



HAL
open science

Article 30 L'évolution des espèces décryptée par la lecture des chromosomes.

Dominique D. Joly, Mathieu Joron

► To cite this version:

Dominique D. Joly, Mathieu Joron. Article 30 L'évolution des espèces décryptée par la lecture des chromosomes.. 101 secrets de l'ADN. CNRS Éditions, Paris, pp 114-116, pp.114-116, 2019. hal-02370995

HAL Id: hal-02370995

<https://hal.science/hal-02370995>

Submitted on 21 Dec 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

3.1 L'évolution des espèces décryptée par la lecture des chromosomes

Dominique Joly, Évolution, Génomes, Comportement, Ecologie (EGCE, Gif-sur-Yvette) et Mathieu Joron, Centre d'Ecologie Fonctionnelle et Evolutive (CEFE, Montpellier)

Chez la plupart des eucaryotes multicellulaires, l'ADN est organisé en chromosomes qui sont des unités physiques linéaires distinctes. Leur nombre diffère selon les espèces. La reconstitution de l'ordre des gènes le long des chromosomes permet d'inférer l'histoire évolutive des espèces.

Avant l'avènement de la génomique, l'étude de la succession des gènes sur le chromosome a fait l'objet d'un domaine particulier de la biologie appelé cytogénétique. Sans extraire, ni séquencer l'ADN, la cytogénétique étudie le nombre et la structure des chromosomes, ainsi que l'ordre des gènes sur ceux-ci.

Le nombre de chromosome est variable entre les espèces : il varie de 2 pour la fourmi australienne, à 46 pour l'homme et jusqu'à 1 440 pour la fougère *Ophioglossum reticulatum*. Dans certains groupes, cette variabilité existe également entre les espèces proches, ce qui constitue un caractère fiable d'identification taxinomique ainsi qu'un marqueur de l'histoire de l'organisation des chromosomes entre espèces, donc de leur histoire évolutive.

Par des méthodes de colorations spécifiques, produisant une sorte de code-barres chromosomique, il est également possible de déterminer les réarrangements (déplacement, retournement, perte, acquisition et échanges de segments d'ADN gènes) qui interviennent soit au sein d'un même chromosome, soit entre les chromosomes d'une cellule. En étudiant les variations et les anomalies du nombre, de la forme et de la structure des chromosomes, il est possible de reconstituer les histoires évolutives des espèces. En santé humaine, ces techniques de cytogénétique ont été importantes pour identifier des maladies génétiques, comme la trisomie 21.

Aujourd'hui, de nouvelles méthodes informatiques permettent d'assembler les séquences ADN courtes (400 bp) et longues (1 000 à 50 000 pb) obtenues par les technologies de séquençage à haut débit de 2^e et 3^e générations. Il devient possible de caractériser la structure du génome d'espèces d'intérêt, c'est-à-dire de connaître le nombre de chromosomes et l'ordre des gènes sur chacun d'entre eux.

Une telle approche a été réalisée chez les papillons du genre *Heliconius* originaire du Bassin Amazonien. Ces papillons montrent une radiation évolutive de 46 espèces, avec des hybridations naturelles pour certaines d'entre elles, compliquant l'analyse des remaniements chromosomiques. En combinant les données de séquençage de 2^e (*Illumina*) et 3^e (*Pacific Biosciences*) générations, il a été possible d'assembler 99% des séquences ADN du génome de l'espèce *Heliconius melpomene* et 84% d'entre elles sur les différents chromosomes. Ce génome montre 21 chromosomes représentant un total de 293 millions de bp environ.

En comparant le génome d'*Heliconius melpomene* avec le génome d'un papillon d'un taxon très proche, le genre *Eueides*, il a été montré que 10 des 21 chromosomes d'*Heliconius melpomene* résultaient de fusions de chromosomes qui étaient distincts dans le génome de l'ancêtre d'*Heliconius*, ancêtre qui devait avoir 31 chromosomes comme la majorité des

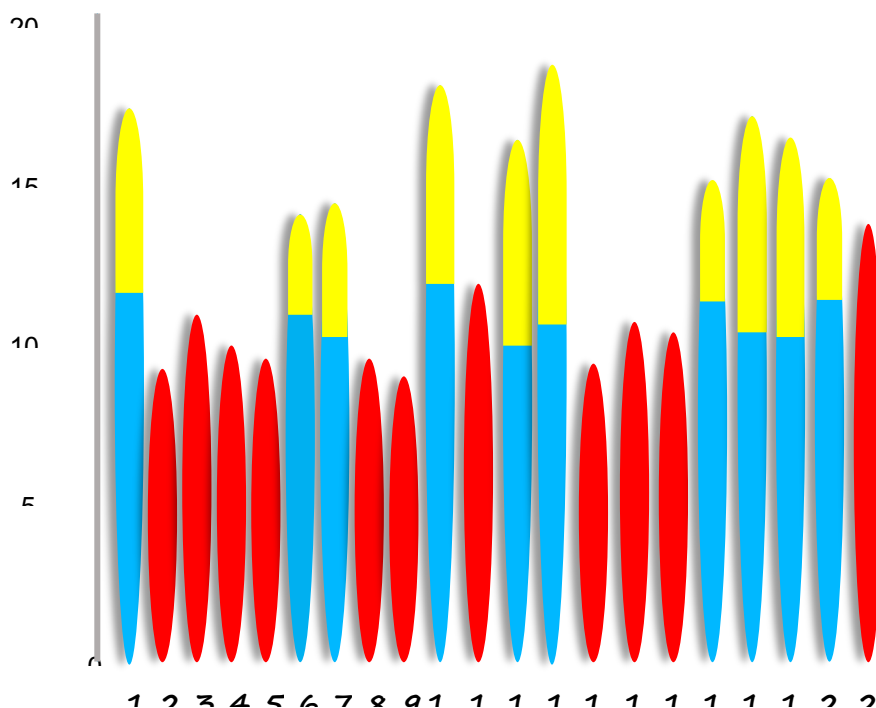
papillons actuels. Ces évènements de réarrangements des chromosomes ont eu lieu depuis la séparation du genre *Heliconius* et du genre *Eueides*, il y a environ 6 millions d'années, et pourraient, à travers des liaisons génétiques nouvelles entre les gènes, avoir un lien avec la diversification du genre *Heliconius*.

La complémentarité des méthodes de séquençage haut débit, conjuguée à une meilleure connaissance des génomes d'espèces proches permet de comprendre l'influence de l'architecture génomique sur les processus de spéciation.

Davey JW, *et al.* 2016. Major improvements to the *Heliconius melpomene* genome assembly used to confirm 10 chromosome fusion events in 6 million years of butterfly evolution. *G3* (Bethesda) 6:695-708.



Caryotype humain mâle réalisé à partir d'observations des 23 paires de chromosomes au microscope. Photothèque CNRS Référence N° : 19890001_0088 © [CNRS Photothèque](#)



Les 21 chromosomes du papillon *Heliconius melpomene*. Les chromosomes bicolores en jaune et bleu montrent un processus de fusion de chromosomes qui étaient distincts chez l'ancêtre d'*Heliconius melpomene*, les chromosomes monocolores en rouge indiquent l'absence de fusion. L'échelle indique la longueur des chromosomes en pb. D'après Davey et al. 2016. COPYRIGHT