

CET AMAS DE COLIBACILLES
(Escherichia coli), vu en microscopie électronique, révèle la forme en cylindres oblongs des individus de cette famille de bactérie. Très commune dans la flore intestinale aérobie des mammifères, cette famille de bactéries est constituée surtout de souches inoffensives et de quelques souches pathogènes. Ces bactéries vivaient avec nous depuis l'aube de l'évolution.

L'ESSENTIEL

■ **Le séquençage d'ADN à haut débit a révélé la diversité insoupçonnée des bactéries et des archées.**

■ **Les eucaryotes, ou organismes à cellules dotées d'un noyau, sont issus de l'endosymbiose d'une bactérie avec une cellule procaryote proche des archées.**

■ **Beaucoup de gènes sont capables de sauter d'une cellule à l'autre, de même espèce ou pas.**

■ **Ces gènes sauteurs sont au fondement de la capacité des bactéries et des archées à s'adapter et à évoluer.**

Qui a vécu sur Terre en premier ? Les procaryotes ! Ces organismes constitués d'une seule cellule dépourvue de noyau – les bactéries et les archées – ont été les seuls habitants de notre planète pendant presque un milliard d'années. Les eucaryotes unicellulaires, qui ont un noyau dans leur cellule, sont apparus bien après, peut-être il y a quelque deux milliards d'années.

Selon toute vraisemblance, la cellule eucaryote est issue de l'intégration de cellules procaryotes dans une autre, un événement appelé endosymbiose. Une fois intégrés au sein d'une cellule, ces procaryotes internes ont continué à évoluer pour devenir des organites, c'est-à-dire des composants de la cellule qui accomplissent certaines fonctions, notamment la production d'énergie. C'est cette machinerie cellulaire qui a rendu les eucaryotes capables d'investir de nombreux milieux inaccessibles aux procaryotes et, ensuite, de participer à la formation des organismes multicellulaires complexes.

Pour autant, les eucaryotes multicellulaires s'entourent de nombreux microorganismes et en contiennent. Cette interaction intime joue-t-elle un rôle dans l'évolution ? Nous venons de faire des progrès majeurs dans l'élucidation de cette question. D'une part, une nouvelle description de l'incroyable diversité des procaryotes fournit de nouveaux indices sur les liens de parenté entre procaryotes et eucaryotes. D'autre part, nous avons compris que les populations d'unicellulaires procaryotes ont évolué en partageant des gènes et qu'elles utilisent cet échange d'information génétique pour continuer à évoluer avec notre corps.

Très tôt, les humains ont su que les animaux et les végétaux changent de forme pour s'adapter, ce qu'ils ont mis à profit en domestiquant certains. Pour élaborer la théorie de l'évolution, Charles Darwin est justement parti des connaissances ancestrales acquises sur la sélection : le concept de « sélection naturelle » traduit l'idée que l'organisme mieux adapté à son environnement survit et se reproduit plus facilement. La théorie de l'évolution a d'abord été naturaliste, procédant de la comparaison minutieuse entre les formes vivantes actuelles ou fossiles. Elle le reste aujourd'hui, mais à une nouvelle échelle, car les progrès immenses de la microscopie et de la biologie moléculaire permettent

désormais d'envisager une classification des organismes à partir d'observations faites au niveau cellulaire et moléculaire, notamment grâce au séquençage de l'ARN et de l'ADN.

Des indices précieux sur les liens de parenté entre organismes sont en effet transmis par l'ADN depuis l'aube de la vie. Leur exploitation a commencé dès les années 1970, lors des débuts du séquençage de l'ADN. Le microbiologiste américain Carl Woese et des collègues ont alors proposé de subdiviser les procaryotes en « archées » et en « bactéries », alors que, jusque-là, on les confondait sous le nom unique de « bactéries ».

Depuis ces années pionnières, les chercheurs ont séquencé toujours plus de gènes, même si le processus restait coûteux et lent. Cela a changé vers 2006-2007 : les coûts du séquençage se sont mis à plonger si vite que l'on a pu commencer à séquencer de façon routinière des génomes entiers. Environ 30 000 génomes sont aujourd'hui enregistrés dans des bases de données partagées.

À la recherche du métagénome

Or l'une des méthodes de séquençage – le séquençage à haut débit – permet de lire en une passe et à faible coût les millions de fragments d'ADN se trouvant dans un échantillon d'eau de mer, de terre de jardin, d'extrait intestinal, de sédiment de source hydrothermale... Les bio-informaticiens ont mis au point des algorithmes exécutés sur des calculateurs massivement parallèles (de nombreux processeurs travaillent simultanément) afin de superposer et raccorder toutes les séquences (on superpose les parties communes) et ainsi réassembler des génomes entiers. Ces techniques de séquençage rapide sont très sensibles et fonctionnent avec des échantillons pauvres en matériel génétique, voire ne contenant que celui d'une unique cellule... L'assemblage de tous les rubans d'ADN contenu dans un échantillon produit son « métagénome », c'est-à-dire le génome global de tous les organismes présents.

On comprend aisément que le séquençage à haut débit rende possible l'identification par l'ADN de souches de microorganismes impossibles à isoler et à cultiver en laboratoire, ce qui ne peut qu'élargir nos vues sur la diversité de la vie. C'est

ce que viennent de faire Jill Banfield et ses collègues, de l'université de Californie à Berkeley, dans une étude publiée en mai 2016. Après avoir établi les métagénomes contenus dans des échantillons tirés d'endroits aussi divers que le sol d'un pré, la bouche d'un dauphin ou encore les étangs d'eau chaude jouxtant les geysers volcaniques, ils ont décrit pas moins d'un millier de nouvelles espèces.

Ces résultats ont changé l'« arbre de la vie », la représentation arborescente issue du célèbre *tree of life* imaginé par Darwin où les liens de parenté entre espèces sont représentés par des segments – des « branches ». Les résultats de Jill Banfield montrent que des familles de bactéries auparavant inconnues dotent l'arbre de la vie d'une nouvelle branche (voir la figure ci-dessous). Or, à elles seules, ces familles représentent autant de biodiversité que l'ensemble des bactéries déjà décrites !

Ces nouvelles bactéries ont de tout petits génomes, contenant moins de gènes que les bactéries mieux connues. Cela indique qu'elles vivent probablement à proximité d'autres organismes qui leur fournissent la protection et les nutriments qu'elles ne peuvent se procurer seules. S'agit-il là du type de mode de vie qui a facilité, voire provoqué, les endosymbioses à l'origine des eucaryotes ?

Les procaryotes vivant dans des conditions qui seraient mortelles pour beaucoup

LES AUTEURS



Bianca SCLAVI dirige une équipe de recherche sur les interactions ADN-protéines au Laboratoire de biologie et de pharmacologie appliquée, à l'École normale supérieure de Cachan.

John HERRICK enseigne la biologie des génomes à l'université Simon Fraser, au Canada.

CET ARBRE DE LA VIE revu et simplifié traduit le fait que les eucaryotes, dont nous faisons partie, ne représentent qu'une minuscule partie de la biodiversité, tandis que les archées et les bactéries en représentent la plus grande part. Les eucaryotes seraient issus des archées et des bactéries : ils seraient apparus il y a quelque deux milliards d'années, quand des bactéries ont intégré en leur sein une autre cellule procaryote. Puis une autre endosymbiose analogue aurait apporté à ces eucaryotes primitifs les chloroplastes, et donc la photosynthèse, ce qui aurait donné les végétaux.

d'autres organismes – les extrémophiles – sont l'exemple même d'organismes difficiles à cultiver en laboratoire. Le plus souvent, il s'agit d'archées, qui se sont adaptées à des températures de 60 °C, voire 100 °C, à des concentrations en sel ou en acide très élevées, ou encore aux pressions énormes régnant près des fonds océaniques et en l'absence d'oxygène.

Le séquençage génomique à haut débit a mis au jour des centaines de nouvelles espèces de telles archées, et leurs gènes livrent des indices sur la nature des mécanismes qui leur ont permis de s'adapter à des conditions extrêmes. L'étude de ces mécanismes est très intéressante dans le cadre de la quête des origines de la vie, tant la Terre était un endroit peu hospitalier pour la vie il y a deux milliards d'années.

Quoi qu'il en soit, l'étude des extrémophiles a révélé que les eucaryotes sont bien plus proches des archées qu'on ne le pensait, et c'est là déjà un résultat très important (voir l'entretien avec Simonetta Gribaldo, page 38).

Des gènes sauteurs

Les techniques de séquençage à haut débit nous ont aussi donné une nouvelle perspective sur l'évolution des archées et des bactéries. On construit l'arbre de la vie en comparant les versions d'un ou de plusieurs gènes dans différentes espèces. Aussi, il n'est pas étonnant que depuis les années 1970 les arbres de la vie se soient succédé, à mesure que l'on séquençait davantage de gènes de davantage d'espèces. Or, régulièrement, on a produit pour le secteur des procaryotes (bactéries et archées) des arbres très dissemblables.

Cette constatation nous a révélé qu'un gène peut très bien ne pas avoir la même histoire évolutive que les autres appartenant au même génome. Le séquençage de génomes entiers a non seulement confirmé cela, mais il a aussi révélé à quel point le phénomène est fréquent chez les procaryotes. Comment est-ce possible, alors que l'on pensait que les gènes se transmettaient de génération en génération, c'est-à-dire « verticalement », de cellule mère à cellule fille, à travers les milliers et les millions d'années ?

Manifestement, cette règle ne tient plus chez les procaryotes. De fait, la

