(https://lbbe.univ-lyon1.fr/sites/default/files/styles/img__1280x768__image_scale__crop_main/public/media/images/arton6345.gif?itok=3j0lyzk-)

Les petites populations font de gros génomes

Publié le 4 juin 2017

Pourquoi les tailles de génomes varient-elles si fortement d'une espèce à une autre ? Pour s'attaquer à cette question difficile, des chercheurs du Laboratoire d'écologie des hydrosystèmes naturels et anthropisés (LEHNA - CNRS / Université Lyon 1/ ENTPE) et du laboratoire biométrie et biologie évolutive (LBBE, CNRS / Université Lyon 1) et de l'Université de Copenhague, ont étudié les génomes d'espèces qui ont colonisé un habitat unique : le milieu souterrain. Publié dans la revue Genome Research, les chercheurs ont montré que suite à la colonisation du milieu souterrain, la baisse des tailles de population conduit à une diminution de l'efficacité de la sélection naturelle à lutter contre les éléments répétés et envahissants du génome. In fine, les tailles de génome dépendent bien des tailles de population.

Référence :

Less effective selection leads to larger genomes, par Lefébure T, Morvan C, Malard F, François C, Konecny-Dupré L, Guéguen L, Weiss-Gayet M, Seguin-Orlando A, Ermini L, Der Sarkissian C, Charrier NP, Eme D, Mermillod-Blondin F, Duret L, Vieira C, Orlando L, Douady C. le 19 avril 2017 dans Genome Research.
doi: 10.1101/gr.212589.116.