



actualité
scientifique

Evolution et gènes sauteurs

Relations avec le programme Bcpst : organisation fonctionnelle des génomes eu- et procaryotes

Les séquences d'insertion IS (pour *Insertion Sequence*) sont des éléments génétiques mobiles présents dans tous les génomes bactériens. Ces séquences sont de courtes séquences d'ADN fonctionnant comme des éléments transposables simples. Elles sont caractérisées par leur petite taille - généralement de 700 à 2 500 paires de bases - et n'encodent que des protéines impliquées dans les activités de transposition, contrairement aux autres éléments transposables, qui peuvent porter des gènes complémentaires. Les protéines codées par une séquence d'insertion sont généralement la transposase qui catalyse le déplacement de cet élément et une protéine régulatrice qui stimule ou inhibe la transposition. En inactivant des gènes ou en permettant l'expression de certains gènes après leur insertion, les séquences IS produisent des modifications du génome qui peuvent être délétères. La dynamique au long terme des IS, leur maintien dans les génomes et leurs effets sur les organismes bactériens sont peu connus et un débat persiste pour savoir si ce sont des parasites des génomes ou des moteurs essentiels pour l'adaptation par sélection naturelle. L'article publié dans *Nature Communications* apporte de nouveaux éclairages.

Les chercheurs ont suivi l'évolution de douze populations issues d'un même ancêtre commun dans un environnement constant, depuis 1988 ; le suivi a ainsi été effectué sur plus de 70 000 générations. Ils avaient, dans un premier temps, établi la séquence complète des génomes de ces clones. Des échantillons ont été prélevés toutes les 500 générations de chacune des douze populations et ont été conservés, tout comme l'ancêtre de l'expérience, au congélateur à - 80°C. Ce qui permet de disposer d'archives « fossiles » complètes et revivifiables. Six des douze populations ont évolué vers un phénotype hypermutateur, suite à l'apparition de mutations affectant les gènes de réparation de l'ADN. Ces six populations ont ainsi développé un taux de mutations 100 fois supérieur à celui de l'ancêtre et des six autres populations.

L'étude publiée porte principalement sur la contribution des IS à l'évolution des génomes et à la valeur sélective des bactéries lors de cette expérience au long terme. Ils ont ainsi montré que les IS étaient responsables de plus d'un tiers des mutations fixées au cours de 50 000 générations d'évolution et ce, uniquement dans les six populations qui ont gardé le taux de mutation ancestral. Dans les six populations hypermutatrices, les mutations dues aux IS sont réduites de moitié. D'où l'hypothèse d'un phénotype favorisant l'augmentation des taux de mutations bénéfiques. En plus de produire proportionnellement plus de mutations bénéfiques de part un taux de mutation plus élevé, ce phénotype hypermutateur pourrait se révéler avantageux en réduisant la participation relative des IS à la mutagenèse, réduisant ainsi leur potentiel effet délétère.

De façon générale, les IS produisent, au cours de l'expérience, des effets bénéfiques de façon précoce puis leur activité devient plus délétère au cours du temps. Les auteurs ont montré une tension entre le potentiel des IS à produire des mutations bénéfiques mais aussi des mutations délétères, ce qui entraîne des adaptations compensatrices contraignant les trajectoires évolutives futures. Ces résultats contribuent à réconcilier le vieux débat entre les IS étant des parasites des génomes ou des moteurs de l'évolution.

Pour en savoir plus

IS-mediated mutations both promote and constrain evolvability during a long-term experiment with bacteria. J. Consuegra, J. Gaffé, R.E. Lenski, T. Hindré, J.E. Barrick, O. Tenaillon, D. Schneider - *Nature Communications*, feb. 2021