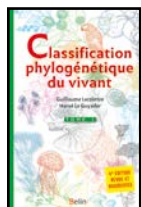


■ POUR EN SAVOIR PLUS



G. Lecointre et H. Le Guyader, **Classification phylogénétique du vivant**, Belin, 2016.

Entièrement revue, cette

quatrième édition apporte la vision que l'on a actuellement de l'ensemble du vivant. Elle fait notamment la part belle aux microorganismes et aux débats qu'ils suscitent depuis l'avènement de l'ère génomique.

Maintenant que l'on regarde les génomes entiers d'eucaryotes, d'archées et de bactéries, on comprend que les génomes eucaryotes comportent des gènes provenant d'archées, d'autres de bactéries. Les gènes de type archée sont surtout importants pour la réplication, la transcription et la traduction, et proviennent d'un groupe particulier d'archées, le superphylum TACK. On découvre aussi que des gènes impliqués dans la dynamique du squelette des cellules eucaryotes sont également chez les archées. L'exploration de ces gènes provenant d'archées et de bactéries a conduit à l'idée que l'eucaryote serait une fusion d'au moins une archée et une bactérie, lesquelles ont ensuite formé un organisme qui a été capable d'accepter une mitochondrie et un chloroplaste. Une chimère avant la chimère, en somme.

De plus, on s'aperçoit que les gènes des archées et des bactéries sont très différents. L'idée actuelle est donc que les phylums de ces deux domaines sont sortis d'une soupe de progénètes de façon indépendante et qu'ils n'ont jamais eu d'ancêtre commun. Ils se sont individualisés dans ce monde où il y avait déjà des transferts horizontaux, puis les eucaryotes ont émergé d'une chimère d'archées et de bactéries, sans doute plus proche des archées que des bactéries puisqu'ils comportent plus de gènes d'archées. C'est l'idée de Bill Martin, Ford Doolittle, Philippe Lopez et Éric Bapteste, par exemple.

PLS

La notion de réseau aide-t-elle à dater ces événements ?

H. L. G. : Le réseau des premiers microorganismes, les échanges de gènes, apportent des possibilités statistiques fantastiques qui pourraient expliquer une découverte récente. Il y a quelques mois, une équipe australienne a mis en évidence des traces de vie remontant à 3,7 milliards d'années, alors que les plus anciennes connues jusqu'alors dataient de 3,2 milliards d'années. Il y a 3,7 milliards d'années, cela ne faisait *grossa modo* que quelques centaines de millions d'années que la Terre était devenue habitable. À l'échelle géologique, tout se passe comme si la vie est apparue dès que les conditions physicochimiques d'apparition de la vie ont été réunies sur Terre. Les échanges de gènes pourraient expliquer une telle rapidité.

PLS

La notion de réseau a-t-elle aussi modifié notre vision des organismes macroscopiques et de leur évolution ?

H. L. G. : En effet, diverses études visent à pousser la notion de réseau microbien jusqu'au bout, à appliquer l'outil réseau à d'autres échelles. Cet outil est déjà utilisé par les écologues pour étudier les écosystèmes. Éric Bapteste, par exemple, cherche à l'utiliser pour relier des niveaux d'organisation différents – des groupes de gènes et des organismes, des groupes de gènes et des communautés, etc. – et pour essayer de voir comment ces interactions et ces échanges se produisent dans le vivant.

PLS

Les études récentes sur le microbiote, l'ensemble des microorganismes d'un environnement, par exemple l'intestin, descendent-elles de cette idée de réseau ?

H. L. G. : Au départ, étudier le microbiote consistait à déterminer quels organismes le composaient : on séquençait les ARN de l'échantillon et on déterminait les organismes associés. C'est le principe de la métagénomique : vous séquencez le génome total d'un échantillon – une poignée de terre, une goutte d'eau de mer, un extrait de salive – et vous l'examinez de façon exhaustive. Cela a permis de mettre en évidence des organismes que l'on ne connaissait pas, car on ne pouvait pas les cultiver. On s'est ainsi aperçu que l'on n'arrivait à cultiver qu'un très faible pourcentage des bactéries qui existent dans la nature.

Mais on se rend compte à présent qu'il existe des échanges de gènes au sein des microbiotes, et qu'il faut les voir en réseau. Il ne s'agit pas juste d'une juxtaposition de bactéries, mais d'une communauté dont les membres interagissent constamment. D'où l'idée que si cette communauté n'est pas « stable », des dérèglements peuvent survenir, qu'il s'agisse d'obésité (voir l'article de Joël Doré et ses collègues, pages 54 à 59) dans le cas du microbiote intestinal ou de maladies des plantes (voir l'article de Stéphane Uroz et ses collègues, pages 74 à 79). ■

Propos recueillis par Marie-Neige CORDONNIER

Deux nouveautés pour les amoureux des mathématiques !

Mathématiques et Mystères

De Jean-Paul Delahaye

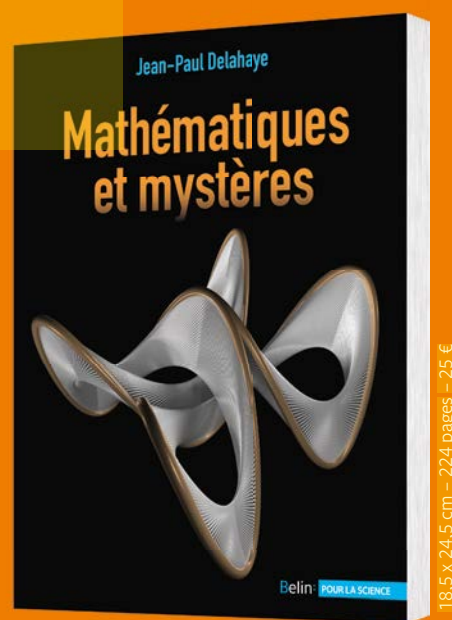
Conjectures, paradoxes, objets ou situations aux propriétés bizarres... Les mathématiciens explorent des sujets aussi passionnants que déconcertants.

En partenariat avec **SCIENCE**

Derniers livres parus du même auteur :

Merveilleux nombres premiers

La logique, un aiguillon pour la pensée



18,5 x 24,5 cm - 224 pages - 25 €



15 x 22 cm - 224 pages - 19 €

Le choix du meilleur urinoir

Et 19 autres problèmes amusants qui prouvent que les maths servent à quelque chose !

De Jérôme Cottanceau

Des réponses avec un brin de mauvaise foi et beaucoup de second degré, mais accessible à tous, à LA grande question : mais à quoi ça sert, les maths ?

LA référence pour décrypter l'arbre du vivant, entièrement actualisé !

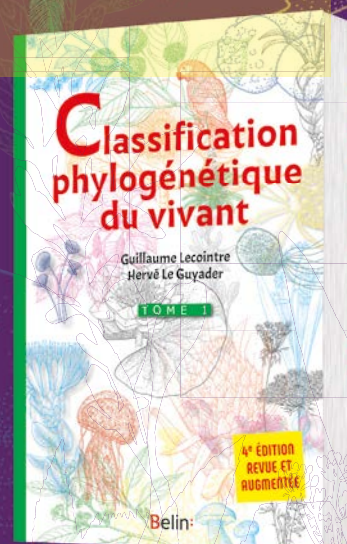
La classification phylogénétique du vivant

Tome 1 - 4^e édition

De Guillaume Lecointre et Hervé Le Guyader

Cette nouvelle édition d'un livre devenu une référence, véritable incursion dans l'arbre du vivant, a été profondément remaniée et actualisée. Ce tome 1 compte 13 arbres, des bactéries aux angiospermes.

Tome 2 à paraître en 2017 : en 16 arbres, l'ensemble des animaux (métazoaires).



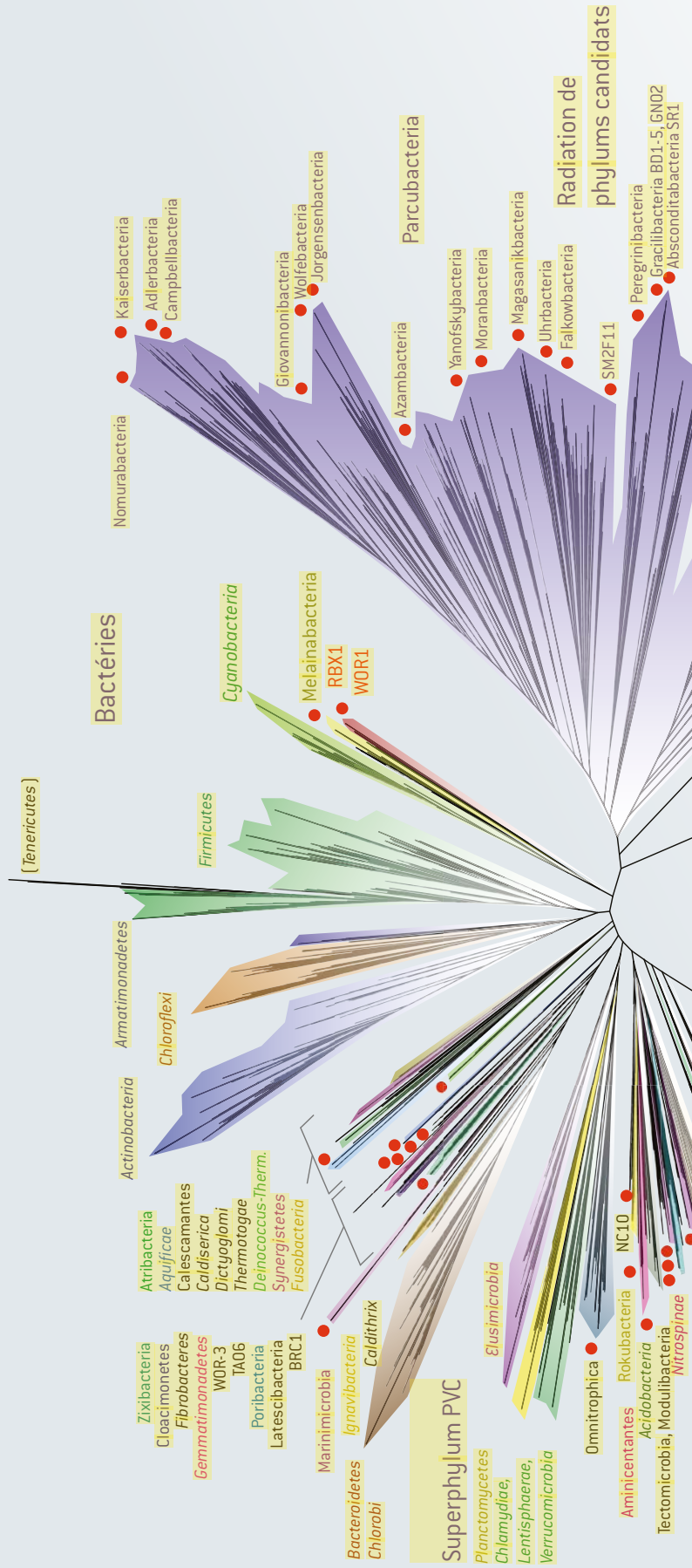
18 x 28 cm - 584 pages - 43 €

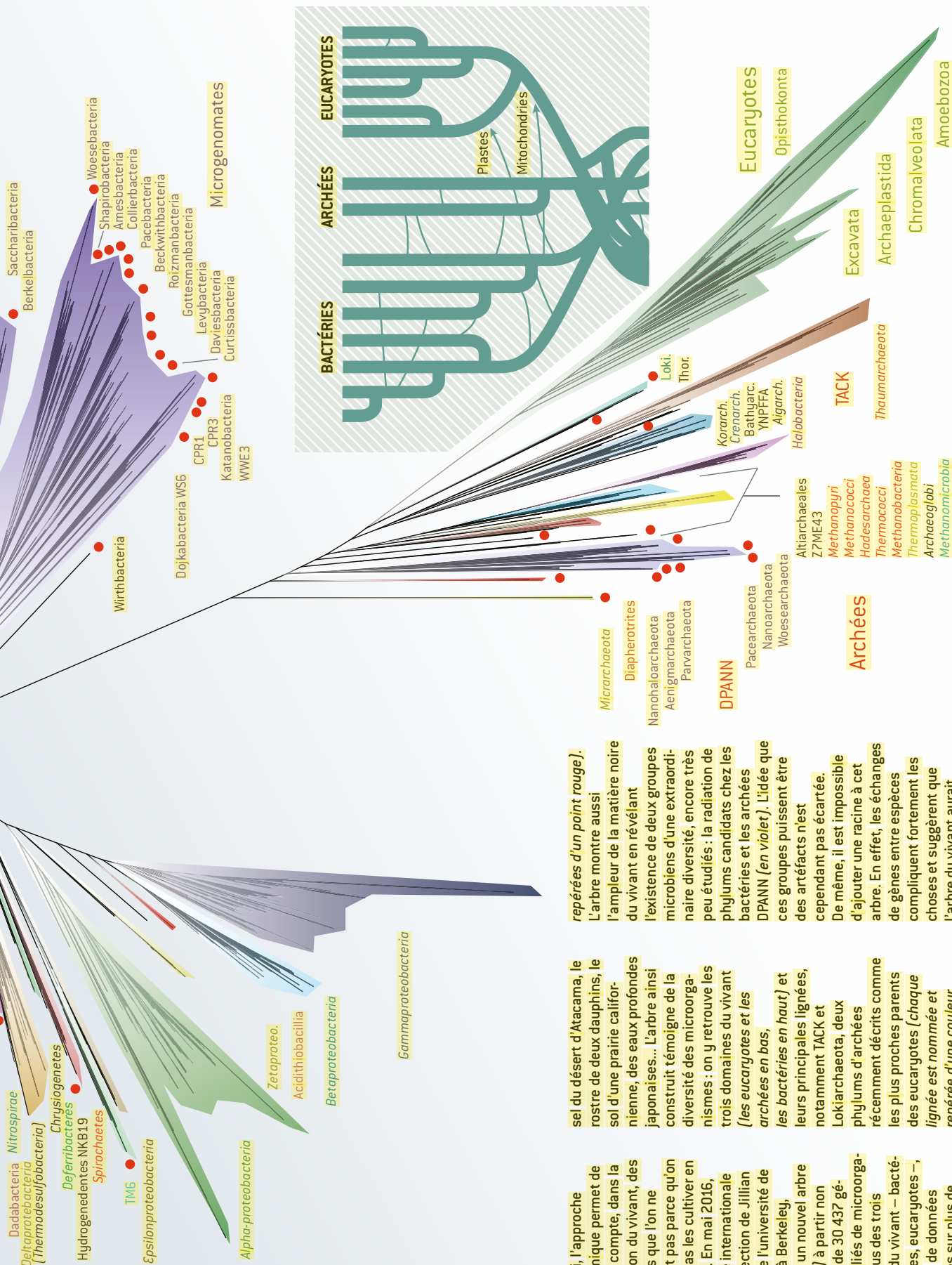
Belin:

Inscrivez-vous à la newsletter sciences sur
editions-belin.com

La matière noire du VIVANT

Un nouvel arbre du vivant construit à partir de l'étude des génomes de plus de 3 000 espèces de microorganismes a révélé l'existence d'une grande diversité de bactéries et d'archées encore mal connues.





Microorganismes : une évolution collective

Bianca Sclavi et John Herrick

Les récentes avancées des techniques de séquençage de l'ADN donnent désormais accès à des génomes entiers d'organismes. Leur analyse a radicalement changé notre vision de la diversité des microorganismes et de leur évolution.

