

> cela leur a permis de comprendre les conséquences de leur perte chez les cétacés. En voici quelques exemples.

Les gènes *F12* et *KLKB1* codent deux facteurs qui, lors de la coagulation sanguine, favorisent la formation du caillot. Or, au cours de la plongée, les cétacés présentent une baisse de leur rythme cardiaque, une réduction du débit sanguin et une vasoconstriction périphérique. La fréquence de ces phénomènes augmente le risque de thrombose, c'est-à-dire de formation d'un caillot dans les vaisseaux sanguins. Chez la souris, inactiver ces deux gènes diminue le risque de thrombose. La perte de fonction de ces deux gènes chez les cétacés leur est donc bénéfique, d'autant plus qu'elle n'empêche pas la formation de caillot lors d'une blessure.

DES POUMONS PLUS ÉLASTIQUES

Autre exemple: lors d'une plongée profonde, les poumons des cétacés collapseraient. Ainsi, le volume des poumons d'un grand cachalot de 15 mètres n'est que de 7,5 litres à 1000 mètres de profondeur, alors qu'il est de 750 litres en surface. De plus, ces animaux réalisent, à leur remontée, une « expiration explosive »: ils vident 90% du volume de leurs poumons en un souffle. Or Michael Hiller et ses collègues ont remarqué qu'un gène jouant un rôle spécifique dans le système respiratoire, le gène *MAP3K19*, est devenu inactif chez les cétacés.

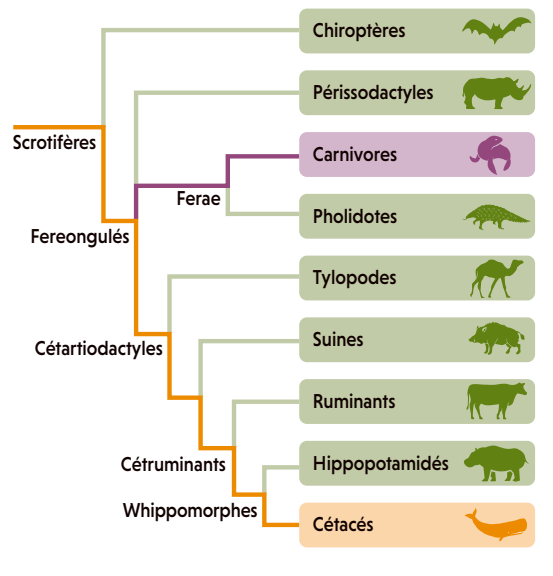
Chez l'humain, ce gène s'exprime dans diverses cellules des bronches et sa surexpression est impliquée dans le développement de la bronchopneumopathie chronique obstructive, une maladie due à la cigarette. Or l'inflammation induite entraîne la dégradation de l'élastine, une protéine qui confère son élasticité aux tissus pulmonaires. Le vidage des poumons est alors très incomplet, vu la perte d'élasticité des tissus. Chez les cétacés, en revanche, l'inactivation du gène *MAP3K19* préserve le réseau colla-gène-élastine et donc le souffle.

Ce gène est aussi surexprimé chez les patients atteints de fibrose pulmonaire, un excès de tissu conjonctif dans les poumons qui serait dû à une réparation anarchique. Or, si l'on inhibe le gène chez des souris, elles développent moins de fibroses. Son inactivation chez les cétacés les protégerait donc, eux dont les poumons sont particulièrement sujets aux microblessures du fait de l'amplitude de leurs mouvements respiratoires.

Le sommeil des cétacés est aussi le fruit de pertes de fonctions. Il est évident

LES CÉTACÉS, PLUS PROCHES COUSINS DES HIPPOPOTAMES

Les cétacés (baleines, dauphins, cachalots...) sont des mammifères qui appartiennent à l'ordre des cétartiodactyles, où ils côtoient les tylopodes (chameaux, dromadaires...), les suines (porcs, pécariés...), les ruminants (bovins, caprins, girafes, cerfs...) et les hippopotames, dont ils sont les plus proches. Les cétacés sont ainsi plus proches des chameaux que d'autres mammifères aquatiques, comme les lamantins (hors de l'arbre ci-contre), ou semi-aquatiques, comme les phoques.



que les cétacés ne peuvent dormir comme les mammifères terrestres, puisqu'ils doivent venir régulièrement respirer à la surface. On sait comment le problème a été résolu: un seul hémisphère cérébral dort, tandis que l'autre assure les fonctions essentielles de survie (voir *Pour la Science* n°506). Or les gènes *AANAT*, *ASMT*, *MTNR1A* et *MTNR1B*, indispensables pour la synthèse et l'action de la mélatonine, l'hormone du sommeil, ont carrément été perdus chez les cétacés. Ces pertes ont rendu possible ce mode de sommeil et ont entraîné un découplage entre le cycle jour-nuit et le cycle sommeil-veille qui, suivant des études sur les dauphins, est plutôt corrélé à celui de présence-absence des proies.

DES GÈNES PERDUS INDÉPENDAMMENT

D'autres fonctions sont touchées par le même processus évolutif: réparation de l'ADN, sécrétion de la salive... Impossible de tout décrire. Mais n'oublions pas un fait capital remarqué par Michael Hiller et son équipe: indépendamment, d'autres mammifères aquatiques (les lamantins) ou semi-aquatiques (les pinnipèdes, tels que les phoques) ont perdu certains de ces gènes (on parle de convergence). Assurément, on va maintenant rechercher un tel processus évolutif à chaque fois que le génome complet d'un animal assujéti à un environnement particulier sera séquencé. ■

BIBLIOGRAPHIE

M. Huelsmann et al., **Genes lost during the transition from land to water in cetaceans highlight genomic changes associated with aquatic adaptations**, *Science Advances*, vol. 5, article eaaw6671, 2019.

R. Albalat et C. Cañestro, **Evolution by gene loss**, *Nat. Rev. Genet.*, vol. 17, pp. 379-391, 2016.

M. R. McGowen et al., **Molecular evolution tracks macroevolutionary transitions in Cetacea**, *Trends Ecol. Evol.*, vol. 29(6), pp. 336-346, 2014.

**DURÉE
LIBRE**

FORMULE INTÉGRALE

8,20 €
PAR MOIS

43 %
de réduction *

Partie réservée au service abonnement Ne rien inscrire