

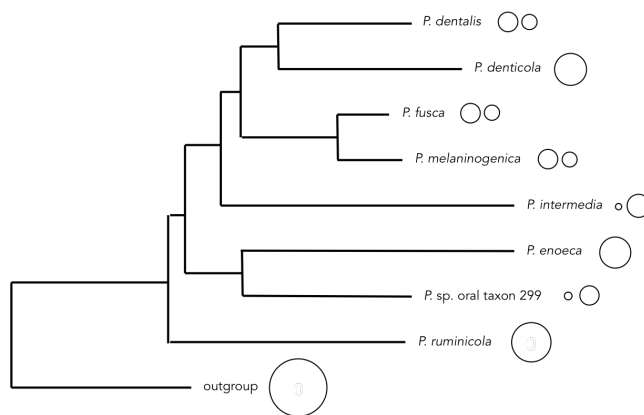
PROJET DE STAGE DE MASTER

Évolution des architectures génomiques mono/multi-partites des Prevotellaceae

Responsable : Bénédicte Lafay (mél : [benedicte.lafay@univ-lyon1.fr](mailto:benedicte.lafay@univ-lyon1.fr) - tél : 04 72 44 85 60)

Laboratoire : Laboratoire de Biométrie et Biologie Évolutive (LBBE-CNRS UMR5558), UCBL, Villeurbanne

On considère classiquement que le génome bactérien est constitué de "chromosomes", éléments génomiques essentiels pour l'organisme, stables et à évolution lente, et de "plasmides", éléments génomiques accessoires, mobiles et à évolution rapide. La distinction entre plasmides et chromosomes a toutefois été mise en défaut avec la découverte dans certaines lignées bactériennes d'éléments génomiques intermédiaires, possédant à la fois des caractéristiques de chromosomes et de plasmides. Désignés par les noms de "chromosome secondaire", "mégaplasmide" ou "*chromid*", ces éléments sont couramment décrits comme des plasmides adaptés et modifiés. Une étude globale de génomique comparative conduite sur l'ensemble des génomes bactériens disponibles, utilisant les protéines liées aux Systèmes de Transmission de l'Information Génétique (STIG) comme variables descriptives des éléments génomiques bactériens (ou réplicons), nous a permis de différencier fonctionnellement ces Réplicons Extra-Chromosomiques Essentiels (RECE) des chromosomes et plasmides "classiques" (1). Si l'origine plasmidique probable des RECE s'est vérifiée très généralement, nous avons identifié quelques cas pour lesquels une fission chromosomique pourraient être une alternative viable. C'est notamment le cas de certaines espèces de la famille des Prevotellaceae dont le génome comprend deux réplicons essentiels chromosomiques.



**Phylogénie des Prevotellaceae** dont les séquences complètes de génomes sont actuellement disponibles. Chaque nom d'espèce est suivi du/des réplicon(s) formant le génome stable. Le chromosome (selon les annotations) est le premier réplicon immédiatement après le nom de l'espèce.

Nous souhaitons tester cette hypothèse d'évolution des génomes multipartites de Prevotellaceae en reconstruisant l'histoire évolutive des génomes des espèces de cette famille. Des méthodes statistiques de reconstruction de séquences, gènes et génomes ancestraux sont développées dans l'équipe (2,3), et permettront d'expliquer la présence et la diversité des réplicons par leur histoire évolutive.

(1) Poirion O, Lafay B (2019) Neo-formation of chromosome in bacteria, bioRxiv, doi: 10.1101/264945

(2) Boussau B, Szollosi GJ, Duret L, Gouy M, Tannier E, Daubin V (2013) Genome-scale coestimation of species and gene trees. Genome Research, 23:323-30. doi: 10.1101/gr.141978.112

(3) Patterson M, Szollosi GJ, Daubin V, Tannier E (2013) Lateral gene transfer, rearrangement, reconciliation. BMC Bioinformatics 14:S4. doi: 10.1186/1471-2105-14-S15-S4