

Publié le 26 décembre 2013 à 05h00 | Mis à jour le 26 décembre 2013 à 05h00

## Le génome obèse



Le biologiste John MacKay de l'Université Laval est un des cosignataires de l'article paru cette année dans la revue *Bioinformatics* sur le séquençage du génome de l'épinette blanche.

Le Soleil, Patrice Laroche



[Jean-François Cliche](#)

Le Soleil

(Québec) Fossile vivant. Paralysée du génome. Peut-être même un peu gaspilleuse sur les bords. Bien qu'elle soit on ne peut plus commune au Québec, l'épinette blanche a longtemps caché d'étonnantes facettes de sa biologie qu'a révélées (ou confirmées) cette année le tout premier séquençage de son génome. Secrets qu'elle n'a pas donnés aux chercheurs sur un plateau d'argent, d'ailleurs.

«Le génome humain, qui est six fois plus petit, a pris 10 ans à séquencer. Et même si les technologies ont évolué depuis, on avait affaire aux plus grands génomes jamais séquencés, et donc il

y avait beaucoup d'inconnu», dit le biologiste John MacKay qui a cosigné l'article paru cette année dans la revue *Bioinformatics* avec deux de ses collègues de l'Université Laval, Jean Bousquet et Brian Boyle, de même que plusieurs biologistes des universités de Colombie-Britannique et Simon Fraser, et des chercheurs gouvernementaux. Notons que MM. Bousquet et MacKay ont également aidé à séquencer le génome de l'épinette de Norvège (un géant lui aussi), projet dont les résultats sont parus en avril dans *Nature*.

Si les épinettes ont des génomes à ce point surdimensionnés, ce n'est pas parce qu'elles ont plus de gènes que les autres organismes, explique M. Bousquet. «On trouve à peu près le même nombre de gènes chez l'épinette, autour de 30 000 ou peut-être un peu plus, que chez d'autres plantes comme le maïs ou la tomate, chez qui ça varie entre 25 et 30 000. Chez l'humain aussi, un peu moins de 30 000. Alors ce n'est pas ça qui va faire l'"obésité du génome". Ce sont plutôt les zones entre les gènes qu'on appelle l'ADN non codant, et ça c'est amplifié énormément chez l'épinette.»

Les gènes, rappelons-le, sont de longues chaînes dont les maillons chimiques, les nucléotides, sont assemblés dans un ordre précis de façon à encoder des «recettes» de protéines - protéines qui sont elles aussi des chaînes plus ou moins longues de molécules nommées *acides aminés*. Or ces recettes sont séparées par des séquences plus ou moins longues de nucléotides «non codant», comme dit M. Bousquet, un peu comme si, dans un livre de cuisine, la soupe aux pois et la crème de légumes étaient séparées par quelques pages blanches.

Selon les espèces, le nombre de pages blanches peut varier énormément. Les bactéries, par exemple, ont un génome très épuré dans lequel l'ADN non codant compte généralement pour moins de 15 % du total. Chez l'espèce humaine, cependant, cette proportion grimpe à 98 %. Et chez les épinettes, l'ADN non codant est entre 5 et 10 fois plus important que chez l'humain, notamment parce qu'on y trouve de très longues séquences répétitives, où des brins d'un à trois nucléotides sont répliqués des centaines de fois.

## Obstacle à franchir

Pour les chercheurs, ce fut là un gros obstacle parce que les techniques de séquençage les plus rapides procèdent généralement en «lisant» des bouts de 150 à 300 nucléotides, qui sont ensuite assemblés. Mais chez l'épinette blanche, les séquences répétitives pouvaient atteindre plusieurs milliers de nucléotides à l'intérieur desquels il était impossible de placer les brins plus courts. «Il a fallu préparer des banques d'ADN qui contiennent des grands fragments, dont on séquençait une partie à chaque bout du fragment. Et ça permet d'avoir un peu de la séquence répétée à chaque fois, et à force d'avoir des fragments comme ça, on finissait par faire le pont. C'est un exercice qui est vraiment complexe, il y a une équipe d'informatique spécialisée dans l'assemblage des génomes qui a travaillé sur l'épinette blanche», se souvient M. MacKay.

Mais cette obésité du génome est aussi, en elle-même, un objet scientifique fort intrigant. «On pense que le génome des conifères est moins efficace pour corriger les erreurs ou contenir des séquences qui se répètent et se multiplient de façon désordonnée, dit M. MacKay. [Mais il vient un temps où] la très grande taille du génome peut en elle-même devenir une contrainte pour l'organisme, parce que l'ADN doit être répliqué en entier à chaque fois qu'il y a une division cellulaire. Or, dans l'ADN, il y a bien sûr du carbone et de l'hydrogène, mais il y a aussi beaucoup d'azote. Alors il y a un coût métabolique et énergétique à traîner un génome aussi gros, d'autant plus que l'azote est souvent le facteur qui limite la croissance pour les plantes terrestres.»

Et c'est particulièrement étonnant dans le cas d'espèces comme les épinettes, que l'on trouve dans des milieux aussi rudes que le Grand Nord - une répartition géographique qui, à vue de nez, laisserait pourtant présager des habitudes beaucoup plus «économiques», pour ainsi dire. «Il y a peut-être moins de compétition d'autres espèces dans le Nord, mais cela reste quand même un peu paradoxal», commente M. MacKay.

Quoi qu'il en soit, il est bien tentant de faire un lien entre la taille du génome de l'épinette et le fait qu'il ait très peu changé depuis une centaine de millions d'années, dit M. Bousquet. «Quand le pin et l'épinette se sont séparés [sont devenus des espèces différentes, N.D.L.R.] il y environ 120 millions d'années, les dinosaures existaient encore. Mais, quand on regarde leurs gènes, on a encore à peu près les mêmes gènes aux mêmes endroits dans les chromosomes. Alors il n'y a pas eu une grosse évolution dans ce génome-là, comme s'il y avait eu une sorte de paralysie du génome. Par comparaison, les plantes à fleurs [dont les arbres feuillus font partie, N.D.L.R.], elles, ont connu une véritable explosion de diversité : il y a des génomes qui ont rapetissé, d'autres qui ont grossi, et il y a 400 000 espèces de plantes à fleurs alors que chez les conifères, on parle d'à peu près

600 espèces seulement.»

Les plantes à fleurs ont en général des génomes assez courts, alors que pin a lui aussi un énorme génome, poursuit M. Bousquet, ce qui donne à penser que ce serait peut-être cette «obésité génomique» qui aurait freiné l'évolution des conifères.

© La Presse, ltée. Tous droits réservés.