



Évolution si le proton est instable

Évolution si le proton est stable

NASA, ESA, and The Hubble Heritage Team STS/AURA

✓ BIBLIOGRAPHIE

L. Krauss et R. Scherrer,
La fin de la cosmologie,
Pour la Science, n° 368, juin 2008.
<http://bit.ly/pls368-fin-cosmo>

L. Krauss et R. Scherrer,
**The return of a static universe
and the end of cosmology,**
General Relativity and Gravitation,
vol. 39, pp. 1545-1550, 2007.
<http://fr.arxiv.org/abs/0704.0221>

F. Adams et G. Laughlin,
**A dying universe : The long term
fate and evolution of astrophysical
objects,** *Review of Modern Physics*,
vol. 69, pp. 337-372, 1997.
[http://fr.arxiv.org/abs/
astro-ph/9701131](http://fr.arxiv.org/abs/astro-ph/9701131)

D. A. Dicus *et al.*, **Effects of proton
decay on the cosmological future,**
Astrophysical Journal,
vol. 252, pp. 1-9, 1982.
[http://cdsads.u-strasbg.fr/abs/
1982ApJ...252....1D](http://cdsads.u-strasbg.fr/abs/1982ApJ...252....1D)

F. Dyson, **Time without end :
Physics and biology in an open
universe,** *Reviews of Modern
Physics*, vol. 51, pp. 447-460, 1979.
[http://cdsads.u-strasbg.fr/abs/
1979RvMP...51..447D](http://cdsads.u-strasbg.fr/abs/1979RvMP...51..447D)

énergie de la matière. Pour les objets assez massifs (au-delà de 0,3 masse solaire), notamment les naines blanches, devenues des naines noires de fer en refroidissant, il existe une configuration plus compacte et d'énergie plus basse : les étoiles à neutrons. Ces dernières sont des boules principalement composées de neutrons stabilisés par la gravité (s'il se désintégraient en électrons et protons, ceux-ci se recombineraient immédiatement, car plusieurs électrons, comprimés par la gravité, ne peuvent occuper le même état quantique).

Là encore, le principe d'incertitude n'interdit pas que les 10^{56} ou 10^{57} atomes d'une naine noire, en principe répartis dans un rayon de quelques milliers de kilomètres, se retrouvent à un moment donné confinés dans une boule d'une vingtaine de kilomètres de diamètre. La naine noire s'effondrera alors en étoile à neutrons, en dissipant son énergie en une ultime bouffée de rayons X et de neutrinos. Mais ces événements seront rarissimes : le temps caractéristique d'effondrement d'une naine noire en une étoile à neutrons est estimé à... $10^{10^{76}}$ ans, un nombre presque unimaginable, dont le nombre de chiffres dépasse le nombre d'atomes contenus dans plusieurs dizaines de millions de galaxies !

Suivant le même processus, mais plus rapidement, une étoile à neutrons rési-

duelle s'effondrera à son tour en partie en un trou noir, qui se chargera alors d'engloutir assez vite le reste de l'étoile. En fait, il ne sera sans doute pas nécessaire d'attendre que les naines noires s'effondrent en étoiles à neutrons, car une petite portion d'une naine noire peut s'effondrer directement en trou noir.

Vestige ultime : de la poussière de fer

La principale difficulté est de savoir quelle est la masse minimale du trou noir ainsi formé qui permette d'accréter le reste du cadavre stellaire. Les plus petits trous noirs, de la masse de Planck (20 microgrammes), se forment en $10^{10^{26}}$ ans, mais ils s'évaporent trop vite pour faire leur œuvre. La masse minimale d'un trou noir qui finit par engloutir l'objet qui lui a donné naissance est sans doute comprise entre quelques kilogrammes et quelques milliards de tonnes, ce qui demande d'attendre un temps compris entre $10^{10^{38}}$ et $10^{10^{56}}$ années pour les voir se former. Il semble qu'après cela, c'en sera définitivement fini de l'évolution de l'Univers. Subsisteront encore des agrégats de fer trop petits pour se transformer en trou noir. Virtuellement indestructibles, ce seront les ultimes vestiges du monde tel que nous le connaissons. ■

Des livres à offrir ou à s'offrir

Nouveauté



Peut-on parler de mathématiques, de religion, de politique dans un même ouvrage ? Oui, et c'est le défi qu'ont relevé le mathématicien Jean-Michel Kantor et l'historien des sciences Loren Graham, du MIT.

Dans ce livre, on découvre comment les mathématiciens de l'École de Moscou, inspirés par la secte hérétique orthodoxe de l'Adoration du Nom, finissent par croire à l'existence des infinis de la théorie des ensembles qu'avaient commencé à explorer des mathématiciens français.

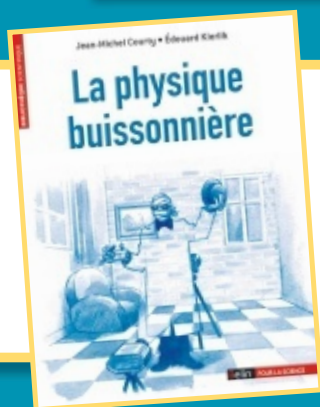
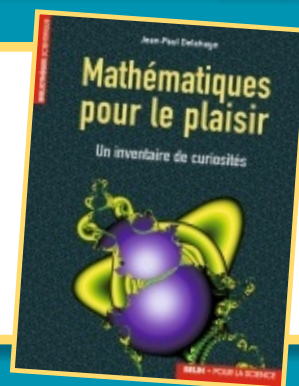
Ce livre touchera même ceux que les mathématiques laissent indifférents, voire effraient. Les auteurs éclairent les liens étroits entre la vie – avec ses plaisirs et ses drames – et l'œuvre de ces hommes et ces femmes qui ont marqué le XX^e siècle par leur créativité en mathématiques.

075107 • 288 pages • 24 euros

Les mathématiques sont faciles et s'y adonner est un plaisir. Les arts géométriques, les jeux de cartes, les jeux avec des dominos ou des damiers, la vie sociale et politique et ses subtiles stratégies, toutes ces activités sont mathématiques et souvent procurent des satisfactions... même à ceux qui clament ne pas aimer les mathématiques et y être « nuls ».

Les mathématiques ne se réduisent pas – heureusement – à ce qu'on nous en apprend à l'école. Partout présentes, elles sont une source de joie et d'épanouissement pour celui qui sait y consacrer un peu d'attention et d'esprit ludique.

075104 • 208 pages • 25 euros



Une plante plus rapide qu'une mouche, un tuyau qui parle, une cape qui rend invisible, etc. La nature est pleine de surprises pour qui veut bien s'aventurer hors des sentiers battus.

Passionnés de physique et curieux de sciences, Jean-Michel Courty et Édouard Kierlik vous invitent à une promenade sur ces chemins de traverse dans un langage accessible, simple et imagé. Retrouvez les meilleures de leurs chroniques parues dans *Pour la Science*.

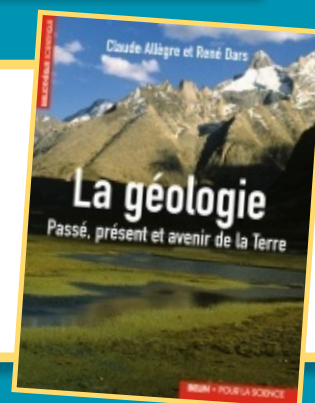
Avec eux, laissez-vous surprendre par un phénomène que vous avez déjà côtoyé sans même le remarquer. Suivez-les pour découvrir et comprendre cette physique du quotidien.

075105 • 160 pages • 22 euros

Aujourd'hui, la géologie, c'est la théorie de la tectonique des plaques, mais c'est aussi l'histoire de la Terre, son économie, ses ressources (pétrole, minerais, eau), ses humeurs (catastrophes naturelles), etc. Le passé, le présent et l'avenir de la Terre ne peuvent être examinés que par la géologie.

Découvrez cet ouvrage très illustré rédigé par Claude Allègre, ancien directeur de l'Institut de physique du Globe, et son collègue et ami René Dars.

075102 • 304 pages • 35 euros



Emmanuel Douzery et Frédéric Delsuc

Les horloges de l'évolution



Le temps laisse aussi son empreinte dans les molécules du vivant. Les biologistes exploitent ce phénomène, nommé horloge moléculaire, pour remonter le cours de l'évolution des organismes.

L'ESSENTIEL

✓ Des changements surviennent dans l'ADN et les protéines au cours du temps. Le rythme de leur apparition, relativement constant, constitue l'horloge moléculaire.

✓ Cette horloge permet de dater la divergence des groupes phylogénétiques.

✓ En « assouplissant » l'horloge, on tient mieux compte des variations du rythme d'évolution de l'ADN d'une espèce à une autre.

© Shutterstock/stephan kerkhofs, aquatic creature, Fernando Cortes, Anyka, Hua Chee Kong, Pour la Science

Dinosaures, ptérosaures, ammonites, bélemnites... Ces animaux ont disparu de la surface du globe il y a plus de 65 millions d'années. Comment le savons-nous ? Par une méthode éprouvée : la datation par isotopes radioactifs des terrains les plus récents dans lesquels leurs fossiles ont été découverts. On dispose ainsi d'un registre paléontologique qui s'étend jusqu'aux premières cellules, datées de 3,5 milliards d'années.

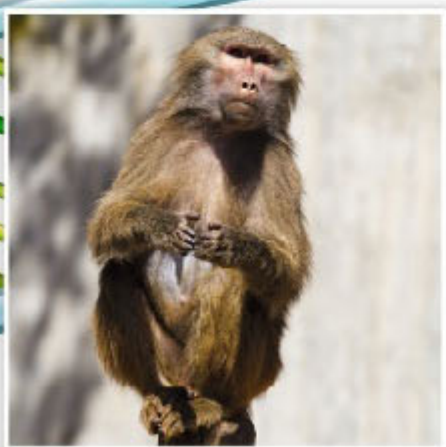
Le problème, c'est que les archives paléontologiques sont forcément incomplètes. Nous ne sommes jamais sûrs d'avoir mis au jour le plus vieux représentant d'un groupe donné. L'âge le plus reculé d'un groupe d'organismes n'est donc jamais certain. En outre, certains fossiles sont difficilement identifiables, et l'on ne peut les rattacher avec certitude aux lignées des organismes vivants actuels. Par ailleurs, beaucoup d'organismes ne se sont tout simplement pas fossilisés, notamment parce qu'ils n'étaient constitués que de tissus mous.

Aujourd'hui, pour décrire l'histoire de la vie, les spécialistes de l'évolution font

appel non seulement aux caractères morphologiques et anatomiques des organismes, mais aussi aux molécules, c'est-à-dire à l'ADN (du noyau cellulaire et des organites), aux ARN et aux protéines. L'étude de ces différents caractères permet de construire des arbres phylogénétiques.

Ces derniers sont constitués de branches, qui symbolisent l'évolution des lignées d'espèces, et de nœuds, qui désignent leurs ancêtres communs. Il en ressort deux types d'informations : les relations de parenté des organismes (deux lignées liées par un nœud sont étroitement apparentées), et leur « quantité d'évolution », représentée par la longueur des branches de l'arbre.

Sur ces arbres, nous pouvons remonter le temps et déterminer quand les groupes d'organismes ont divergé, en profitant d'un phénomène découvert dans les années 1960 : l'horloge moléculaire. Voyons comment elle fonctionne et comment on s'en sert.



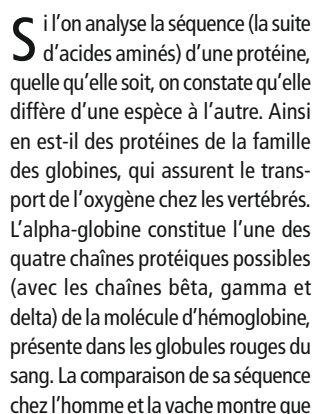
Les nucléotides et les acides aminés, les constituants respectifs de l'ADN et des protéines, changent naturellement dans les cellules. Or, en 1962, le biologiste austro-américain Emile Zuckerkandl et le biochimiste américain Linus Pauling, de l'Institut de technologie de Californie, proposèrent que ces changements se produisent au cours du temps à un rythme constant quelle que soit l'espèce. Ils avaient constaté que la séquence (la suite des acides aminés) d'une protéine, la globine, présente chez l'homme 18 différences comparée à celle du cheval. Ils connaissaient par ailleurs, d'après les fossiles, à quelle époque la branche menant aux primates s'était séparée de celle des périssodactyles, le taxon du cheval. Ils conclurent à l'existence d'une horloge moléculaire dont la valeur était égale à un certain nombre de changements d'acides aminés par million d'années ; ils définirent ainsi un taux d'évolution. Ce principe pouvait être généralisé à d'autres espèces (voir l'encadré page 104).

Un chronomètre dans l'ADN

Admettons que les substitutions de nucléotides dans l'ADN, et d'acides aminés dans les protéines, apparaissent à un rythme constant, quelle que soit l'espèce : c'est l'hypothèse de l'horloge moléculaire globale, ou stricte, proposée par Zuckerkandl et Pauling. Il devient alors possible de déduire une date de séparation des lignées des deux espèces du nombre de changements moléculaires les distinguant – ou divergence moléculaire. Cela revient à estimer l'âge de leur dernier ancêtre commun. Dans certains cas, on retrouve la tranche d'âges établie à l'aide des fossiles. Dans d'autres, lorsque les archives fossiles sont restreintes ou absentes, on comble, en utilisant cette méthode, un vide dans l'histoire de l'évolution.

Par exemple, les plus proches parents des oiseaux, dans la nature actuelle, sont les crocodiliens. Or une protéine nommée alpha-globine diffère de 28 pour cent entre le poulet et l'alligator. Dans

1. L'HORLOGE MOLÉCULAIRE correspond au nombre de changements survenant dans une molécule au cours d'un temps donné. Associée à la description des relations de parenté entre organismes (de haut en bas, un ver plat, une mouche, une grenouille et un singe), elle permet de dater le moment où ces lignées ont divergé.



17 acides aminés sur 141 différent, ce qui représente 12 pour cent de divergence (*ci-dessus*). Comparée à l'alpha-globine de l'ornithorynque, du poulet, de la carpe et du requin, celle de l'homme diverge de 27, 30, 50 et 56 pour cent, respectivement.

L'horloge moléculaire repose sur le nombre de changements d'acides aminés qui se produisent au cours du temps. Pour étalonner cette horloge, il faut faire appel au registre fossile des vertébrés. Par exemple, le dernier ancêtre commun connu des

lignées de la vache et de l'homme sont vieux d'environ 75 millions d'années ; celui des lignées du requin et de l'homme a environ 430 millions d'années. En plaçant les différents ancêtres communs sur une échelle de temps, on peut dater les nœuds d'un arbre phylogénétique décrivant les relations de parenté entre les six espèces (*ci-contre, a*).

En représentant l'âge de l'ancêtre commun connu (*en abscisses*) en fonction du pourcentage de divergence de l'alpha-globine de l'homme

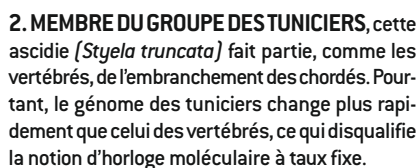
vis-à-vis des cinq autres espèces (*ci-contre, b, en ordonnées*), on constate que la divergence augmente avec le temps. La valeur de l'horloge, quant à elle, reste, en moyenne, constante durant 500 millions d'années (*droite verte*) : elle est ici de 0,125 pour cent par million d'années. Comme il s'agit d'une moyenne, il existe des écarts avec les âges de certains ancêtres communs estimés d'après les fossiles (*flèches rouges*).

l'hypothèse de l'horloge globale, l'âge de la séparation des deux lignées, donc l'âge de leur dernier ancêtre commun, peut être calculé, sachant que 0,125 pour cent de changements surviennent par million d'années. Il serait ici de $28/0,125$, soit 224 millions d'années. Les archives fossiles, quant à elles, font remonter les archosaures, les ancêtres des crocodiliens et des oiseaux, à environ 250 millions d'années.

En pratique, l'utilisation de l'horloge moléculaire se révèle compliquée. Il est d'abord difficile, contrairement aux apparences, de déterminer exactement le degré de divergence d'une séquence moléculaire entre deux espèces. En effet, dans la molécule d'ADN, un nucléotide remplace d'autant plus facilement un autre nucléotide qu'il appartient à la même famille chimique (les bases puriques ou les bases pyrimidiques). De même, dans une protéine, un acide aminé hydrophobe est remplacé plus souvent par un autre de même propriété chimique – une glycine par une valine, par exemple – que par un acide aminé hydrophile, telle une sérine. Il

faut donc corriger les estimations de degré de divergence à l'aide de modèles de probabilité appropriés.

Deuxièmement, tous les changements de séquences ne sont pas détectés puisqu'un même site, dans une molécule, peut changer de multiples fois au cours de l'évolution, seul l'état final de la séquence étant observé. On risque donc de sous-estimer le taux de divergence moléculaire, et donc de faire passer une séparation



de deux lignées pour plus récente qu'elle ne l'a été en réalité.

Plus problématique, l'hypothèse de l'horloge moléculaire globale ne tient pas si on la confronte à la réalité. Ainsi, lorsque nous construisons les arbres phylogénétiques des rongeurs et des primates, nous constatons que, pendant un même laps de temps, les génomes du rat et de la souris ont plus changé que ceux de l'homme et du chimpanzé. De même, à une plus grande échelle taxonomique, l'ADN mitochondrial et nucléaire des tuniciers (violets, ciones, ascidies) change plus rapidement que celui de leurs plus proches parents, les vertébrés.

Ces disparités du rythme d'évolution des génomes ont des causes multiples. Citons, par exemple, la plus ou moins grande efficacité de la réparation de l'ADN (des espèces qui réparent mal leurs mutations évoluent plus vite), et la fréquence de la reproduction (des espèces qui se reproduisent plus fréquemment que d'autres sont sujettes à plus de mutations).

De surcroît, au sein d'une même espèce, différents gènes ou protéines peuvent évoluer à des vitesses différentes. En règle générale, plus une molécule est importante pour le fonctionnement de l'or-

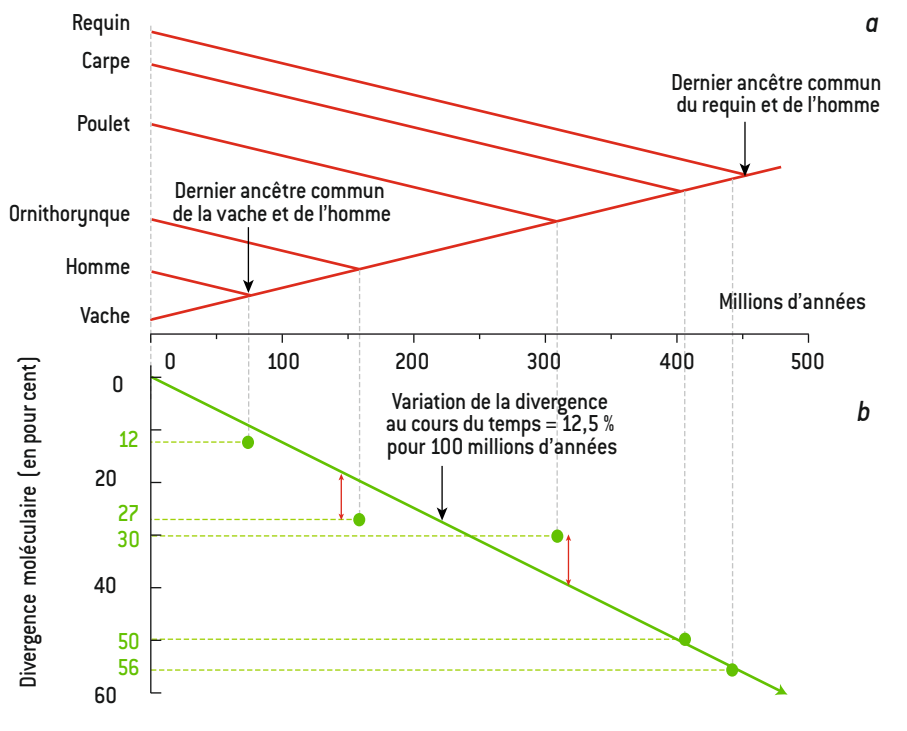
LES AUTEURS



Emmanuel DOUZERY, enseignant-chercheur à l'Université de Montpellier 2, dirige l'Équipe de phylogénie moléculaire, où Frédéric DELSUC est chargé de recherche CNRS, à l'Institut des sciences de l'évolution de Montpellier (UMR 5554 CNRS).

✓ SUR LE WEB

<http://www.timetree.org/>



ganisme, moins elle évolue vite. Par exemple, les histones, protéines liées à l'ADN, évoluent très lentement, tandis que les globines, protéines impliquées dans le transport de l'oxygène, et les fibrinopeptides, qui interviennent dans la coagulation sanguine, changent plus rapidement. Il n'existe donc pas une, mais des horloges moléculaires, selon la molécule étudiée... C'est un avantage : lorsque le taux d'évolution de la protéine est important, l'horloge représente un sablier utilisable pour étudier les courtes périodes ; lorsque le taux est faible, elle peut être l'équivalent d'horloges isotopiques pour les longues durées.

Assouplir l'horloge

Toutefois, dès que l'on veut comparer une même molécule dans différentes lignées, on est confronté à la disparité des vitesses d'évolution moléculaire selon les espèces. Depuis quelques années, les biologistes ont mis au point des méthodes qui prennent en compte ces variations : celle des horloges locales, et celle des horloges assouplies, ou relâchées.

La première méthode suppose que les changements moléculaires se produisent à taux constant sur certaines parties de l'arbre

phylogénétique, celles reliant les groupes les plus proches – donc sur une période de temps donnée, de quelques millions d'années par exemple –, mais que leur rythme varie dans d'autres régions de l'arbre ou à de plus grandes échelles de temps. Il est cependant difficile de délimiter précisément les régions de l'arbre évoluant au même rythme, ainsi que le nombre de régions distinctes.

Les spécialistes préfèrent utiliser aujourd'hui une deuxième méthode, proposée en 1997 par Michael Sanderson, de l'Université de Californie à Davis, et développée depuis sous diverses formes. Elle présuppose que les vitesses d'évolution ne varient pas trop brusquement le long des branches d'un arbre phylogénétique. En effet, le taux d'évolution d'une branche de l'arbre phylogénétique est proche de celui de la branche dont elle descend.

Autrement dit, le taux de la branche parentale et celui des branches filles sont, en moyenne, identiques, comme dans le cas de l'horloge globale, mais avec des variations. Dès lors, le taux moyen peut prendre *a priori* une infinité de valeurs possibles. Heureusement, des méthodes mathématiques permettent de choisir des valeurs telles que la variation entre deux

Trois critères de fiabilité

Dater l'émergence des espèces à l'aide des horloges moléculaires requiert au moins trois conditions.

✓ Premièrement, il faut incorporer à l'analyse suffisamment d'espèces. On détecte ainsi davantage de substitutions de nucléotides ou d'acides aminés, notamment les changements qui se sont produits à plusieurs reprises sur le même site moléculaire.

✓ Deuxièmement, comme ce sont les fossiles qui nous fournissent les références de temps nécessaires, il est prudent d'utiliser plusieurs sources paléontologiques indépendantes de façon à disposer de plusieurs étalonnages des intervalles d'évolution.

✓ Troisièmement, plusieurs gènes ou protéines indépendants doivent être inclus dans les analyses. Avec un large échantillonnage, les datations moléculaires dépendent moins des particularités évolutives d'un gène ou d'une protéine.

Pour déterminer l'âge du dernier ancêtre commun des animaux et des champignons, on a comparé 30 399 sites d'acides aminés de 129 protéines chez 21 eucaryotes (a) : 15 animaux (dont un mammifère), cinq champignons et un choanoflagellé, unicellulaire à flagelle et collerette.

Cette comparaison permet de construire un arbre phylogénétique (b) représentant les relations de parenté entre groupes d'organismes et la « quantité d'évolution » de chaque branche. Cette quantité correspond au nombre de substi-

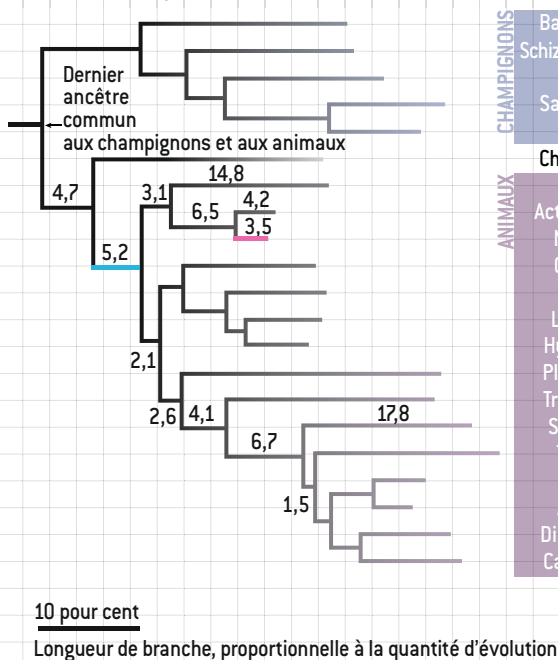
tutions d'acides aminés qui se sont produites depuis la séparation avec la branche la plus proche. Ainsi, sachant que 1 064 différences d'acides aminés sur les 30 399 sites ont été trouvées dans la branche mammifères par rapport à toutes les autres, la quantité d'évolution de cette branche vaut 3,5 substitutions pour 100 sites d'acides aminés (1 064/30 399, *trait rose*).

On ignore jusque-là sur quel intervalle de temps s'est produite l'évolution de chaque branche. Pour le savoir, on tire parti de ce que la quantité d'évolution est équivalente

au produit du taux de substitution d'acides aminés par la durée de la branche correspondante (c). Grâce à la méthode de l'horloge assouplie, on fait une hypothèse sur le taux moyen d'évolution d'une branche. On peut alors déduire sa durée. Par exemple, la branche menant aux bilatériens (*trait bleu*) a une quantité d'évolution de 5,2 pour cent (b). Tablant sur un taux moyen d'évolution de 0,034 substitution pour 100 sites et par million d'années (*en jaune*), on calcule que la durée de cette branche est : $5,2/0,034$, soit environ 154 millions d'années.

En construisant l'arbre, on trouve petit à petit l'âge de ses différents nœuds, avec une incertitude (*rectangles*) dont la grandeur dépend de l'hypothèse faite sur chaque taux d'évolution. Ainsi, en ajoutant les 154 millions d'années calculés précédemment à l'âge du nœud des bilatériens, il y a 695 millions d'années, on établit que la branche menant aux bilatériens a débuté il y a environ 849 millions d'années. La calibration de l'arbre à l'aide de fossiles d'âges connus (c, *étoiles*) permet d'orienter et de recalculer cette remontée du temps.

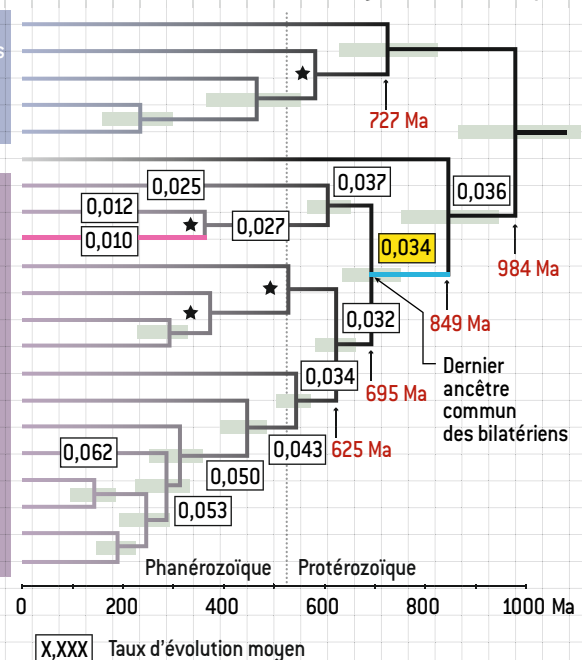
b • Variation pour 100 acides aminés



a • Groupes



c • Variation en fonction du temps



BIBLIOGRAPHIE

E.J.P. Douzery (sous la dir. de), *Phylogénie moléculaire*, dans *Biologie évolutive*, F. Thomas, T. Lefèvre et M. Raymond (sous la dir. de), De Boeck, 2010.

E.J.P. Douzery, F. Delsuc et H. Philippe, *Les datations à l'heure de la génomique*, *Médecine Sciences*, n° 4, vol. 22, pp. 374-380, 2006.

D. Bottjer, *À l'aube de la complexité animale*, *Pour la Science*, n° 335, septembre 2005.

branches consécutives soit la plus petite possible. Autrement dit, l'horloge moléculaire est assouplie pour admettre des variations de taux d'évolution, mais à partir de critères mathématiques qui attribuent des pénalités aux variations trop grandes.

Illustrons cette méthode en examinant la divergence des principaux rameaux d'animaux et de champignons (*voir l'encadré ci-dessus*). D'après la découverte, en 2004, de fossiles dans la formation de Doushantuo, dans le Sud de la Chine, les animaux actuels à symétrie bilatérale (ayant des orientations avant-arrière, gauche-droite, et dorso-ventrale), ou bilatériens, sont apparus il y a 600 millions d'années. Un grand nombre de fossiles témoignent du fait que les bilatériens se sont diversifiés au début du Cambrien, il y a environ 540 millions d'années, un phénomène connu sous le nom d'explosion cambrienne.

Selon les datations moléculaires réalisées dans les années 1990 et 2000 à l'aide de diverses approches de l'horloge moléculaire, l'âge de l'ancêtre des bilatériens serait compris entre 573 et 1 200 millions d'années. Pour y voir plus clair, avec Hervé Philippe, de l'Université de Montréal, nous avons comparé les séquences de 129 protéines de 21 eucaryotes actuels.

Les bilatériens remis à l'heure

La reconstruction de l'arbre phylogénétique correspondant a confirmé que le taux d'évolution varie beaucoup selon les groupes (*ci-dessus, b*). Ainsi, les protéines considérées changent deux à trois fois plus chez les vers nématodes (par exemple, les Tylenchidés) que chez les mammifères. Impossible donc de dater les

âges de divergence des branches avec une horloge moléculaire globale. Nous avons donc eu recours à l'horloge moléculaire assouplie. En faisant une hypothèse sur le taux d'évolution des protéines le long de chacune des branches de l'arbre, on peut déduire de proche en proche l'âge des nœuds de l'arbre, avec toutefois une incertitude plus ou moins grande (*ci-contre, c*).

Nous sommes arrivés à trois conclusions : la diversification des bilatériens date d'il y a 695 millions d'années (entre 642 et 761 millions) ; les animaux se sont séparés de leurs plus proches parents unicellulaires – les choanoflagellés – il y a 849 millions d'années (entre 761 et 957 millions) ; la séparation entre animaux et champignons est vieille de 984 millions d'années (873 à 1 127 millions). Les animaux bilatériens actuels se seraient donc diversifiés au moins 100 millions d'années avant l'explosion cambrienne.

Un tel décalage reflète sans doute la présence de lacunes dans le registre fossile, les premiers bilatériens ayant été probablement des animaux à corps mou qui n'ont pas été fossilisés. On voit là que la méthode moléculaire fournit des informations complémentaires de celles issues des données fossiles.

Les horloges assouplies peuvent être appliquées à de plus courtes échelles de temps. Ainsi, le registre fossile suggère que beaucoup de mammifères placentaires actuels sont apparus après la transition Crétacé-Tertiaire, il y a 65 millions d'années. Or des études de datation moléculaire ont suggéré que l'origine des quatre rameaux majeurs de placentaires – auxquels appartiennent respectivement l'éléphant, le tatou, l'homme et le chien – remonte au Crétacé, il y a 100 millions d'années. La paléontologie et la biologie moléculaire doivent poursuivre leur dialogue afin de mieux cerner l'époque d'apparition du groupe auquel nous appartenons...

En parallèle, les chercheurs tentent d'améliorer encore les modèles d'horloges assouplies. Actuellement, par exemple, ces modèles ne décrivent que des changements graduels et se produisant sur de longues durées, ce qui permet de tabler sur des taux moyens couvrant plusieurs branches consécutives. Ils ne peuvent décrire les changements soudains ou épisodiques de taux d'évolution. Certains modèles issus de l'économie pourraient être adaptés à cette fin.

N'oublions pas enfin que les horloges moléculaires sont tributaires de calibrations paléontologiques fiables. Si un groupe d'organismes est dépourvu de fossiles, le taux d'évolution correspondant est extrapolé sur de plus grandes distances évolutives à partir de groupes d'organismes voisins pour lesquels on dispose de fossiles. On augmente alors l'incertitude sur le moment où cette lignée a divergé de la branche parente. En revanche, même si les âges fournis par les horloges moléculaires sont parfois empreints d'incertitude, ils aiguillent les recherches en indiquant des fourchettes temporelles dans lesquelles l'origine et la diversification des êtres vivants ont le plus de chance de se trouver.

Un éditeur pour le développement

Sociétés, environnements, santé
N. VERNAZZA-UCHI, M.-E. GRUENAI, D. BLEY
364 p. 38 €

L'énergie dans le développement de la Nouvelle-Calédonie
Y. LE BARS, E. FAUGÈRE, P. MENANTEAU, B. MULLON, A. RIEDACKER, S. VELUT
472 p. 15 €

La dengue dans les départements français d'Amérique
R. CORRIVEAU, B. PHILIPPON, A. YÉBAKIMA
208 p. 15 €

Le Rift est-africain
B. HIRSCH, B. ROUSSEL
424 p. 45 €

En vente dans toutes les librairies et par correspondance : IRD Diffusion
32, av. Varagnat - F 93143 Bondy cedex
Tél : 01 48 02 56 49 Fax : 01 48 02 79 09
diffusion@ird.fr
www.ird.fr

Au rythme du jour et des saisons

P. Bourgin, É. Challet, M.-P. Felder-Schmittbuhl et V. Simonneaux

L'horloge centrale synchronisée par la lumière est localisée dans une petite aire cérébrale. De nombreuses horloges secondaires sont situées dans différents organes. Toutes ces horloges interagissent, garantissant des cycles d'éveil et de sommeil calés sur 24 heures.

L'ESSENTIEL

✓ L'horloge centrale est située dans le cerveau, précisément dans les noyaux suprachiasmatiques.

Elle est contrôlée par la lumière du jour.

✓ La mélanopsine est un pigment de la rétine sensible à la lumière. Son activation déclenche une chaîne de signaux aboutissant à l'expression de « gènes d'horloge ».

✓ En plus de l'horloge centrale, il existe plusieurs horloges secondaires, par exemple celle qui commande la production d'insuline ; elles sont toutes synchronisées.

✓ La mélatonine joue un rôle essentiel dans la synchronisation de l'horloge circadienne, mais aussi dans la reproduction.

Bonjour. Pourquoi viens-tu d'éteindre ton réverbère ?

– C'est la consigne, répondit l'allumeur. Bonjour.

– Qu'est-ce que la consigne ?

– C'est d'éteindre mon réverbère. Bonsoir.

Et il le ralluma.

– Mais pourquoi viens-tu de le rallumer ?

– C'est la consigne, répondit l'allumeur.

– Je ne comprends pas, dit le petit prince.

– Il n'y a rien à comprendre, dit l'allumeur. La consigne c'est la consigne. Bonjour.

Antoine de Saint-Exupéry, Le Petit Prince

L'horloge interne de l'allumeur de réverbère était sans doute bien perturbée ! Tous les organismes, de l'algue unicellulaire aux primates, sont soumis à des rythmes circadiens, dont la précision et la stabilité sont liées à l'existence d'une horloge interne. De nombreuses activités sont concernées : la prise alimentaire, la température corporelle, les sécrétions hormonales ou surtout l'alternance de la veille et du sommeil.

Ces rythmes physiologiques ont longtemps été considérés comme des réponses passives aux changements de l'environnement, en particulier au lever et au coucher du soleil. En 1729, le Fran-

çais Jean-Jacques Dortous de Mairan est probablement le premier à avoir montré que cette rythmicité est endogène, en observant que les feuilles de *Mimosa pudica* s'ouvrent et se ferment selon un rythme d'environ 24 heures, même lorsque la plante pousse dans l'obscurité. En 1832, le naturaliste suisse Augustin Pyrame de Candolle montra que les rythmes des plantes maintenues en conditions constantes de lumière ou d'obscurité ne suivent pas ce rythme, suggérant que des éléments externes permettent de caler l'horloge sur des rythmes de 24 heures.

L'horloge centrale

En effet, ces rythmes biologiques dits circadiens (du latin *circa*, autour, et *dies*, jour) sont proches de 24 heures. Chez l'homme, le rythme veille-sommeil dans l'obscurité se maintient aux environs de 24 heures, mais se décale progressivement de jour en jour. Il existe donc des facteurs extérieurs, dont le principal est la lumière, qui synchronisent les rythmes biologiques pour les caler sur 24 heures. Ces synchronisations nous permettent d'être éveillés durant la journée et de dormir pendant la nuit.