

ils proviennent simplement du sommet de cette branche.

Pourquoi, alors, l'équipe n'a-t-elle pas inclus une étude phylogénétique dans l'article annonçant que les fossiles appartenaient à une nouvelle espèce ? Pour comprendre comment des organismes sont reliés les uns aux autres, les biologistes de l'évolution utilisent la cladistique, une méthode pour définir des clades, c'est-à-dire des classes d'organismes partageant avec un ancêtre commun un certain nombre de traits : les caractères ancestraux.

Le problème est que la cladistique n'est applicable que si les caractères ancestraux sont observables chez tous les organismes censés appartenir au clade. Or les énormes biais de fossilisation ont produit que les fossiles humains, souvent réduits à un fragment de squelette, représentent très incomplètement l'organisme dont ils sont issus. Les paléanthropologues ont tendance à fonder leurs analyses cladistiques sur des caractéristiques observées sur des crânes et des dents ; des crânes parce que leur forme varie beaucoup chez les hominidés, de sorte qu'ils sont considérés comme bien caractéristiques des espèces ; et des dents parce que ce sont les fossiles les plus fréquents. Pour les périodes anciennes, les autres os du squelette ne sont en général pas découverts en association avec un crâne ou des dents, de sorte qu'il peut être difficile de les attribuer à une espèce définie par des fossiles crâniens seulement. En outre, les restes fossiles étant en général incomplets, un élément connu chez une espèce est souvent absent chez une autre.

De fait, certains des traits clés d'*H. naledi* – dont ses ensembles presque complets d'os de la main et du pied – ne sont que partiellement représentés dans les témoignages fossiles d'autres espèces humaines, telles qu'*H. erectus* et *H. habilis*, ou même ne sont pas représentés du tout. En l'absence d'ossements avec lesquels on pourrait comparer leurs fossiles postcrâniens, les chercheurs ont dû se contenter d'appliquer la cladistique aux traits crâniens ; toutefois, certains des résultats ainsi obtenus sont dénués de sens, ce qui suggère qu'*H. naledi*, malgré ses nombreuses caractéristiques primitives, est plus étroitement apparenté à *H. sapiens* qu'au beaucoup plus ancien *H. erectus*.

Pour Lee Berger, cette expérience montre une fois de plus que les arbres de parenté

fondés sur les données provenant d'une seule région anatomique, tels le crâne ou les dents, ne sont pas fiables.

Lee Berger reste persuadé qu'*H. naledi* va « secouer » l'arbre de parenté du genre *Homo*, mais n'attend pas de ses pairs qu'ils le croient sur parole. Rompant avec les habitudes du milieu paléanthropologique, il a rendu les fossiles de Rising Star disponibles à tout chercheur en mettant en ligne sur le site MorphoSource des scanographies en trois dimensions de 91 os cruciaux ; et cela, le jour de la publication sur *eLife*. La résolution des images n'est pas encore assez élevée pour rendre possible des recherches originales, « mais elle l'est assez pour vérifier ce que nous disons », affirme Lee Berger.

« Il est très positif que les gens aient accès aux fossiles ; les plaintes ne sont que du bruit », fait remarquer David Strait, de l'université Washington à Saint Louis. Il rappelle à ce propos un article écrit par Tim White en 2000, où il écrivait qu'étant donné le vif intérêt du grand public pour les origines de l'homme, les paléanthropologues ont le devoir particulier d'obtenir des résultats justes. « C'est complètement faux, s'insurge-t-il. Bien entendu, nous devons nous efforcer de travailler correctement, mais la science avance par réfutations d'hypothèses. Nous restreignons le champ des passés possibles, mais il peut toujours se produire que de nouvelles données changent notre vision. » En mettant ses données à la disposition de ses collègues, Lee Berger leur offre la possibilité de le contredire.

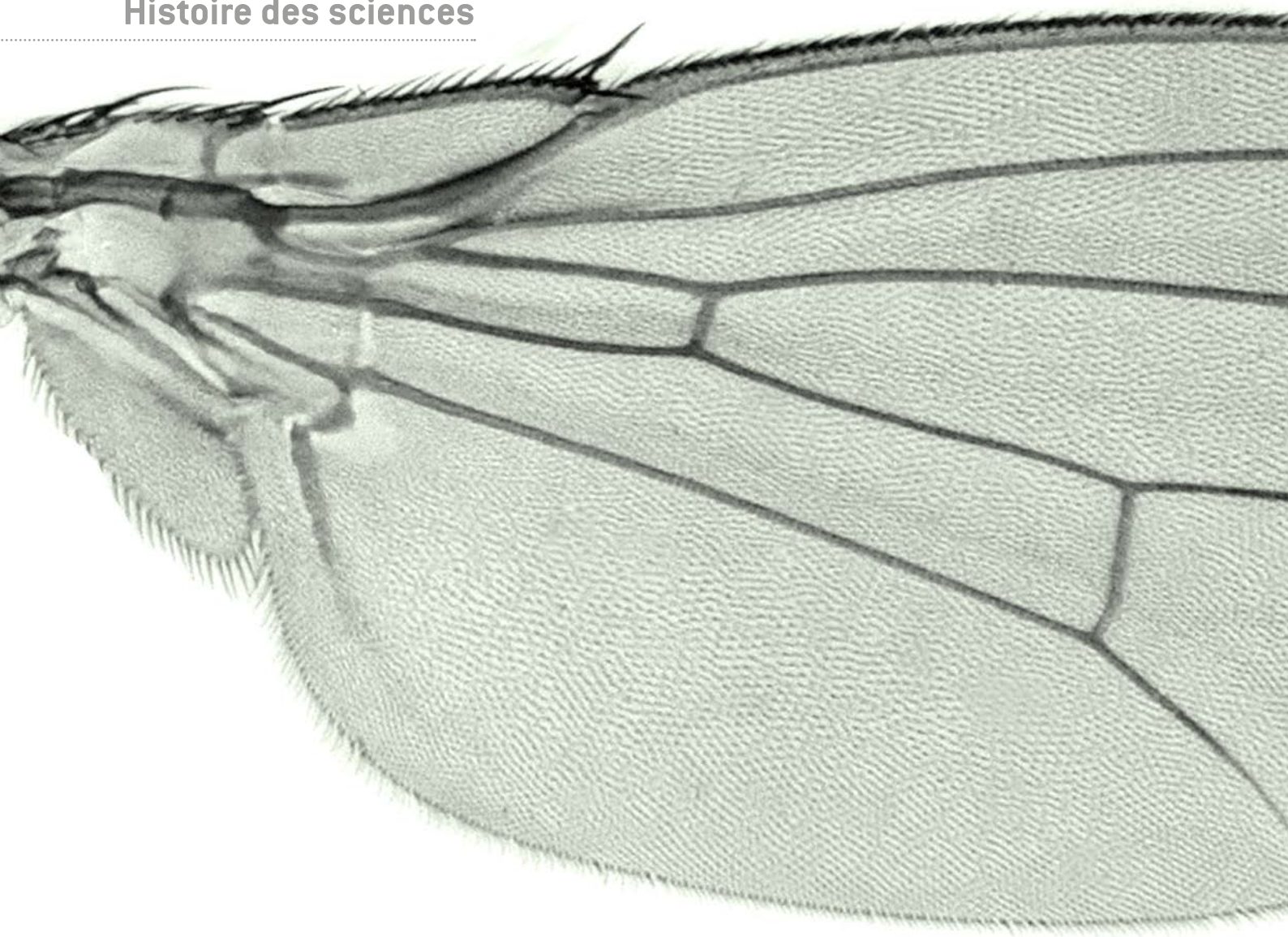
Le spectacle doit continuer

À Rising Star, les fouilles vont se poursuivre, avec ou sans l'approbation des mécontents. Les géologues s'affairent à reconstituer l'histoire de la grotte, les fouilleurs extraient des fossiles supplémentaires, les biologistes moléculaires tentent d'extraire de l'ADN. Et les chasseurs de fossiles cherchent d'autres pistes. « *H. naledi* devrait déclencher la plus grande ère d'exploration jamais vue », déclare Lee Berger avec sa ferveur caractéristique. Et de nous annoncer que des découvertes de « plus d'un » nouveau site ont déjà été faites ; et qu'elles font « battre son cœur aussi vite que Rising Star l'a fait ». Le spectacle va continuer ! ■

■ BIBLIOGRAPHIE

L. R. Berger *et al.*, *Homo naledi*, a new species of the genus *Homo* from the Dinaledi chamber, South Africa, *eLife*, article n° 09560, en ligne le 10 septembre 2015.

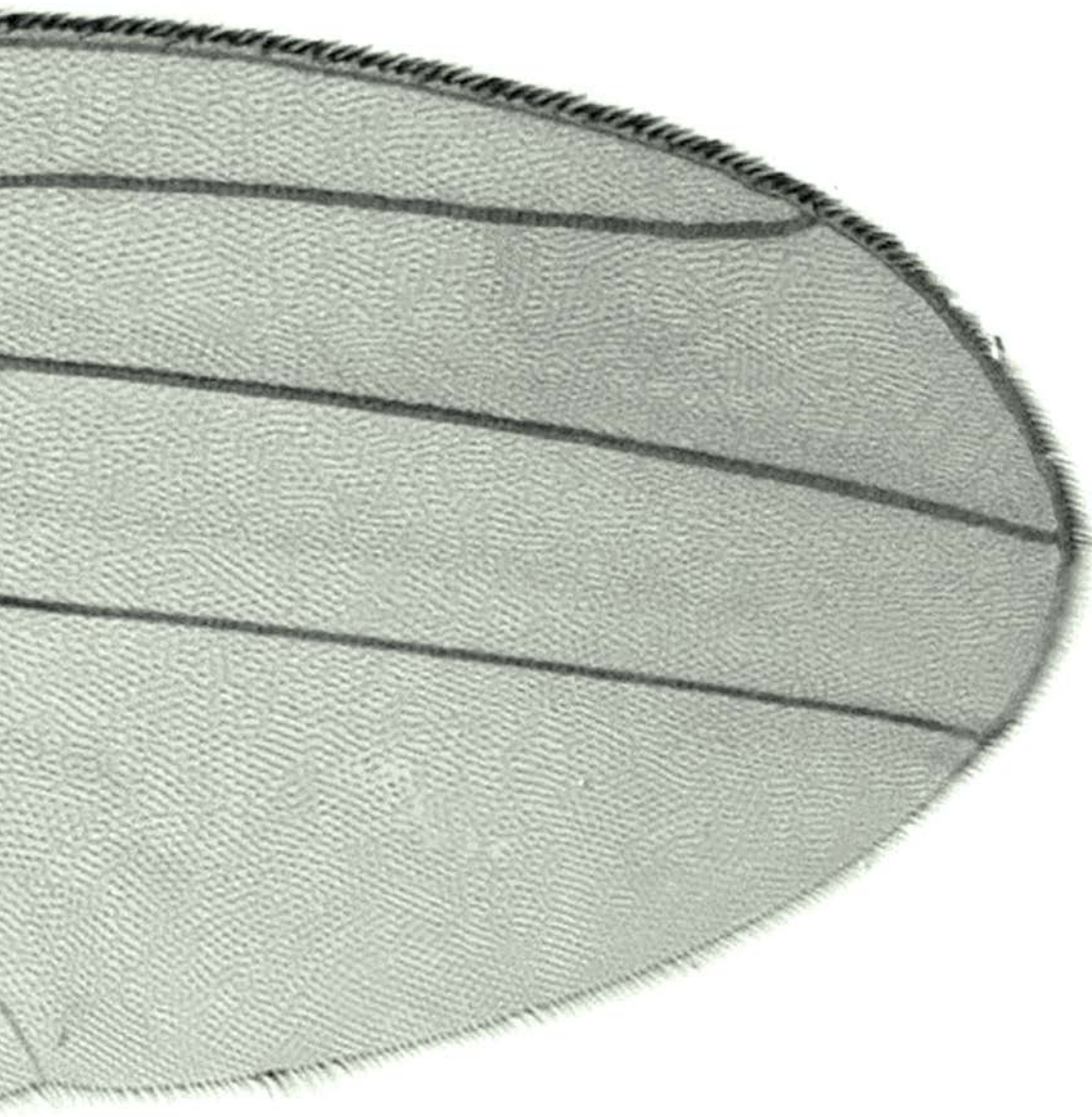
P. H. G. M. Dirks *et al.*, *Geological and taphonomic context for the new Hominin species Homo naledi* from the Dinaledi chamber, South Africa, *eLife*, article n° 09561, en ligne le 10 septembre 2015.



COMMENT LA MOUCHE A PERDU SON AILE... ET LA RUSSIE SA DÉCOUVERTE

Stéphane Schmitt

Une seule mutation, et les ailes de la drosophile deviennent des balanciers. Découvertes il y a un siècle, les mutations de ce type ont mis deux chercheurs russes sur la voie de la compréhension du rôle des gènes dans l'embryogenèse et l'évolution. Mais la politique s'en est mêlée...



L'ESSENTIEL

- En 1915, le généticien américain Calvin Bridges observa une curieuse mutation chez une mouche : une deuxième paire d'ailes.
- D'autres mutations furent découvertes, telles que des balanciers à la place des ailes ou des pattes à la place des antennes.
- Deux généticiens russes y virent un moyen de comprendre le fonctionnement des gènes et leur rôle dans l'évolution et le développement.
- Avortées à cause de la politique stalinienne, leurs recherches préfigurèrent néanmoins une discipline majeure en biologie, l'« évo-dévo ».

Voici un siècle, une curieuse découverte eut lieu à l'université Columbia de New York, dans le laboratoire de Thomas Morgan. Ce dernier, l'un des fondateurs de la génétique, avait choisi depuis quelques années un nouveau modèle animal, la drosophile, et, aidé de quelques assistants, il cherchait à identifier chez cette petite mouche toutes les mutations possibles, afin d'en étudier la transmission héréditaire.

À l'époque, on ne connaissait pas encore l'ADN, le support matériel des gènes. Mais Morgan pensait, avec d'autres, que les facteurs héréditaires, déjà nommés gènes, étaient disposés le long des chromosomes – ce réseau filamenteux découvert une quarantaine d'années plus tôt dans le noyau des cellules. Il cherchait donc à établir une cartographie précise des mutations – et par conséquent des gènes qu'elles affectaient – sur les différents chromosomes de la drosophile. Pour cela, il répertoriait toutes les mutations connues, puis effectuait des croisements entre les mouches mutantes obtenues et des mouches normales. Son idée était que plus deux mutations étaient proches sur un chromosome, plus elles avaient de chance d'être transmises ensemble à la descendance. En analysant la transmission des mutations deux à deux, il évaluait ainsi la distance qui les séparait sur les chromosomes.

© Martin Hauser-Phycus

À partir des années 1910, ce qu'on appela le «labo des mouches» a ainsi identifié et localisé des centaines de mutations. Certaines affectaient la couleur des yeux, d'autres la forme des ailes, d'autres encore la disposition des soies... Mais le 22 septembre 1915, l'un des assistants de Morgan, Calvin Bridges, observa «un nouveau caractère de nature surprenante». Le thorax de la drosophile concernée semblait dédoublé: au lieu d'avoir une seule paire d'ailes (comme c'est le cas chez les diptères), la mouche en possédait deux, même si la seconde était plus petite et tordue. Il nomma cette mutation *bithorax*.

À y regarder de plus près, il ne s'agissait pas exactement d'un dédoublement, mais d'une transformation d'une partie du thorax en une autre: alors que, chez une drosophile normale, seul le deuxième des trois segments du thorax porte des ailes, le troisième segment des individus *bithorax* en arborait aussi, à la place des balanciers habituels (de petites structures qui aident à la stabilisation lors du vol). En d'autres termes, le troisième segment s'était transformé en un autre deuxième segment.

Les mutations de ce type, provoquant la transformation d'une partie de l'organisme en une autre, ont été qualifiées par la suite d'«homéotiques», et de nombreux autres cas ont été mis en évidence à partir des années 1920. Très vite, des biologistes virent en elles un modèle de choix pour étudier, d'une part, le fonctionnement des gènes dans le développement et, d'autre part, les modalités de l'évolution des espèces.

Cette idée était appelée à un brillant avenir. Aujourd'hui encore, cette approche, que l'on nomme la biologie évolutive du développement ou l'«évo-dévo», est l'un des champs de recherche les plus actifs des sciences de la vie. Pourtant, son histoire n'a pas été linéaire. Ni Morgan ni Bridges

n'avaient pressenti l'intérêt des mutations homéotiques, et si des savants russes eurent dès 1929 l'idée de les utiliser pour relier le développement des individus et l'évolution des espèces, ils durent rapidement abandonner leurs recherches en raison du contexte politique.

Une antenne à la place d'un œil

Dès la fin du XIX^e siècle, avant l'émergence de la génétique, certains scientifiques s'étaient intéressés aux transformations d'un organe en un autre. En 1894, le biologiste anglais William Bateson, cherchant à comprendre la manière concrète dont les espèces évoluaient, avait mis en cause le scénario, privilégié par Darwin, d'une évolution très lente et graduelle. Convaincu que, au contraire, il se produisait parfois d'importantes discontinuités dans l'évolution, il avait entrepris de recenser toutes les anomalies observées dans la nature. Parmi elles, il avait accordé une attention particulière aux remplacements d'organes.

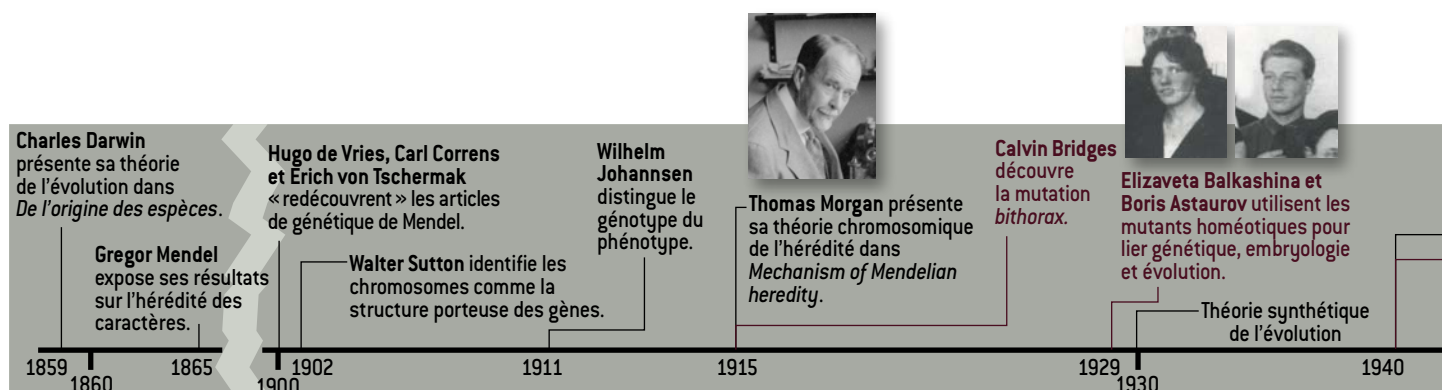
Par exemple, il avait relevé un cas de transformation d'antenne en patte chez un insecte, ou d'œil en antenne chez un crustacé. Pour décrire ce phénomène, il avait introduit le terme «homéose», dérivé de *homoios* – «semblable» en grec –, afin d'insister sur le fait que les deux structures, remplacée et remplaçante, présentaient une similitude fondamentale. Ces cas, selon lui, donnaient une idée des «sauts évolutifs» qui avaient eu lieu au cours de l'histoire des espèces.

Cependant, Bateson ne poursuivit pas ses recherches dans cette direction et il se tourna, après 1900, vers la génétique naissante. Pour autant, le concept d'homéose ne fut pas oublié. D'autres biologistes le récupérèrent et l'étudièrent d'un tout autre point de vue. Ils portèrent leur attention non

■ L'AUTEUR



Stéphane SCHMITT
est directeur
de recherche
au laboratoire
Sphere (Sciences,
philosophie,
histoire – UMR 7219, CNRS),
à l'université Paris-Diderot.



pas sur les variations spontanées survenues dans la nature, mais sur les homéoses provoquées expérimentalement : ils avaient en effet remarqué que, chez certains organismes capables de régénération, cette dernière produisait parfois des anomalies. Par exemple, en 1900, le biologiste allemand Curt Herbst avait observé, en amputant les yeux pédonculés d'une crevette, que l'organe régénéré était un œil ou une antenne, selon qu'il laissait ou non en place le ganglion optique sous-jacent. Cela suggérait que ce ganglion orientait le développement vers la formation d'un œil plutôt que d'une antenne.

Dans ce contexte, l'homéose était vue comme un moyen de comprendre non pas les modalités de l'évolution, mais les mécanismes du développement. Toutefois, certains auteurs, tel l'Autrichien Hans Przibram, tentèrent de lier les deux approches et considérèrent que les régénérations homéotiques comme celle décrite par Herbst étaient des atavismes, c'est-à-dire des retours vers des formes ancestrales.

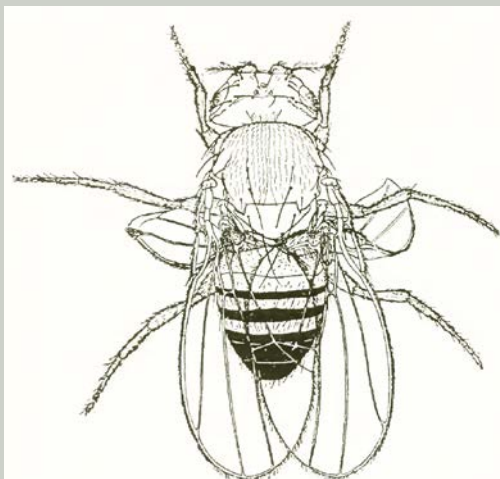
De New York à Moscou

Ainsi, dès la première décennie du XX^e siècle, le phénomène d'homéose, spontanée ou expérimentale, était déjà bien connu et se trouvait à la confluence des recherches sur le développement et l'évolution. Aussi, lorsque Bridges découvrit la mutation *bithorax*, il aurait pu, *a priori*, faire le lien avec tous ces travaux. Pourtant, il n'en fit aucune mention dans l'article où il décrivait le mutant, publié en 1923, et n'employa même pas le terme « homéose », se contentant de réaliser les expériences de cartographie génétique caractéristiques du groupe de Morgan.

Cette attitude était tout à fait représentative des centres d'intérêt de la génétique américaine à ses débuts : préoccupée

avant tout par l'étude de la transmission des gènes et de leur localisation sur les chromosomes, elle n'accordait que peu d'importance au fonctionnement de ces gènes et à la manière dont ils affectaient le phénotype (l'ensemble des caractères visibles). Peu importait le phénotype associé à un gène et à ses mutations, c'était avant tout ce gène lui-même et sa position par rapport aux gènes voisins que l'on considérait. C'est donc hors d'Amérique, en Russie, que le concept de gène homéotique émergea et que l'on tenta pour la première fois de s'en servir pour lier embryologie, génétique et évolution.

Juste après la révolution d'Octobre 1917, était apparue une école russe de génétique particulièrement féconde et ouverte, qui contribua, entre autres, à la naissance de la génétique des populations. Les travaux de Morgan et de ses collaborateurs sur la drosophile y suscitaient beaucoup d'intérêt et, comme à Columbia, on y recherchait de nouveaux mutants. C'est dans ce contexte que deux jeunes généticiens de l'institut



LA MOUCHE MUTANTE que le généticien américain Calvin Bridges découvrit en 1915 était étrange. À la place de ses balanciers – de petites structures qui stabilisent l'insecte en vol –, la drosophile arborait deux petites ailes tordues. Bridges, préoccupé avant tout par l'étude du génotype, ne chercha pas à utiliser cette mutation pour comprendre le lien entre le développement embryonnaire, la génétique et l'évolution des espèces.

George Beadle et Edward Tatum montrent la relation entre les gènes et les protéines.



Richard Goldschmidt expose sa théorie des « monstres prometteurs ».

Oswald Avery démontre que les gènes sont constitués d'ADN.

James Watson et Francis Crick découvrent la structure à double hélice de l'ADN.

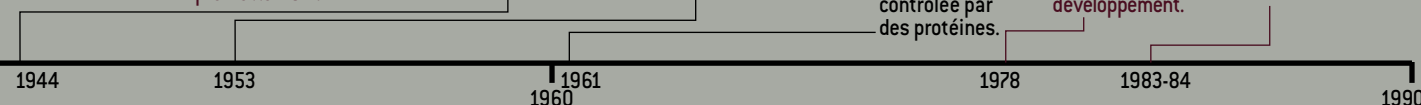
André Lwoff, François Jacob et Jacques Monod montrent que l'expression des gènes est contrôlée par des protéines.



Edward Lewis identifie un complexe de gènes homéotiques dont l'action coordonnée contrôle le développement.



Walter Gehring découvre l'homéoboîte et montre qu'elle existe chez divers insectes et vertébrés. L'évo-dévo est née.



L'ère de l'évo-dévo

La biologie évolutive du développement ou, plus familièrement, l'«*évo-dévo*», est le nom donné depuis une trentaine d'années à l'étude des relations entre génétique, développement embryonnaire et évolution.

En un sens, cette discipline a des racines anciennes. Dès le XIX^e siècle, les biologistes se sont intéressés aux rapports entre embryologie et évolution, et, tout au long du XX^e siècle, des auteurs tels que Elizaveta Balkashina, Boris Astaurov et Richard Goldschmidt ont tenté de comprendre le rôle des gènes à la fois dans le développement et dans l'évolution. Mais cette histoire s'est considérablement accélérée autour de 1980, pour diverses raisons.

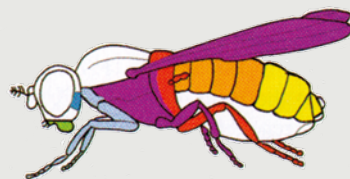
En premier lieu, une fois élucidés les mécanismes moléculaires fondamentaux de la génétique, à partir des années 1960, ces résultats ont été appliqués à la compréhension du développement. D'autre part, de nouvelles techniques de biologie moléculaire, telles que le clonage ou l'hybridation *in situ* (qui permet de visualiser l'expression d'un gène donné dans un tissu ou un organisme), ont rendu possible une approche directe de l'action des gènes lors du développement.

Plusieurs résultats spectaculaires obtenus sur la drosophile ont marqué la naissance de l'évo-dévo. Les travaux d'Edward Lewis aboutirent, en 1978, à un modèle dans lequel un complexe de gènes homéotiques contrôle la mise en place de l'axe antéro-postérieur de l'animal. En 1983, Walter Gehring et ses collègues découvrirent dans les gènes homéotiques de la drosophile un segment d'ADN remarquable, l'homéoboîte. Dans les protéines codées par les gènes homéotiques (les homéoprotéines), cette homéoboîte correspond à une région, l'homéodomaine, capable de se fixer sur des séquences spécifiques d'ADN. On commença ainsi à comprendre comment les protéines produites par les gènes homéotiques, en interagissant avec l'ADN et en régulant l'expression d'autres gènes, contrôlaient certaines étapes du développement. L'union de la génétique moléculaire et de la biologie du développement était scellée.

Dès 1984, l'équipe de Gehring mit en évidence l'existence de l'homéoboîte non seulement dans d'autres insectes que la drosophile, mais aussi chez la souris et l'homme. Il s'avéra donc que les mêmes gènes du développement se retrouvaient dans des groupes d'animaux très divers et

que, par conséquent, ils avaient dû jouer un rôle essentiel dans l'évolution des plans d'organisation. La voie était alors ouverte pour une vaste synthèse entre génétique du développement et sciences de l'évolution.

Depuis lors, l'évo-dévo constitue l'un des champs de recherches les plus actifs dans les sciences de la vie. Elle permet de comprendre comment des modifications survenues dans les mécanismes du développement ont été à l'origine de changements évolutifs majeurs : par exemple comment des organismes composés de segments quasi identiques ont évolué en des animaux aux segments très différenciés, tels que les insectes ; ou comment, à la suite d'une inversion de l'axe dorso-ventral, la chaîne nerveuse ventrale des arthropodes s'est retrouvée en position dorsale chez les vertébrés. De nombreuses questions anciennes en zoologie évolutive, telle l'origine des membres ou des organes visuels, ont pu être réexaminées à la lumière de cette nouvelle approche.



Gènes de la mouche



Gènes humains



LES DIFFÉRENTS GÈNES HOMÉOTIQUES
(au centre, en couleur) forment des complexes que l'on retrouve chez la plupart des animaux. Ils s'expriment de façon similaire dans toutes les espèces, le long de l'axe du corps, et dans le même ordre que celui de leur position sur le chromosome.

Koltsov de Moscou, Boris Astaurov et Elizaveta Balkashina, découvrirent au milieu des années 1920 deux nouvelles mutations produisant des remplacements d'organes : *tetraptera* (« quatre ailes », en grec), qui présentait un phénotype très proche de *bithorax*, et *aristapedia*, qui provoquait la transformation de la partie distale de l'antenne (l'« arista ») en une structure ressemblant à la partie distale d'une patte. Ces découvertes furent présentées dans deux articles parus en 1929 dans une revue allemande. Les deux Russes y exposaient les résultats d'expériences de croisements similaires à celles qu'effectuaient les généticiens américains. Mais ils ne s'en tenaient pas là.

En premier lieu, ils appelaient « homéose » les anomalies observées, établissant ainsi un lien avec tous les cas décrits sous cette dénomination depuis Bateson. D'autre part, contrairement aux Américains, ils se demandaient comment agissaient ces gènes dont les mutations provoquaient une homéose. Balkashina, en particulier, étudia avec précision le développement des antennes chez des drosophiles *aristapedia* et le compara à celui d'antennes normales.

L'idée d'Elizaveta

Elle proposa un modèle où les gènes concernés perturbaient la chronologie du développement : selon elle, la manière dont se développait un disque imaginal – l'ébauche larvaire à partir de laquelle se forme un organe de l'insecte adulte – dépendait du moment auquel commençait ce développement. En effet, dans une drosophile normale, les disques imaginaires des pattes entament leur transformation en pattes à un certain moment, ceux des antennes un peu plus tard. Or Balkashina montra que, chez une drosophile *aristapedia*, la différenciation des disques imaginaires des antennes était accélérée au point d'avoir lieu en même temps que celle des disques imaginaires des pattes : cela expliquait, d'après elle, qu'ils donnent eux aussi, chez ce mutant, des structures ressemblant à des pattes.

Bien sûr, la généticienne ignorait tout de la nature chimique des gènes et des modalités moléculaires de leur action, qui n'ont été élucidées qu'à partir des années 1950. Toutefois, dès 1929, elle tenta de comprendre leur fonctionnement, et utilisa pour cela l'homéose.

Balkashina et Astaurov virent aussi les implications des mutations homéotiques

Adapté avec la permission de Macmillan Publishers Ltd. [PEDIATRIC RESEARCH] (M. Mark et al., Homeobox Genes in Embryogenesis and Pathogenesis), © (1997)

pour la théorie de l'évolution. Ils reprirent à cet égard les réflexions de Przibram : pour eux, l'existence d'homéoses d'origine génétique, provoquant la transformation de balanciers en ailes ou d'antennes en pattes, prouvait que les ailes et les balanciers, d'une part, les antennes et les pattes, d'autre part, avaient une origine commune. Ces mutations étaient donc des atavismes et reproduisaient des états ancestraux dans lesquels ces organes n'étaient pas encore différenciés. Par exemple, la mutation *tetraptera* faisait réapparaître chez la drosophile une seconde paire d'ailes, c'est-à-dire un caractère qui existait chez un lointain insecte ancestral, mais qui avait disparu dans la lignée des diptères, où la seconde paire d'ailes s'était transformée en balanciers.

Des monstres prometteurs

Sur le plan historique, ces travaux russes revêtent une importance considérable. Ils représentent une première tentative de synthèse entre génétique, biologie du développement et évolution, à une époque où ces questions étaient encore le plus souvent séparées, notamment chez les généticiens américains. Toutefois, ces débuts prometteurs furent rapidement interrompus.

Les années 1930 virent en effet l'ascension en URSS des idées de Trofim Lyssenko. Partisan de l'hérédité des caractères acquis, cet agronome s'opposa vigoureusement à la génétique de Morgan, jugée « bourgeoise » et « réactionnaire », et bénéficia en cela du soutien du parti communiste et de Staline. La plupart des généticiens russes furent alors inquiétés, exilés, voire envoyés au goulag pour certains. Balkashina fut arrêtée et expédiée en Asie centrale, et Astaurov partit à Tachkent travailler sur le ver à soie. S'ils parvinrent à survivre à cette période, ils durent abandonner les études qu'ils avaient entreprises depuis les années 1920. Celles-ci inspirèrent cependant d'autres travaux, en Allemagne cette fois.

La génétique allemande présentait, dans les années 1920, des points communs avec la génétique russe. L'une et l'autre, contrairement à la génétique américaine de l'époque, s'intéressaient non seulement à la transmission des gènes et à leur position sur les chromosomes, mais aussi à leur mode de fonctionnement et au contrôle du phénotype par le génotype. Richard Goldschmidt, directeur de la section de

génétique à l'institut Kaiser-Wilhelm, à Berlin, depuis 1914, appelait ce domaine la « génétique physiologique ». En fait, il allait plus loin : non content de mettre l'accent sur des sujets négligés par Morgan et ses collaborateurs, c'est plus généralement la conception classique du gène qu'il mettait en cause. Selon lui, les différents caractères n'étaient pas contrôlés par des gènes corpusculaires alignés sur des chromosomes comme les perles d'un collier, mais les chromosomes agissaient dans leur totalité, conformément à leur structure globale.

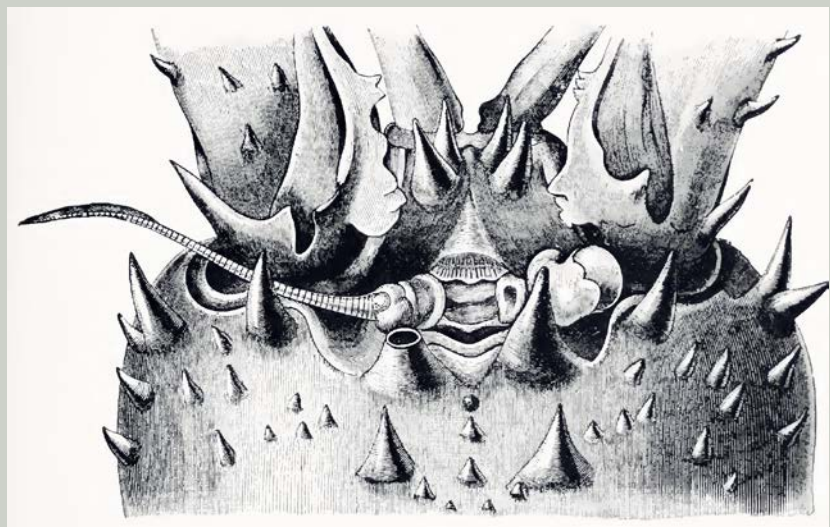
Par ailleurs, à partir des années 1930, Goldschmidt critiqua aussi la théorie synthétique de l'évolution, qui était alors en train de s'imposer. Cette théorie était la synthèse de la génétique morganienne et de la conception darwinienne de l'évolution (selon laquelle la sélection naturelle s'exerce sur des variations aléatoires survenant dans les populations). Dans ce modèle, les variations spontanées postulées par Darwin étaient identifiées aux mutations ponctuelles que les généticiens étudiaient. L'un des points essentiels était que les mutations présentant un intérêt évolutif étaient supposées ne modifier que très faiblement le phénotype :

■ À ÉCOUTER

Le jeudi 2 juin 2016, de 16 h à 17 h, Stéphane Schmitt reviendra sur les 100 ans de la découverte des gènes homéotiques dans la partie *Actualités* de l'émission *La marche des sciences*, sur France Culture.
www.franceculture.com



ET SI L'ÉVOLUTION DES ESPÈCES fonctionnait par « sauts » bien visibles, dus à des mutations qui modifieraient le développement ? C'est ce que pensait le biologiste anglais William Bateson en 1894, en examinant une langouste dont l'œil pédonculé s'était transformé en antenne (*ci-dessous*). Pour le généticien allemand Richard Goldschmidt, l'existence du diptère *Termitoxenia* (*ci-contre*) allait aussi dans ce sens. Sa paire d'ailes a été remplacée par deux balanciers : la mutation aurait permis à l'insecte de coloniser un nouvel habitat, la termitière.



on conciliait ainsi l'idée d'une évolution très lente, graduelle, comme l'avait imaginée Darwin, avec la nécessaire discontinuité des mutations génétiques.

Or, pour Goldschmidt, la nature du matériel génétique tel qu'il le concevait allait à l'encontre de cette idée, puisque les notions mêmes de gène et de mutation ponctuelle lui posaient problème. Dans son modèle, certaines mutations affectaient la structure générale des chromosomes et se traduisaient par des modifications systémiques du développement. Elles produi-

seraient un handicap). Goldschmidt expliquait l'apparition d'une telle forme par la survenue, chez l'ancêtre à deux ailes de *Termitoxenia*, d'une mutation homéotique similaire à *tetraltera* : le « monstre prometteur » qui en avait résulté avait pu coloniser un nouveau milieu, la termitière.

Les conceptions de Goldschmidt apparurent cependant comme marginales, à une époque où triomphaient la génétique morganienne et la théorie synthétique de l'évolution, et elles n'eurent pas de postérité immédiate. Néanmoins, l'histoire de l'homéose était loin d'être terminée. Dès les années 1950, le généticien américain Edward Lewis s'empara du sujet. Il entreprit une étude précise des mutations homéotiques de la drosophile et de leur position sur le chromosome. Tout en restant dans le cadre de la génétique morganienne, il prit en compte les avancées récentes de la biologie moléculaire pour tenter de comprendre comment ces gènes agissaient.

Il identifia ainsi tout un complexe de gènes homéotiques qui fut appelé Bithorax, d'après le nom de la mutation découverte par Bridges. Ces travaux le menèrent, en 1978, à l'élaboration d'un modèle dans lequel les gènes de ce complexe contrôlaient de façon coordonnée la mise en place de l'axe antéropostérieur de la drosophile, chacun d'eux déterminant l'identité d'un segment du corps. Il montra de plus que l'ordre des gènes sur le chromosome correspondait à celui des segments le long de l'axe du corps.

Quelques années plus tard, les mécanismes d'action moléculaire de ces gènes homéotiques commencèrent à être compris. On découvrit en même temps qu'ils se retrouvaient dans des groupes aussi différents que les insectes et les mammifères, ce qui ouvrit la voie à une étude comparée des processus développementaux dans tout le règne animal. Ces travaux aboutirent ainsi, dans les années 1980, à l'émergence d'un champ nouveau, la biologie évolutive du développement ou évo-dévo, synthèse de la génétique moléculaire, de la biologie du développement et des sciences de l'évolution.

Depuis lors, de nombreux autres gènes de développement ont été mis en évidence, mais les gènes homéotiques continuent de représenter, en quelque sorte, un paradigme au sein de l'évo-dévo. Bridges n'imaginait sans doute pas, en 1915, que la mutation qu'il venait de trouver aurait une telle importance dans l'histoire de la biologie. ■

Bridges n'imaginait sans doute pas, en 1915, que la mutation qu'il venait de trouver aurait une telle importance dans l'histoire de la biologie

saient ainsi, d'un seul coup, des individus d'aspect très différent de leurs parents. Parfois, selon Goldschmidt, ces individus présentaient un avantage sélectif. Ils constituaient alors ce qu'il nommait des « monstres prometteurs ». Or les mutants homéotiques représentaient exactement ce que pouvaient être de tels sauts évolutifs : en une seule étape, un organe se trouvait remplacé par une autre structure, certes anormale, mais dotée d'emblée d'une organisation potentiellement fonctionnelle.

Étant donné ses origines juives, Goldschmidt avait dû quitter l'Allemagne en 1935 et avait obtenu un poste de professeur à l'université de Californie à Berkeley. Il s'y consacra en grande partie à l'étude des mutations homéotiques. En particulier, il s'intéressa à la mutation *tetraltera*, découverte en 1934, dont le phénotype était l'inverse de *bithorax* : au lieu d'avoir deux ailes et deux balanciers, la drosophile mutante possédait quatre balanciers.

Goldschmidt tenta de comprendre les mécanismes développementaux qui sous-tendaient cette transformation, recourant pour cela à des explications en partie inspirées de celles des généticiens russes. Mais il rechercha aussi des espèces qui, à l'état normal, présentaient un aspect semblable à celui de mutants homéotiques. C'était le cas, par exemple, du diptère *Termitoxenia*, doté d'une paire de balanciers à la place des ailes et adapté par conséquent à la vie à l'intérieur des termitières (où des ailes

■ BIBLIOGRAPHIE

S. Schmitt, *Histoire d'une question anatomique : la répétition des parties*, MNHN, 2004.

W. J. Gehring, *La Drosophile aux yeux rouges*, Odile Jacob, 1999.



LA MARCHÉ DES SCIENCES

DÉCOUVERTES, INVENTIONS, AVENTURES SAVANTES AU FIL DE L'HISTOIRE

AURÉLIE LUNEAU
CHAQUE JEUDI
16H - 17H



© RADIO FRANCE / CHRISTOPHE ABRAMOWITZ

en partenariat avec **POUR LA
SCIENCE**

Écoute, réécoute, podcast
franceculture.fr

