

étoiles, c'est-à-dire leurs concentrations en éléments plus lourds que l'hydrogène et l'hélium. À ses débuts, l'Univers ne contenait quasiment que de l'hydrogène et de l'hélium; les premières étoiles avaient donc une faible métallicité. Puis l'activité stellaire a synthétisé des éléments lourds et la métallicité des générations successives d'étoiles a augmenté.

Or, d'après les modèles, si les étoiles de faible métallicité sont capables de produire des trous noirs assez massifs (comme ceux observés par *Ligo* et *Virgo*), celles de métallicité élevée ne donnent que des trous noirs de moins de 25 masses solaires. En effet, elles perdent beaucoup de matière sous la forme de vent stellaire avant de mourir. Le trou noir LB-1 pourrait donc être le résultat de la coalescence de deux trous noirs issus d'étoiles de faible métallicité.

Il y aurait donc eu initialement un système de trois étoiles dont deux, très massives, auraient donné des trous noirs qui ont ensuite fusionné. Et le troisième larron serait l'étoile de type B. Cependant, les caractéristiques de ce dernier astre ne sont pas compatibles avec ce scénario. En général, un système binaire ou triple se forme dans une poutrière d'étoiles (un vaste nuage de gaz où un grand nombre d'étoiles naissent en même temps). Par conséquent, les membres du système partagent certaines caractéristiques, dont la métallicité. Pour avoir un trou noir de 68 masses solaires, il faudrait donc que l'étoile de type B ait une faible métallicité, ce qui n'est pas le cas.

Une autre explication est que l'étoile de type B aurait été capturée sous l'effet de l'attraction gravitationnelle du trou noir. Dans ce cas, les astres ne seraient pas nés au même endroit et les progéniteurs du trou noir avaient peut-être une métallicité faible. Mais dans le cas d'une étoile capturée, la trajectoire est souvent très excentrique, c'est-à-dire très allongée. Or, justement, l'orbite de l'étoile est plutôt circulaire. Certains processus tendent à rendre circulaire une orbite, mais ils sont très lents, et bien trop lents par rapport à l'âge de notre étoile pour avoir été à l'œuvre ici. Bref, un trou noir de cette masse dans la Voie lactée est un vrai casse-tête. ■

SEAN BAILLY

Jifeng Liu et al., *Nature*, vol. 575, pp. 618-621, 2019

Le gigantopithèque enfin mis à sa place

Un énigmatique singe géant a vécu en Asie. Mais ses fossiles étant très peu nombreux et ses caractères morphologiques très particuliers, on ne parvenait pas à le placer dans l'arbre de parenté des grands singes. Une équipe menée par Frido Welker et Enrico Cappellini, de l'université de Copenhague, vient de régler ce problème à l'aide d'une nouvelle technique, la paléoprotéomique. Les explications d'Anne-Marie Bacon, qui a participé à ces travaux.

Propos recueillis par FRANÇOIS SAVATIER

ENTRETIEN AVEC ANNE-MARIE BACON paléontologue au CNRS, à l'institut médico-légal de Paris

Ainsi, il a existé en Asie un King Kong ?

En quelque sorte, même si faire de cet animal un King Kong ou un Yéti est peu scientifique. En fait, il s'agit du gigantopithèque, un grand singe qui devait mesurer 2,5 mètres de haut pour 300 kilogrammes. Étant spécialiste des faunes anciennes d'Asie du Sud-Est, j'ai fait partie de l'équipe constituée par Frido Welker et Enrico Cappellini pour le décrire. Nous en savons très peu, puisque nous ne disposons que de rares fossiles.

Pourquoi cette rareté ?

Parce que dans les milieux karstiques, très fréquents dans les régions tropicales de Chine du Sud et d'Indochine, pratiquement rien ne se conserve longtemps, à part quelques dents. Et ces fossiles ne subsistent le plus souvent que dans les grottes calcaires. Pour le gigantopithèque, nous n'avons ainsi que quatre mandibules chinoises et des dents isolées, dont certaines trouvées au Vietnam et en Thaïlande. Ces fossiles sont en outre dispersés dans le temps entre environ 2 millions d'années et 450 000 ans.

Est-ce pour cela que l'on n'arrivait pas à établir la parenté de ce grand singe ?

On se doutait qu'il était proche des orangs-outans, mais sans en avoir la certitude. Ces singes des forêts tropicales de Sumatra et de Bornéo appartiennent au genre *Pongo*, qui compte par ailleurs une dizaine d'espèces éteintes pour lesquelles on a un peu de matériel fossile, mais pas assez pour que la comparaison permette de situer le gigantopithèque sur le plan phylogénétique à partir de sa seule morphologie dentaire.

Dès lors, comment avez-vous établi sa parenté ?

Comme il n'était pas possible d'utiliser la comparaison morphologique des dents, Frido Welker et Enrico Cappellini ont eu recours à la paléoprotéomique – l'analyse

des protéomes, ces jeux de protéines caractéristiques d'un tissu biologique. Les chercheurs ont extrait le protéome de l'émail dentaire d'un gigantopithèque et l'ont comparé à ceux de l'émail dentaire des autres grands singes et même de l'homme, ce qui a permis d'établir ses relations de parenté avec toutes ces espèces. Plus précisément, pour construire l'arbre phylogénétique le plus probable et estimer les dates de divergence entre les lignées, ils ont appliqué, aux différents protéomes comparés, une méthode statistique élaborée – la méthode bayésienne.

Et qu'en ressort-il ?

D'abord, la certitude que le gigantopithèque est un ponginé, c'est-à-dire un animal plus proche de l'orang-outan que des autres grands singes actuels, les gibbons en Asie et les chimpanzés et gorilles en Afrique ; ensuite, que la divergence en Asie entre la lignée des orangs-outans et celle du gigantopithèque s'est produite il y a entre 10 et 12 millions d'années. Nous apprenons ainsi que l'histoire évolutive de ce singe a duré dix millions d'années, alors que nos plus anciens restes datent d'à peine 2 millions d'années...

Jusqu'où remontera-t-on dans le temps avec la paléoprotéomique ?

Je ne suis pas spécialiste de cette technique, mais il y a beaucoup d'efforts réalisés pour améliorer l'extraction des protéines anciennes, qui se conservent bien mieux que l'ADN. Ainsi, en milieu tropical, le plus ancien ADN jamais extrait a tout juste quelques milliers d'années, alors que les protéines les plus anciennes que l'on ait extraites – celles du gigantopithèque – ont 1,9 million d'années. C'est le record en Asie. En Europe, l'équipe d'Enrico Cappellini a pu extraire les protéines d'un rhinocéros de 1,77 million d'années, découvert à Dmanissi, en Géorgie. Mais il n'y a aucun doute : ces records seront battus.

F. Welker et al., *Nature*, en ligne le 13 novembre 2019

ÉVOLUTION

SORTIE DES EAUX DES VÉGÉTAUX: UN SCÉNARIO REVISITÉ

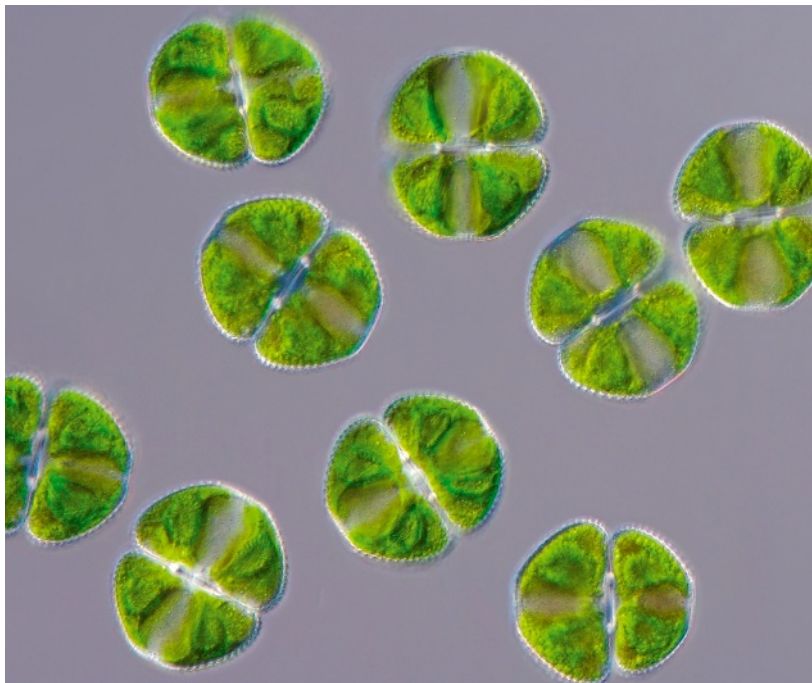
Une nouvelle étude montre comment un transfert de gènes de bactéries vers des plantes a permis à ces dernières de coloniser la terre ferme.

Il y a entre 480 et 450 millions d'années, les premiers végétaux sont partis à la conquête du milieu terrestre. Ce dernier leur était très hostile car il fallait pouvoir résister à la dessiccation, aux ultraviolets, à la gravité, etc. Aujourd'hui, les continents sont le terrain privilégié des embryophytes (mousses, fougères, conifères et plantes à fleur), qui présentent tous les caractères nécessaires pour y prospérer. Plusieurs observations récentes ont cependant mis en défaut l'hypothèse simple où l'ancêtre commun des embryophytes aurait lancé la conquête des continents. Shifeng Cheng, de l'Académie des sciences agricoles, à Shenzhen, en Chine, et ses collègues ont réexaminé ce scénario.

Il y a une vingtaine d'années, on pensait que les embryophytes étaient des cousins proches du groupe des coléochaetes, des algues exemptes des adaptations nécessaires pour la vie hors des océans. Dès lors, on pensait que la conquête du milieu terrestre n'avait été réalisée que par le seul groupe des embryophytes. Mais entre 2012 et 2018, la découverte d'une proximité plus grande des embryophytes avec les zygnématophycées, un groupe d'algues peu étudié, a conduit à repenser la question. La conquête s'est-elle faite avant ou après la divergence entre les embryophytes et les zygnématophycées?

Pour y répondre, Shifeng Cheng et ses collègues ont séquencé le génome de différentes espèces d'embryophytes, de zygnématophycées et d'autres végétaux. Ils ont trouvé des gènes communs aux embryophytes et aux zygnématophycées, notamment les gènes *PYL* et *GRAS*, qui interviennent dans la résistance à la dessiccation. L'ancêtre commun des embryophytes et des zygnématophycées était donc probablement adapté à un mode de vie terrestre et aurait peut-être conquis ce milieu il y a 580 millions d'années.

Plus surprenant encore, en étendant leur analyse à des espèces non végétales, les biologistes ont constaté que les gènes *PYL* et *GRAS* sont très fréquents chez les bactéries du sol. Il est donc très probable qu'il y ait eu des transferts de gènes de bactéries terrestres vers l'ancêtre commun des embryophytes et des zygnématophycées. Ainsi, les bactéries, qui ont



Ces algues vertes du genre *Cosmarium* appartiennent au groupe des zygnématophycées. Elles vivent dans l'eau douce, mais leurs ancêtres vivaient peut-être sur la terre ferme.

colonisé le milieu terrestre il y a 3,2 milliards d'années, auraient joué un rôle non négligeable dans l'arrivée ultérieure des premiers végétaux terrestres.

Dans cette conquête végétale, cependant, comment expliquer le succès des embryophytes et le retour au milieu aquatique de la plupart des zygnématophycées? L'étude génétique révèle que les zygnématophycées, à la différence des embryophytes, ne possèdent pas certains gènes qui sont nécessaires à l'établissement de symbioses (associations) avec certains champignons du sol. Or ces symbioses confèrent aux végétaux terrestres la capacité de capter plus facilement de l'eau et des nutriments du sol, moins accessibles qu'en milieu aquatique. Une hypothèse séduisante pour expliquer l'omniprésence actuelle des embryophytes sur la terre ferme! ■

CORALINE MADEC

S. Cheng *et al.*, *Cell*, vol. 179(5), pp. 1057-1067, 2019