

GECO GÉNOMIQUE COMPUTATIONNELLE ET EVOLUTIVE

EQUIPE BIOINFORMATIQUE, PHYLOGÉNIE ET GÉNOMIQUE EVOLUTIVE

BENITIERE Florian

DOCTORANT

CNRS

43 bd du 11 novembre 1918
69622 VILLEURBANNE cedex (http://maps.google.com/maps?q=43%20bd%20du%2011%20novembre%201918+69622+%20VILLEURBANNE%20cedex)

@ Courriel

Linkedin (http://www.linkedin.com/in/florian-bénitière-44bb7b11b)

In eukaryotes, the processes of transcription and maturation of RNAs in the nucleus can result in the expression of different isoforms from the same gene, via the use of alternative splice sites. The architecture of genes (number and size of introns) as well as the degree of complexity of isoform transcripts vary greatly between different taxa. The “raison d’être” for this diversity is still poorly understood. According to some authors, this complexity results from selective pressures to increase the functional repertoire of genomes. But according to others, these isoforms are predominantly non-functional, and result from the accumulation of deleterious mutations by random genetic drift, which would induce errors in the cellular machinery of expression. The objective of my work is to estimate to what extent the effective size of the populations (Ne, which defines the intensity of the genetic drift) influences the evolution of the structure and the complexity of the expression of the genes in metazoa. This project is based on the comparative analysis of genome and transcriptomes in dozens of pairs of species exhibiting contrasting Ne, within five taxonomic groups. It requires significant bioinformatics developments to ensure the analysis and management of large volumes of data.

French version:

Chez les eucaryotes, les processus de transcription et de maturation des ARN dans le noyau peuvent aboutir à l’expression de différents isoformes à partir d’un même gène, via l’utilisation de sites alternatifs d’épissage, de début de transcription, ou de polyadénylation. L’architecture des gènes (nombre et taille des introns) ainsi que le degré de complexité des transcrits isoformes varient fortement entre différents taxons. La raison d’être de cette diversité est encore mal comprise. Selon certains auteurs, cette complexité résulterait de pressions sélectives pour augmenter le répertoire fonctionnel des génomes. Mais selon d’autres, ces isoformes seraient majoritairement non-fonctionnels, et résulteraient de l’accumulation de mutations délétères par dérive génétique aléatoire, qui induiraient des erreurs des machineries cellulaires d’expression. L’objectif de mon travail est d’estimer dans quelle mesure la taille efficace des populations (Ne, qui définit l’intensité de la dérive génétique) influe sur l’évolution de la structure et de la complexité de l’expression des gènes chez les métazoaires. Ce projet repose sur l’analyse comparative de génome et de transcriptomes dans des dizaines de paires d’espèces présentant des Ne contrastées, au sein de cinq groupes taxonomiques. Mon travail nécessite des développements bioinformatiques importants pour assurer l’analyse et la gestion de gros volumes de données.