

L'apport de la génomique en biologie des organismes marins

Auteur : **Denis Allemand**

Professeur de biologie à l'université de Nice-Sophia Antipolis

Directeur scientifique du Centre scientifique de Monaco

Membre du Conseil scientifique de l'Institut océanographique, Fondation Albert I^{er}, Prince de Monaco

Définition, ou comment l'étude d'une bactérie du parc de Yellowstone bouleversa la biologie

La biologie moléculaire est une science récente. L'ADN a été décrit en 1953, mais c'est la découverte en 1969 d'une enzyme, la Taq polymérase, extraite d'une bactérie, *Thermophilus aquaticus*, vivant dans des sources chaudes du parc national de Yellowstone, qui va permettre le développement exponentiel de cette discipline en permettant le clonage et le séquençage des gènes. Dix-sept ans plus tard, on ne se contente plus d'étudier un gène après l'autre, on cherche à cartographier l'ensemble de nos gènes, la Génomique est née. Nous sommes en 1986. Rapidement, le séquençage des génomes va progresser jusqu'à l'annonce en 2001 dans la revue *Nature* du quasi-achèvement du séquençage du génome humain, soit environ 3,2 milliards de nucléotides (l'alphabet des génomes). À la même époque, environ 800 autres génomes avaient également été séquencés dont seulement deux animaux. En 2011, ce sont plus de 3 000 génomes qui ont été séquencés en totalité ou en partie, y compris de très nombreux organismes marins.

Une révolution silencieuse

Peu connue du grand public, la génomique constitue pourtant une réelle révolution dans l'histoire de la biologie, nous permettant aujourd'hui d'avoir une vision totalement différente des organismes. Non seulement la génomique a modifié notre vision de l'organisation du vivant, mais elle montre également qu'un organisme constitue un écosystème à lui tout seul, un monde dans lequel cohabitent des millions de micro-organismes. La génomique montre enfin que la vision de gènes immuables en dehors des échanges se produisant lors de la reproduction est totalement à revoir. Nos génomes sont « fluides » et échangent de façon permanente avec d'autres organismes. On sait par exemple aujourd'hui que 8 % de l'ADN humain sont constitués de vestiges de gènes qui nous ont été transmis par des virus, alors que seulement 1,5 % code pour des protéines... et que le nombre de gènes n'est pas relié à la complexité de l'organisme, en effet du riz à l'homme en passant par le corail, nous avons tous entre 20 000 et 40 000 gènes (homme : 36 036 ; riz : 30 294 ; corail : 23 677 ; paramécie : 39 581).

Une recherche entre biologie, informatique et hautes technologies

Si étudier un gène n'était déjà pas une chose facile, alors comment manipuler des milliers de gènes et des milliards de séquences en même temps. La biologie s'est alors mariée à l'informatique, et une nouvelle science est née, la bio-informatique. De puissants ordinateurs permettent alors le séquençage et surtout la description (ou annotation) du génome. Les apports de la génomique sont nombreux, de la connaissance du Vivant à la thérapie génique en passant par le renouvellement d'une discipline vieille comme l'humanité, la biotechnologie (la fabrication du vin ou des fromages, y compris de nos jours de nombreux médicaments sont des exemples de biotechnologie).

Génomique et organismes marins

Existe-t-il une génomique marine opposée à une génomique terrestre ? Non bien sûr, tout comme il n'existe pas à proprement parler de biologie marine opposée à une biologie terrestre. En revanche, les particularités des organismes marins en font à la fois une source d'informations générales en Biologie, une voie d'étude de l'évolution des organismes et de leur adaptation ainsi qu'une réserve encore peu explorée de voies thérapeutiques pour le futur. La vie marine est beaucoup plus ancienne et plus variée que la vie terrestre qui est apparue après 3 milliards d'années d'évolution. Sur les 35 phylums d'organismes connus, 14 sont d'ailleurs restés exclusivement marins (et aucun n'est restreint au milieu terrestre). Les océans forment le plus grand réservoir de notre biosphère : 70,8 % de la surface de notre globe, mais plus de 99 % de tout son volume.

Génomique et biodiversité

Par l'utilisation de séquences d'ADN comme « code-barres », il est possible d'inventorier la biodiversité beaucoup plus facilement que par les méthodes classiques. Ces études montrent ainsi largement que la biodiversité marine est aujourd'hui largement sous-estimée (potentiellement jusqu'à 600 fois ainsi que le montre une étude sur l'inventaire des crabes des récifs).

Génomique et valorisation des organismes marins

La génomique permet en une seule expérience d'étudier la totalité des réponses d'un organisme face par exemple à un stress (génomique fonctionnelle), permettant ainsi de mieux gérer notre environnement et de faciliter sa conservation. La découverte de nouvelles bactéries, ou de nouvelles voies métaboliques, est une aubaine pour le développement de nouvelles voies thérapeutiques. De nombreuses sociétés commencent à s'intéresser à cette richesse largement inconnue.

Gènes et brevetabilité du vivant

Le séquençage des génomes pose la question de la brevetabilité du vivant. Si l'Unesco a déclaré en 1997 que le génome humain était partie intégrante du patrimoine de l'humanité, la question reste en suspens en ce qui concerne les organismes marins, particulièrement en dehors des zones économiques exclusives. Dans les banques de gènes associées à des brevets, l'immense majorité ne mentionne pas l'origine géographique des organismes, et dans plus de 30 % des cas, on ignore même le nom de l'espèce dont la séquence d'ADN a été extraite. À ce jour, on compte 18 000 produits naturels dérivés d'organismes marins (médicaments, additifs alimentaires, produits cosmétiques...) et 4 900 brevets associés à des gènes tirés de ces organismes.

Pour en savoir plus :

Ouvrages grand public

- [1] Frédéric Dardel & Renaud Leblong (2008). *Main basse sur le génome*. A. Carrière Ed., Paris, 356 pp.
- [2] Antoine Danchin (1998). *La Barque de Delphes. Ce que révèle le texte des génomes*. Ed. Odile Jacob, Paris, 396 pp.
- [3] J. Craig Venter (2007). *A life decoded: my genome, my life*. Penguin Books, London, 390 pp.

Site web : www.marine-genomics-europe.org

Une sélection de quelques articles scientifiques

- [4] Arnaud-Haond S., Arrieta J.M. & Duarte C.M. (2011). Marine Biodiversity and Gene Patents. *Science*, 331, 1521-1522
- [5] Bonnivard E. & Higuete D. (2009). Fluidity of eukaryotic genomes. *C. R. Biol.*, 332, 234-240.
- [6] Boussau B. & Daubin V. (2010). Genomes as documents of evolutionary history. *Trends Ecol. Evol.*, 25, 224-232.
- [7] Bromham L. (2002). The human zoo: endogenous retroviruses in the human genome. *Trends Ecol. Evol.*, 17, 91-97.
- [8] Davidson E.H. (2006). The Sea Urchin Genome: Where Will It Lead Us? *Science Mag.*, 314, 939-940.
- [1] Dyall S.D., Brown M.T. & Johnson P.J. (2004). Ancient invasions: From endosymbionts to organelles. *Science*, 304, 253-257.
- [9] Ezzell C. (2000). Au-delà du génome. *Pour la science*, 275, 52-56.



Institut
océanographique

Fondation Albert I^{er}, Prince de Monaco

- [10] Hofmann G.E., Burnaford J.L. & Fielman K.T. (2005). Genomics-fueled approaches to current challenges in marine ecology. *Trends Ecol. Evol.*, 20, 305-311.
- [11] Hofmann G.E., O'Donnell M.J. & Todgham A.E. (2008). Using functional genomics to explore the effects of ocean acidification in calcifying marine organisms. *Mar. Ecol. Prog. Ser.*, 373, 219-225.
- [12] Kazazian Jr. H.H. (2004). Mobile Elements: Drivers of Genome Evolution. *Science*, 303, 1626-1632.
- [13] Miller D.J., Ball E.E., Forêt S. & Satoh N. (2011). Coral genomics and transcriptomics-ushering in a new era in coral biology. *J. Exp. Mar. Biol. Ecol.*, 408, 114-119
- [14] Pääbo S. (2003). The mosaic that is our genome. *Nature*, 421, 409-412.
- Plaisance L., Caley M.J., Brainard R.E. & Knowlton N. (2011). The Diversity of Coral Reefs: What Are We Missing? *PLoS ONE* 6(10): e25026. doi:10.1371/journal.pone.0025026
- [15] Shinzato C., Shoguchi E., Kawashima T., Hamada M., Hisata K., Tanaka M., Fujie M., Fujiwara M., Koyanagi R., Ikuta T., Fujiyama A., Miller D.J. & Satoh N. (2011). Using the *Acropora digitifera* genome to understand coral responses to environmental change. *Nature*, 476(7360), 320-3. doi: 10.1038/nature10249.
- [16] Struck T.H., Paul C., Hill N., Hartmann S., Hosel C., Kube M., Lieb B., Meyer A., Tiedemann R., Purschke G. & Bleidorn C. (2011). Phylogenomic analyses unravel annelid evolution. *Nature*, 471, 95-98.
- [17] Yoon H.S., Price D.C., Stepanauskas R., Rajah V.D., Sieracki M.E., Wilson W.H., Yang E.C., Duffy S. & Bhattacharya D. (2011). Single-cell genomics reveals organismal interactions in uncultivated marine protists. *Science*, 332, 714-717.
- [18] Yooseph S., Neelson KH, Rusch DB, McCrow J.P., Dupont C.L., Kim M., Johnson J., Montgomery R., Ferreira S., Beeson K., Williamson S.J., Tovchigrechko A., Allen A.E., Zeigler L.A., Sutton G., Eisenstadt E., Rogers Y.-H., Friedman R., Frazier M. & Venter J.G. (2010). Genomic and functional adaptation in surface ocean planktonic prokaryotes. *Nature*, 468, 60-66