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

## Abdoul-Razak Tidjani<sup>1</sup>, Maxime Toussaint<sup>1</sup>, Jean-Noël Lorenzi<sup>1,2</sup>, Laurence Hotel<sup>1</sup>, Olivier Lespinet<sup>2</sup>, Cyril Bontemps<sup>1</sup>, <u>Pierre Leblond<sup>1\*</sup></u>

<sup>1</sup>INRA-Université de Lorraine, Dynamique des Génomes et Adaptation Microbienne, UMR 1128, Vandœuvre-lès-Nancy, F-54506, France (pierre.leblond@univ-lorraine.fr)

<sup>2</sup>Institute for Integrative Biology of the Cell (I2BC), CEA, CNRS, Université Paris-Sud, Orsay, France.

La dynamique du génome est cruciale pour son évolution et son adaptation. En comparant les génomes d'une même espèce de *Streptomyces* issus d'une population sympatrique, nous avons mis en évidence que ces phénomènes de diversification étaient nombreux et rapides et pouvaient impacter le fonctionnement écologique de la population.

Un plan d'échantillonnage a été mis en place afin d'obtenir des souches dérivant d'un ancêtre commun proche et avec une histoire évolutive commune récente. Pour ce faire, des *Streptomyces* ont été isolés à partir de micro agrégats (mm³) d'un même sol sur une distance maximale de quelques cm. Des souches ont ensuite été sélectionnées pour leur grande proximité taxonomique au niveau intraspécifique, c'est à dire sur la base de séquences identiques pour le gène codant l'ARNr 16S et un degré élevé de similitude en MLST. Le séquençage du génome de 18 souches de cette population a permis de montrer qu'elles possédaient un chromosome linéaire d'environ 11,7 Mb. La comparaison de leur séquence a révélé une diversification importante au sein de la population avec au moins 25 îlots génomiques (> 10 kb) dispersés le long du chromosome, mais avec toutefois une variabilité plus élevée dans les régions terminales et pouvant dans certains cas affecter l'extrémité chromosomique. En outre, certains isolats divergeaient également par la présence de grands plasmides (100 à 400 kb). Certaines de ces régions variables présentaient des signatures claires d'éléments conjugatifs intégrés, tandis que d'autres comprenaient des gènes de biosynthèse de métabolites secondaires.

Au niveau fonctionnel, l'étude comparée des profils d'inhibition des souches de la population a permis de mettre en évidence des différences entre les isolats. Ainsi, certains sont capables d'inhiber des bactéries d'autres genres provenant du même sol et d'autres non. Toutefois, toutes les souches de la population de *Streptomyces* étaient capables de se développer ensemble, suggérant que les activités inhibitrices fournies par les souches productrices constitueraient des « biens publics » pour l'ensemble de la communauté de *Streptomyces*. L'inactivation d'un gène appartenant à un cluster de métabolite secondaire (NRPS) spécifique aux souches inhibitrices a permis d'abolir cette activité, amenant une preuve de concept que la dynamique rapide du génome impacte l'écologie de la population et ce notamment par la différenciation du répertoire de gènes du métabolisme secondaire

L'ensemble de nos résultats confirment l'hypothèse selon laquelle le haut niveau d'évolutivité du génome de *Streptomyces* affecte la structuration et l'adaptation des communautés bactériennes dans leur environnement naturel.