

nouvelle approche sur la plupart des grandes lignées de bactéries en montrant qu'elle permet de retrouver les mêmes résultats qu'avec les espèces externes. Pour des cas où c'était notoirement difficile, la méthode a permis de proposer une nouvelle manière d'interpréter l'histoire des organismes. C'est le cas notamment pour les archées (le troisième grand domaine du vivant aux côtés des bactéries et des eucaryotes), ce qui a permis à Tom Williams et ses collègues, de l'université de Bristol, au Royaume-Uni, en collaboration avec l'un de nous (Bastien Boussau), de proposer en 2017 que l'ancêtre des archées était anaérobie (voir l'encadré page ci-contre). Nous travaillons actuellement à étendre cette approche à l'arbre du vivant, qui, par définition, contient toutes les espèces connues, ce qui rend impossible l'utilisation d'espèces externes.

DATER L'ARBRE DU VIVANT

Le transfert contient même une information chronologique beaucoup plus précise : l'organisme receveur a nécessairement vécu soit en même temps que le donneur, soit après lui. Habituellement, les informations temporelles sur l'histoire de la vie viennent principalement des fossiles, datés à l'aide des méthodes issues de la géologie. Si besoin, on complète l'étude avec des méthodes d'horloge moléculaire, fondées sur le nombre de mutations dans l'ADN (on suppose que les mutations aléatoires surviennent à une certaine fréquence). Toutefois, cette stratégie a des limites.

Certes, le registre fossile est abondant pour les organismes macroscopiques, comme les animaux et les plantes, mais même en présence d'un fossile daté, relier ce dernier à un groupe particulier de l'arbre du vivant peut se révéler compliqué. La situation est pire pour les organismes microscopiques, car leurs fossiles sont soit inexistantes, soit très difficiles à comparer aux organismes actuels sur la base des seules caractéristiques morphologiques. Il est donc souvent impossible de les rattacher à des groupes d'organismes connus.

Le transfert, lui, est ubiquitaire, et abondant principalement chez les microbes, ceux-là mêmes chez qui manquent les fossiles pour avoir des informations chronologiques. Chaque transfert repéré est l'équivalent de la découverte d'un fossile, directement placé sur l'arbre du vivant. En 2018, notre équipe a ainsi montré, dans des groupes d'organismes aussi divers que des cyanobactéries, des archées ou des champignons, que le signal de datation associé au transfert est abondant et qu'il permet d'établir une chronologie complète de la diversification des espèces. Les informations temporelles restent relatives (un groupe est plus ancien qu'un autre) et difficiles à ancrer dans une échelle de temps >

DATER L'ARBRE DES CYANOBACTÉRIES

Traquer les transferts de gènes au sein d'un groupe d'organismes peut aider à dater les différentes branches de l'arbre qui le décrit, les unes par rapport aux autres. En 2018, les auteurs et leurs collègues ont utilisé cette méthode pour étudier la phylogénie des cyanobactéries. À partir de quarante génomes de ces bactéries, ils ont examiné la probabilité de chaque gène de s'être dupliqué, transféré ou d'avoir disparu. Ils ont ainsi abouti à un arbre où les dates relatives de diversification donnent des informations sur

l'histoire des cyanobactéries et leur rôle dans la composition de l'atmosphère terrestre (ci-dessous). Les dégradés de rouge représentent l'incertitude sur l'ordre chronologique des embranchements. Moins le rouge est intense, plus l'incertitude est grande. Le groupe des *Prochlorococcus* et *Synechococcus* (en bleu), l'un des plus abondants aujourd'hui dans les océans, serait ainsi apparu il y a environ 860 millions d'années, soit tardivement par rapport aux autres groupes de cyanobactéries comme celles (en vert) capables de former des cellules dormantes ou akinètes.

