

souches de *Yersinia pestis* contemporaines. Pour des ancêtres plus éloignés, tel celui des mammifères qui vivait il y a une centaine de millions d'années, une partie de l'information a été perdue par dérive. Cependant, pour les parties du génome contraintes par la sélection, les gènes en particulier, la reconstruction reste tout à fait possible. On peut même connaître le nombre de chromosomes et la façon dont les gènes étaient organisés dans ces génomes. À partir de ces données, on commence à comprendre les modes de vie des espèces disparues (température optimale de croissance, profondeur préférée d'anciens mammifères marins, utilisation de l'oxygène par des bactéries anciennes, alimentation, taille ou longévité de mammifères anciens, histoire des migrations et mélanges humains...), un peu comme si l'on retrouvait le code d'un vieux programme et que l'on reconstituait son fonctionnement à partir de ses versions nouvelles (voir la figure 3).

Cependant, l'application de ces méthodes à l'ensemble du monde vivant

se heurte à une difficulté : nombre d'organismes ont la capacité d'intégrer dans leur génome des gènes de leurs contemporains, proches apparentés ou non. Ces transferts horizontaux violent les hypothèses de reconstruction des génomes ancestraux, qui supposent que l'ancêtre commun des séquences appartient à l'ancêtre commun des espèces.

Le transfert de gène : obstacle ou indice ?

Il est apparu que chaque gène, quelle que soit sa fonction, pouvait, à un moment ou un autre de son histoire, avoir été transféré. À long terme, aucun gène n'a donc la même histoire que les organismes qui le portent. Ce constat semblait remettre en cause la possibilité théorique de reconstruire l'évolution du vivant à partir des gènes.

Ainsi, le gène était trop « individualiste » pour refléter l'histoire des organismes. N'avait-il pour autant rien à en raconter ? De fait, lorsqu'on observe l'ensemble des

gènes et, pour peu que l'on sache interpréter les singularités que révèle chaque histoire de gènes, on s'aperçoit que les transferts horizontaux contiennent une information inédite sur l'histoire du vivant. D'une part, ils peuvent venir à l'appui d'une hypothèse phylogénétique : si un ancêtre a reçu un gène par transfert, ce gène doit être observé chez ses descendants. Ainsi, la présence du gène peut être un caractère partagé permettant de reconnaître les organismes qui sont proches.

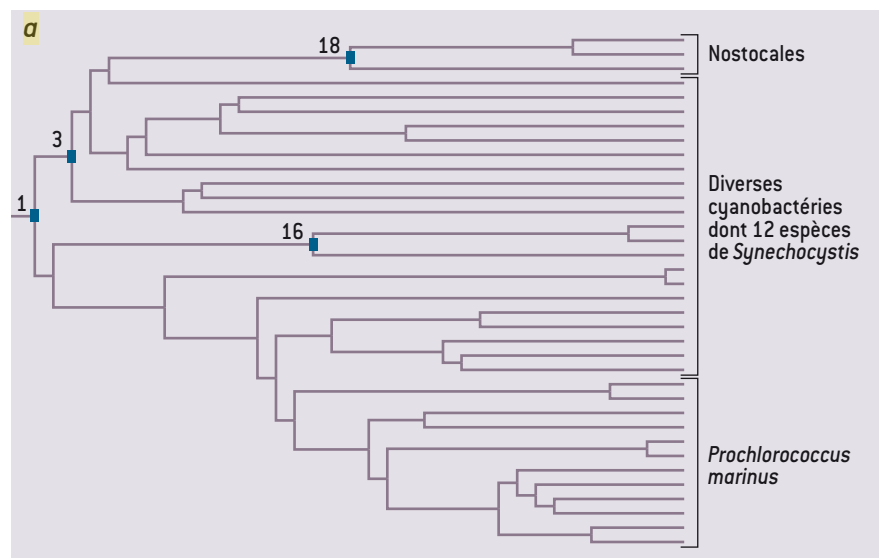
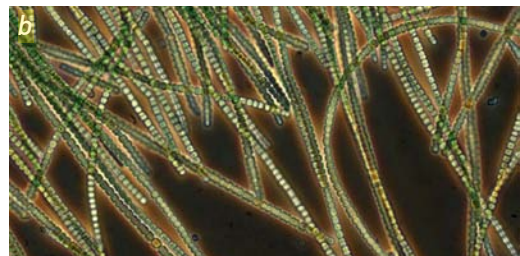
D'autre part, un échange de gènes entre deux organismes ne peut avoir lieu que s'ils sont contemporains. Le transfert horizontal contient donc une information sur les âges relatifs des lignées qui échangent des gènes : on ignore à quelle époque exactement vivaient les organismes anciens, mais, avec des relations de descendance et des échanges entre espèces contemporaines, on peut espérer établir une chronologie de l'histoire de la vie. Or les transferts ont lieu principalement chez les organismes microscopiques (bactéries, virus, champignons unicellulaires, autres

TRANSFERT DE GÈNES ET DATATION

Par définition, le transfert de gènes entre deux espèces n'est possible que si les deux espèces sont contemporaines. Ce processus, qui transparaît dans le génome des espèces actuelles, donne aux phylogénéticiens de précieuses informations sur les âges relatifs d'espèces anciennes dont les traces fossiles sont rares. En 2012, à partir de 36 génomes d'espèces différentes, les auteurs ont ainsi reconstitué la phylogénie chronologique des cyanobactéries, les premiers organismes à avoir fait de la photosynthèse et produit de l'oxygène en grande quantité (a). Les plantes ont récupéré cette faculté en intégrant des cyanobactéries au fonctionnement de leurs cellules.

Les nœuds de l'arbre sont positionnés de gauche à droite selon leur chronologie. Le nœud 1, le plus ancien, est parfois daté à 3,8 milliards d'années. Les plantes ne figurent pas sur cet arbre, mais on voit la naissance au nœud 18 du clade des cyanobactéries multicellulaires, les nostocales, qui forment des filaments verts de cellules différenciées (b). Comme ce clade a reçu, par transfert, des gènes d'autres mor-

ceaux de la phylogénie, on estime que cette forme de multicellularité est relativement récente. De même, la présence de nombreux transferts du clade du nœud 3 vers le clade du nœud 16 lui donne une origine relativement récente, alors que les hypothèses habituelles plaçaient cette diversification à la racine des cyanobactéries.



Adapté de G. J. Szallasi et al., PNAS, vol. 109, pp. 17513-17518, 2012