



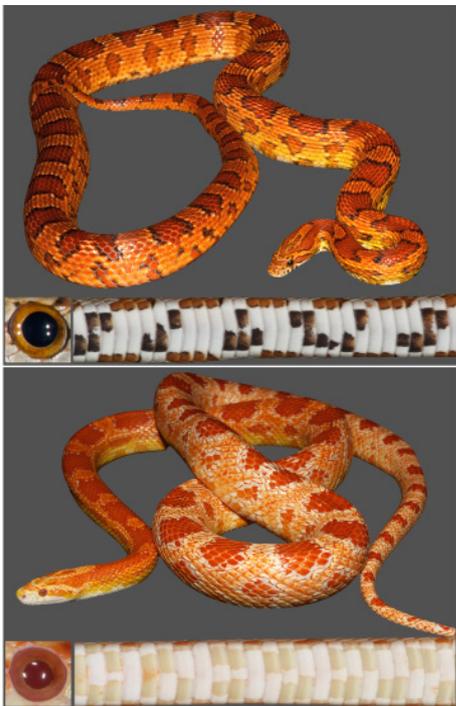
LE GÉNOME DU SERPENT DES BLÉS SÉQUENCÉ POUR LA PREMIÈRE FOIS

Alors que plus de cent espèces de mammifères (sur 5000 espèces existantes) ont vu leur génome séquencé, sur 10 000 espèces reptiliennes, seule une dizaine de génomes sont disponibles pour la communauté scientifique. C'est pourquoi une équipe de chercheurs de l'Université de Genève (UNIGE) a produit une vaste base de données incluant notamment le séquençage du génome du serpent des blés, une première pour un animal de plus en plus utilisé pour comprendre l'évolution des espèces. Au sein du même laboratoire, les chercheurs ont également découvert la mutation exacte responsable de l'albinisme dans cette espèce, un résultat publié aujourd'hui dans la revue *Scientific Reports*.

La génomique permet d'étudier l'évolution du monde vivant. En effet, comprendre la fonction de chaque gène permettra de découvrir, par exemple, pourquoi le serpent a perdu ses pattes ou développe telle ou telle coloration de la peau. Or, les reptiles sont très peu représentés dans les bases de données génomiques. C'est pourquoi le Dr. Athanasia Tzika, chercheuse dans le Département de génétique et évolution de la Faculté des sciences de l'UNIGE, a produit une base de données présentant les génomes appartenant aux principales lignées évolutives de reptiles : le *Reptilian Transcriptomes Database 2.0*. «Le but était de produire nous-même une bonne partie des données manquantes en séquençant les gènes de plusieurs espèces reptiliennes. Pour ce faire, nous avons choisi les tissus qui expriment le plus grand nombre de gènes, comme par exemple le cerveau ou les reins», explique Athanasia Tzika. De nombreux autres scientifiques disposaient aussi de résultats de séquençage, mais chacun procédait de manière différente pour l'analyse de ces données, rendant difficile les études portant notamment sur l'évolution de ces espèces. Une autre partie du travail a donc consisté à récolter ces données, puis à développer une méthode bioinformatique d'analyse permettant de produire une base de données unifiée, accessible à tous gratuitement et régulièrement mise à jour. Un outil utile pour les chercheurs du monde entier travaillant sur le développement et l'évolution des vertébrés en général et des reptiles en particulier.

Le serpent des blés, nouvel organisme modèle

Séquencer un génome est un travail minutieux de longue haleine. Il s'agit de décoder l'ensemble de l'ADN de l'animal étudié, à savoir 2 milliards de nucléotides pour le serpent des blés. En effet, l'ADN est constitué de quatre molécules de base (les nucléotides) –ACGT–, qui s'assemblent par paires (A avec T et C avec G) et forment les gènes. Afin d'analyser le génome, il faut le séquencer, c'est-à-dire le lire par courts fragments de 100 à 250 nucléotides, qu'il faut ensuite assembler pour reconstruire l'énorme chaîne d'ADN qui forme chaque chromosome. A l'heure actuelle, les scientifiques arrivent à reconstituer l'ensemble du génome sous forme de fragments d'environ un million de nucléotides. Ce travail a été effectué par l'équipe de Michel Milinkovitch, professeur au Département de génétique et d'évolution à l'UNIGE. «L'objectif était d'obtenir un vrai modèle génomique auquel on pouvait se référer, ex-



(au dessus) Serpent des blés sauvage: coloration orange claire, motifs oranges entourés de noir; écailles ventrales avec un damier noir et blanc, oeil avec pupille noire et iris orange.

(en dessous) Serpent des blés amélanistique: le liseré noir autour des taches oranges est remplacé par du blanc, la mélanine est également absente du damier et de l'oeil.

© LANE (Michel Milinkovitch).

plique Athanasia Tzika. Ici, nous avons couvert environ 85% de la taille totale du génome du serpent». Il reste cependant beaucoup de travail, car pour atteindre la qualité du génome humain, il faut assembler des chromosomes formant des chaînes de plus de 200 millions de nucléotides, c'est dire l'ampleur de la tâche. Mais pourquoi le serpent des blés ? «Cette espèce est parfaite pour la recherche sur le développement et l'évolution des reptiles, car elle se reproduit facilement, est ovipare et non venimeuse. Elle permet aussi d'étudier le déterminisme génétique et l'évolution des couleurs chez les reptiles, des traits particulièrement importants pour le camouflage de ces animaux dans leur milieu naturel. Ce nouveau modèle, non mammifère, s'ajoute au petit groupe d'espèces qui nous permettent de mieux comprendre les mécanismes biologiques et physiques expliquant l'évolution de la diversité et de la complexité des espèces», répond le professeur Milinkovitch.

Découverte du gène responsable de l'amélanisme

Au sein du même laboratoire, Suzanne Saenko a réussi, en collaboration avec une équipe suédoise, à identifier chez le serpent des blés la mutation responsable de l'amélanisme, une forme d'albinisme due à une défaillance de la production de la mélanine (le pigment noir de la peau). A son état naturel, la couleur de ce serpent est constituée d'une base orange, agrémentée de motifs rouges encerclés de noir. Pourtant, certains membres de l'espèce ne correspondent pas à ce standard. En effet, la couleur noire est complètement absente de leur peau et même de leurs yeux. Les scientifiques ont décidé de chercher la mutation responsable de ce dysfonctionnement, un exemple de déterminisme génétique de la coloration de la peau chez les reptiles. Pour ce faire, ils ont effectué plusieurs croisements entre des serpents dits «sauvages» (c'est-à-dire standards) et des serpents amélaniques, et ont séquencé chaque serpent né de ces croisements. «Après ce gros travail, nous avons pu retrouver l'endroit exact où se situe la défaillance», explique le professeur Milinkovitch. Il s'agit du gène *OCA2*, codant pour un récepteur présent dans le compartiment intracellulaire (appelé mélanosome) contenant la mélanine. Ce récepteur est responsable du contrôle du bon niveau d'acidité permettant la synthèse de la mélanine.

Grâce au génome séquencé du serpent des blés, la description précise de nombreuses autres mutations de coloration chez les serpents sera maintenant grandement facilitée. Comme l'amélanisme, ces mutations spontanées (c'est-à-dire apparaissant de manière naturelle) sont soumises à la sélection naturelle. Sans mutation, aucune nouveauté évolutive ne peut apparaître. Les chercheurs de l'UNIGE vont donc à présent tenter de comprendre pourquoi certains serpents naissent avec des patrons de coloration modifiés, par exemple des rayures plutôt que des taches, ouvrant la voie à des comparaisons entre espèces, comme le tigre et le guépard par exemple.

UNIVERSITÉ DE GENÈVE Service de communication

24 rue du Général-Dufour
CH-1211 Genève 4

Tél. 022 379 77 17
media@unige.ch
www.unige.ch

contact

Michel Milinkovitch

078 695 95 22

Michel.Milinkovitch@unige.ch