



L'histoire évolutive des génomes de plantes : origine de la plasticité des génomes

L'accès croissant à la séquence des génomes d'Eucaryotes* durant la dernière décennie a permis de reconstruire l'histoire des plantes et des animaux au cours de 150-300 millions d'années d'évolution. La comparaison de ces génomes a mis en évidence leur ancêtre commun ainsi que les mécanismes ayant donné naissance aux espèces modernes d'intérêt agronomique. Nos travaux ont permis de proposer que les plantes modernes cultivées sont issues d'ancêtres constitués de 5 à 7 chromosomes ancestraux porteurs de 10000 gènes ancestraux aux fonctions biologiques fondatrices du règne végétal. De même, les animaux domestiques proviennent d'ancêtres constitués de 10 à 12 chromosomes porteurs de 20 000 gènes (Figure). Un des mécanismes évolutifs majeurs qui a permis la genèse de nouvelles espèces et possiblement leur adaptation à l'environnement, consiste en l'apparition récurrente de copies supplémentaires de gènes par duplication des génomes (ou polyploïdisation, illustré à chaque fois par un point rouge sur la figure) suivie par une diploïdisation (c'est à dire retour à l'état diploïde) par la perte progressive des copies surnuméraires de gènes, source de plasticité des génomes. Pour mettre en évidence ce mécanisme évolutif, nous avons travaillé chez les plantes à deux niveaux de résolution : à l'échelle des génomes entiers et à l'échelle des gènes.

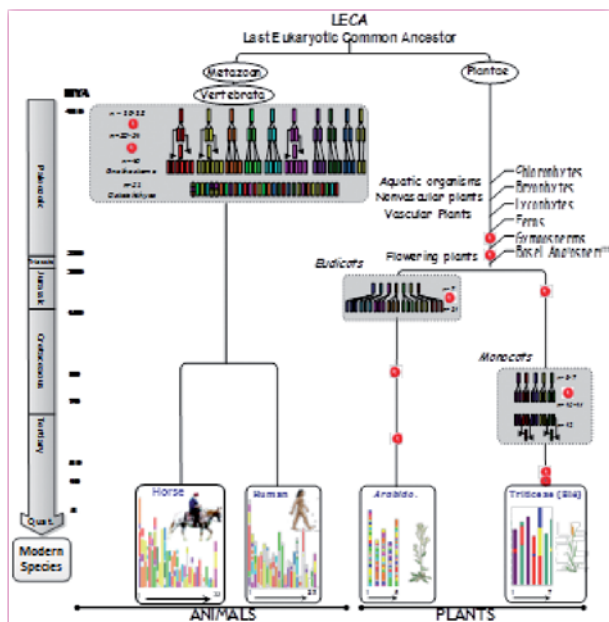
chromosomes ancestraux fusionnés. Nos travaux ont permis de démontrer que l'apparition de nouvelles espèces était liée à des fusions de chromosomes et que chaque espèce moderne pouvait être associée à un nombre de fusions chromosomiques distinct. Ces travaux suggèrent une très forte plasticité des génomes au cours de leur évolution par la capacité à réarranger constamment leurs chromosomes, processus générant ainsi de nouvelles espèces apparentées.

La plasticité des gènes

Le processus de diploïdisation au niveau génique se traduit par une perte (par délétion d'une des copies dupliquées sur le génome) ou alternativement par une transposition (par mobilité d'un gène d'une position sur le génome à un autre locus) différentielle des gènes dupliqués. Nous avons établi que cette délétion/transposition des gènes dupliqués n'est pas aléatoire et se fait préférentiellement sur l'un des sous-génomes (issus d'une duplication totale de génome). L'un des deux blocs dupliqués conserve les gènes ancestraux (le bloc est dit « Dominant ») alors que le bloc dupliqué perd massivement les gènes par délétion ou transposition (le bloc est dit « sensible »). Nous avons également suggéré que cette perte des gènes dupliqués était différente selon les fonctions biologiques codées par ces derniers. Nous avons ainsi démontré que les facteurs de transcription, ou toute fonction intervenant dans le processus de la transcription/régulation des gènes (incluant les micro-ARN) ont été préférentiellement conservés après les duplications de génomes pouvant ainsi suggérer un rôle particulier dans l'adaptation favorable des espèces à leur environnement. Il y aurait donc un avantage adaptatif sélectif majeur à la conservation de copies surnuméraires de telles fonctions biologiques.

Conclusions et perspectives

La plasticité des génomes est directement liée à la perte différentielle des gènes surnuméraires issus de duplications des génomes ; de plus, cette plasticité est compartimentée dans les génomes modernes et localisée au sein de blocs considérés comme sensibles, en théorie plus prompts à l'adaptation des gènes/fonctions en réponse aux contraintes environnementales. Nos travaux suggèrent que les espèces subissent une « reprogrammation » complète de leur génome après un événement de duplication par le processus de retour à l'état diploïde mis en œuvre aux niveaux génomique et génique. Nous travaillons désormais sur la mise en évidence de ces niveaux de plasticité chez les espèces animales modernes. Ces travaux permettront à terme d'identifier précisément les régions chromosomiques voire les fonctions géniques propices à l'adaptation des espèces animales et végétales aux contraintes environnementales.



Représentation des génomes modernes (bas de la figure) de plantes (*Arabidopsis*, blé) et d'animaux (Homme, cheval) par une mosaïque de blocs colorés qui représentent les chromosomes des ancêtres fondateurs (haut de la figure).

La plasticité des génomes

L'étude du processus de diploïdisation au niveau du génome, et plus particulièrement des chromosomes le composant, a montré que les duplications (polyploïdies) successives ont été suivies de fusions de chromosomes entre eux. Ainsi, les génomes d'espèces modernes apparaissent comme une mosaïque des

Jérôme Salse, Groupe PaleoEVO (Paleogénomique et Evolution) Unité Gdec

*Eucaryote : organisme dont les cellules possèdent un noyau entouré d'une enveloppe et dont l'ADN est porté par des chromosomes