

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.

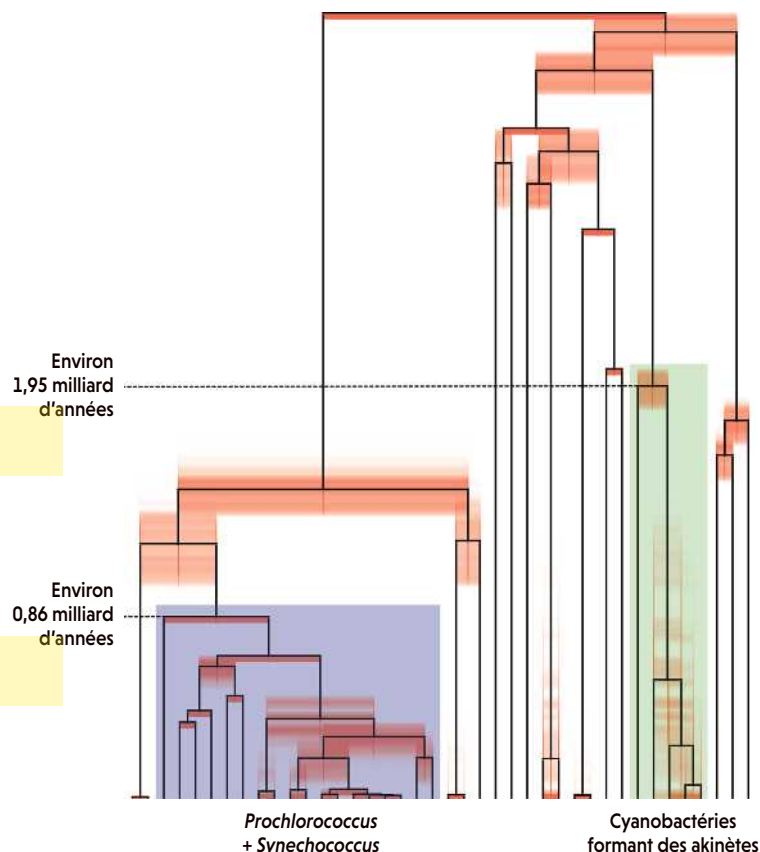
Certes, le registre fossile est abondant pour les organismes macroscopiques, comme les animaux et les plantes, mais même en présence d'un fossile daté, relier ce dernier à un groupe particulier de l'arbre du vivant peut se révéler compliqué. La situation est pire pour les organismes microscopiques, car leurs fossiles sont soit inexistants, 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.

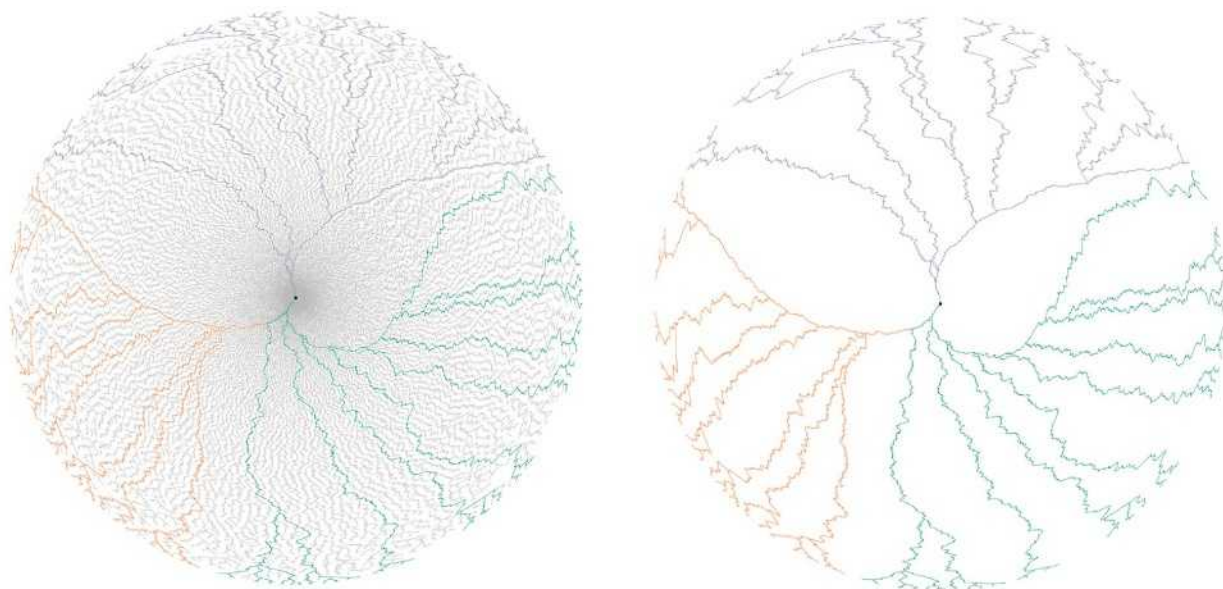
Le transfert, lui, est ubiquitaire, et abondant principalement chez les microbes, ceux-là mêmes chez qui manquent les fossiles pour avoir des informations chronologiques. Chaque transfert repéré est l'équivalent de la découverte d'un fossile, directement placé sur l'arbre du vivant. En 2018, notre équipe 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

**T**raquer 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.





Deux visions de l'arbre du vivant obtenues par des simulations, orientées du centre vers les extrémités : à gauche, un arbre qui contiendrait toutes les espèces ayant existé sur Terre ; à droite, la partie que l'on peut construire à partir des espèces actuelles connues, en l'absence de fossiles et de transferts de gènes.

> absolu (en millions d'années). Néanmoins, elles sont généralement cohérentes avec des méthodes d'horloge moléculaire.

Chez les cyanobactéries, les nombreux transferts de gènes identifiés suggèrent que le groupe des *Prochlorococcus* et des *Synechococcus*, qui rassemble les organismes les plus abondants à l'heure actuelle dans les océans, responsables d'une part significative de la production d'oxygène par photosynthèse, serait apparu tardivement par rapport aux autres groupes de cyanobactéries (voir l'encadré page 63). Les méthodes d'horloge moléculaire tendaient à leur attribuer une origine ancienne, mais la vitesse d'évolution de ces organismes rend difficile l'utilisation de ces méthodes, ce qui suggère que, dans ce cas, la datation par l'étude des transferts de gènes est plus fiable.

## UN HÉRITAGE DES ESPÈCES DISPARUES

L'analogie entre un transfert et un fossile ne s'arrête pas à leur utilisation pour la datation. Ils peuvent tous deux porter une trace des espèces éteintes. Sur la base du registre fossile, on estime à plus de 99% la proportion des espèces ayant vécu sur Terre et qui n'ont pas de descendants aujourd'hui. Quand on fait l'histoire du monde vivant à partir des espèces actuelles, en remontant dans le temps et en suivant la trace de leurs ancêtres, on n'a accès qu'à une infime partie de l'écosystème passé (voir la figure ci-dessus). Sans compter qu'on est loin de connaître toutes les espèces actuelles. Notre seule information sur ces espèces disparues est faite de fossiles.

Si nous connaissons les dinosaures, qui ont peuplé la Terre pendant des millions d'années,

c'est parce qu'ils ont laissé des traces fossiles. Et s'ils ont laissé des traces fossiles, c'est parce qu'ils sont gros et que leurs tissus se fossilisent bien, comme les os. Des organismes microscopiques, de loin les plus abondants et les uniques occupants de la Terre durant l'essentiel de son histoire, nous n'avons quasiment aucune trace... sauf celle des transferts. En effet, si la détection d'un transfert nécessite que l'organisme receveur ait des descendants actuels, le donneur a toutes les chances de provenir d'une espèce éteinte. L'existence du transfert fait qu'elle n'a pas tout à fait disparu, sa contribution aux génomes actuels est preuve de son existence. En détectant un grand nombre de transferts d'un même donneur inconnu, on pourrait donc déceler une espèce disparue, ou une grande lignée qui aurait eu une importance pour les écosystèmes pendant de longues périodes, et dont on n'a pas d'autre trace. Cette possibilité théorique est connue de la communauté scientifique depuis quelques années, mais personne n'a encore réussi à la mettre en pratique.

## LA PISTE DU MICROBIOTE

On a peut-être crié un peu vite à l'incompatibilité entre l'entreprise phylogénétique et le transfert horizontal. Sans prétendre que la réconciliation que nous proposons ait l'ampleur de la synthèse néodarwinienne, qui avait rassemblé de grands pans de la connaissance pour construire une théorie réconciliant l'évolution et l'hérédité, nous soutenons que le transfert est, pour la construction des arbres, leur orientation, la datation et la connaissance des espèces éteintes, un allié décisif – un nouveau registre fossile. De fait,

## BIBLIOGRAPHIE

A. A. Davin et al., **Gene transfers can date the tree of life**, *Nat. Ecol. Evol.*, vol. 2, pp. 904-909, 2018.

T. A. Williams et al., **Integrative modeling of gene and genome evolution roots the archaeal tree of life**, *PNAS*, vol. 114(23), pp. 4602-4611, 2017.

H. Le Guyader, « **L'arbre du vivant cachait une forêt** », *Pour la Science*, n° 469, pp. 26-30, 2016.

S. M. Soucy et al., **Horizontal gene transfer : building the web of life**, *Nat. Rev. Genet.*, vol. 16, pp. 472-482, 2015.

G. J. Szöllösi et al., **Lateral gene transfer from the dead**, *Syst Biol.*, vol. 62(3), pp. 386-397, 2013.

L. Duret et S. Charlat, **Éloge de l'ADN poubelle**, *Dossier Pour la Science*, n° 81, pp. 10-17, 2013.

S. S. Abby et al., **Lateral gene transfer as a support for the tree of life**, *PNAS*, vol. 109(13), pp. 4962-4967, 2012.