Streptomyces* différents. L'analyse de séquences de marqueurs phylogénétiques (gènes permettant de retracer l'histoire évolutive d'un individu) montre que ces bactéries sont apparentées et peuvent être considérées comme quasi-clonales. Néanmoins, l'analyse du génome complet montre qu'elles diffèrent par plusieurs centaines voire des milliers de gènes différents. Cette incroyable diversité génétique au sein d'une même espèce est rendue possible par le phénomène de conjugaison, qui permet d'échanger des gènes « mobiles ».

Les scientifiques ont identifié des sites de recombinaison génétique permettant une insertion favorable de ces gènes mobiles, ce qui permet une évolution rapide au sein de la population. Ainsi, au même endroit de leur chromosome, certains individus ont un ensemble de gènes codant une fonction et d'autres des gènes complètement différents. Ces différences génétiques entre des membres de la même espèce peuvent être utiles dans un contexte de lutte pour une niche écologique.

Par exemple, certaines bactéries sœurs sont capables de produire un antibiotique inhibant la croissance d'une autre espèce bactérienne isolée dans le même sol. Ce constat suggère un partage des tâches au sein de l'écosystème microbien : certaines bactéries de la population peuvent porter le coût de la production d'un antibiotique permettant d'éliminer de potentiels compétiteurs, alors que d'autres, seulement résistantes, peuvent bénéficier de cette production. Ainsi, la diversité génétique engendrée par cette évolution rapide revêtirait un rôle social et assurerait la cohésion de la population.

Sachant que ces 11 *Streptomyces* possèdent chacun environ 10.000 gènes, ils pourraient potentiellement profiter de 1.000 gènes supplémentaires en combinant les gènes d'intérêt des uns et des autres dans des relations de coopération.

Reference:

Massive gene flux drives genome diversity between sympatric *Streptomyces* conspecifics. Abdoul-Razak Tidjani, Jean-Noël Lorenzi, Maxime Toussaint, Erwin van Dijk, Delphine Naquin, Olivier Lespinet, Cyril Bontemps, Pierre Leblond.

Contacts scientifiques :

Pierre Leblond

Tél. : (33) 03 72 74 51 43

Mail : pierre.leblond@univ-lorraine.fr

Cyril Bontemps

Tél. : (33) 03 72 74 51 30

Mail : cyril.bontemps@univ-lorraine.fr

Unité Dynamique des génomes et adaptation microbienne (DynAMic), Inra, Université de Lorraine.

Département scientifique MICA.

Centre Inra Nancy-Grand Est.

Contact presse :

Inra service de presse : presse@inra.fr – 01 42 75 91 86