

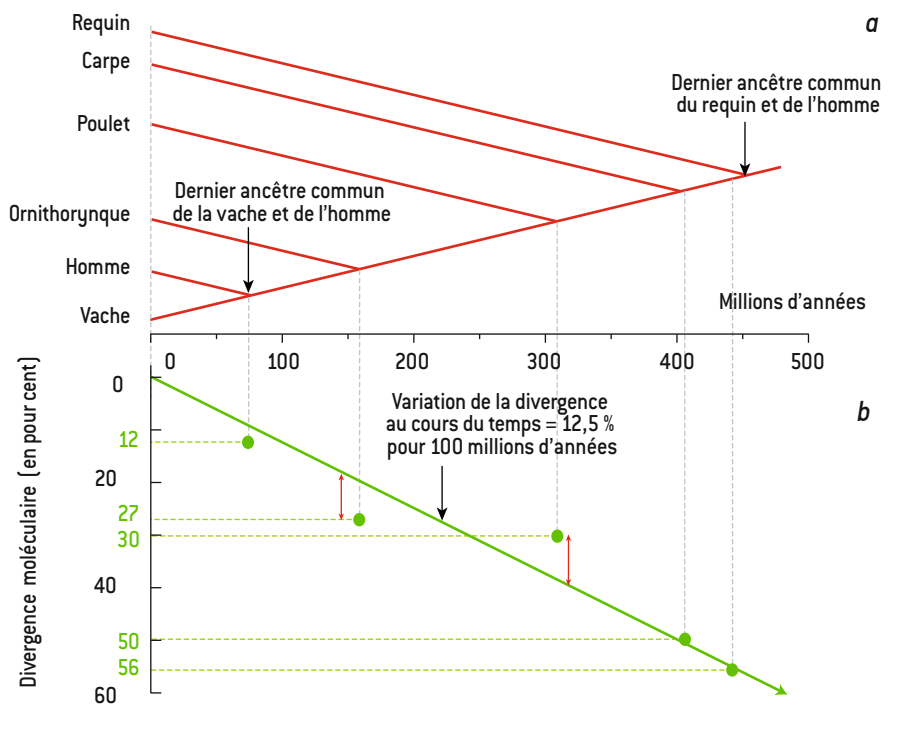
LES AUTEURS



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 de particularités évolutives d'un gène ou d'une protéine.