

## "Bivalvomix" : génomique évolutive des bivalves marins



For a long time, population geneticists have had to content themselves with analysing neutral markers to infer selection processes indirectly. The recent improvement of sequencing tools now enables them to analyse the variations of a large number of genes and therefore to spot the genes, or the amino acids, which are under the direct influence of the selection (Yang & Bielawski, 2000). In order to analyse the selection processes acting on the mutations and discriminate the different factors acting on their evolution (genetic selection or drift), it is essential to compare polymorphism data between genomes of the same species/population and divergence data between species/populations (Kimura, 1983). Recently, polymorphism data has become available for a sufficient number of genes (>10) in some model species like humans (Fay et al., 2001; Bustamante et al., 2005), the fruit fly (Bierne & Eyre-Walker, 2004) or the arabis (Bustamante et al., 2002). Some inferences have provided surprising results, suggesting that adaptation holds a more important role in the divergence between two species than the expected neutralist hypothesis (review in Eyre-Walker, 2006). However, other results suggest that the efficient size of populations could be a limiting factor for adaptative evolution (Bustamante et al., 2002), even if its role in non-neutral genetic variation is still not well understood (Gillespie, 1999; Bazin et al., 2006). Finally, the number of polymorphic sites in a given gene is often too small to make gene by gene inferences (except for some fruit fly genes) and only a global estimate can be obtained through the compiling of several genes (Bierne & Eyre-Walker, 2004). If some sequences ultra-dense in polymorphic sites existed, reliable estimates could be made at gene level. Les généticiens des populations ont longtemps dû se contenter de l'analyse de marqueurs neutres pour inférer indirectement les processus sélectifs. Les progrès récents des outils de séquençage permettent aujourd'hui de pouvoir analyser les variations d'un grand nombre de gènes et ainsi de pouvoir détecter les gènes voire les acides aminés qui sont sous l'emprise directe de la sélection (Yang & Bielawski, 2000). Pour analyser les processus sélectifs agissant sur les mutations et discriminer les différents facteurs agissant sur leur évolution (sélection ou dérive génétique), il est essentiel de comparer des données de polymorphisme entre génomes d'une même espèce/population et de divergence entre espèces/populations (Kimura, 1983). Récemment, des données de polymorphisme sont devenues disponibles pour un nombre suffisant de gènes (>10) chez quelques espèces modèles comme l'homme (Fay et al., 2001; Bustamante et al., 2005), la drosophile (Bierne & Eyre-Walker, 2004) ou l'arabette (Bustamante et al., 2002). Certaines inférences ont donné des résultats surprenants, suggérant un rôle bien plus important de l'adaptation dans la divergence entre deux espèces que l'attendu de l'hypothèse neutraliste (revue dans Eyre-Walker, 2006). Cependant d'autres résultats suggèrent que la taille efficace des populations ( $N_e$ ) pourrait être un facteur limitant de l'évolution adaptative (Bustamante et al., 2002), même si son rôle sur la variation génétique nonneutre est encore mal comprise (Gillespie, 1999; Bazin et al., 2006). Enfin, le nombre de sites polymorphes dans un gène donné est souvent trop petit pour pouvoir faire des inférences gène par gène (mis à part peut être chez certains gènes de la drosophile) et seule une estimation globale peut être obtenue en compilant les résultats de plusieurs gènes (Bierne & Eyre-Walker, 2004). S'il existait des séquences ultra-denses en sites polymorphes, des estimations fiables pourraient être réalisées à l'échelle du gène.

**Auteurs du document** : Bierne, Nicolas, Boudry, Pierre, Lapegue, Sylvie, Bonhomme, Francois, Faure, M, Sauvage, Christopher, Moraga, D, Boutet, Isabelle, David, Elise, Jollivet, Didier, Tanguy, Arnaud, Faure, Baptiste, David, Patrice

**Thème (issu du Text Mining)** : FAUNE, SCIENCES EXACTES SCIENCES HUMAINES, MILIEU NATUREL

**Date** : 2006

**Format** : text/xml

**Langue** : Inconnu

**Droits d'utilisation** : info:eu-repo/semantics/openAccess, restricted use

**Télécharger les documents** : <https://archimer.ifremer.fr/doc/2006/rapport-6489.pdf>

<https://archimer.ifremer.fr/doc/00000/6489/>

**Permalien** : <https://www.documentation.eauetbiodiversite.fr/notice/bivalvomix-genomique-evolutive-des-bivalves-marins0>

Evaluer cette notice: