

Crédits photographiques

Photographie de l'image de couverture reproduite avec permissions depuis Wikimedia Commons, domaine public, accès libre.

https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Dark_side_of_the_moon.jpg

Sommaire

Introduction	1
1 Matériels & Méthodes	3
1.1 Conception des séquences de synthèse	3
1.2 Constructions des plasmides	3
1.3 Transformations d' <i>Acinetobacter baylyi</i>	4
1.4 Alignements	5
2 Résultats	6
2.1 Analyses visuelles des zones de recombinaison	6
2.2 Analyses de la position des points de recombinaison	6
2.3 Analyses des restaurations de l'haplotype sauvage	7
3 Discussions	8
Conclusion	9
1 Annexes	ii
1.2 Amorces utilisées	ii
1.3 Carte des constructions donneuses	ii
1.4 Traces de conversions	ii

Abbreviations

gBGC GC-biased gene conversion : conversion génique biaisée vers GC

GC% Contenu en GC

Table des figures

1	Mécanismes moléculaires de conversion génique	1
2	Constructions moléculaires	2
3	Protocoles de transformation	3
4	Analyses des zones de recombinaison	4
5	Zones de recombinaison détaillée	5
6	Distribution de la position du dernier marqueur	6
7	Liste des amorces utilisées	ii
8	Zones de recombinaison des clones transformés par la construction AT	iii
9	Zones de recombinaisons des clones transformés par la construction GC	iv
10	Zones de recombinaisons des clones transformés par la construction AT/GC	v

Liste des tableaux

1	Dénombrements des derniers marqueurs avant le point de recombinaison	6
2	Dénombrement des cas de restauration	7

Introduction

Chez les procaryotes, le taux de guanine et cytosine (GC%) varie de 16.5% à 75% dans les génomes séquencés à ce jour. Une telle amplitude soulève plusieurs questions. Celles qui nous intéressent concernent les mécanismes responsables de ces variations : est-ce qu'ils sont associés à la réplication de l'ADN, à sa réparation ou à une pression de sélection sur l'usage du code génétique ? Au cours des quinze dernières années, il a été démontré que la recombinaison homologue tend à augmenter localement le taux de GC dans les régions fortement recombinantes des génomes eucaryotes^{5,13,18}. Ce mécanisme est essentiel pour la cellule : il permet de réparer les lésions de l'ADN. Au cours de la recombinaison, les brins associés au sein d'un hétéroduplex peuvent présenter des mésappariements. Leur correction entraîne de la *conversion génique*² : c'est une transmission à sens unique de l'information portée par un brin vers l'autre. Ce mécanisme est biaisé vers l'introduction préférentielle des bases C et G chez les mammifères et probablement chez un grand nombre d'eucaryotes¹⁴. C'est un processus non adaptatif : il impacte les régions codantes et non-codantes. Il peut s'opposer à l'action de la sélection en augmentant la probabilité de fixation des allèles G et C^{16,9}.

En 2010, deux études simultanées^{11,10} démontrent que : 1) le patron de *mutation* est universellement biaisé vers A et T chez les procaryotes, et 2) les bases G et C ont une probabilité de fixation plus élevée, probablement sous l'effet d'un processus à l'action semblable à celle de la sélection naturelle. Hildebrand *et al.* avancent que le GC% est en soi un trait soumis à la sélection, et rejettent l'hypothèse d'un biais de conversion génique biaisé vers GC chez les procaryotes. Cependant, les analyses récentes de Lassalle *et al.*¹² et de Yahara *et al.*¹⁹ ont montré que les zones recombinantes des génomes procaryotes ont un taux de GC plus élevé que les régions non-recombinantes, une observation compatible avec l'hypothèse du biais de conversion biaisé vers GC (gBGC). Elles montrent également que la fixation préférentielle des allèles GC va à l'encontre de la fixation des allèles optimaux des codons, une signature caractéristique de l'action d'un processus non adaptatif tel que le gBGC. Ces observations sont compatibles avec l'hypothèse d'une conversion génique biaisée vers GC chez les procaryotes.

L'objectif de ce travail était d'obtenir une estimation expérimentale des fréquences de conversion vers GC chez la bactérie naturellement transformable *Acinetobacter baylyi* ADP1*. En effet, cette bactérie développe un stade de compétence pendant la phase exponentielle de

*. *A. baylyi* était appelée *A. calcoaceticus* avant 1995, mais la taxonomie du genre a fait l'objet d'une révision⁷

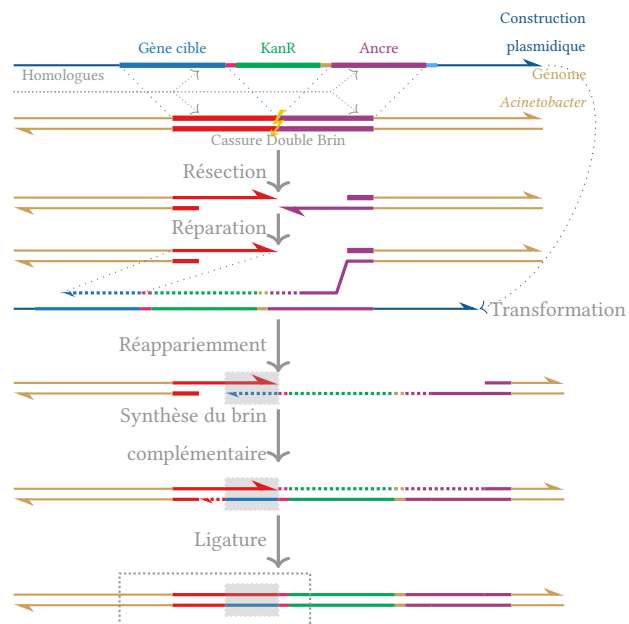


Figure 1 : **Constructions moléculaires et mécanismes de conversion génique au cours de la transformation naturelle**

croissance, et intègre de l'ADN exogène sous forme simple brin¹ par un mécanisme contrôlé génétiquement. Cet ADN peut être intégré dans le génome par recombinaison homologue. Nous avons utilisé ces propriétés pour forcer la recombinaison homologue à un locus neutre, en introduisant artificiellement des mésappariements entre la séquence donneuse — nos constructions — et la séquence receveuse — le génome (voir figure 1). La réparation de ces mésappariements donne lieu à la conversion génique d'un brin par l'autre. On distingue donc la région convertie, dont le génotype correspond à celui de l'haplotype donneur, de la région conservée, dont le génotype correspond à celui de l'haplotype receveur. Elles sont séparées par le point de recombinaison (voir figure 2). Les mésappariements présents sur la séquence donneuse permettent 1) de localiser la position du point de recombinaison et 2) de déterminer la sens de la conversion. La réparation des mésappariements introduits nous renseigne sur les fréquences de conversion en faveur de GC chez *A.baylyi*.

insérer débuts de conclusions ici

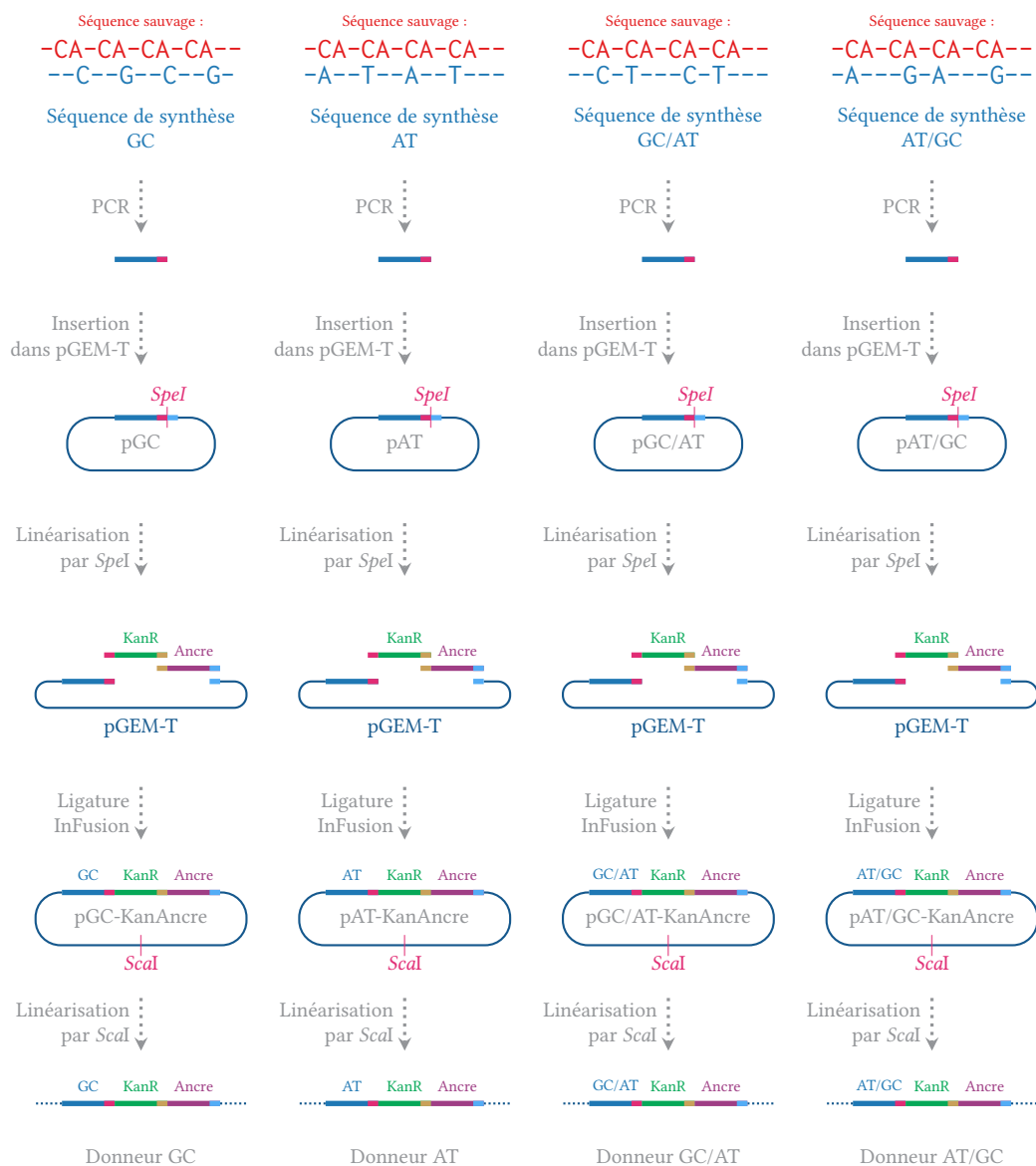


Figure 2 : Constructions moléculaires

Les gènes de synthèse sont amplifiés par PCR spécifique. Des bases adénines sont ajoutées naturellement sur les fragments au cours des derniers cycles de PCR. Ces fragments sont ensuite ligaturés dans le plasmide pGEM-T. Celui-ci est disponible ouvert avec des bases thymines sortantes. La ligature est catalysée par la T4DNA Ligase. Le plasmide obtenu est linéarisé par digestion enzymatique au site d'insertion des fragments.

La cassette de résistance à la kanamycine KanR ainsi que la région facilitant l'homologie Ancre sont préalablement amplifiées par PCR en utilisant des amorces porteuses de régions 3' flottantes, complémentaires des extrémités des fragments voisins. La ligature entre les trois fragments obtenus est réalisée à l'aide du kit Takara InFusion. Les constructions plasmidiques obtenues sont amplifiées clonalement par culture en milieu sélectif liquide, et linéarisées par digestion enzymatique.

1 Matériels & Méthodes

1.1 Conception des séquences de synthèse

Pour étudier la correction des mésappariements au cours de la recombinaison homologue chez *A.baylyi*, nous avons conçu des séquences permettant d'introduire ces mésappariements. Nous avons choisi 23 sites sur un locus neutre du génome, séparés par 30 paires de bases^{*}. Ces sites sont des dinucléotides alternant une base GC avec une base AT. Le gène de synthèse GC introduit des mésappariements GC aux sites AT (GC | AT), le gène de synthèse AT introduit des mésappariements AT aux sites GC (AT | GC) (voir figure 2). Pour s'affranchir d'un possible effet dû à l'écart de GC% entre la séquence synthétique et la séquence sauvage, nous avons également conçu deux séquences qui introduisent en alternance un mésappariement GC | AT et AT | GC. Le gène de synthèse CG/AT introduit d'abord un mésappariement GC | AT, puis un mésappariement AT | GC, le gène de synthèse AT/CG suit l'ordre inverse. (voir figure 2). Les quatre séquences ont été synthétisées par ThermoFischer (Waltham, États-Unis).

1.2 Constructions des plasmides

De façon à pouvoir sélectionner les clones recombinants au locus d'intérêt, nous avons construit les plasmides en figure 2. Le gène synthétique est associé avec une cassette de résistance à la kanamycine, ainsi qu'une région "ancree". Cette région est complètement homologue à la séquence en 3' du locus d'intérêt et permet d'augmenter les fréquences de transformation⁴.

Les gènes synthétiques ont d'abord été amplifiés par PCR avec les amorces 1393 et 1392 (voir annexe 1.2), puis ligaturés dans le plasmide pGEM-T. Les plasmides obtenus ont été insérés dans la souche *E.coli* OneShot[®] TOP-10 (Invitrogen, Carlsbad, États-Unis), suivant le protocole du fabricant. Le sens d'insertion du gène synthétique dans le plasmide a été vérifié par PCR avec les amorces M13R et 1392 (voir annexe 1.2). Les inserts des clones vérifiés ont été séquencés (GATC Biotech, Constance, Allemagne). Les plasmides des clones validés par séquençage ont été extraits par le kit Nucleospin-Plasmid (Macherey-Nagel, Düren, Allemagne), et linéarisés par l'enzyme *SpeI* (ThermoFischer).

^{*}. Ils introduisent 3% de divergence avec la séquence sauvage. Un plus grand nombre de marqueurs diminue les fréquences de recombinaison ; un nombre inférieur diminue la qualité du signal.

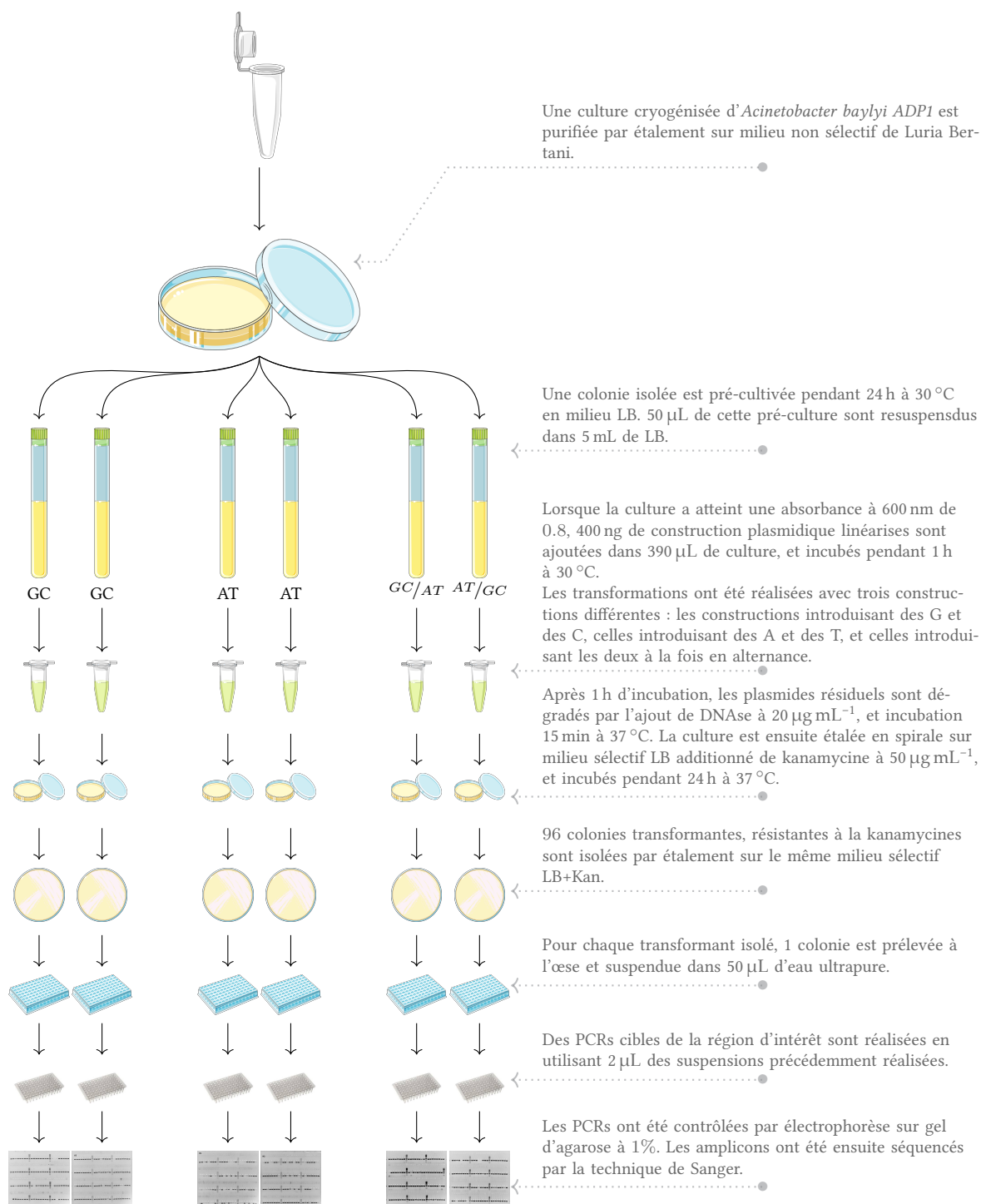


Figure 3 : **Protocole de transformation et d'obtention des amplicons des zones de recombinaison.**

La cassette de résistance à la kanamycine *aphA3* a été amplifiée par PCR avec les amorces 1408 et 1409. La région *ancree* a été amplifiée avec les amorces 1410 et 1411. Les deux amplicons obtenus ont été ligaturés dans le plasmide pGEM-T porteurs des gènes de synthèse. La ligature a été réalisée simultanément par le kit InFusion (Takara Clontech, Saint Germain en Layes, France). Le produit de ligature obtenu a été inséré dans la souche optimisée pour la chimio-compétence *E.coli* Stellar (Takara Clontech). Les transformants ont été sélectionnés sur milieu LB solide additionné d'ampicilline à $75 \mu\text{g mL}^{-1}$ de kanamycine à $50 \mu\text{g mL}^{-1}$. Les transformants ont été confirmés par PCR spécifique de l'insert avec les amorces 1393 et 1411 (voir annexe 1.2).

1.3 Transformations d'*Acinetobacter baylyi*

1 μg de plasmide a été extrait et linéarisé par l'enzyme *Scal* (ThermoFisher). L'enzyme a été ensuite inactivée par incubation 10 min à 70°C . 390 μL d'une culture pure d'*Acinetobacter baylyi* ADP1, avec une absorbance de 0.8 à 600 nm ont été incubés pendant 1 h à 28°C en présence de 200 ng de plasmide linéarisé. Les suspensions ont été ensuite incubées 15 min à 37°C en présence de DNase à $20 \mu\text{mol L}^{-1}$ pour éliminer les plasmides résiduels. Les cellules recombinantes ont été sélectionnées par étalement en spirales (InterScience, St Nom la Bretèche, France) sur milieu LB solide additionné de kanamycine à $50 \mu\text{g mL}^{-1}$ et incubées 24 h à 30°C . Les dénombrements ont été effectués via un compteur automatique Scan[®]1200 (InterScience).

96 clones isolés ont été purifiés par isolement sur milieu LB solide additionné de kanamycine à $50 \mu\text{mol mL}^{-1}$ et incubés 24 h à 30°C . Une colonie isolée par clone a été mise en suspension dans 50 μL d' H_2O ultra-pure. 2 μL de ces suspensions ont servi de matrice pour amplifier par PCR les régions recombinantes avec la Taq polymérase haute fidélité Phusion (ThermoFischer, Waltham, États-Unis). Les amplicons ont été vérifiés par migration sur gel d'agarose à 1% et séquencés par la technique de Sanger¹⁷ (GATC Biotech).

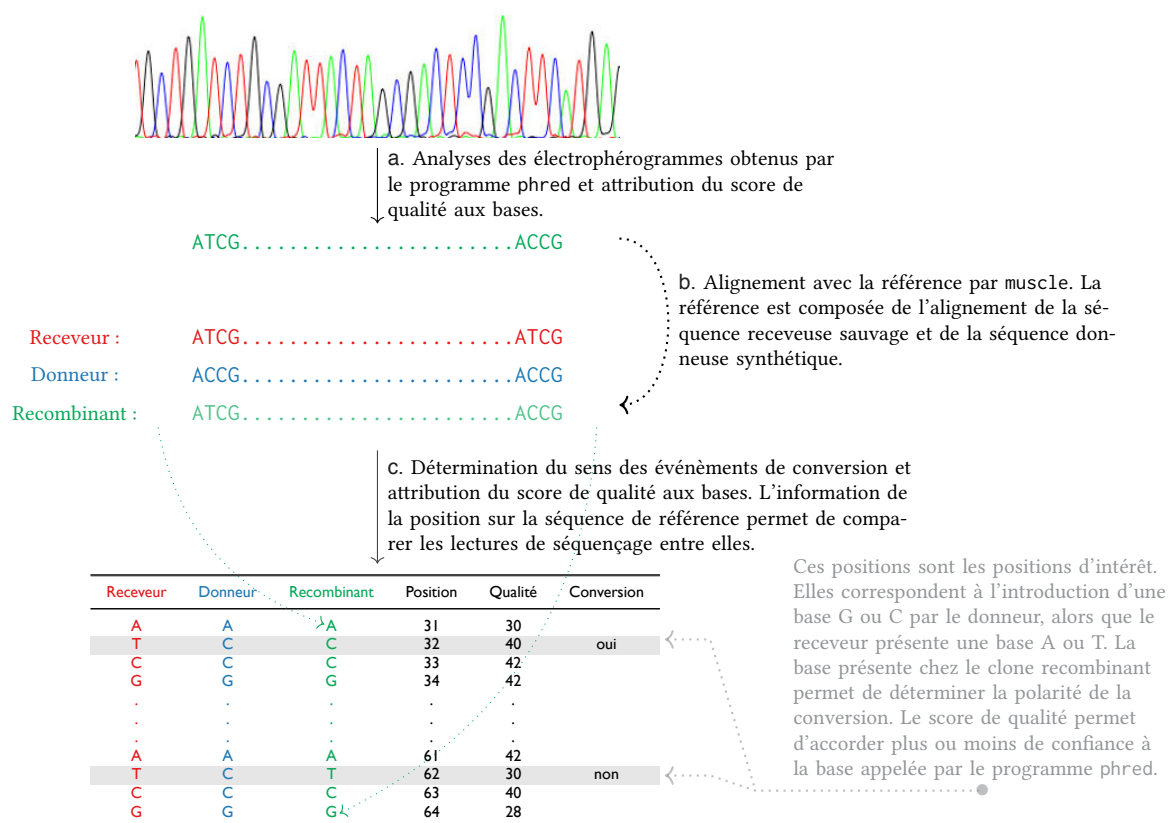


Figure 4 : **Exemple d'analyse de la zone de recombinaison pour un clone transformant**

Les électrophérogrammes de séquençage obtenus ont été analysés en utilisant un programme permettant d'attribuer à chaque position un score de qualité (a). Les séquences obtenues ont été alignées à la référence (b), ce qui a permis d'inférer pour chaque site polymorphe le sens de la conversion du recombinant (c).

1.4 Alignements

Les spectrogrammes de séquençage reçus au format propriétaire *abi* (Applied Biosystem, Foster City, États-Unis) ont été analysés par le programme *phred*⁸ et convertis en format universel FASTA (voir figure 4). Les séquences obtenues ont été alignées aux références par *muscle* v3.8.31⁶. Les références en question correspondent à la séquence sauvage et la séquence du gène de synthèse, respectivement *receveur* et *donneur* de l'évènement de recombinaison. Un programme Python³ a été développé pour analyser les alignements obtenus. Il détermine les positions des SNPs d'intérêt dans l'alignement de référence et infère le génotype du clone séquencé. Les alignements par paire en colonne obtenus ont été analysés par R 3.2.3¹⁵. Les programmes développés sont accessibles à l'adresse https://github.com/sam217pa/gbc-seq_mars. Les données formatées et les fonctions d'analyse ont été assemblées dans le package R *gcbiasr* disponible à l'adresse <https://github.com/sam217pa/gbc-gcbiasr>.

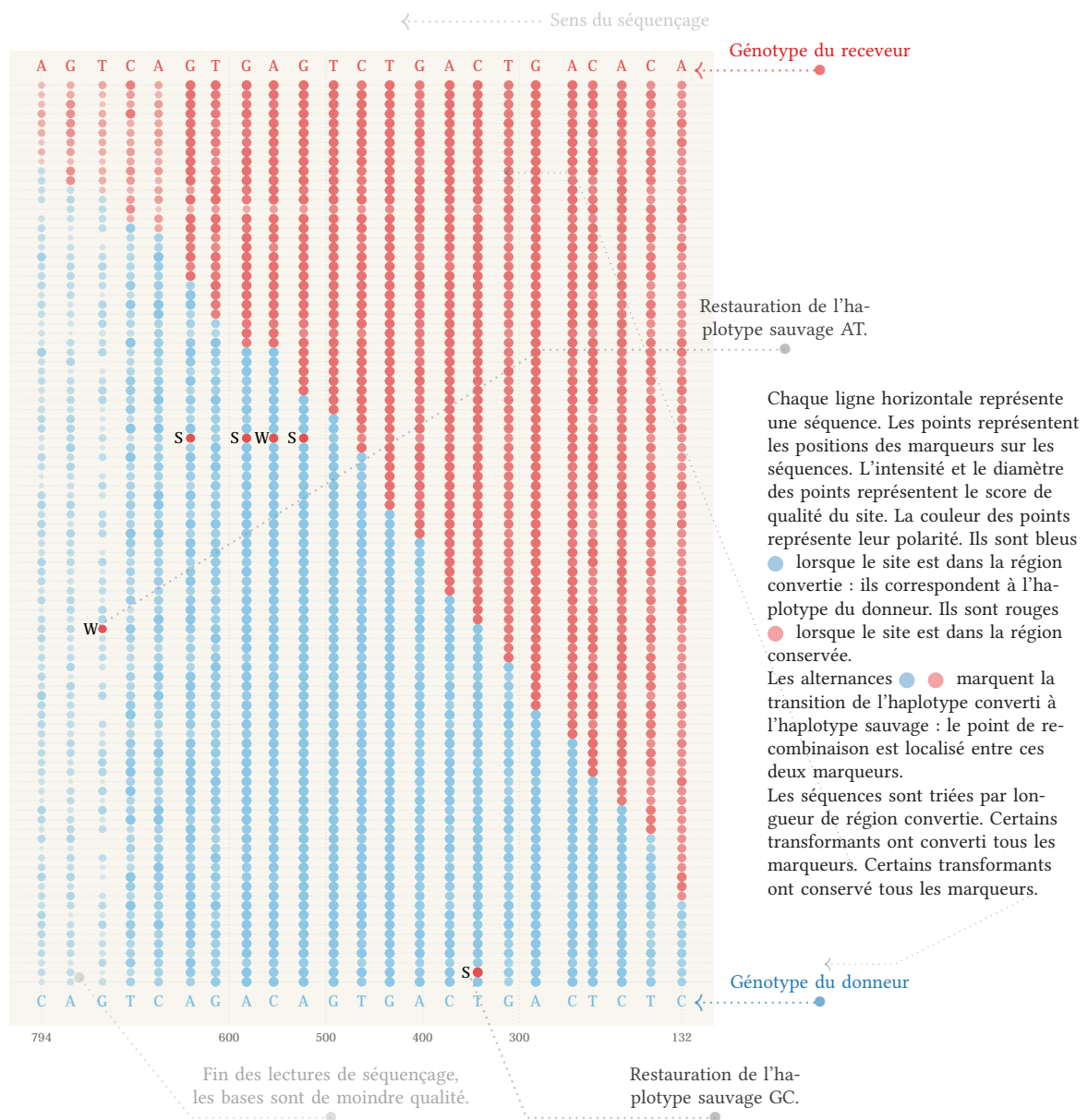


Figure 5 : Zones de recombinaison entre un locus génomique d'*Acinetobacter baylyi* et un gène synthétique donneur d'allèles GC et AT.

2 Résultats

2.1 Analyses visuelles des zones de recombinaison

Nous avons transformé une suspension d'*Acinetobacter* par des constructions dont l'intégration dans le génome par recombinaison homologue entraîne la réparation des mésappariements, un mécanisme qui est biaisé vers l'introduction des bases GC chez les eucaryotes. Pour chaque construction, nous avons représenté graphiquement les zones de recombinaison (voire figure 5). L'origine du graphique correspond au début de la région convertie. Les 96 séquences obtenues sont triées par longueur de région convertie. La figure 5 représente le détail des zones de recombinaison obtenues en transformant avec une construction alternant CG et AT. La figure ?? représente les zones de recombinaisons des clones transformés par les donneurs GC, AT et AT/GC. Elles sont détaillées en annexe 1.4.

2.2 Analyses de la position des points de recombinaison

Selon l'hypothèse gBGC, la région convertie devrait être plus longue lorsque la construction donneuse induit des réparations vers GC que lorsqu'elle induit des réparations vers AT. La différence entre la longueur moyenne de région convertie par les donneurs GC et la longueur moyenne de région convertie par des donneurs AT n'est pas significative (test de Wilcoxon, probabilité critique = 0.31) (voir figure 6). De la même façon, la différence entre la longueur de région convertie par le donneur AT/GC et celle par le donneur GC/AT n'est pas significative (test de Wilcoxon, probabilité critique = 0.22). Globalement, le type de construction donneuse n'explique pas la variabilité de la longueur de région convertie (test de Kruskal-Wallis, probabilité critique = 0.10)

Les constructions alternant AT et GC permettent de déterminer si le point de recombinaison se situe plus souvent après un marqueur introduisant une conversion vers GC qu'après un marqueur introduisant une conversion vers AT (voir table 1).

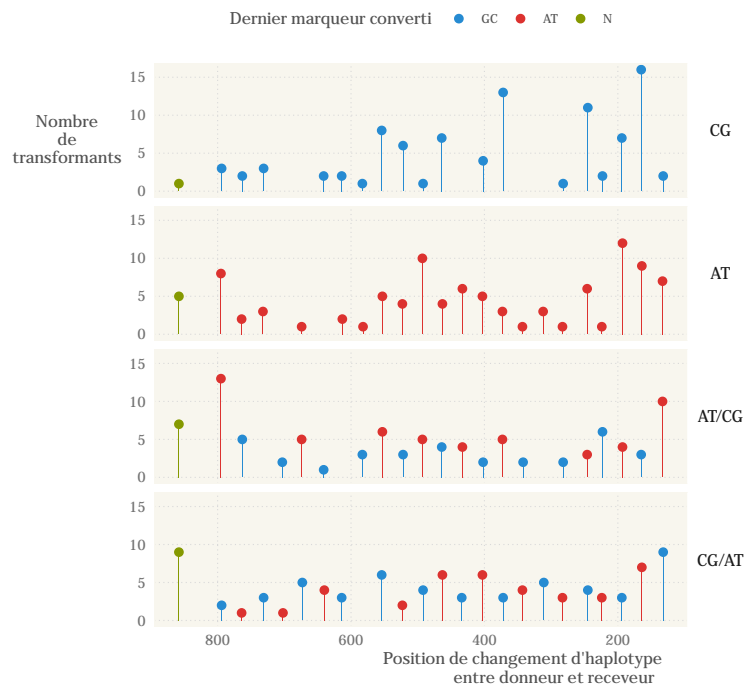


Figure 6 : **Distribution de la position du dernier marqueur converti**

Ce graphique représente en ordonnées le nombre de transformants dont le dernier marqueur converti est à la position représentée en abscisse. Les panneaux du graphique représentent les quatre constructions donneuses. La position du dernier marqueur converti indique la position du point de recombinaison. Les transformants qui ne montrent pas de région converties sont indiqués par des *N*. La distribution du dernier marqueur converti est très variable.

Dernier marqueur converti	Premier marqueur conservé	Donneur	Total
AT	CG	AT/CG	55
		CG/AT	37
			92
CG	AT	AT/CG	33
		CG/AT	50
			83

Table 1 : **Dénombrements des derniers marqueurs avant le point de recombinaison.**

Nous avons compté le nombre de séquence dont le dernier marqueur dans la région convertie est un marqueur AT ou GC. Selon l'hypothèse gBGC, ce nombre devrait être plus élevé aux positions GC qu'aux positions AT. Contrairement à l'hypothèse, il y a plus de transformants dont le dernier marqueur converti est AT que de transformants dont le dernier marqueur converti est GC. Cet écart n'est pas statistiquement significatif (test du χ^2 d'indépendance, probabilité critique = 0.49).

2.3 Analyses des restaurations de l'haplotype sauvage

Certains transformants montrent des régions de conversions qui alternent entre l'allèle sauvage receveur et l'allèle donneur. Ces alternances ponctuelles affectent de 1 à 3 marqueurs consécutifs (voire figure 5). Nous avons confirmé qu'il s'agissait bien de restaurations de l'allèle sauvage de deux façons. 1) Expérimentalement, nous avons séquencé plusieurs sous-populations de clones issues de l'isolat séquencé en premier lieu. Toutes montrent la même alternance au même site (voir annexe TODO). 2) Analytiquement, le score de qualité moyen des sites montrant des restaurations de l'allèle sauvage permet de s'affranchir d'une possible erreur de séquençage : celle-ci se traduit généralement par un indice de qualité plus faible au site concerné. Or le score de qualité moyen est de .

Allèle restauré	Donneur	Total
CG	AT	4
	AT/CG	2
	CG/AT	4
		10
AT	CG	0
	AT/CG	3
	CG/AT	1
		4

Table 2 : **Dénombrement des cas de restauration**

Nous n'avons conservé que les bases dont la qualité permettait de s'affranchir d'une possible erreur de séquençage. L'écart n'est pas statistiquement significatif (test du χ^2 d'indépendance, probabilité critique = 0.11).

3 Discussions

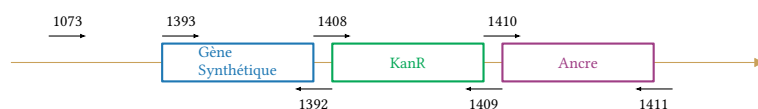
Conclusion

Références

- [1] **Chen, I. et D. Dubnau.** 2004. DNA uptake during bacterial transformation. *Nat Rev Micro* 2 :241–249.
- [2] **Chen, J.-M., D. N. Cooper, N. Chuzhanova, C. Férec, et G. P. Patrinos.** 2007. Gene conversion : mechanisms, evolution and human disease. *Nat Rev Genet* 8 :762–775.
- [3] **Cock, P. J. A., T. Antao, J. T. Chang, B. A. Chapman, C. J. Cox, A. Dalke, I. Friedberg, T. Hamelryck, F. Kauff, B. Wilczynski, et M. J. L. d. Hoon.** 2009. Biopython : freely available Python tools for computational molecular biology and bioinformatics. *Bioinformatics* 25 :1422–1423.
- [4] **de Vries, J. et W. Wackernagel.** 2002. Integration of foreign DNA during natural transformation of *Acinetobacter* sp. by homology-facilitated illegitimate recombination. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 99 :2094–2099.
- [5] **Duret, L. et N. Galtier.** 2009. Biased Gene Conversion and the Evolution of Mammalian Genomic Landscapes. *Annual Review of Genomics and Human Genetics* 10 :285–311.
- [6] **Edgar, R. C.** 2004. MUSCLE : multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucl. Acids Res.* 32 :1792–1797.
- [7] **Euzéby, J. P.** 1997. List of Bacterial Names with Standing in Nomenclature : a folder available on the Internet. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 47 :590–592.
- [8] **Ewing, B., L. Hillier, M. C. Wendl, et P. Green.** 1998. Base-Calling of Automated Sequencer Traces Using Phred. I. Accuracy Assessment. *Genome Res.* 8 :175–185.
- [9] **Galtier, N., L. Duret, S. Glémin, et V. Ranwez.** 2009. GC-biased gene conversion promotes the fixation of deleterious amino acid changes in primates. *Trends in Genetics* 25 :1–5.
- [10] **Hershberg, R. et D. A. Petrov.** 2010. Evidence that mutation is universally biased towards AT in bacteria. *PLoS Genet* .
- [11] **Hildebrand, F., A. Meyer, et A. Eyre-Walker.** 2010. Evidence of selection upon genomic GC-content in bacteria. *PLoS Genet* 6 :e1001107.
- [12] **Lassalle, F., S. Périan, T. Bataillon, X. Nesme, L. Duret, et V. Daubin.** 2015. GC-Content Evolution in Bacterial Genomes : The Biased Gene Conversion Hypothesis Expands. *PLOS Genetics* 11 :e1004941.
- [13] **Lesecque, Y., D. Mouchiroud, et L. Duret.** 2013. GC-Biased Gene Conversion in Yeast Is Specifically Associated with Crossovers : Molecular Mechanisms and Evolutionary Significance. *Molecular Biology and Evolution* 30 :1409–1419.
- [14] **Pessia, E., A. Popa, S. Mousset, C. Rezvoy, L. Duret, et G. A. B. Marais.** 2012. Evidence for Widespread GC-biased Gene Conversion in Eukaryotes. *Gen Biol Evol* 4 :675–682.
- [15] **R Core Team.** 2015. R : A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- [16] **Ratnakumar, A., S. Mousset, S. Glemin, J. Berglund, N. Galtier, L. Duret, et M. T. Webster.** 2010. Detecting positive selection within genomes : the problem of biased gene conversion. *Philosophical Transactions of the Royal Society B : Biological Sciences* 365 :2571–2580.
- [17] **Sanger, F., S. Nicklen, et A. R. Coulson.** 1977. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proc Natl Acad Sci U S A* 74 :5463–5467.
- [18] **Williams, A. L., G. Genovese, T. Dyer, N. Altamose, K. Truax, G. Jun, N. Patterson, S. R. Myers, J. E. Curran, R. Duggirala, J. Blangero, D. Reich, et M. Przeworski.** 2015. Non-crossover gene conversions show strong GC bias and unexpected clustering in humans. *eLife* 4.
- [19] **Yahara, K., X. Didelot, K. A. Jolley, I. Kobayashi, M. C. J. Maiden, S. K. Sheppard, et D. Falush.** 2016. The Landscape of Realized Homologous Recombination in Pathogenic Bacteria. *Mol Biol Evol* 33 :456–471.

1 Annexes

1.2 Amorces utilisées



Cible	Amorce	Séquence	Tm
Génome Construction	1073		
	1392		
	1393		
	1408	CACCTTAATCACTAGTTAGACATCTAAATCTAGGTAC	61.50
	1409	GGTAAAGTCAGAGGAGAGGATGAGGAGGCAGATTG	68.66
	1410	TCCTCTGACTTTACCAACAAC	48.04
	1411	AGGCGGCCGCACTAGCTTTCTGAGGGGAACGATCA	71.62
Plasmide pGEM-T	M13R		
	M13F		

Figure 7 : Liste des amorces utilisées

1.3 Carte des constructions donneuses

1.4 Traces de conversions

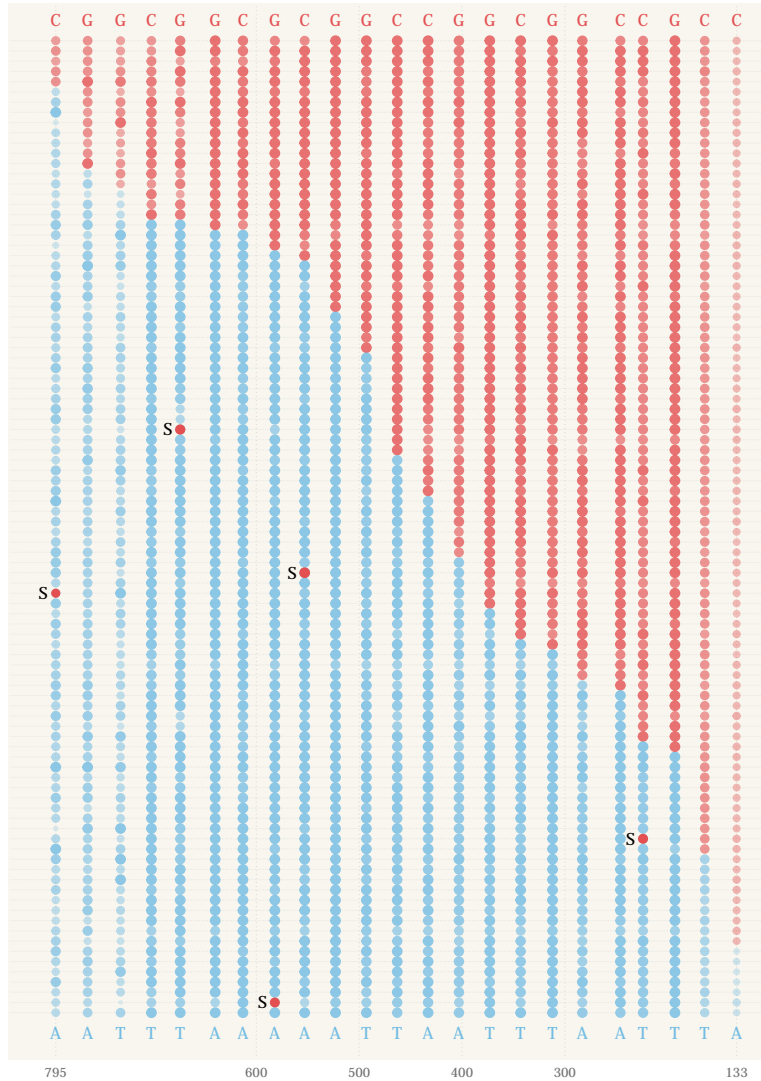


Figure 8 : **Zones de recombinaisons des clones transformés par la construction AT.**

Lorsqu'on introduit uniquement des polymorphismes AT, on observe quatre cas indépendants de restauration du génotype sauvage, et un cinquième pour une base de qualité inférieure.

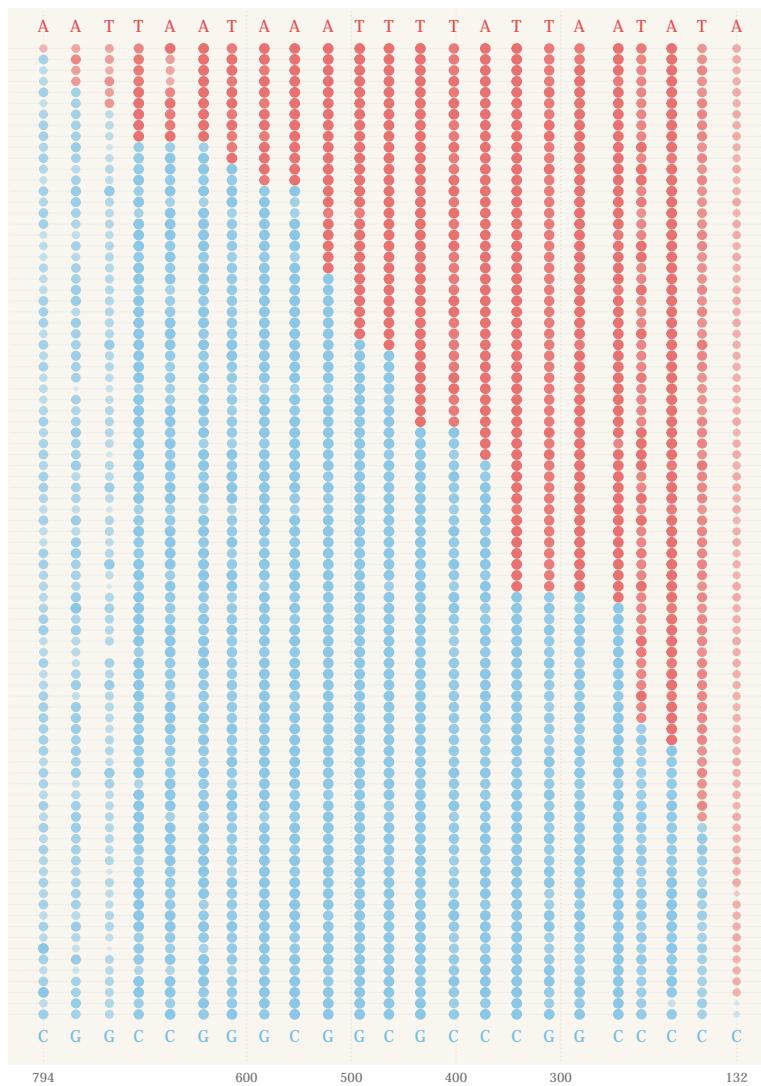


Figure 9 : **Zones de recombinaisons des clones transformés par la construction GC.**

Lorsqu'on introduit uniquement des polymorphismes GC, on n'observe pas de cas de restauration du génotype sauvage.

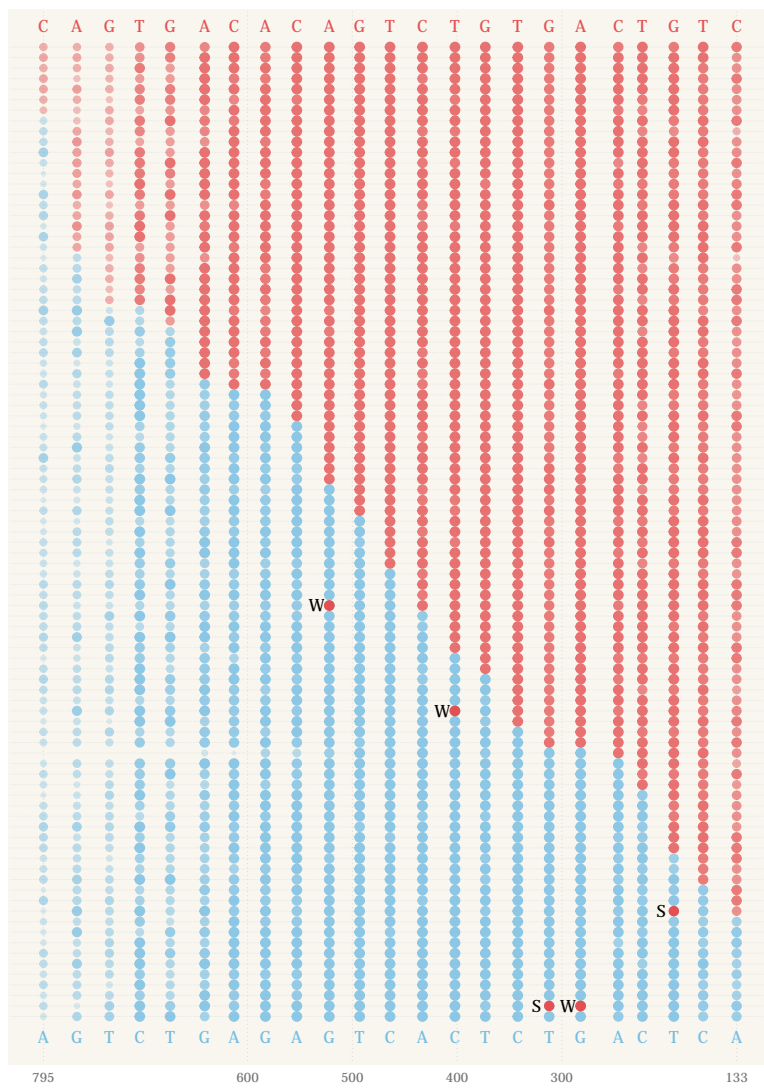


Figure 10

