

## Évolution de la taille des génomes : expansion et/ou contraction ?

La taille d'un génome haploïde, exprimée en nombre de paires de bases nucléotidiques (Mb ou million de bases), est constante pour une espèce déterminée. C'est ce qu'on appelle la valeur C. Cette valeur varie considérablement d'une espèce à l'autre, que ce soit au sein d'un même ordre, d'une même famille ou d'un même genre taxonomique.

Parmi les eucaryotes, on trouve de petits génomes comme ceux de la levure *Saccharomyces cerevisiae* (14 Mb), du nématode *Caenorhabditis elegans* (100 Mb) et de la mouche *Drosophila melanogaster* (160-180 Mb). Chez les mammifères, la taille des génomes est de l'ordre de 3 000 Mb. Au sein des métazoaires, les amphibiens représentent la classe la plus variable (700 Mb à 90 000 Mb). Chez les plantes, les angiospermes ont des génomes dont la taille varie de 50 Mb à 125 000 Mb et les ptéridophytes de 98 Mb à 307 000 Mb. Enfin, parmi les très gros génomes, on trouve celui du Protozoaire *Amoeba dubia* (670 000 Mb) [1]. Cette variation a toujours intrigué les biologistes. En particulier, la question est de savoir si l'augmentation de la taille du génome est associée à une augmentation de la complexité des organismes. Cette complexité, que l'on peut estimer par le nombre de types cellulaires différents présents dans l'organisme, n'a pu être corrélée de manière significative à la taille du génome (revue dans [2]). C'est ce qu'on appelle le paradoxe de la valeur C.

Ce paradoxe n'est pas reconnu par tous. Ainsi, pour Dover [3], cette corrélation n'a aucune raison d'être dans la mesure où les génomes sont continuellement soumis à des phases d'expansion et de contraction. Ces

deux phénomènes peuvent s'expliquer par des mécanismes comme les *crossing-over* inégaux, le «slippage», les délétions, les recombinaisons ectopiques, la transposition, les duplications de gènes ou de parties de chromosomes. En outre, on peut s'interroger sur la notion de complexité des organismes : le nombre de types cellulaires est-il seul représentatif de cette complexité ? Comment l'organisation des tissus et leurs interrelations peuvent-elles être appréciées en terme de complexité mesurable ?

Les mécanismes d'expansion ou de contraction génomique évoqués précédemment sont pour la plupart ubiquitaires. On peut dès lors expliquer les différences de taille des génomes par l'impact respectif de chacun de ces mécanismes. Par exemple, la proportion d'éléments transposables (ET) dans les génomes eucaryotes peut varier de 3% à plus de 50%. Pour le maïs, 60% des 200 kb séquencées entre les gènes *Adh* et *u22* sont des ET emboîtés les uns dans les autres [4]. Le génome humain (3 000 Mb) renferme environ 35% d'ET alors que ceux de la drosophile et de la levure n'en ont respectivement que 15% et 3,1% [5]. Les éléments transposables peuvent donc contribuer de manière significative à l'évolution de la taille des génomes. Cependant, il semble que certains génomes soient plus «permissifs» à l'amplification de ces séquences dites «égoïstes». A l'inverse, certains génomes ont été suspectés de pouvoir éliminer les séquences «inutiles» ou «inutilisées» plus rapidement que d'autres. Celles-ci peuvent être des pseudogènes ou ce que les Anglo-Saxons appellent «*Junk DNA*» voire «*Trash DNA*».

Cette dernière hypothèse a récem-

ment été testée en comparant la fréquence et la taille des délétions au sein de pseudogènes chez des organismes dont les génomes ont des tailles très différentes [6]. Pour cela, plusieurs espèces de criquets du genre *Laupala* et plusieurs espèces de mouches du genre *Drosophila* ont été comparées. Le génome des criquets est environ onze fois plus grand que celui des drosophiles. Les séquences comparées sont des éléments transposables appartenant à la superfamille des LINEs (*long interspersed nuclear elements*), inactifs en raison de délétions dans leurs régions 5'. Ces délétions sont généralement produites lors de la transposition des LINEs dont l'intégration dans le génome se fait simultanément à leur transcription inverse. Dans de nombreux cas, la transcription inverse est incomplète, ce qui produit des éléments tronqués à l'extrémité 5'. Ces éléments inactivés, à la suite de leur transposition, sont appelés par les auteurs DOA (*dead on arrival*). En raison de leur immobilisation, ces DOA sont considérés comme des pseudogènes et vont évoluer comme tels. Ils vont, entre autres, subir des délétions internes. La comparaison de copies inactivées, entre les espèces des deux genres, montre que les délétions sont plus importantes et plus fréquentes dans le génome des drosophiles. Plus précisément, la perte d'ADN serait 40 fois plus importante chez ces dernières. Ceci suggère que les drosophiles élimineraient plus facilement des fragments de pseudogènes que ne le font les criquets. Ce type de mécanisme qui avait été suggéré à partir de l'examen de pseudogènes rétroprocessés de mammifères [7] semble donc être confirmé expérimentalement.

Actuellement, aucune interprétation ne permet de rendre compte de ces différences de perte d'ADN. Seule une analyse exhaustive concernant les pseudogènes dans de nombreux génomes permettrait de savoir si nous avons affaire à un mécanisme général. En d'autres termes, on peut se demander si les espèces à petit génome ont la capacité d'éliminer des séquences plus rapidement que les espèces à gros génome. Ou bien, les espèces à gros génome ont-elles la capacité d'accumuler cet ADN tout en se préservant d'éventuels effets délétères ?

L'analyse des génomes dont le séquençage complet est ou va être entrepris devrait nous apporter quelque éclairage, peut-être pas sur le paradoxe de la valeur C lui-même, mais sûrement sur les mécanismes impliqués dans le maintien et/ou la modification de la taille des génomes.

1. Cavalier-Smith T. *The evolution of genome size*. 1985, Wiley, New-York.
2. Novacek MJ, Norell MA. Nuclear DNA content in bats and other organisms: implications and unanswered questions. *Trends Ecol Evol* 1989; 4: 285-6.
3. Dover G. Yes, we have no c-value paradox. *Trends Ecol Evol* 1990; 5: 62-6.
4. SanMiguel P, Tikhonov A, Jin YK, et al. Nested retrotransposons in the intergenic regions of the maize genome. *Science* 1996; 274: 765-8.
5. Capy P, Bazin C, Higuier D, Langin T. *Dynamic and evolution of transposable elements*, M.B.I. Unit, ed., R.G. Landes Company, Austin, Texas, USA, 1997: 197.
6. Petrov DA, Sangster TA, Johnston JS, Hartl DL, Shaw KL. Evidence for DNA loss as a determinant of genome size. *Science* 2000; 287: 1060-2.
7. Graur D, Shuali Y, Li WH. Deletions in processed pseudogenes accumulate faster in rodents than in humans. *J Mol Evol* 1989; 4: 279-85.

Claude Bazin  
Claude Maisonhaute  
Pierre Capy

Laboratoire populations, génétique et évolution, Bât. 13, Centre national de la recherche scientifique, 91198 Gif-sur-Yvette Cedex, France.

## ■■■ BRÈVES ■■■

■■■ **La Reine morte... des abeilles africaines.** Après la dissémination par l'homme des abeilles *Apis mellifera capensis*, originaires du Cap, hors de leur territoire, on a craint que les abeilles africaines, *A. m. scutellata*, envahissent leurs ruches et les fassent disparaître. En fait, le contraire s'est produit: ce sont les ouvrières *A. m. capensis* qui envahissent les ruches des abeilles africaines et, en pondant des œufs, se substituent à leur reine *scutellata* qui meurt, d'où la décroissance des colonies d'*A. m. scutellata*. Contrairement aux autres races d'abeilles qui pondent des œufs haploïdes, les ouvrières *capensis* produisent des œufs diploïdes. Ces derniers peuvent donner soit des ouvrières, soit des reines. La présence d'ouvrières *capensis*, pondant des œufs dans les ruches d'*A. m. scutellata*, empêche la ponte et l'élevage d'une nouvelle reine africaine et les colonies d'abeilles africaines finissent par dépérir faute d'entretien et d'approvisionnement. Jusqu'à présent on estimait que les Hyménoptères ne possédaient pas le pouvoir de changer la détermination des œufs qui, normalement, dépend de l'alimentation: les futures reines sont nourries à la gelée royale et reçoivent une plus grande quantité de nourriture que les larves destinées à devenir des ouvrières. Pourtant, il semble que

les *A. m. capensis* possèdent ce pouvoir, car elles ont le privilège de modifier le comportement des ouvrières d'autres races à leur égard. Dans un centre d'apiculture des Pays-Bas (à Wageningen), ceci vient d'être démontré avec une autre race d'abeilles que les africaines [1]. Si l'on introduit un cadre d'œufs d'*A. m. capensis* dans une ruche contenant cette fois une colonie d'abeilles d'Europe (hybrides d'*A. m. carnica* et d'*A. m. mellifera*), les ouvrières européennes fournissent aux larves *capensis* une plus grande quantité d'une nourriture qui ressemble à de la gelée royale. Il en résulte des pseudo-reines *capensis* qui, à l'état d'insecte parfait, ont perdu beaucoup de leurs caractères d'ouvrières (réduction des peignes et corbeilles à pollen sur leurs pattes arrière). Comme les reines, elles se développent plus rapidement, deviennent plus volumineuses, ouvrent leur opercule plus tôt et possèdent une grande spermathèque et de nombreuses ovarioles. Ainsi, on peut constater que dans l'ordre des Hyménoptères, parmi les insectes sociaux du genre *Apis*, certaines races comme *A. m. capensis* peuvent devenir des parasites pour d'autres races.

[Beekman M, et al. *Nature* 2000; 24: 723.]

• 5-7 octobre 2000

3<sup>e</sup> conférence Louis-Pasteur

Évolution des pathogènes et de leurs hôtes

Institut Pasteur, CIS, 28, rue du Dr-Roux, 75724 Paris cedex 15.

<http://www.pasteur.fr/infosci/conf/evolpath.html>  
Fax : 01 40 61 34 05