LE GENOME DE LA PARAMECIE DEVOILE DES MECANISMES D'EVOLUTION DES ESPECES

COMMUNIQUÉ DE PRESSE - PARIS – 30 OCTOBRE 2006
ATTENTION ! SOUS EMBARGO JUSQU'AU 01/11/2006, A 19H

www.cnrs.fr/presse

A l'initiative d'une équipe du Centre de Génétique Moléculaire, des chercheurs du CNRS et du Génoscope – Centre national de séquençage viennent de décrypter le génome de la paramécie, un organisme unicellulaire d'un intérêt considérable en biologie évolutive. Grâce à la découverte de trois duplications du génome à différentes échelles de temps, ils ont pu évaluer directement les conséquences de ce phénomène sur l'évolution des espèces. Ces résultats paraissent dans la revue Nature du 9 novembre 2006 (en ligne le 1er Novembre 2006).

La paramécie est l'un des premiers organismes unicellulaires à avoir été observé au microscope. Depuis lors, sa facilité de culture, sa grande taille, et la facilité d'observation de ses fonctions cellulaires variées en ont fait un modèle d'étude privilégié pour les scientifiques. Depuis 50 ans, une petite communauté de biologistes américains, européens et japonais l'utilise pour l'étude de l'organisation cellulaire et de l'hérédité.

Des chercheurs du CNRS et du Génoscope – Centre national de séquençage ont réalisé le décryptage du génome somatique[1] de la paramécie et découvert qu'il possède près de 40 000 gènes, contre "seulement" 25 000 pour l'homme. Ils ont ensuite démontré que ce patrimoine exceptionnel résultait d'au moins trois duplications successives de tout le génome.
Les duplications de génome sont des évènements rares mais qui se sont produits de manière récurrente au cours de l'évolution des eucaryotes[2]. Depuis longtemps, on postulait qu'elles pouvaient être à l'origine de transitions évolutives majeures, car le doublement du nombre de gènes offre un large potentiel d'innovation, et donc d'adaptation des espèces. L'analyse du génome et l'observation de ces trois duplications à différentes échelles de temps ont permis aux chercheurs de dégager trois conclusions sur l'évolution des espèces :

- Conformément à de précédentes observations sur d'autres génomes, il semble que le destin de la plupart des gènes dupliqués soit de perdre une des deux copies, progressivement, le processus pouvant se prolonger sur plusieurs millions d'années.
- L'hypothèse stipulant qu'une duplication de génome peut conduire à la création explosive de nouvelles espèces est validée. En effet, la paramécie fait partie d'un groupe de 15 espèces génétiquement distinctes mais identiques dans leur morphologie et leurs niches écologiques. Or, la datation de la duplication du génome la plus récente révèle qu'elle a eu lieu juste avant l'apparition de ce complexe de 15 espèces jumelles.

[1] Seuls parmi les eucaryotes unicellulaires, les ciliés, dont fait partie la paramécie, possèdent deux noyaux : l'un pour les fonctions germinales (sexualité), l'autre pour les fonctions somatiques (fonctionnement de l'organisme).
[2] Les eucaryotes sont les organismes uni- ou pluricellulaires possédant, entre autres organites, un noyau contenant l'ADN. On les oppose aux procaryotes.

- La dernière conclusion, cette fois inattendue, est que la rétention de gènes en deux copies suite à une duplication ne reflète pas l'acquisition de nouvelles fonctions mais des besoins d'équilibre entre les différents composants de la machinerie cellulaire. En effet, la plupart des gènes codent pour des protéines qui interagissent avec d'autres protéines pour assurer des activités cellulaires spécifiques au sein de réseaux. Changer la quantité d'une protéine relativement à celles des autres compromet donc ces activités. Après une duplication, les gènes codant les protéines en interaction sont maintenus en deux copies et le retour à l'état initial par la perte d'une copie n'est possible que très progressivement, suite à l'accumulation de mutations qui affectent le niveau d'expression des gènes. Des fonctions nouvelles apparaissent bien, mais à des échelles de temps encore plus longues.

Cette avancée a été rendue possible grâce au Groupement de recherche européen (GDRE) *Paramecium genomics* composé de laboratoires français, allemands et polonais, mis en place en 2002 par le Centre de génétique moléculaire. Suite à ces travaux, ce GDRE, est déjà engagé à explorer la fonction des gènes retenus en deux copies après les différentes duplications de génome. Le séquençage, réalisé au Genoscope, a été financé par le Consortium national de recherche en génomique.

REFERENCES

Global trends of whole genome duplications revealed by the genome sequence of the ciliate Paramecium tetraurelia. Jean-Marc Aury et al. Nature. 9 novembre 2006.
Base de données de la biologie et du génome de la paramécie : http://paramecium.cgm.cnrs-gif.fr
Pour parcourir le génome de la paramécie : http://www.genoscope.cnrs.fr/paramecie

CONTACTS

Chercheur
CNRS
Jean Cohen
T 01 69 82 43 73
Jean.Cohen@cgm.cnrs-gif.fr

Génoscope
Patrick Wincker
T 01 60 87 25 68
pwincker@genoscope.cns.fr

Presse
CNRS
Isabelle Bauthian
T 01 44 96 46 06
isabelle.bauthian@cnrs-dir.fr

Genoscope
Bénédicte Robert
T 01 60 87 83 10
benedicte.robert@genopole.fr