



L'évolution génétique est influencée par la relation hôte-parasite – mais pas seulement !

2 octobre 2019 | Andri Bryner

Catégories: Biodiversité | Écosystèmes

Les modifications rapides intervenant dans le génome de deux espèces étroitement liées ne peuvent être expliquées uniquement par des processus évolutifs tels que la pression sélective. Les processus écologiques, comme la dynamique de la taille des populations, jouent à cet égard un rôle tout aussi important. Une équipe internationale de chercheurs placée sous la houlette de l'Eawag et de l'université de Constance en a fait la démonstration expérimentale pour la première fois avec une algue et un virus. L'étude a été publiée ce jour dans la revue Science Advances.

Dans les manuels sur l'évolution, des modèles conceptuels et mathématiques expliquent les répercussions des relations hôte-parasite sur le génome des deux organismes. On parle alors de coévolution. Le fonctionnement réel de cette interaction n'a toutefois pu être démontré in vivo que pour un petit nombre de gènes uniquement. Des études portant sur l'ensemble du génome des deux espèces et permettant en outre de démontrer l'évolution temporelle des influences réciproques, font encore défaut à ce jour. Et pourtant, ces interactions sont souvent mises en avant pour expliquer la genèse et la préservation de la biodiversité.



L'algue *Chlorella variabilis* ainsi qu'un chlorovirus qui la contamine ont été observés sur 100 générations d'hôtes, non seulement d'un point de vue génétique, mais aussi sous l'angle des changements phénotypiques et de la dynamique des populations. Photo : Université de Constance

Des populations importantes sont le gage d'une grande diversité

La nouvelle étude a consisté à observer sous forme expérimentale l'évolution de l'algue *Chlorella variabilis* et du chlorovirus sur 100 générations d'hôtes. Les chercheurs ont ensuite combiné les données sur l'évolution de la taille des populations, la virulence des agents pathogènes et les changements génétiques. Ils ont constaté que les adaptations étaient toujours rapides et concomitantes. Toutefois, les changements ne peuvent s'expliquer uniquement par les modèles de coévolution utilisés jusqu'à présent – entre « course aux armements » entre les parasites et leurs hôtes et dynamiques de sélection fluctuantes. En particulier, il convient de tenir compte également de l'évolution de la taille des populations. « On s'attendait à ce que l'algue développe une résistance au virus et qu'il ne se passe pas grand-chose par la suite », explique Philine Feulner, biologiste à l'Eawag et coresponsable de l'étude avec Lutz Becks, de l'université de Constance. L'hypothèse de départ était la suivante: ce n'est qu'au moment où le virus mute et qu'il redevient infectieux que de nouvelles variantes génétiques de l'algue font à nouveau leur apparition. Mais c'est là que vint la surprise: même pendant les périodes où la pression sélective due au virus était limitée, la diversité génétique de l'algue a connu une croissance rapide. La croissance rapide des populations d'organismes hôtes a entraîné une augmentation de la fréquence des mutations réussies, un phénomène qui, à son tour, engendre de la diversité. Ainsi, l'évolution rapide et les changements écologiques à l'œuvre s'influencent réciproquement. « Cette dynamique écoévolutive est fondamentale pour notre compréhension de l'évolution moléculaire et de la manière dont celle-ci évolue dans le temps », affirme Philine Feulner.

Service d'information des médias de l'université de Constance (en anglais et allemand)

:

<https://www.uni-konstanz.de/en/university/news-and-media/current-announcements/press-releases/>

Publication originale : Cas Retel, Vienna Kowallik, Weini Huang, Benjamin Werner, Sven Künzel, Lutz Becks, Philine G. D. Feulner. The feedback between selection and demography shapes genomic diversity during coevolution. Science Advances, 2 octobre 2019.

<https://doi.org/10.1126/sciadv.aax0530> (en ligne à partir du 2.10.2019, 20h00)

Financement : L'étude, qui a été financée dans le cadre du programme prioritaire « Rapid Evolutionary Adaption » de la Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG), est un projet «Lead agency» de la DFG et du Fonds national suisse (FNS).

Contact



Philine Feulner

Tel. +41 58 765 2106

philine.feulner@eawag.ch



Andri Bryner

Responsable médias

Tel. +41 58 765 5104

andri.bryner@eawag.ch

<https://www.eawag.ch/fr/portail/dinfo/actualites/news-archives/detail-de-larchive/levolution-genetique-est-influencee-par-la-relation-hote-parasite-mais-pas-seulement>