

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.

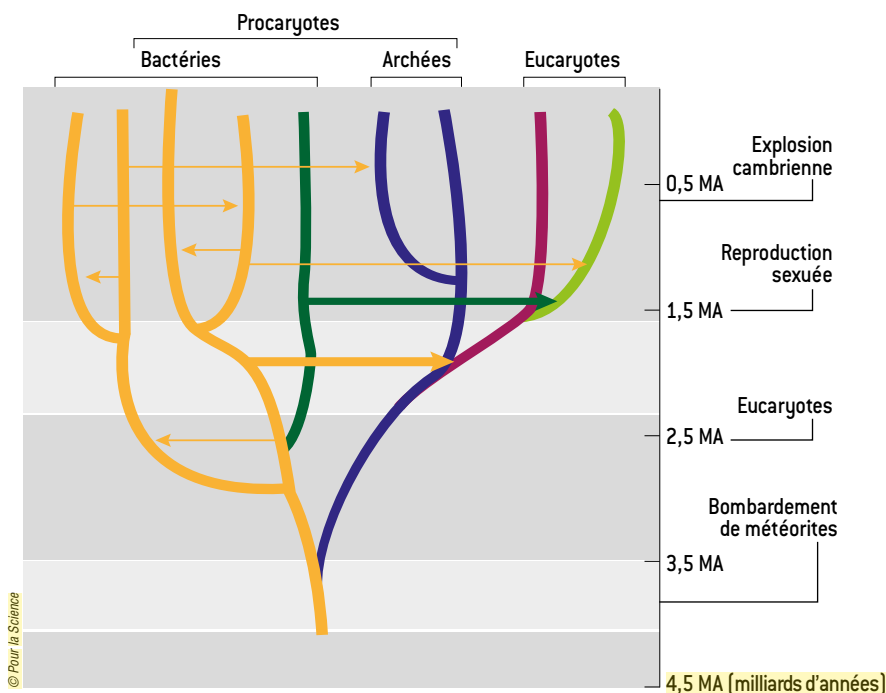
Quoi qu'il en soit, l'étude des extrémophiles a révélé que les eucaryotes sont bien plus proches des archées qu'on ne le pensait, et c'est là déjà un résultat très important (voir l'entretien avec Simonetta Gribaldo, page 38).

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



comparaison des génomes d'un grand nombre d'espèces a mis en évidence des gènes ayant tendance à « sauter » entre cellules de même espèce ou d'espèces différentes, notamment de bactéries à archées. Il existe ainsi des « gènes sauteurs ».

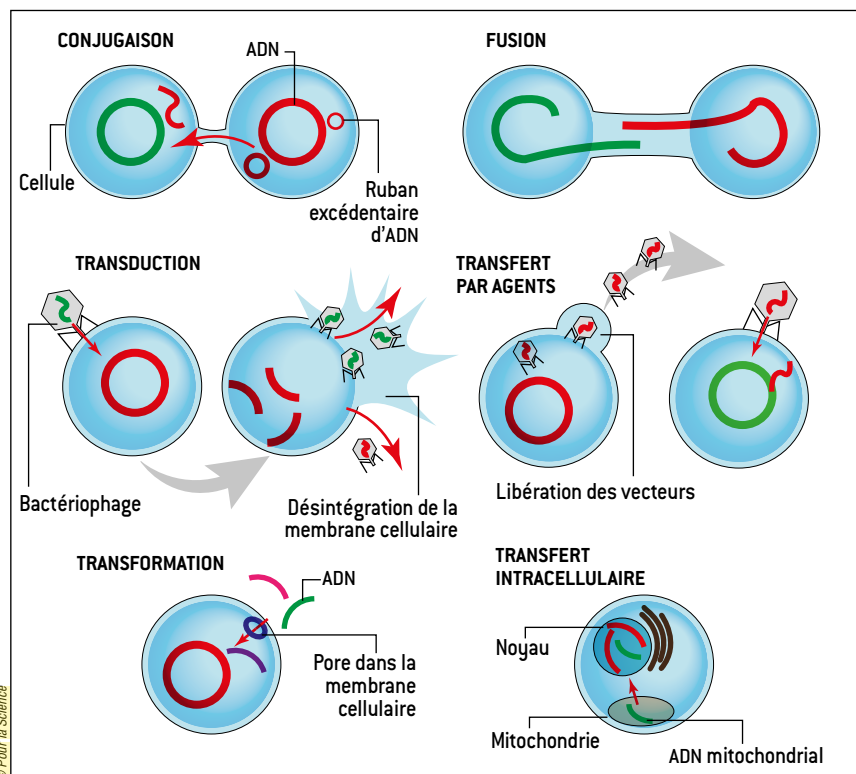
La prise de conscience de l'existence de tels gènes a de très fortes implications quant à la nature du processus évolutif : celui-ci ne saurait être seulement arborescent (produire un arbre de vie), mais résulterait aussi de flux géniques à chaque génération : des transferts de gènes entre espèces que l'on qualifie d'« horizontaux ». Dans certains cas, ces transferts horizontaux entraînent l'acquisition de nouveaux gènes et, ainsi, de nouvelles fonctions ; dans d'autres cas, le transfert apporte un gène déjà présent dans le génome, ce qui peut se traduire par des innovations dues à la redondance des fonctions.

Des entretoises dans l'arbre de la vie

Ainsi, s'agissant des immenses branches maîtresses correspondant aux archées et aux bactéries, l'arbre de la vie est bien étrange, puisqu'on y trouve de très nombreuses « entretoises » reliant les branches entre elles, tandis que la définition même d'espèce devient problématique (voir la figure page 36). En fait, il semble que la structure arborescente de l'arbre de la vie ne garde sa pertinence que sur la branche eucaryote. S'agissant des embranchements dominants des archées et des bactéries, il faut désormais considérer la filiation des gènes en plus de celle des espèces. On nomme pangénome l'ensemble des gènes qui peuvent être échangés entre espèces procaryotes.

Une comparaison avec un téléphone portable moderne peut nous aider à saisir la situation. Avec le génome, tout se passe comme lorsqu'on nous livre un téléphone. Ce genre de petit ordinateur portable est livré avec des applications de base permettant de téléphoner, de prendre ses rendez-vous, de gérer un agenda, d'envoyer des textos, de surfer sur Internet, d'avoir l'heure, etc. Il peut aussi progressivement s'enrichir de nouvelles applications, comparables à des gènes sauteurs, qui lui confèrent de nouvelles fonctions utiles à son utilisateur.

Le premier avantage de ce partage est que chaque cellule n'a pas besoin de



PLUSIEURS MODES DE TRANSFERT HORIZONTAL DE GÈNES COEXISTENT. Conjugaison : deux cellules se conjuguent, c'est-à-dire qu'elles établissent un canal temporaire par lequel vont circuler certains des rubans excédentaires d'ADN qui flottent à l'intérieur de leurs cytoplasmes. Fusion : des cellules fusionnent, c'est-à-dire qu'elles ajoutent leurs génomes et forment un nouveau génome plus grand. Transduction : quand un virus – un bactériophage – infecte une bactérie, il se multiplie en la détruisant ; mais il arrive qu'il emporte avec lui des fragments de l'ADN cellulaire, qu'il peut donc transférer à une autre cellule lors d'une nouvelle infection : on parle alors de transduction. Transfert par agents : la cellule produit ses propres agents de transfert de gènes. Transformation : des pores s'ouvrent dans la cellule et laissent pénétrer des rubans d'ADN provenant d'organismes morts. Transfert intracellulaire : des gènes d'une bactérie intégrée dans la cellule (ici une bactérie devenue mitochondrie, comme on suppose que cela s'est produit pour les premières cellules eucaryotes) sont transférés vers le noyau cellulaire.

stocker tous les gènes existant dans la communauté, tandis qu'il y aura toujours dans la communauté bactérienne où elle vit la fraction des gènes éventuellement utiles à la survie de tous. Dès lors, ces gènes nécessaires à l'adaptation à un éventuel changement environnemental pourront être acquis par l'un des mécanismes de « transfert horizontal ».

C'est ce qui explique que certaines souches de bactéries pathogènes, auparavant sensibles aux antibiotiques, ont trouvé dans l'environnement les gènes nécessaires à la survie en présence des molécules thérapeutiques. Par conséquent, ce qui est le plus souvent un avantage pour une bactérie peut devenir un danger pour les organismes complexes.

De même, un microbe jusque-là inoffensif pourra se muer en un agent pathogène

par acquisition d'une série de gènes se trouvant dans les « îlots de pathogénicité ». Ces régions du génome ont la particularité de pouvoir sortir en un bloc du génome sous la forme d'un ADN circulaire, ce qui favorise leur maintien en état jusqu'à leur arrivée dans une cellule voisine.

Dès lors, se demande-t-on, quels sont les mécanismes des transferts horizontaux de gènes ? Il en existe plusieurs (voir la figure ci-dessus). Pour protéger les systèmes d'information cellulaires, sont apparus plusieurs mécanismes de reconnaissance et de destruction des séquences d'ADN provenant de sources trop éloignées, par exemple des virus. Rien d'étonnant à ce que les procaryotes aient développé des défenses, car l'expression imprévue d'un gène nouvellement arrivé peut coûter cher en termes d'énergie cellulaire.