

médicale, Martinus Beijerinck en microbiologie agronomique (étude des maladies des plantes, des bactéries du sol, etc.) – se fichaient de l'évolution. Ils avaient besoin d'une classification utilitaire pour leurs disciplines. Mais l'idée d'une classification naturelle restait dans certaines têtes et l'on cherchait comment y parvenir.

Des éléments clés sont arrivés après la Seconde Guerre mondiale, vers les années 1950, en particulier quand on a précisé le concept de procaryote. Les procaryotes étaient bien séparés des eucaryotes, mais à un moment donné, on a considéré que les virus en faisaient partie.

PLS

En quoi cette idée fut-elle un élément clé ?

H. L. G. : Ce n'est pas tant cette idée que la réflexion qu'elle a suscitée. On pensait alors qu'il existait une sorte de continuum entre virus et bactéries. La différence entre eux portait surtout sur la taille, les virus traversant les filtres à bactéries tel le filtre Chamberland, mis au point dans le laboratoire de Pasteur par Charles Chamberland. Mais en 1957, dans un article passionnant, le microbiologiste français André Lwoff a défendu l'idée que « les virus devaient être traités comme des virus parce que les virus sont des virus ». En d'autres termes, le cycle du virus est tellement à part, avec notamment une phase parasitaire obligatoire, qu'il ne peut y avoir de forme de transition entre bactéries et virus. Pour Lwoff, l'élément déterminant n'était pas la taille, mais l'autonomie.

Les microbiologistes se sont ainsi retrouvés avec trois concepts biologiques définis de manière tranchée : les eucaryotes (qui apparaissent bien plus complexes que les autres au microscope électronique tout juste inventé), les procaryotes et les virus. La classification utilitaire a continué sur cette base, puis s'est produit le vrai déclic : l'avènement de la biologie moléculaire.

PLS

Les débuts du séquençage du matériel génétique ?

H. L. G. : Notamment, mais aussi celui des acides aminés qui composent les protéines. Très vite, certains, comme le microbiologiste allemand Ernst Pringsheim, ont pensé que la biologie moléculaire naissante allait peut-être fournir une classification

phylogénétique. De premiers essais, à partir des séquences de certaines protéines communes à différentes branches du vivant, ont cependant été peu concluants. La solution est venue en particulier du séquençage des ARN ribosomiques et d'un homme, Carl Woese.

Au début des années 1960, ce microbiologiste américain s'est penché sur le problème de l'origine du code génétique. Il s'intéressait alors à la machinerie moléculaire de la traduction des gènes en protéines et notamment aux ARN ribosomiques (des éléments constitutifs des ribosomes – les organites qui, dans les cellules, déchiffrent l'information portée par l'ARN messager et synthétisent les protéines correspondantes). Woese a séquencé bon nombre d'ARN ribosomiques de différents organismes et construit une phylogénie en les classant par ressemblances. Il l'a publiée en 1977 avec George Fox.

Surprise : premièrement, construire une phylogénie à partir des ARN ribosomiques est possible. Deuxièmement, les procaryotes se retrouvent non pas en un groupe, mais deux : les archéobactéries (aujourd'hui les archées) et les eubactéries (aujourd'hui les bactéries). La découverte est considérable. En effet, jusqu'alors on définissait les procaryotes sur des critères négatifs : pas de noyau, pas de cytosquelette, pas de vraie sexualité, pas de vraie mitose, etc. Or on savait très bien que construire une classification

sur des caractères négatifs ne reposait sur rien et risquait de donner des groupes non naturels. Or avec les ARN ribosomiques, Carl Woese a obtenu trois domaines *a priori* monophylétiques, c'est-à-dire constitués d'un ancêtre commun et de l'ensemble de ses descendants. L'étude des ARN ribosomiques fournissait ainsi une vraie phylogénie définie par des relations de parenté. Enfin, pas tout à fait complète tout de même.

PLS

Que manquait-il ?

H. L. G. : La phylogénie des trois domaines de Carl Woese n'avait pas de racine, pas d'orientation. On ne savait pas où mettre l'ancêtre commun de ces trois domaines. Alors on a commencé à y réfléchir. Habituellement, pour trouver la racine d'un arbre, on recherche un groupe extérieur à l'arbre qui présente avec le groupe étudié un ancêtre commun plus ancien. Or l'arbre de Carl Woese rassemblait tous les organismes vivants. Il était donc impossible de trouver un groupe extérieur, et donc *a priori* une racine. Sauf en utilisant des gènes qui se sont dupliqués et dont la duplication est plus ancienne que la racine, c'est-à-dire issue d'un ancêtre plus ancien. C'est l'idée qui est apparue lorsqu'on a compris, avec les génomes que l'on connaissait alors, qu'il existait des gènes communs aux archées et

