

EN CHIFFRES

115

Sur les 34 000 espèces décrites de poissons, seules 374 vivent dans l'océan Austral, qui représente pourtant 10% de la superficie totale des mers. Parmi ces poissons antarctiques, 115 appartiennent à la seule famille des nototheniidés.

20 MILLIONS

L'ancêtre hypothétique le plus récent de la famille des nototheniidés vivait il y a 20 millions d'années. Celui du genre *Trematomus* serait apparu 10 millions d'années plus tard.

- 1,8 °C

L'eau de mer, contenant environ 35 grammes de sel par litre, gèle à - 1,8 °C.



Il se nourrit de polychètes, de gastéropodes, d'isopodes, d'amphipodes et de quelques algues.

Il vit principalement sur les fonds marins situés entre 0 et 200 mètres de profondeur, mais on en trouve jusqu'à 700 mètres.



Bocasson émeraude
(*Trematomus bernacchii*)
Longueur moyenne : 25 cm

chromosomes. Or, depuis longtemps, les généticiens pensent que les réarrangements chromosomiques non homologues – l'échange de fragments entre deux chromosomes n'appartenant pas à la même paire – conduisent à la diversification. Toutefois, leur lien avec la spéciation est toujours fortement débattu. Pour affronter ce problème, l'équipe rassemblée par Dominique Higuët, de Sorbonne Université, à Paris, s'est intéressée au genre *Trematomus*, qui regroupe douze espèces d'une très grande diversité chromosomique (elles comptent de 12 à 29 paires de chromosomes).

En effet, si le nombre de chromosomes varie au sein de ce genre, les

quantités d'ADN des génomes restent constantes, ce qui suggère qu'il y a eu fusion de chromosomes chez les espèces qui en ont moins. Un autre indice est en faveur de telles fusions. En 2004, l'équipe de Jean Weissenbach, au Genoscope, a montré qu'il s'est produit, chez un ancêtre commun des poissons téléostéens (qui regroupent la majorité des poissons actuels, dont les nototheniidés), une duplication complète du génome : cet ancêtre possédait 24 paires de chromosomes, contre 12 pour l'ancêtre des vertébrés. Or les taxons les plus proches des nototheniidés en ont eux aussi 24 paires, ce qui suggère qu'il en était de même de l'ancêtre des nototheniidés.

Restait à prouver qu'il y avait bien eu fusion de chromosomes. Pour ce faire, l'équipe de Dominique Higuët a construit des sondes spécifiques de grandes régions chromosomiques à partir du génome de 11 paires de chromosomes d'une espèce proche déjà étudiée (et décrite lors de l'expédition Ross), *Notothenia coriiceps* (voir l'encadré page 94). Contre toute attente, le jeu des fusions ainsi révélé montre que celles-ci se sont produites indépendamment, alors que d'autres nototheniidés proches, comme le genre *Notothenia*, présentent des fusions partagées par plusieurs espèces, donc héritées d'un ancêtre commun.

> Les transposons, des séquences d'ADN capables de se déplacer dans le génome, permettent de réaliser des recombinaisons non homologues entre chromosomes. Aussi leur mobilisation a-t-elle souvent été proposée comme actrice de réarrangements chromosomiques. Seraient-ils responsables de ceux mis en évidence dans le genre *Trematomus*? Pour le tester, l'équipe de Dominique Higuët a évalué leur diversité, leur abondance puis leur localisation sur les chromosomes chez treize espèces de nototheniidés.

LE RÔLE CLÉ DES TRANSPOSONS

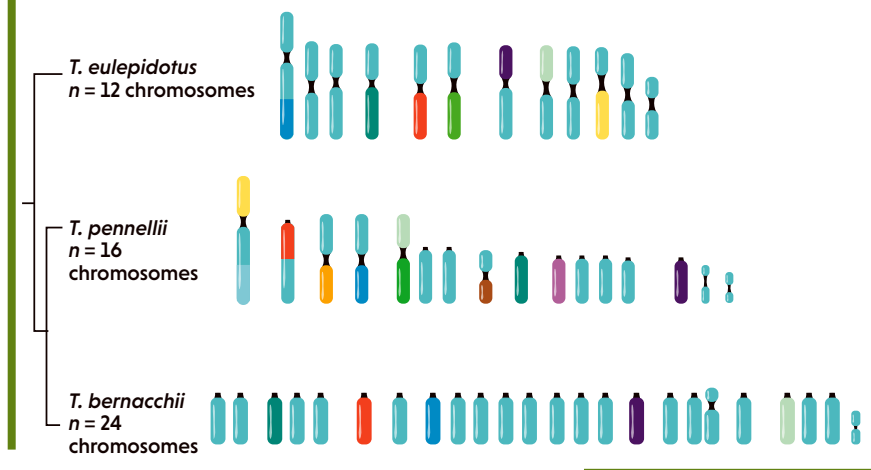
Parmi les quatre superfamilles de transposons décelées, une se distingue par son abondance: les *DIRS1* sont dix fois plus nombreux que les trois autres. De plus, ces transposons s'accumulent dans les régions proches du centromère des chromosomes (la région de contact de leurs bras), alors que les autres sont dispersés dans le génome. Enfin, les autres poissons testés, issus des deux familles les plus proches des nototheniidés, ne présentent pas une telle accumulation de transposons *DIRS1* dans leur génome.

Ainsi, vu la prédominance des transposons *DIRS1* et leur localisation près des centromères, on peut penser qu'ils ont joué un rôle dans les fusions chromosomiques des nototheniidés en facilitant des recombinaisons non homologues. Cependant, quel événement a pu activer les transposons? Généralement, des modifications chimiques, dites «épigénétiques», maintiennent les transposons inactifs. Mais en cas de stress, ce verrou peut sauter, ce qui libère les transposons. Or, justement, il s'avère que les *Trematomus* ont très probablement subi de tels stress par le passé.

Il y a 30 millions d'années, à la fin de l'Éocène, l'ouverture du passage de Drake, entre le Cap Horn et les îles Shetland du Sud, a isolé l'Antarctique des autres continents; un vaste courant circumpolaire antarctique, entraîné par le régime de puissants vents dominants d'ouest, a ainsi pu se mettre en place. Ces eaux froides en mouvement se sont peu mélangées avec les eaux plus chaudes des océans Atlantique, Indien et Pacifique, déterminant une frontière appelée «convergence antarctique». Celle-ci, située vers le 60° de latitude sud, correspond à une véritable barrière pour les organismes vivants. Parallèlement et jusqu'à aujourd'hui, l'inlandsis qui recouvre l'Antarctique a subi de nombreuses phases de régression et d'extension. Soit le plateau continental était

DES FUSIONS DE CHROMOSOMES

Pour reconstituer le jeu des fusions chromosomiques dans le genre *Trematomus*, l'équipe de Dominique Higuët a construit des sondes spécifiques de grandes régions chromosomiques – des « unités structurales » –, à partir du génome d'une espèce proche, *Notothenia coriiceps*: la plupart correspondent à des bras chromosomiques. Puis l'équipe a hybridé ces sondes avec les génomes de diverses espèces de *Trematomus*, prouvant par là même que les unités structurales sont conservées d'un genre à un autre. Elle a ainsi montré que ces unités (en couleurs ci-dessous) correspondent à de petits chromosomes chez des espèces ayant un nombre classique de chromosomes, comme *Trematomus bernacchii* (en bas), tandis que certaines ont subi des fusions chez des espèces ayant moins de chromosomes, comme *T. pennellii* et *T. eulepidotus* (en haut).



libre, en pleine eau, soit le glacier venait s'y appuyer et, en le recouvrant, laissait des anfractuosités qui isolaient les populations des poissons vivant sur les fonds rocheux. Un tel environnement changeant ne pouvait que faciliter les spéciations.

On peut supposer que les successions de réchauffements et de glaciations ont produit des stress qui ont déclenché l'arrêt de la régulation épigénétique, autorisant alors des vagues de mobilisation des transposons dans le génome. La datation de la radiation des *Trematomus* correspond à une période de refroidissement de la fin du Miocène, il y a 10 millions d'années. La fixation des fusions a dû être facilitée par la dispersion de petites populations isolées dans les refuges du plateau continental recouvert par l'inlandsis. Le réchauffement suivant a permis la recolonisation de ce dernier, mais aussi de la pleine mer par certaines espèces comme *T. borchgrevinki*. De tels bouleversements chromosomiques constituent une véritable barrière de reproduction, car l'appariement des chromosomes lors de la fécondation devient impossible. Ainsi, après un réchauffement, la mise en contact des différentes populations de *Trematomus* n'est pas suivie d'hybridations généralisées; on assiste plutôt, suivant le mot des scientifiques, à une « spéciation chromosomique ». ■

BIBLIOGRAPHIE

J. Auvinet et al., **Multiple independent chromosomal fusions accompanied the radiation of the Antarctic teleost genus *Trematomus* (Nototheniidae): *Nototheniidae*, BMC Evol. Biol., vol. 20, article 39, 2020.**

J. Auvinet et al., **Insertion hot spots of *DIRS1* retrotransposon and chromosomal diversifications among the antarctic teleosts *Nototheniidae*, Int. J. Mol. Sci., vol. 20(3), article 701, 2019.**

G. Duhamel et al., **Biogeographic patterns of fish**, dans C. de Broeyer et al. (éd.), **Scientific Committee on Antarctic Research, Biogeographic Atlas of the Southern Ocean**, pp. 328-362, 2014.