



BIN-O1

Analyse comparative des groupes de gènes biosynthétiques prédits (BGCs) chez l'endophyte

Bacillus sp. BH32 et ses souches non-types les plus proches

Hadj Ahmed Belaouni, Abdelghani Zitouni

Laboratoire de Biologie des Systèmes Microbiens (LBSM), Ecole Normale Supérieure de Kouba, Algiers,

Algeria

shooper5@yahoo.fr

Résumé

Bacillus sp. BH32 est un endophyte bactérien bénéfique pour la croissance de la tomate et du blé en condition de stress salin, isolé lors d'une précédente étude à partir d'*Atriplexhalimus* L., un halophyte prélevé dans une Sebkhha continentale Algérienne de la wilaya de Djelfa (région El Mosrane). Il a été prouvé que cette souche aide les semis de tomates et de blé à tolérer le stress salin à différents niveaux. Cette souche a été étudiée au niveau génomique pour les groupes de gènes biosynthétiques potentiels (*biosynthetic gene clusters*, BGCs) ainsi que ses souches non-types les plus proches pour étudier la conservation des BGCs parmi le groupe *Bacillus cereus* et pour mettre en évidence les singletons possibles. Un ensemble de données composé de 17 génomes a été utilisé dans cette étude. Les génomes ont été annotés à l'aide de PROKKA ver.1.14.5. Nous avons utilisé l'outil web antiSMASH ver. 5.1.2 pour prédire les profils BGCs de chaque souche. La comparaison a été effectuée sur la base d'un dénombrement de BGCs détectés, comparés quantitativement, après avoir préparé une matrice de type « nombres de BGCs » comprenant tous les génomes comparés, et visualisé à l'aide de l'outil Morpheus. La constitution, la distribution et les relations évolutives des BGCs détectées ont été analysées plus en détail à l'aide d'une approche manuelle basée sur une analyse BLASTp (utilisant BRIG ver. 0.95) et l'aligneur Mauve ver. 2.4.0 ; ainsi que le pipeline automatisé BIG-SCAPE/CORASON. À la fin de ce travail, nous avons identifié des BGCs conservés à travers les souches étudiées avec une très faible variation et des singletons intéressants qui se trouvent uniquement dans l'une des souches étudiées.

Mots-clés : Génomique comparative, Groupe *Bacillus cereus*, Endophyte, Biosynthetic gene clusters (BGCs), Synténie.