

Mardi 10 mars 2009

La génomique et l'histoire évolutive des êtres vivants

Par Monsieur Jean-Luc SOUCIET, Professeur

Institut de Botanique, Université de Strasbourg.

Le séquençage complet des génomes d'eucaryotes prend naissance avec la publication en 1996 de l'ensemble du contenu en ADN des 16 chromosomes de la levure de boulanger *Saccharomyces cerevisiae*. Un peu plus tard ce seront les génomes d'une petite mouche la *Drosophile* (2000), d'une mauvaise herbe (2000) l'arabette ou encore la première version brute du génome de l'Homme (2001) qui seront mis à la disposition de la communauté scientifique. Le décryptage du génome de chacune des espèces étudiées, grâce à des méthodes informatiques de plus en plus puissantes, permet de montrer que le nombre de gènes codant pour des protéines est limité, que de très nombreux gènes sont présents en plusieurs copies dans chaque génome analysé, que les gènes chez ne sont pas distribués au hasard mais se retrouvent conservés sous formes de blocs, etc ... Les technologies de l'ADN permettent maintenant de déterminer la séquence du génome de très nombreuses espèces que l'on peut analyser en profondeur et comparer même si ces espèces ne sont pas facilement cultivables en laboratoire ou encore possèdent un temps de génération très grand. On dispose avec le contenu en ADN de ces génomes, de données fiables, robustes qui vont permettre de reconstituer dans le détail les filiations entre les eucaryotes. L'année 2009, qui est celle de la célébration du bicentenaire de la naissance de Darwin, nous offre un contexte encore plus favorable pour évoquer les apports fantastiques de la génomique dans la connaissance de notre histoire évolutive ainsi que celle des mécanismes impliqués dans ce processus.