



actualité  
scientifique

## La reconstruction de génomes d'espèces éteintes

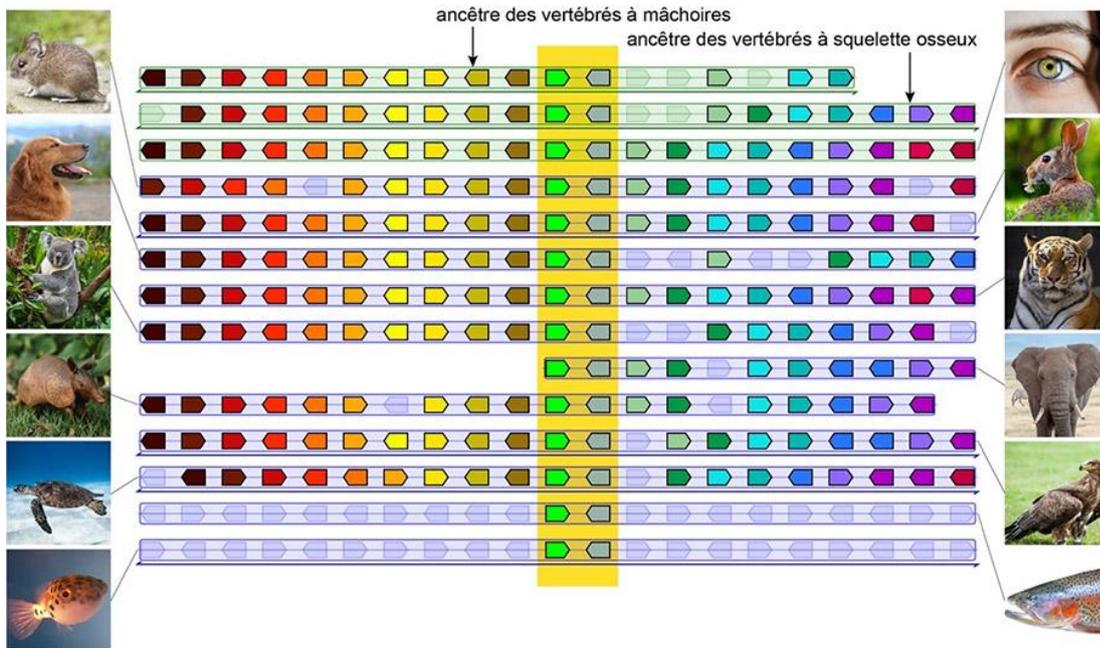
On sait, actuellement, séquencer l'ADN d'organismes préservés dans des conditions particulières, comme le permafrost (exemple des mammouths), mais ce sont des organismes qui vivaient il y a moins d'un million d'année.

Pour remonter plus loin dans le temps, il est nécessaire de recourir à des reconstructions par des approches informatiques, à partir de génomes modernes. Un nouvel algorithme, appelé AGORA (*Algorithm for Gene Order Reconstruction in Ancestors*) permet désormais, de façon automatique, ces reconstructions. Cet algorithme utilise les données des nombreux génomes d'espèces actuelles disponibles.

A partir des séquences des gènes identifiés dans ces génomes, dans un premier temps, il permet d'établir les familles de gènes qui descendent d'un même gène ancestral apparu à un moment donné de l'évolution. Chaque famille peut compter des milliers de gènes, qui sont répartis dans des centaines de génomes appartenant à des espèces couvrant des centaines de millions d'années d'évolution. Par exemple, un gène apparu chez l'ancêtre des vertébrés est encore représenté, aujourd'hui, par des versions modernes chez les poissons, les oiseaux et les mammifères. Chaque version est légèrement différente des autres par sa séquence d'ADN (cf les mutations qui se sont produites au cours du temps et que l'on peut repérer par des logiciels de comparaison de séquences).

Dans un deuxième temps, l'histoire évolutive de chaque famille est reconstruite à l'aide de logiciels. Ces données étant établies, AGORA exploite l'histoire évolutive des familles et à la position des gènes modernes dans leurs génomes respectifs, l'ordre des gènes le long des chromosomes des espèces ancestrales étant déduit à partir de celui des espèces modernes, chez qui il est partiellement préservé. L'algorithme s'appuie sur une structure en forme de graphe qui est parcouru de manière très efficace afin de déterminer quel gène est voisin de quel autre gène dans le génome ancestral.

Les résultats publiés dans la revue *Nature Ecology and Evolution* montre l'intérêt d'AGORA dans la reconstruction de la structure partielle de centaines de génomes ancestraux. Il est alors possible de calculer la fréquence des réarrangements de chromosomes et d'avoir accès aux régions des génomes modernes qui ont la même structure que celle d'ancêtres extrêmement anciens. Si ces régions restent inchangées, c'est la signature probable d'une importance biologique notable. Ces travaux établissent donc un cadre solide pour l'étude de l'évolution de la structure des génomes au cours du temps.



**AGORA et la reconstruction de génomes anciens : le panneau central représente des fragments de génomes d'espèces de vertébrés modernes. Chaque flèche représente un gène, dont la couleur dénote l'appartenance à une même famille. Les deux fragments de génomes en haut sont des reconstructions inférées par AGORA pour l'ancêtre des vertébrés à mâchoires (Gnathostomes) et des vertébrés à squelette osseux. Les deux gènes (surlignée en jaune), ELK3 et CDK17, sont voisins dans tous les génomes de vertébrés séquencés, et à ce titre représentent la paire de gènes dont l'adjacence est la plus conservée dans ce groupe au cours de l'évolution, probablement en raison de contraintes biologiques fortes. © Hugues Roest-Crollius**

**Pour en savoir plus...**

**Reconstruction of hundreds of reference ancestral genomes across the eukaryotic kingdom. Muffato M., Louis A., Nguyen NTT. et al., *Nature Ecol Evol* (2023). DOI : <https://doi.org/10.1038/s41559-022-01956-z>**