

Communiqué de presse – 22 avril 2014

## Le séquençage du génome de la truite revisite l'évolution des génomes de vertébrés

---

Un consortium français, coordonné par l'Inra et impliquant le CEA (Genoscope), le CNRS et les Ecoles Normales Supérieures de Paris et de Lyon a séquencé et analysé le génome de la truite arc-en-ciel (*Oncorhynchus mykiss*). Il s'agit du premier séquençage d'un génome de salmonidés (famille des saumons et des truites). Ce résultat, publié le 22 avril dans *Nature Communications*, propose un nouveau scénario d'évolution des génomes de vertébrés et ouvre des perspectives pour la sélection en aquaculture.

La truite arc-en-ciel est une espèce aquacole importante élevée sur tous les continents. Elle appartient à la famille des salmonidés dont beaucoup d'espèces présentent un intérêt agronomique et écologique majeur dans le monde entier. La truite, organisme modèle pour la recherche, est l'espèce de poisson la plus étudiée au monde. La séquence obtenue par le consortium français est la première séquence de génome complète publiée pour un représentant de la famille des salmonidés.

### Une ressource précieuse pour l'évolution des génomes

La connaissance du génome de la truite arc-en-ciel apporte un éclairage nouveau sur l'évolution des génomes de vertébrés. Les duplications complètes de ces derniers sont des événements qui ont profondément façonné le contenu et la structure des génomes, y compris celui de l'homme. Mais les mécanismes d'évolution d'un génome suite à un tel événement restent mal connus chez les animaux, en particulier les étapes qui se déroulent au cours des quelques dizaines de millions d'années qui suivent la duplication.

La truite arc-en-ciel est de ce point de vue une espèce particulièrement intéressante : son génome a connu une duplication complète relativement récente (100 millions d'années) qui s'est produite chez l'ancêtre commun de toutes les espèces de salmonidés actuels. La conclusion surprenante de cette étude est que l'évolution d'un génome de vertébrés après duplication complète est un processus lent et progressif. Ce résultat est notamment soutenu par le fait qu'en dépit des 100 millions d'années écoulées depuis cet événement, les deux copies issues de cette duplication restent étonnamment conservées. Non seulement la structure générale des deux copies est restée très semblable, mais le contenu en gènes est lui-même très conservé, avec notamment de nombreux cas montrant que les deux copies du gène ancestral sont encore présentes et fonctionnelles. Ce résultat remet en cause l'hypothèse communément admise selon laquelle l'évolution d'un génome suite à une duplication complète implique une évolution rapide de sa structure et de son contenu en gènes.

### Des perspectives en aquaculture

Le séquençage de ce génome offre également des perspectives importantes pour le développement d'une aquaculture plus performante et plus durable, en accélérant l'analyse des caractères importants en élevage, l'identification des gènes responsables et la mise en place de programmes de sélection plus efficaces.

*Projet soutenu par un financement de l'Agence nationale pour la recherche (ANR Genotrou, ANR-09-GENM-001 « Génomique et Biotechnologies Végétales »)*

Berthelot C, Brunet F, Chalopin D, Juanchich A, Bernard M, Noël B, Bento P, Dasilva C, Labadie K, Alberti A, Aury J-M, Louis A, Dehais P, Bardou P, Montfort J, Klopp C, Cabau C, Gaspin C, Thorgaard GH, Boussaha M, Quillet E, Guyomard R, Galiana D, Bobe J, Volff J-N, Genêt C, Wincker P, Jaillon O,

Roest Crollius H, Guiguen Y. **The rainbow trout genome provides novel insights into evolution after whole-genome duplication in vertebrates.** *Nature Communications*, 22 avril 2014. DOI : 10.1038/ncomms4657

**Contact scientifique**

Yann Guiguen

02 23 48 50 09 - [Yann.Guiguen@rennes.inra.fr](mailto:Yann.Guiguen@rennes.inra.fr)

Laboratoire de Physiologie et Génomique des Poissons

Département scientifique « Physiologie animale et systèmes d'élevage »

Centre Inra de Rennes