

et de corriger les erreurs. De même, la réplication de l'ADN ne produit jamais des copies parfaites de l'information. La structure de l'ADN et des mécanismes de réparation permettent de corriger une partie des erreurs, sur le principe de la redondance. L'ADN est constitué de deux brins enroulés en une double hélice. Indispensable à la réplication, cette structure en double brin est aussi une façon de conserver l'information en deux copies identiques. Chaque nucléotide a un complémentaire, auquel il est apparié dans la double hélice : adénine est complémentaire de thymine, et guanine de cytosine. En conséquence, l'information est présente deux fois – sur une séquence de nucléotides et sur son complémentaire.

Lors de la réplication, il arrive que les mécanismes dérapent et que dans le brin copié, un nucléotide soit perdu ou inséré, ou pris pour un autre. Il en résulte un « mésappariement », c'est-à-dire la mise en correspondance d'un nucléotide avec un autre qui n'est plus son complémentaire. La plupart du temps, les erreurs ainsi détectées sont réparées en rétablissant le nucléotide complémentaire.

Mais le mécanisme de correction a ses limites, et les génomes répliqués contiennent toujours des différences par rapport à leurs ancêtres. D'abord parce que la fidélité a un coût pour l'organisme, en énergie et en temps passé à fabriquer la génération suivante. Ces erreurs constituent ce que l'on nomme les mutations. Il en existe de multiples possibles, de toutes les formes

et de toutes les tailles : remplacement d'un nucléotide par un autre, insertion ou perte d'un nucléotide ou d'un segment de nucléotides, duplication ou déplacement d'un segment, duplication du génome tout entier. Au moins une centaine de mutations séparent chez l'homme les génomes des parents et des enfants, qui contiennent environ trois milliards de nucléotides. La seconde raison pour laquelle les systèmes vivants ne sont pas parfaitement fidèles, c'est parce que dans ces erreurs figurent parfois les clés de leur survie.

Une information qui évolue est-elle préservée ?

Aufhebung, en allemand, signifie à la fois préservation et destruction. C'est un de ces mots à double sens que le philosophe Georg Wilhelm Friedrich Hegel (1770-1831) affectionnait pour évoquer la dialectique, et c'est le mot qu'ont repris, en 1965, le biologiste austro-américain Emile Zuckerkandl et le chimiste américain Linus Pauling pour décrire la conservation de la mémoire du monde vivant par les molécules : préservation infinie en théorie grâce à la réplication, mais aussi destruction progressive par les mutations.

La plupart des mutations dans les génomes ne se propagent pas aux générations suivantes. D'une part, la sélection naturelle fait un tri. Si une mutation modifie l'efficacité de la reproduction dans un

LES AUTEURS



Vincent DAUBIN est directeur de recherche CNRS au Laboratoire Biométrie et biologie évolutive (UMR CNRS 5558) de l'Université Claude Bernard Lyon I.



Simon PENEL est ingénieur d'étude CNRS dans le même laboratoire.



Éric TANNIER est chargé de recherche de l'Inria dans le même laboratoire.

Ils sont tous trois membres du projet ANCESTROME qui vise à reconstruire les caractéristiques des organismes disparus en analysant leurs génomes avec des méthodes phylogénétiques (ancestrome.univ-lyon1.fr).

L'ADN et la métaphore informatique, comparaisons et raisons

Voir l'ADN comme une mémoire numérique pousse à l'analogie entre le monde vivant et les ordinateurs. L'ADN est le support d'une information numérique – le génome –, tout comme un disque dur est le support du logiciel ou des données. La métaphore peut être poussée loin, puisque les génomes sont des chaînes de caractères, à l'instar des données informatisées, suites de 0 et de 1. Le génome peut être vu comme un programme contenant les instructions nécessaires à la fabrication et à la reproduction d'un organisme, et le code génétique, qui permet la traduction des séquences génomiques en pro-

téines, est une sorte de moyen d'interpréter ces instructions.

On peut aller encore plus loin. L'évolution a été qualifiée de bricolage par le biologiste François Jacob. Or la conception d'un programme informatique pourrait souvent, sans mettre en cause le professionnalisme des programmeurs, supporter cette qualification : un logiciel évolue toujours au fil du temps, chaque programmeur reprenant des morceaux de code de ses prédécesseurs en les amendant ou en intégrant des modules extérieurs, tels des transferts horizontaux. L'évolution des données numériques est ainsi comparable à celle des génomes.

Le génome a toutefois un statut particulier. Il constitue une sorte de programme autonome, puisqu'il code aussi la fabrication de la machine qui sera capable d'exécuter le programme et de se dupliquer. Là, on dépasse les possibilités des ordinateurs et des programmes informatiques (ce qui sera peut-être démenti sous peu par les imprimantes 3D autorépliquatives *RepRap*). De plus, le génome ne porte pas tout le matériel héréditaire : une part importante d'information est transmise lors de la reproduction, en dehors de la séquence, par « épigénétique ». Faute de bon modèle d'évolution intégrant ces caractères, la métaphore informa-

tique s'arrête à l'information numérique, c'est-à-dire au génome.

On a les métaphores de son temps. Au XVIII^e siècle, les machines les plus perfectionnées étaient les automates, et la métaphore a beaucoup été utilisée pour décrire de façon mécaniste le fonctionnement du corps humain. On a aussi beaucoup comparé l'ADN à un langage, à une carte ou à un atlas. Aujourd'hui, la métaphore informatique est facilitée, d'une part, par l'utilisation constante des ordinateurs pour stocker les génomes et, d'autre part, par l'idée qu'il serait possible d'utiliser l'ADN pour le stockage de données informatiques.