HAL
open science

Amélioration de la compétitivité d'une population bactérienne dégradant l'atrazine, liée à une perte de gènes

Frédérique Changey, Marion Devers-Lamrani, Fabrice Martin-Laurent

To cite this version:

Frédérique Changey, Marion Devers-Lamrani, Fabrice Martin-Laurent. Amélioration de la compétitivité d'une population bactérienne dégradant l'atrazine, liée à une perte de gènes. 16. Forum des Jeunes Chercheurs, Jun 2010, Besançon, France. 1 p. hal-02819611

HAL Id: hal-02819611

https://hal.inrae.fr/hal-02819611v1

Submitted on 6 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Amélioration de la compétitivité d'une population bactérienne dégradant l'atrazine, liée à une perte de gènes.

F.Changey, M.devers et F.Martin –Laurent

Ecologie microbienne pour la gestion des intrants chimiques et organiques (EMGICO). UMR INRA/Université de Bourgogne-CMSE - « Microbiologie du sol et de l'environnement » 17, rue Sully-21065 Dijon Cedex.

L'atrazine, herbicide appartenant à la famille des *s*-triazines, est largement répandu dans l'environnement. Dans le sol, bien que pouvant résulter de réactions abiotiques, la dégradation est principalement biotique et assurée par des microorganismes.

En effet, de nombreuses souches bactériennes ont été décrites comme pouvant minéraliser l'atrazine. Cette molécule peut être métabolisée *via* six étapes de catalyse enzymatique, constituant de fait une source d'azote utilisée pour la croissance cellulaire. Les trois premières étapes d'hydrolyse sont effectuées par les enzymes AtzA, AtzB et AtzC dont les gènes correspondants sont encodés séparément chez *Pseudomonas* sp. ADP sur pADP1 : un plasmide conjugatif. Elles transforment l'atrazine en acide cyanurique qui est ensuite dégradé par trois hydrolases : AtzD, AtzE et AtzF, assurant l'ouverture du cycle et sa transformation en ammonium et dioxyde de carbone. Ces protéines sont encodées par des gènes organisés sous forme opéronique et soumis à une régulation transcriptionnelle.

L'objectif de cette étude a été d'appréhender l'adaptation génétique d'une population microbienne dégradant l'atrazine soumise à différentes pressions de sélection.

Ainsi, la population de référence, *Pseudomonas* sp. ADP, a été cultivée pendant 150 générations en utilisant l'acide cyanurique comme source d'azote.

Après une analyse génétique, une délétion d'environ 50Kb (comprenant les gènes AtzD, AtzE et AtzF) a été observée sur le plasmide pADP1.

Une cinétique de croissance, ainsi qu'une étude chromatographique a permis d'évaluer les performances des populations initiales et évoluées en ce qui concerne la dégradation de l'acide cyanurique. Une vitesse de croissance plus importante chez cette dernière à été observée.

Ceci suggère un gain de compétitivité octroyé par l'avantage énergique inhérent à la diminution de l'activité transcriptionnelle et traductionnelle, consécutive à cette délétion.

Cette étude confirme la grande plasticité des gènes codant pour la voie haute de la dégradation de l'atrazine en réponse à la pression sélective exercée par le substrat.