

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.

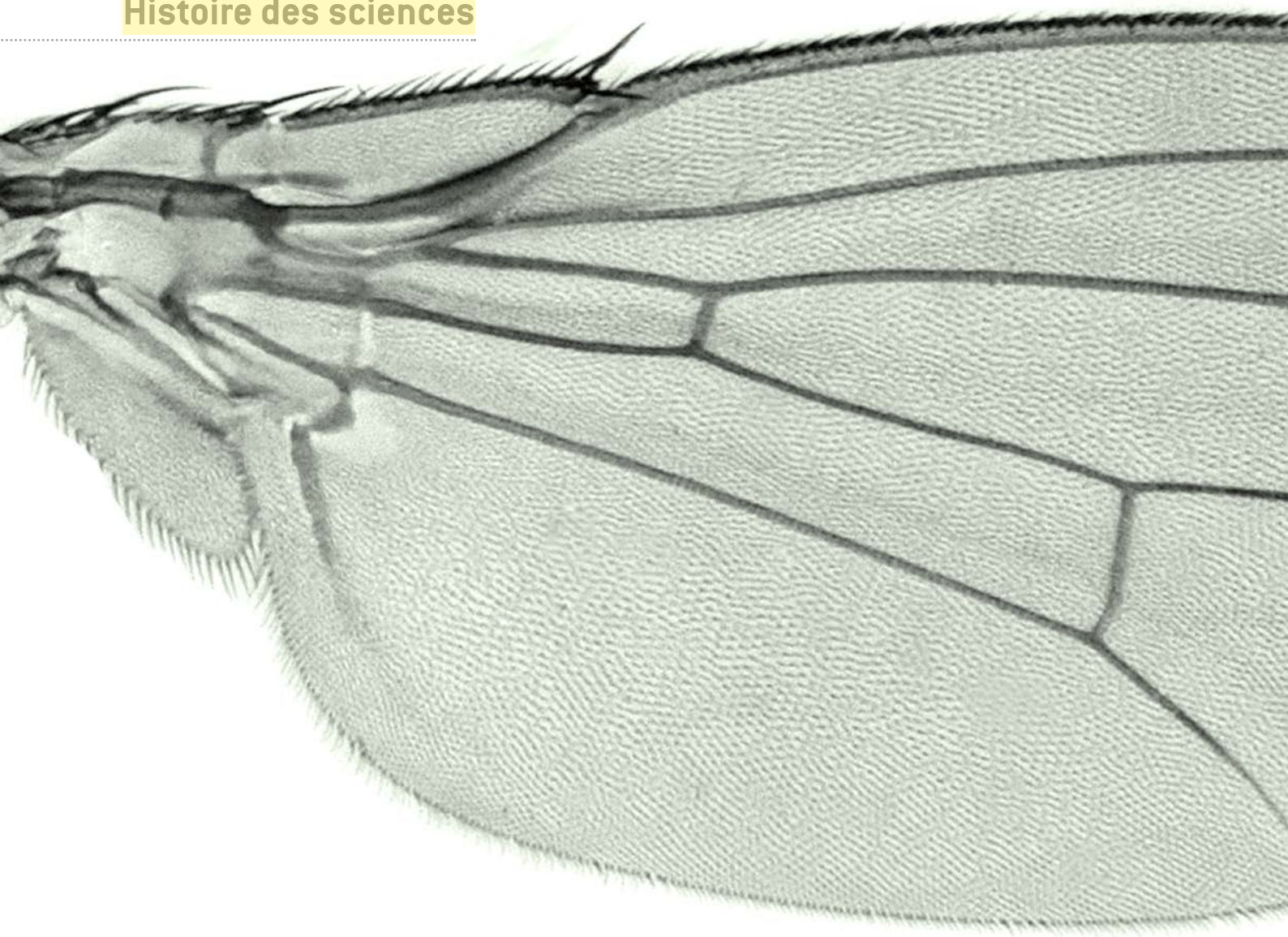
Le spectacle doit continuer

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.

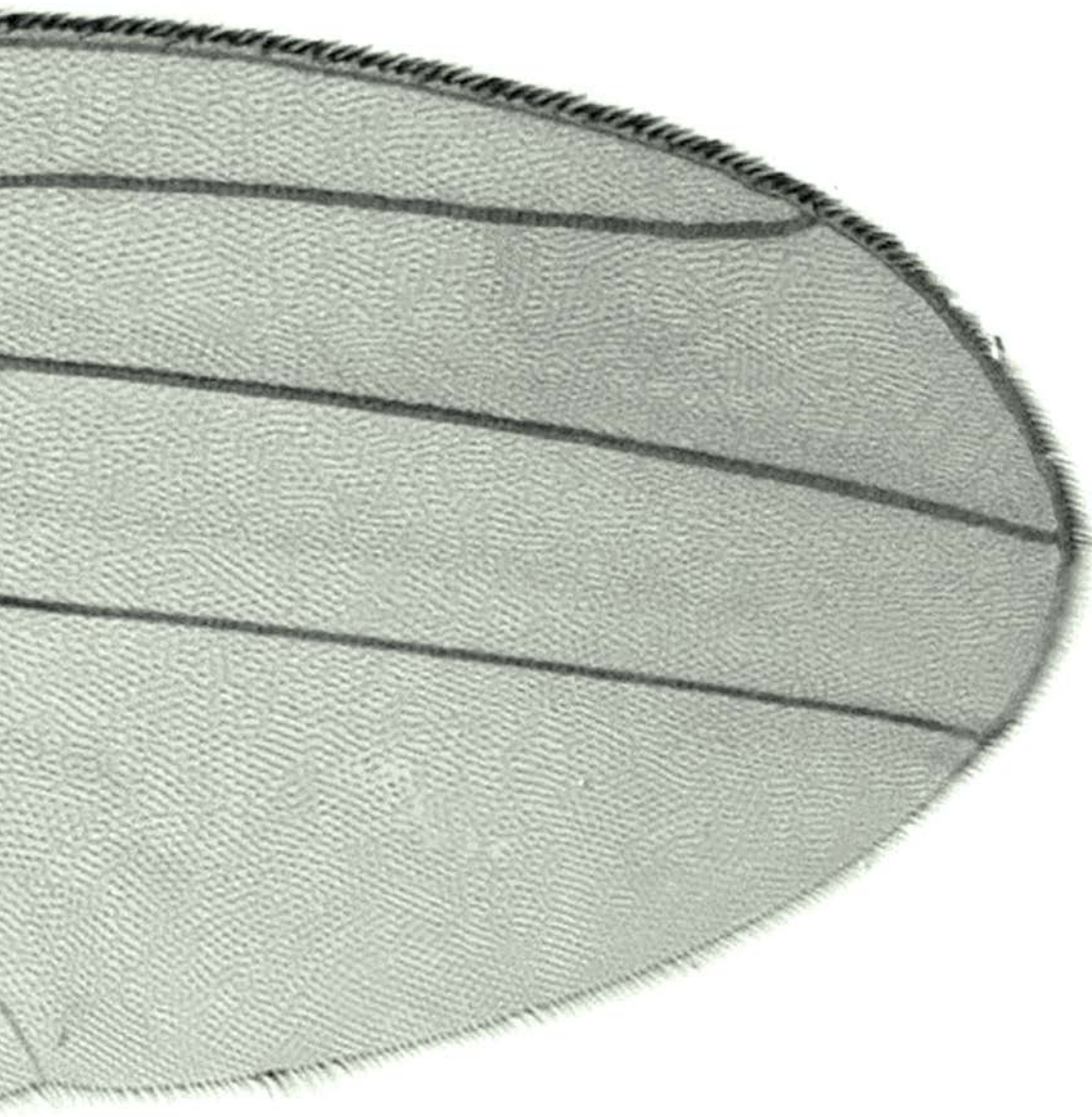
P. H. G. M. Dirks *et al.*, *Geological and taphonomic context for the new Hominin species Homo naledi* from the Dinaledi chamber, South Africa, *eLife*, article n° 09561, en ligne le 10 septembre 2015.



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-Physius

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

L'AUTEUR



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

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

