

Histoires de duplication et répétitions en tandem

Eric Rivals
LIRMM UMR CNRS 5506
161 rue Ada, 34392 Montpellier Cedex 5
France
rivals@lirmm.fr

9 septembre 2002

Les répétitions en tandem apparaissent dans les génomes suite à des événements de duplications en tandem. Une duplication copie un facteur de la séquence et le réinsère à côté de l'original ; il en résulte une deux copies juxtaposées du facteur original et donc une augmentation du nombre de copies de la répétition en tandem. L'événement inverse de contraction en tandem réduit ce nombre de copies. Par ailleurs les mutations ponctuelles introduisent des variations de séquences entre les copies du motif répété. Ces copies mutées subissent ensuite de nouvelles amplifications ou contractions. Le premier problème envisagé est celui étant donné une séquence de répétitions en tandem de recouvrir les événements évolutifs qui ont constituée cette répétition. Autrement dit de retrouver l'ordre des duplications et mutations ponctuelles qui à partir d'un unique motif a construit la répétition observée. Après une définition unifiée du problème je dresserai un état de l'art d'après les papiers de Benson et Dong, 1999, Tang et al., 2001, Elemento et al. 2001, 2002, Jaitly et al. 2002.

Le deuxième problème envisagé est similaire mais dans le cas d'un ensemble de séquences représentant la même répétition en tandem issue de différents individus, populations ou espèces. Là, on veut tenir compte des variations (polymorphisme) de la répétition en tandem entre individus pour déduire les relations évolutives entre ces individus. Bérard et Rivals, 2002 proposent une approche d'alignement de ces répétitions en tenant compte en plus des événements mutationnels classiques, des événement de duplication et de contraction en tandem. L'algorithme développé calcule donc une distance entre individus. Je présenterai succinctement l'algorithme et évoquerai des résultats biologiques qui confirment que l'on peut distinguer un signal évolutif grâce à cette distance.