

découle sans doute du même conflit mécanique qui produit les épines, mais le motif est complètement différent. Les forces sont les mêmes, mais s'exercent avec des amplitudes différentes, et sur une géométrie différente.

L'ouverture de l'ammonite est circulaire chez de nombreuses espèces. Si le rayon du manteau est supérieur au rayon de l'ouverture actuelle, le manteau sera comprimé, mais pas assez pour engendrer le degré d'instabilité élastique nécessaire pour produire les épines. Au lieu de cela, le manteau pousse vers l'extérieur, et le rayon de la coquille augmente lors de l'incrément de croissance suivant. Mais ce mouvement vers l'extérieur est contrecarré par la zone générative, qui agit comme un ressort antagoniste ayant tendance à maintenir l'orientation de la coquille telle qu'elle est.

Nous avons supposé que l'effet de ces deux forces opposées est un système oscillatoire: le rayon de la coquille augmente, ce qui réduit la compression du manteau, mais, ce faisant, il grandit trop et met le manteau en état de tension. Celui-ci tire alors vers l'intérieur pour réduire la force de tension, ce qui finit par diminuer trop le rayon de l'ouverture, jusqu'à mettre le manteau dans un état de compression. Une description mathématique de cet «oscillateur morphomécanique» a confirmé notre hypothèse: ce modèle oscillant produit une succession régulière de côtes, avec une longueur d'onde et une amplitude qui augmentent au cours de la croissance et du développement du mollusque. Le modèle prédit fidèlement de nombreuses formes connues d'ammonites.

La modélisation mathématique prédit également que plus le taux d'expansion de la coquille est grand (c'est-à-dire plus l'augmentation de la taille de l'ouverture de la coquille est rapide), moins les côtes sont prononcées. Ces résultats aident à expliquer l'observation selon laquelle une courbure accrue de l'ouverture est corrélée à des côtes plus marquées, tendance que les paléontologues ont remarquée depuis plus d'un siècle.

Cette relation entre le taux d'expansion de l'ouverture et l'aspect plus ou moins côtelé apporte également une explication mécanique et géométrique simple à une énigme de longue date relative à l'évolution des mollusques. Il s'agissait de comprendre pourquoi les coquilles des nautilus fossiles (famille des Nautilidés) sont restées à peu près lisses depuis au moins 200 millions d'années, à l'instar de la coquille de l'actuel genre *Nautilus*, ce qui a conduit un certain nombre d'observateurs à suggérer que ce groupe n'aurait que peu évolué sur cette période. En effet, les rares espèces de nautilus qui subsistent aujourd'hui dans les océans Indien et Pacifique sont souvent qualifiées de fossiles vivants. Cependant, notre modèle biophysique de croissance montre que la nature lisse des

coquilles de Nautilidés est simplement la conséquence mécanique d'une expansion rapide de l'ouverture. La lignée des Nautilidés a peut-être évolué davantage que ne le suggère la morphologie de leur coquille, mais comme les motifs ornementaux caractéristiques utilisés par les

Les côtes de la coquille des ammonites seraient le produit d'un système oscillatoire

BIBLIOGRAPHIE

J.-P. Delahaye, **L'algorithme des coquillages**, *Pour la Science* n° 485, pp. 80-85, mars 2018.

A. Goriely, **The Mathematics and Mechanics of Biological Growth**, Springer, 2017.

A. Erlich et al., **Morphomechanics and developmental constraints in the evolution of ammonites shell form**, *Journal of Experimental Zoology B*, vol. 326(7), pp. 437-450, 2016.

R. Chirat et al., **Mechanical basis of morphogenesis and convergent evolution of spiny seashells**, *PNAS*, vol. 110(15), pp. 6015-6020, 2013.

paléontologues pour distinguer les espèces font défaut dans ce groupe, le taux d'évolution réel des Nautilidés reste difficile à estimer.

Il nous reste beaucoup à apprendre sur la façon dont les mollusques bâtissent leurs formidables demeures. Une courte visite d'une belle collection de coquillages donne à voir plusieurs motifs que les scientifiques ne sont pas encore en mesure d'expliquer.

Par exemple, plus de 90% des gastéropodes sont dextres, c'est-à-dire que si l'on place la pointe de leur coquille vers le haut, l'ouverture se trouve du côté droit. Moins de 10% sont senestres, c'est-à-dire que leur coquille s'enroule dans l'autre sens, vers la gauche. Les scientifiques commencent tout juste à explorer les mécanismes qui conduisent à cette prédominance de la forme dextre.

On ne connaît pas non plus l'origine de certaines ornementsations d'un raffinement extrême, comme le motif plus ou moins fractal d'épines que l'on trouve sur un certain nombre d'espèces de mollusques de la famille des Muricidés (les murex). Par ailleurs, même si nous savons que les facteurs environnementaux influent sur le taux de croissance des coquillages, on connaît mal l'impact de ces variables sur leur forme.

Ces énigmes et d'autres concernant les mollusques à coquilles, organismes modèles pour explorer des questions plus larges sur la formation des motifs dans la nature, montrent que nous avons encore fort à faire. Mais la compréhension des forces physiques mises en jeu dans le développement de ces animaux est à l'évidence l'une des clés nécessaires pour les élucider. ■



L'ESSENTIEL

> Plus de 500 fragments d'ADN existent chez les chimpanzés et d'autres mammifères, mais pas chez les humains : ils ont été perdus au cours de l'évolution.

> Trois de ces séquences contiendraient des « interrupteurs » qui activent des gènes.

> La perte de l'un aurait favorisé la croissance du cerveau. Un autre aurait facilité la marche debout.

> Le troisième aurait contribué à l'évolution de nos comportements vers une concurrence moins intense entre les hommes, et plus de coopération et d'attachement entre hommes et femmes.

L'AUTEUR



PHILIP L. RENO
professeur de sciences
biomédicales au Collège
de médecine ostéopathique
de Philadelphie

L'ADN perdu qui a fait l'homme

Cerveau volumineux, posture debout, stratégie reproductive favorisant le couple... Ces caractéristiques des humains seraient apparues grâce à la disparition, au fil de l'évolution, de fragments clés de notre génome.



Rencontre des grands singes lors d'une visite au zoo ne laisse pas indifférent. D'un côté, leur ressemblance avec nous est frappante. Leurs expressions faciales et la façon dont ils saisissent des objets sont étrangement similaires aux nôtres. Mais, d'un autre côté, chimpanzés, bonobos, orangs-outans et gorilles sont si différents de nous. Notre marche debout, les capacités de notre cerveau et d'autres caractères nous démarquent sans conteste. Quels événements déterminants, au cours de l'évolution, nous ont rendus si spécifiquement humains ? Pourquoi sont-ils survenus ? Et comment ?

Pendant des décennies, les anthropologues et les biologistes évolutionnistes ont buté sur ces questions. Mais aujourd'hui les outils modernes de la génétique leur ouvrent de nouvelles perspectives. Ils ont ainsi montré que, contrairement à ce que l'on pourrait croire, certaines caractéristiques parmi celles qui nous distinguent de nos plus proches parents ne proviennent pas d'ajouts à nos gènes. Au contraire, elles résultent de disparitions de morceaux clés d'ADN.

De nombreuses recherches en laboratoire, dont les miennes, ont suivi la trace de certains de ces segments d'ADN perdus en comparant les génomes humains avec ceux d'autres mammifères et d'humains archaïques : les Néandertaliens et nos cousins moins connus, les hommes de Denisova. Nous avons découvert que pendant les 8 millions d'années écoulées depuis que la lignée humaine a dévié de celle des chimpanzés, les génomes de nos ancêtres se sont délestés de fragments d'ADN qui activent des gènes clés pendant le développement embryonnaire. Les Néandertaliens partagent ces pertes : elles se sont donc produites tôt dans notre histoire évolutive.

En fait, la perte de ces séquences d'ADN serait liée à des traits exclusivement humains : des cerveaux volumineux, une marche debout et des habitudes particulières d'accouplement.

L'ÉPINOCHÉ QUI AVAIT PERDU SES NAGEOIRES

J'ai commencé à m'intéresser à l'évolution humaine dans les années 2000, lors de mon doctorat auprès de l'anthropologue Owen Lovejoy, à l'université d'État de Kent, en étudiant les différences entre les squelettes mâles et femelles chez nos parents humains éteints. J'espérais poursuivre mes recherches dans ce domaine pour comprendre ce qui, dans nos gènes et programmes de développement embryonnaire, avait changé au cours de notre histoire évolutive, et j'ai eu la chance d'obtenir un postdoctorat auprès de David Kingsley, de l'université Stanford, qui travaillait justement sur ces questions.

Entre autres travaux, l'équipe de David Kingsley avait identifié des modifications de l'ADN impliquées dans l'évolution de poissons, les épinoches. Notamment, la disparition d'un fragment d'ADN chez les épinoches d'eau douce s'était révélée avoir causé la perte des nageoires pelviennes épineuses chez cette espèce. Ce morceau d'ADN perdu contenait une sorte d'interrupteur nécessaire à l'activation, dans certaines cellules et à un stade précis du développement, d'un gène impliqué dans le développement de l'épine pelvienne.

Si un tel scénario s'était produit chez les épinoches, pourquoi pas chez les humains ? De subtils changements du lieu et du moment où



Les génomes des humains et des chimpanzés diffèrent de 100 millions de bases



s'activent les gènes au cours du développement auraient alors favorisé l'apparition, au cours de l'évolution, de caractères propres à l'espèce humaine.

Inspirés par ces travaux sur l'épinoche, nous sommes partis en quête de tels interrupteurs qui auraient disparu chez les humains au cours de l'évolution. Aujourd'hui, on dispose de génomes séquencés d'humains et de singes, ainsi que d'outils statistiques pour les analyser, ce qui a rendu possibles nos expériences. Avec certains collègues de l'équipe de David Kingsley, nous nous sommes associés à Gill Bejerano, biologiste et informaticien de l'université Stanford, et au doctorant Cory McLean pour concevoir nos expériences.

Retrouver des fragments manquants d'ADN n'est pas une tâche facile, car les génomes sont vastes. Le nôtre contient 3,2 milliards de bases (les constituants de l'ADN), parmi lesquelles environ 100 millions diffèrent entre les humains et les chimpanzés. Comment réaliser notre expérience ? Pour comprendre notre approche, quelques précisions sont nécessaires.

Dans le génome d'une espèce, les segments d'ADN qui jouent un rôle important sont préservés de façon très fidèle au cours de l'évolution. En outre, plus deux espèces sont proches, plus leurs séquences génétiques sont >