

HUGUES ROEST CROLLIUS

À LA POURSUITE DU GÉNOME PERDU

« Rien en biologie ne peut se comprendre si ce n'est à la lumière de l'évolution », explique Hugues Roest Crollius, citant le célèbre biologiste russo-américain Theodosius Dobzhansky (1900-1975), auteur de la théorie synthétique de l'évolution.

À 39 ans, Hugues Roest Crollius est responsable du groupe « Dynamique et organisation des Génomes », au sein du département Biologie de l'École normale supérieure de Paris. Cette équipe de spécialistes de la génomique des vertébrés s'efforce de mieux comprendre les différences génétiques apparues au cours de l'évolution qui distinguent aujourd'hui les espèces, afin entre autres de mieux connaître le génome humain.

« À l'origine, les vertébrés sont issus d'un lointain ancêtre commun : un poisson qui vivait il y a 450 millions d'années. Au cours de l'évolution, les mutations et la sélection naturelle ont engendré des modifications du génome en réponse à la nécessaire adaptation à de nouveaux environnements. Ces modifications ont permis à des espèces distinctes d'apparaître. » De telles études ont été possibles en particulier grâce au séquençage et à l'analyse du génome d'un poisson, *Tetraodon nigroviridis*, dont la particularité est de posséder le plus petit génome connu chez les vertébrés, une aventure à laquelle participe le jeune chercheur au Génoscope d'Evry entre 1997 et 2004.

L'ÉTUDE DU GÉNOME DE CE POISSON-MODÈLE A PERMIS DE RECONSTITUER LE GÉNOME ORIGINEL DE L'ANCÊTRE DES POISSONS...

L'étude du génome de ce poisson-modèle a notamment permis de reconstituer le génome originel de l'ancêtre des poissons, et donc de servir d'étalon pour mesurer les transformations des génomes qui ont abouti à la diversité des espèces chez les vertébrés. Et sa comparaison avec celui de l'homme a permis d'établir en 2000 que le nombre de gènes dans l'ADN humain était de 30 000, et non de 100 000 comme le pensaient les spécialistes.

« Aujourd'hui, un de nos programmes de recherches porte sur l'étude du rôle fonctionnel des séquences d'ADN dans le génome, détaille Hugues Roest Crollius. On sait que seul 1 % de notre ADN code pour des protéines. À quoi servent les 99 % restants ? C'est ce que nous cherchons à savoir par l'étude des séquences qui contrôlent l'expression des gènes. »



© CNRS Photothèque - Jean-François Dars.

SCIENCES DU VIVANT (SDV)

UNITÉ « RÉGULATION DE L'EXPRESSION GÉNÉTIQUE »
LABORATOIRE DYNAMIQUE ET ORGANISATION DES GÉNOMES (DYOGEN)
CNRS / ÉCOLE NORMALE SUPÉRIEURE
PARIS
<http://www.biologie.ens.fr/dyogen>

Pour en arriver là, notre lauréat a eu un parcours exemplaire. Néerlandais par son père et Français par sa mère, il a vécu cinq ans en Belgique et deux ans aux États-Unis, avant d'entreprendre des études de biologie à l'université de Bourgogne, puis à l'université Claude Bernard de Lyon. Sa maîtrise en poche, il part pour Londres à l'*Imperial Cancer Research Fund* (ICRF) et commence sa thèse. « Ce fut le déclic qui m'orienta vers la génomique. J'avais le sentiment de travailler dans un domaine d'avant-garde », raconte-t-il. Il y rencontre sa future épouse, une Britannique aujourd'hui aussi chercheuse au CNRS. En 1995, son directeur de thèse est nommé au Max-Planck Institut à Berlin. Il le suit et continue sa thèse en Allemagne. En 1997, désormais docteur, il entre au Génoscope, et au CNRS en 2001. En 2004, il quitte Evry pour Normale Sup. Et depuis la rentrée universitaire 2007, il donne des cours sur le génome humain, notamment sur son évolution et son exploitation en recherche biomédicale, à la faculté de médecine de l'université René Descartes à Paris.