

# Une nouvelle conception de l'évolution

4 septembre 2014 | Andri Bryner

Catégories: Biodiversité

**En reconstruisant l'histoire de l'hérédité chez les poissons, des chercheurs ont découvert des mécanismes universels d'évolution des vertébrés : une étude parue dans la revue « Nature » montre comment un réservoir de mutations multiples et variées constitué sur une longue durée a finalement conféré aux Cichlidés africains leur étonnante rapidité de spéciation et d'adaptation écologique.**

Dans cette étude, 27 institutions de recherche du monde entier ont combiné leurs efforts pour reconstituer l'histoire de l'hérédité de cinq espèces de Cichlidés issues de cinq lignées évolutives particulièrement « prolifiques en espèces ». « Les Cichlidés africains présentent une richesse spécifique et une adaptation aux niches écologiques exceptionnelles pour des vertébrés », explique Ole Seehausen de l'institut de recherche sur l'eau et les milieux aquatiques Eawag et de l'université de Berne qui a dirigé le projet avec Kerstin Lindblad-Toh et Federica Di Palma du Broad Institute et Todd Streelman du Georgia Institute of Technology. Pour tenter de savoir ce qui a permis une telle diversité morphologique et fonctionnelle, les scientifiques ont logiquement cherché à déterminer la particularité du génome des Cichlidés.

## Un modèle d'évolution pour les vertébrés

« Notre étude révèle toute une série de méthodes employées par la nature pour créer des conditions permettant aux êtres vivants de s'adapter aux milieux les plus divers », raconte Kerstin Lindblad-Toh. Les mêmes mécanismes seraient impliqués dans l'évolution des humains et autres vertébrés. En se concentrant sur les Cichlidés et leur diversité spécifique exceptionnelle, les chercheurs ont pu les étudier en détail pour la première fois.

## L'exploitation tardive des possibles

Dans les lacs est-africains, plus de 1500 espèces de Cichlidés sont apparues en quelques millions d'années à peine – 15 000 ans seulement pour les 500 du lac Victoria. « C'est le taux de spéciation le plus élevé jamais observé chez les vertébrés », explique Catherine Wagner, biologiste de l'évolution à l'Eawag et à l'université de Berne, qui a travaillé à l'analyse du génome. C'est avec une rapidité comparable que les espèces de corégones se sont différenciées dans les lacs périalpins à la suite des glaciations même si le nombre d'espèces formées y est beaucoup plus faible.

Mais quelles sont les conditions génétiques à remplir pour qu'une différenciation aussi rapide soit possible dans un espace aussi restreint, pour qu'une telle « radiation » se produise ? D'après le biologiste Ole Seehausen, spécialiste de l'évolution des poissons, les ancêtres des espèces à partir desquelles ces radiations se sont produites avaient accumulé une grande diversité de variantes génomiques apparues de façon aléatoire lors d'une période de faible pression de sélection. « Cette diversité était alors de peu d'utilité puis elle a constitué un atout formidable lorsque les poissons ont commencé à coloniser les lacs africains à partir des rivières. Les différentes niches écologiques rencontrées leur ont soudain permis de développer une multitude d'adaptations », précise Ole Seehausen.

## Le résultat de nombreuses mutations

Ce n'est donc pas à une grande modification de leur génome que les poissons doivent leurs

étonnantes capacités d'adaptation et leur rapidité de spéciation mais à une multitude de mécanismes intervenant au niveau moléculaire. Contrairement à ce qu'ils avaient observé dans les familles de poissons n'ayant généré qu'un petit nombre d'espèces en plusieurs millions d'années, les biologistes ont découvert dans le génome du *Pundamilia nyererei* du lac Victoria et des autres lignées prolifiques de Cichlidés une fréquence inhabituelle de modifications intervenant à trois niveaux différents : la disposition des paires de bases, la duplication des gènes et la transposition d'éléments génétiques (des segments d'ADN changeant de position dans le génome et donc modifiant la manière dont l'information génétique est lue). Toutes ces modifications peuvent avoir lieu n'importe où dans le génome. Elles peuvent donc toucher non seulement des portions d'ADN codant pour une information génétique mais aussi celles qui régulent la manière dont ces informations sont lues et sont donc traduites en caractères morphologiques ou fonctionnels. Le même phénomène peut affecter les microARN, de petites molécules impliquées dans la régulation de la chronologie de lecture des informations génétiques au cours du développement embryonnaire.

### **De nouveaux instruments pour la recherche fondamentale**

Pour comparer les cinq espèces de Cichlidés, les chercheurs ont analysé la totalité des gènes (ADN) ainsi que l'ARN tiré de dix tissus différents. « Il y a à peine cinq ans, les petits fragments d'ADN qui pouvaient être étudiés avec les méthodes alors disponibles ne permettaient quasiment pas de déterminer les différences génétiques entre espèces proches », indique Catherine Wagner. Avec les outils actuels, les biologistes peuvent remonter très loin dans le temps et mieux comprendre les bases génétiques de la diversité spécifique – et ce, chez tous les vertébrés. Federica Di Palma, qui dirige maintenant le département Vertebrate and Health Genomics au Genome Analysis Centre de Norwich (GB), souligne tout le potentiel des mutants issus des radiations prolifiques pour la recherche médicale fondamentale.

### **Chaque espèce a sa propre histoire**

L'étude démontre toute l'importance de préserver la biodiversité. En effet, le jeu incessant d'une multitude de processus génétiques intervenant à différents moments au cours du temps donne naissance à un génome unique caractérisé par une histoire propre et une architecture particulière. « Lorsqu'une espèce disparaît, cette unicité est définitivement perdue », commente Ole Seehausen. En même temps, toutes les espèces voisines perdent une partie de leur environnement – et toutes les espèces voisines parentes un réservoir de gènes et régulateurs dans lequel elles peuvent puiser par le biais de l'hybridation. Les chercheurs de l'Eawag et de l'université de Berne s'interrogent maintenant sur la signification de ces résultats pour le passé, le présent et le devenir de la biodiversité en Suisse et l'étudient notamment à travers les radiations des corégones et des ombles dans les lacs périalpins.

L'étude a été financée par le Fonds national suisse, le National Human Genome Research Institute NHGR, la Deutsche Forschungsgemeinschaft, le Biomedical Research Council of A\*STAR, Singapour, le Conseil européen de la recherche et le Wellcome Trust.

L'article original intitulé „The genomic substrate for adaptive radiation: genomes of five African cichlid fish“ est paru dans l'édition en ligne de Nature en date du 3.9.2014: doi:10.1038/nature13726

### **Photos**



*Astatotilapia Tweddlei* - en quelque sorte le père des Cichlidés. Une espèce fluviatile à partir de laquelle se sont notamment développées les quatre espèces suivantes dans le lac Victoria.

(Photo : Ole Seehausen)



*Yssichromis pyrhocephalus* : un planctophage pélagique vivant en eau libre  
(Photo : Ole Seehausen)



*Neochromis omnicaeruleus* : un brouteur d'algues vivant dans les récifs  
(Photo : Ole Seehausen)



*Pundamilia nyererei* (espèce dont le génome a été étudié) : un planctophage vivant dans les récifs (Photo : Oliver Selz)



*Paralabidochromis chilotes* (Victoria g) : une espèce insectivore

(Photo : Ole Seehausen)

## Contact



**Ole Seehausen**

Tel. +41 58 765 2121

[ole.seehausen@eawag.ch](mailto:ole.seehausen@eawag.ch)

<https://www.eawag.ch/fr/portail/dinfo/actualites/news-archives/detail-de-larchive/une-nouvelle-conception-de-levolution>