



**GECO GÉNOMIQUE COMPUTATIONNELLE ET EVOLUTIVE**

**EQUIPE BIOINFORMATIQUE, PHYLOGÉNIE ET GÉNOMIQUE EVOLUTIVE**

**DURET Laurent**

**DIRECTEUR DE RECHERCHE**

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>)

☎ 33 04 72 44 62 97

---

@ Courriel

Batiment Mendel 2eme étage. Bureau 12.025

Les génomes sont le produit de divers processus évolutifs : certains traits génomiques que nous observons aujourd'hui reflètent des contraintes fonctionnelles qui opèrent actuellement ou qui ont opéré dans le passé ; d'autres résultent de processus non-adaptatifs. **Pour identifier les caractéristiques du génome qui sont importantes pour son fonctionnement, il faut rechercher celles dont le mode d'évolution s'écarte du modèle neutraliste** : c'est le principe même de l'analyse comparative des génomes, qui est au cœur de mon activité de recherche. Mon travail suit une double logique : **étudier l'évolution des génomes pour mieux comprendre leur fonctionnement - et inversement, prendre en compte les mécanismes moléculaires du fonctionnement des génomes afin de mieux interpréter l'évolution des séquences**. Mon travail se base sur l'analyse bioinformatique et statistique des séquences, mais s'appuie également fortement sur des collaborations étroites avec des biologistes « de paillasse ».

Ces dernières années, mon objectif principal a été d'explorer les **conséquences de la recombinaison homologe sur l'évolution du génome**. En particulier, nous avons découvert que chez de nombreuses espèces, la recombinaison induit une hérédité non mendélienne, favorisant la fixation des allèles GC (gBGC – pour GC-Biased Gene Conversion). Ce processus non adaptatif a un impact majeur sur l'évolution des paysages génomiques ainsi que sur les processus d'expression des gènes. Nous essayons maintenant de comprendre comment et pourquoi le gBGC évolue, et comment et pourquoi les taux de recombinaison varient dans l'espace (le long des chromosomes) et dans le temps (entre les espèces).

Je cherche également à **comprendre comment les contraintes imposées par le coût de l'expression des gènes façonnent l'évolution du génome**. Nous avons montré que le niveau d'expression des gènes est un déterminant important des pressions sélectives agissant sur de nombreuses caractéristiques : sur les séquences protéiques, sur le dosage des gènes, sur la précision de l'épissage et sur l'efficacité de la traduction. Nous explorons maintenant comment la variation de l'efficacité de la sélection contribue à l'évolution de la complexité des processus d'expression des gènes à travers les espèces.

Je travaille également, en collaboration avec des chercheurs de Paris et de Gif, sur la génomique de la paramécie. Cet eucaryote unicellulaire présente de nombreuses caractéristiques très particulières qui en font un modèle fantastique pour aborder de nombreux sujets (duplications de génomes entiers, prolifération d'éléments génétiques égoïstes, épissage alternatif, hérédité transgénérationnelle de modifications épigénétiques, ...).