

Enseigner l'évolution

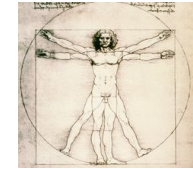
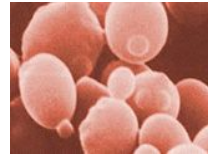
Atelier 7: Génomique et évolution

Cité des sciences et de l'industrie

Judi 13 novembre 2008

Bernard Dujon

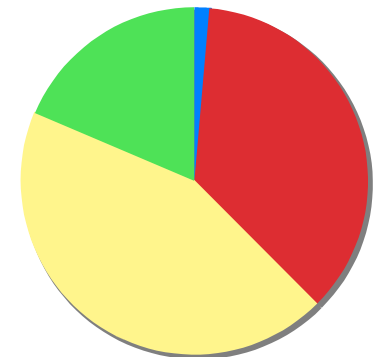
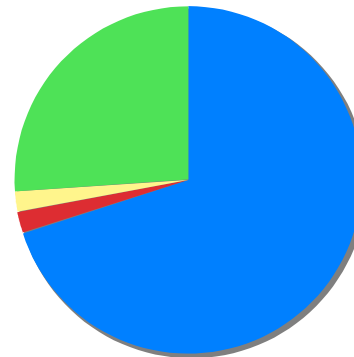
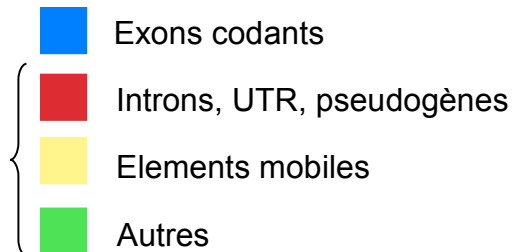
Deux génomes eucaryotes différents



	Levure	Homme
Gènes (<i>protein-coding</i>)	5 770	~ 23 000
Introns	280	> 100 000
Pseudogènes	~ 10	> 25 000
Eléments mobiles (<i>transposons</i>)	~ 50	> 1 100 000
Taille génome (haploïde, en mégabases)	12,5	2 900

fonctions

régulations
évolution



Premier principe d'évolution des génomes

Milliards de générations successives

Divergence de séquence

Réplication de l'ADN

Augmentation

Diminution

Dérive génétique
Sélection

Polymorphisme génétique au sein des populations (nb d'allèles par gène)

Vertébrés ~ 10^{-9} mutation/ nucléotide/ an

Ex. génome humain

3 mutations / génome / mitose (*)

Polymorphisme séquence: ~ **0.1 %**

Levures ?

Ex. *Saccharomyces cerevisiae*

5×10 mutations /génome / mitose

Polymorphisme séquence: ~ **1.5 %**

Divergence de séquences entre espèces voisines

Homme vs chimpanzé ~**1.4 %**

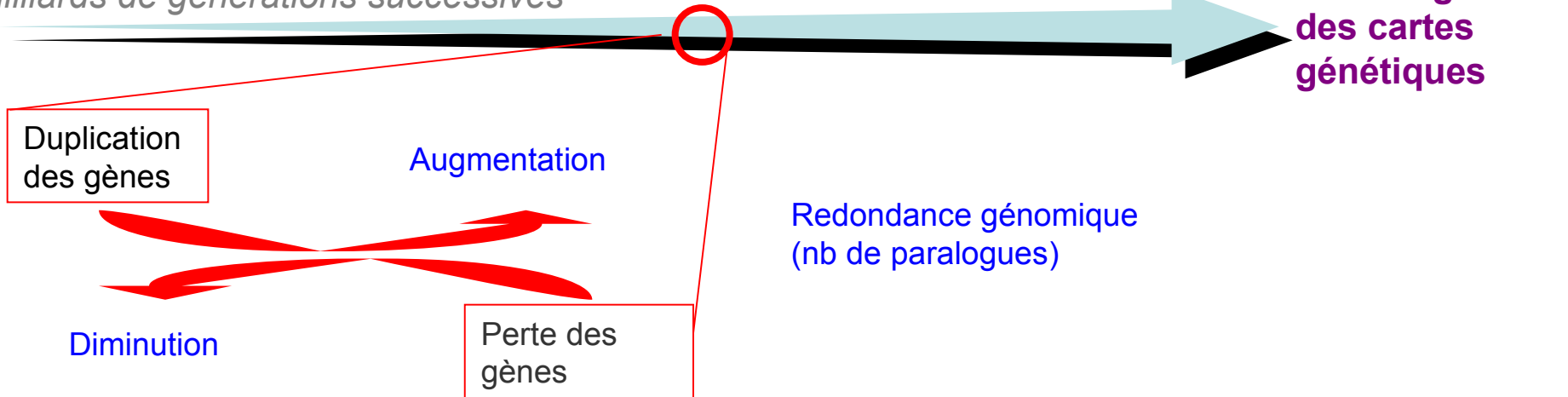
(ca. 500×10 générations)

S. cerevisiae vs *S. bayanus* > **20 %**

(* 70-80 mutations / génération)

Deuxième principe d'évolution des génomes

Milliards de générations successives



Gènes en familles de paralogues

Vertébrés		Levures	
Homme	65.6 %	<i>S. cerevisiae</i>	44.2 %
Rat	67.5%	<i>K. lactis</i>	31.8 %
Souris	65.9 %	<i>D. hansenii</i>	51.5 %

Nb de gènes

49 000



~25 000



~12 500

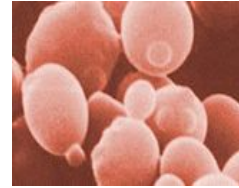


~6 000

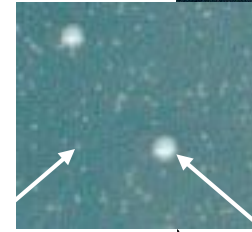
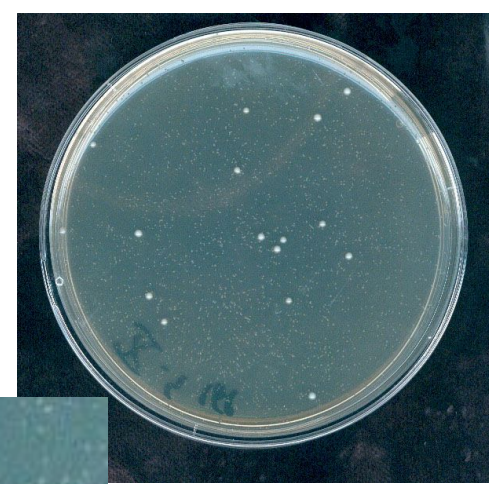
Deux exemples de duplication



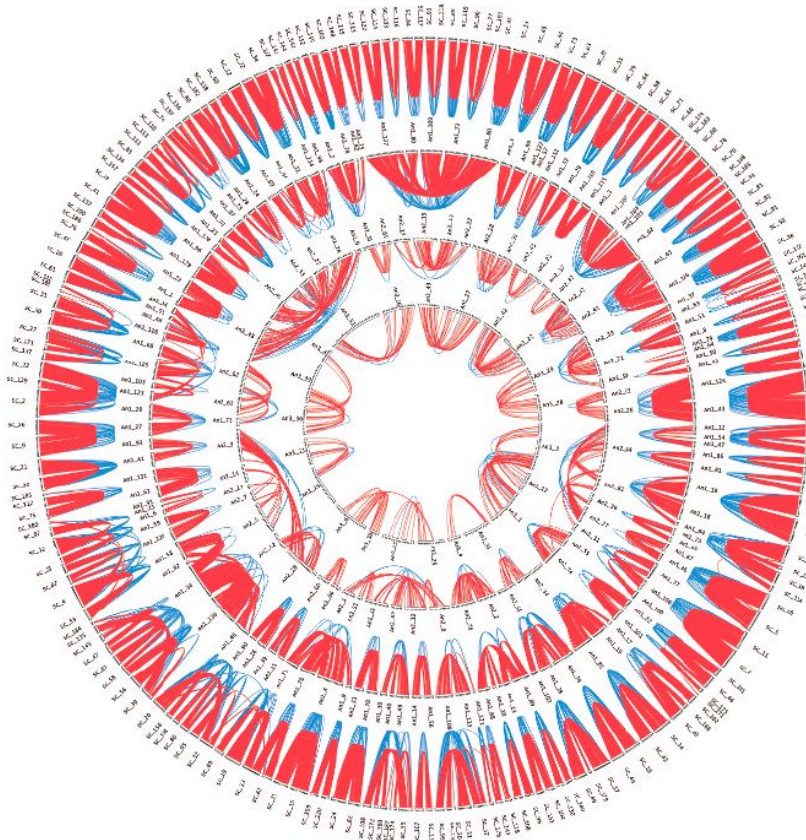
Paramecium tetraurelia



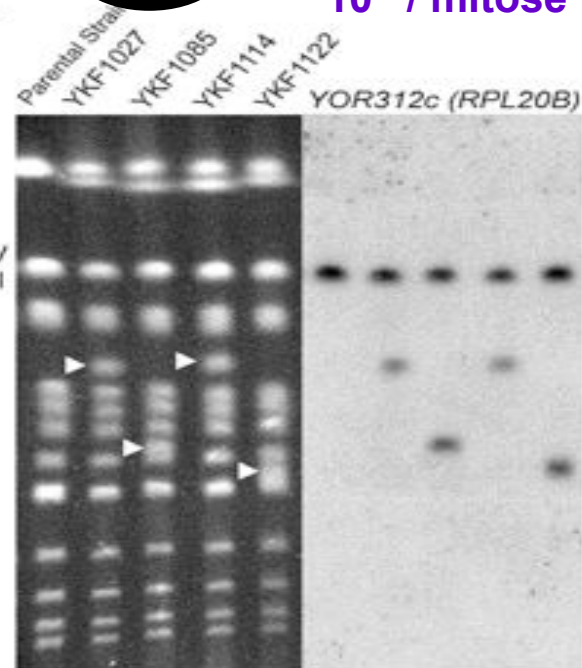
Saccharomyces cerevisiae



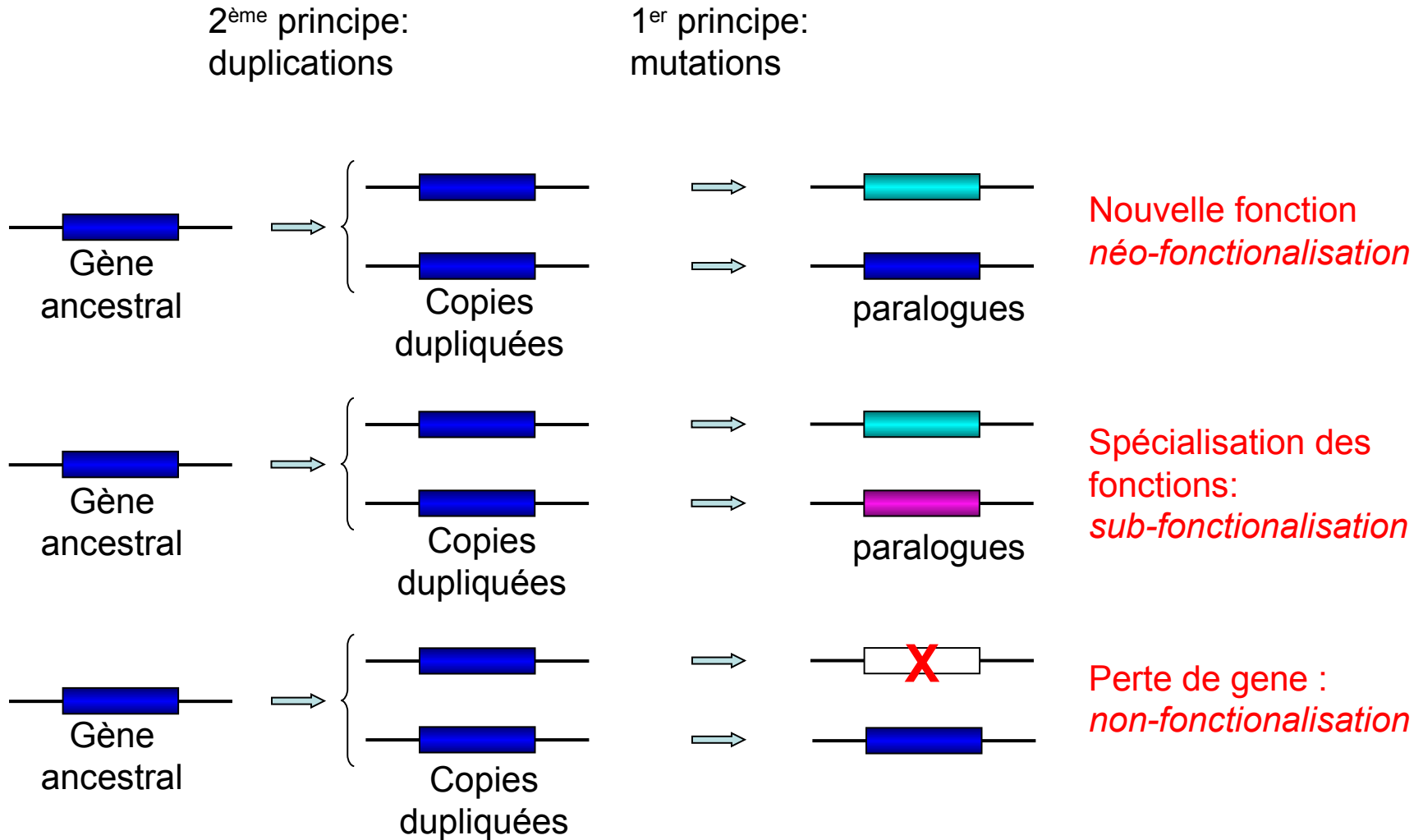
10 / mitose



A



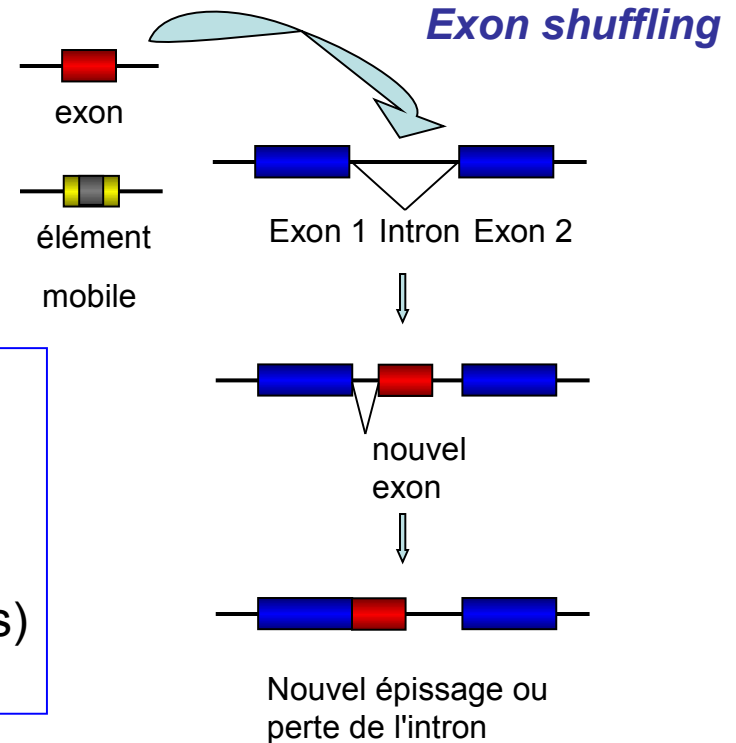
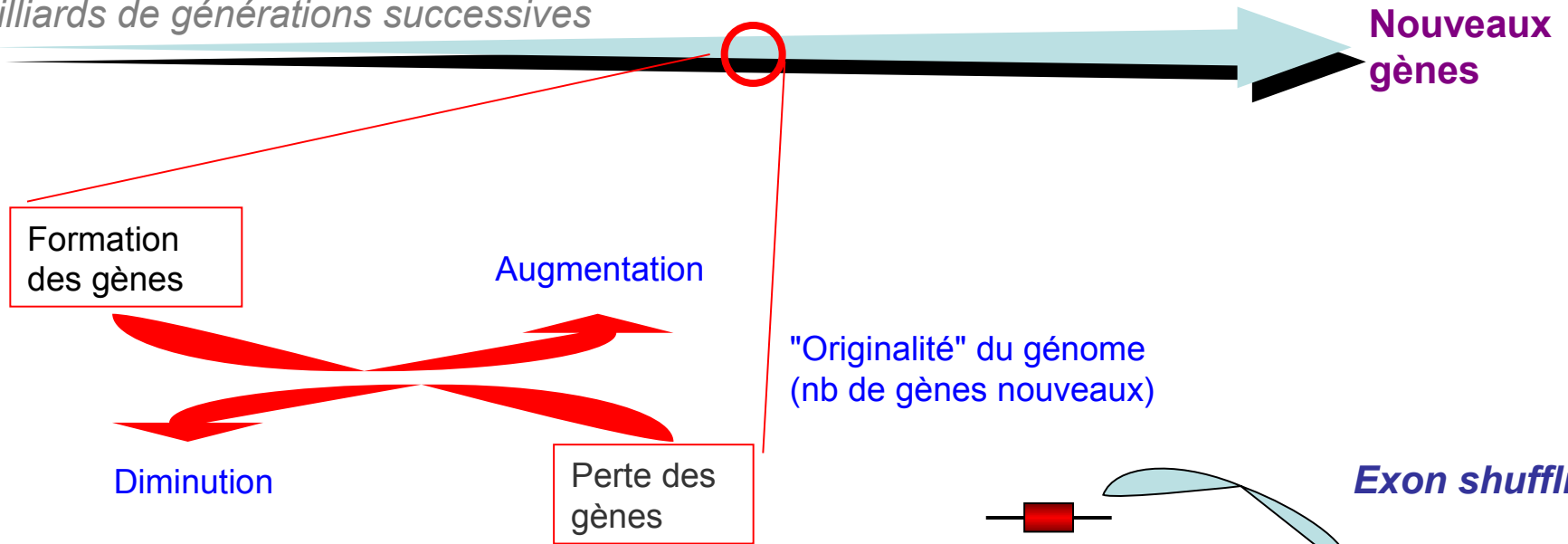
Conséquences évolutives des deux premiers principes



Un génome n'est qu'un cliché instantané d'un processus continu de duplication, mutation et perte de gènes.

Troisième principe d'évolution des génomes

Milliards de générations successives



Formation des nouveaux gènes

Fusions / troncations de gènes existants

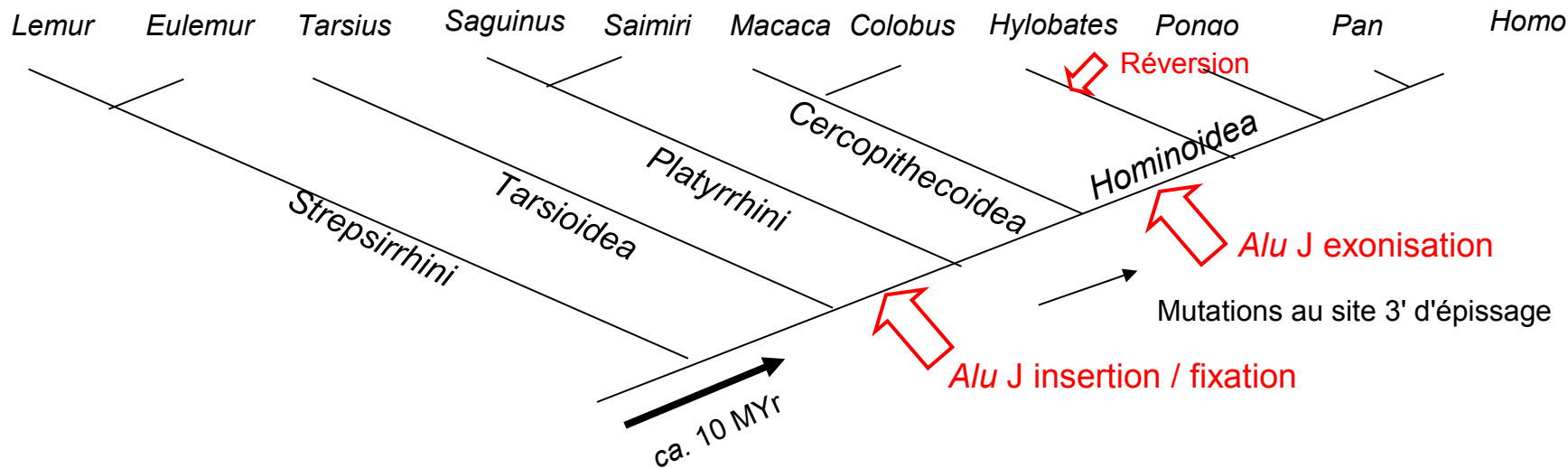
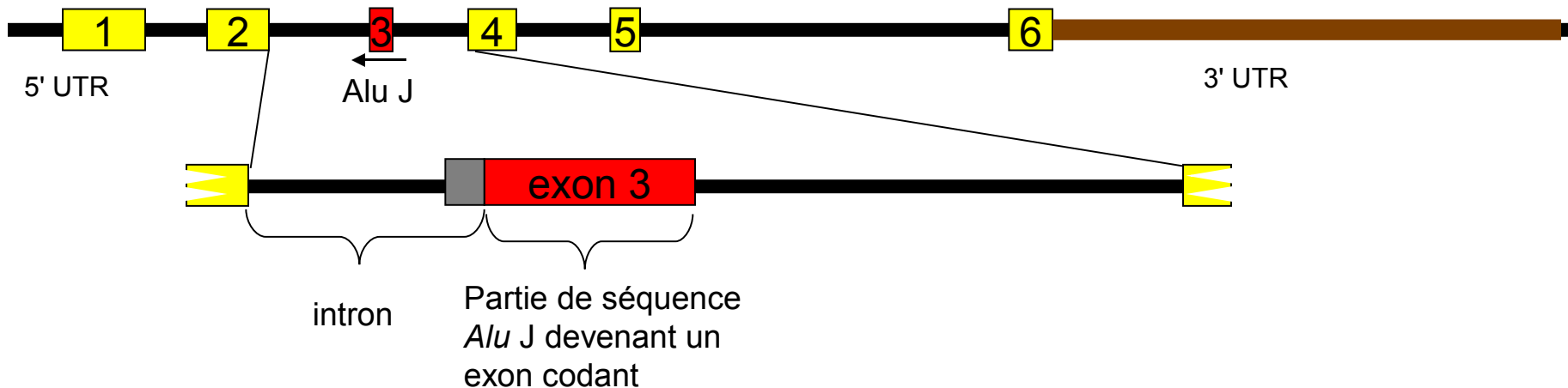
Changement de phase (exons codants)

Transfert de gènes (entre espèces, entre organelles)

Formation de gènes à partir d'ARN

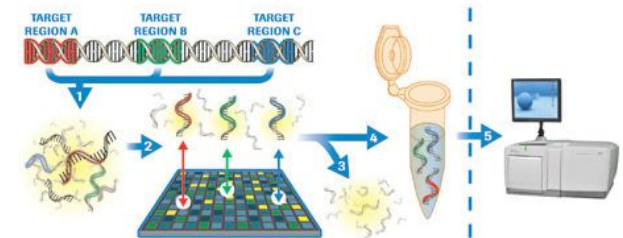
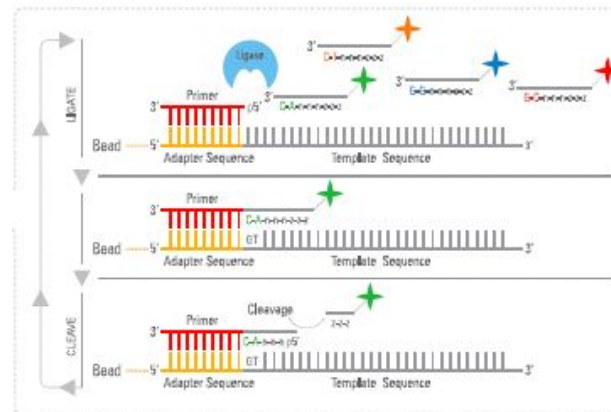
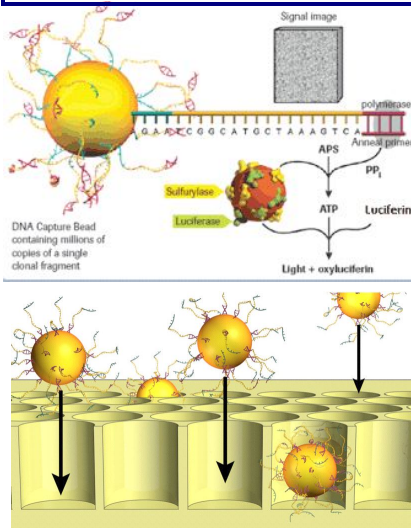
Exemple d'exonisation d'éléments mobiles

Gène humain *RPE2-1* Ribulose-5-phosphate-3-épipérase



Les nouvelles techniques de séquençage

Méthode	longueur des lectures	nombre de lectures	total par tour (<i>run</i>)	coût relatif par nucléotide
Sanger	~700 nuc.	96	70 Kb	1
Pyroséquençage	~250 nuc.	400 000	100 Mb	0,1
Phase solide	25-35 nuc.	40 000 000 80 000 000	1 000 Mb 2 000 Mb	0,01 0,01



Combinaison des technologies:
vers le séquençage des individus
et des populations entières