



ÉRIC BAPTESTE

# Tous entrelacés !

**Des gènes  
aux super-organismes :  
les réseaux de l'évolution**

**« Une véritable  
révolution intellectuelle »**

**HERVÉ LE GUYADER**

Belin:



Tous entrelacés!



Éric Bapteste

# Tous entrelacés !

Des gènes aux super-organismes :  
les réseaux de l'évolution

**Belin:**

Tenez-vous informé de nos parutions en vous abonnant  
à la lettre semestrielle et gratuite des « Fous de sciences » :  
[fousdesciences@editions-belin.fr](mailto:fousdesciences@editions-belin.fr)

Ou recevez nos différentes newsletters  
en vous rendant sur le site des éditions Belin (rubrique « Restez informés ») :  
[www.belin-editeur.com](http://www.belin-editeur.com)

© couverture (Shutterstock/Lonely)

Le code de la propriété intellectuelle n'autorise que « les copies ou reproductions strictement réservées à l'usage privé du copiste et non destinées à une utilisation collective » [article L. 122-5] ; il autorise également les courtes citations effectuées dans un but d'exemple ou d'illustration. En revanche « toute représentation ou reproduction intégrale ou partielle, sans le consentement de l'auteur ou de ses ayants droit ou ayants cause, est illicite » [article L. 122-4]. La loi 95-4 du 3 janvier 1994 a confié au C.F.C. (Centre français de l'exploitation du droit de copie, 20, rue des Grands Augustins, 75006 Paris), l'exclusivité de la gestion du droit de reprographie. Toute photocopie d'oeuvres protégées, exécutée sans son accord préalable, constitue une contrefaçon sanctionnée par les articles 425 et suivants du Code pénal.

© Éditions Belin/Humensis, 2017  
170 bis, boulevard du Montparnasse, 75680 Paris cedex 14

ISBN 978-2-4100-1368-9

Merci à mes « complices » pour la richesse et la diversité de leurs contributions :

Jean-Pierre & Dominique Bapteste, Fernando Baquero, Debashish Bhattacharya, Lucie & Olympe Bittner, Frédéric Bouchard, Richard Burian, Liliane Campos, Dan Dediú, John Dupré, Matea Farao, Danielle et Sébastien Gadelle, Jean Gayon, Michel Habib, Dominique Higuët, Philippe Huneman, François-Joseph Lapointe, Hervé Le Guyader, Mattis List, James McInerney, Jean-Marc Pítet, Amelia Pope, Anne Wahl.

Merci aussi aux remarquables membres de l'équipe AIRE sans qui ce livre n'aurait jamais pu être écrit :

Eduardo Corel, Adrien Danzon, Alexander Jaffe, Romain Lannes, Raphaël Méheust, Jananan Pathmanathan, Chloé Vigliotti, Andrew Watson, Guillaume Bernard, et, *last but not least*, Philippe Lopez.

Merci à mon éditeur Laurent Brasier, et à l'ERC (FP7/2007-2013 Grant Agreement # 615274, category LS8) qui finance en grande partie mes travaux de recherche.

Merci encore à Ford Doolittle et William Martin qui, même si nous ne partageons pas forcément les mêmes idées, m'ont tant appris.





« *Tout est lié.* »  
Ma grand-mère

« *Les biologistes doivent désormais reformuler leur vision  
de l'évolution pour l'étudier en termes de systèmes  
dynamiques complexes.* »  
Carl Woese, Prix Crafoord de Biologie



## PRÉFACE

Certains jeunes chercheurs ne se contentent pas de publier dans les revues savantes : ils aiment à faire partager leur passion avec le plus grand nombre. Éric Bapteste fait partie de cette (trop petite) communauté. Dans *Tous entrelacés!*, il livre avec pédagogie le déroulement de la réflexion – initiée dès son apprentissage et toujours en cours – qui l’a amené à proposer une approche novatrice de l’évolution biologique. À la différence des nouveautés de ces trente dernières années – théorie neutraliste, phylogénie moléculaire, équilibres ponctués, évo-dévo... –, qui ajoutaient de nouvelles facettes au cadre conceptuel sans véritablement le changer, l’auteur explique comment embrasser toutes les entités vivantes « entrelacées », quel que soit leur niveau d’organisation. N’ayons pas peur de le dire : cette méthode, rêvée par les biologistes depuis deux siècles, apparaît, de ce point de vue, comme une véritable révolution intellectuelle.

Passionné par la biologie évolutive, Éric a débuté, lors de son travail de thèse, par de la phylogénie moléculaire, à savoir la reconstruction de l’histoire évolutive des organismes par utilisation des informations portées par les acides nucléiques. C’était au moment où l’accumulation de séquences moléculaires et

## TOUS ENTRELACÉS!

l'approfondissement théorique avaient rendu cette technique efficace et où certains proclamaient que bon nombre de questions posées depuis deux siècles par les botanistes et les zoologistes allaient se résoudre rapidement, moyennant du séquençage massif. Mais, même pour les disciplines scientifiques, la roche Tarpéienne est proche du Capitole. En effet, de tels progrès laissent plutôt entrevoir que les incompatibilités entre phylogénies de gènes provenant de mêmes génomes n'étaient pas uniquement dues à des limitations de l'outil informatique, mais révélaient également une réalité biologique insoupçonnée : tous les gènes d'un même génome n'ont pas obligatoirement la même histoire. C'est pourtant l'hypothèse de base de toute phylogénie, héritée de la pensée de Charles Darwin sur les caractères héréditaires, à savoir que l'hérédité est à transmission « verticale », c'est-à-dire de génération en génération par la reproduction sexuée. Si tel est le cas, tous les gènes d'un même génome doivent avoir la même histoire, et toutes les phylogénies réalisées par leur intermédiaire doivent donner les mêmes relations de parenté – être congruentes, suivant le jargon de laboratoire. Or ce n'est pas obligatoirement le cas, surtout chez les unicellulaires, procaryotes comme les bactéries, ou eucaryotes comme les amibes ou les ciliés. Il existe donc un autre type de transmission, dite « horizontale », à savoir le transfert de gènes d'un organisme à un autre au cours de leur vie. Le vivant devient tout d'un coup bien plus complexe que prévu.

### *Les réseaux, le nouvel outil*

Dans le cas de transferts horizontaux, l'arbre phylogénétique se complique par des jonctions entre branches. L'arbre devient un réseau, ce qu'Éric a approfondi lors de son stage post-doctoral

## PRÉFACE

au laboratoire de W. Ford Doolittle, à Halifax, au Canada. Mais les réseaux sont des êtres mathématiques bien plus complexes que les arbres! En faire un outil convivial nécessite la collaboration entre biologistes, informaticiens et mathématiciens. C'est ce qu'Éric a su développer au sein de l'équipe de recherche que, depuis une décennie, il anime avec son compère Philippe Lopez. Cet outil, appliqué aux génomes des archées, bactéries et virus, a déjà donné des résultats fort surprenants. Tous ces ADN se recombinent bien plus que ce que l'on soupçonnait. Les génomes sont «fluides», suivant l'expression utilisée pour faire comprendre une dynamique toujours en œuvre.

Mais cela ne suffit pas: par les réseaux, Éric entrevoit une nouvelle manière d'explorer les relations entre d'autres entités du vivant. En effet, si on remplace «gènes» par «entités biologiques», on se rend compte qu'un même outil mathématique permet d'explorer des domaines paraissant pourtant différents. On peut mettre «organismes», ou «populations», ou «espèces», ou «écosystèmes». Que les organismes ou les écosystèmes puissent être représentés et étudiés par des réseaux, ce n'est vraiment pas une nouveauté. Il est clair que les êtres biologiques sont complexes, et qu'aucune composante du vivant ne peut se trouver isolée. Mais grouper dans un même réseau des entités de niveaux d'organisation différents constitue une indéniable révolution scientifique, dont on ne peut encore prévoir l'étendue des conséquences.

Nous voyons donc qu'un tel raisonnement logique fait surgir nombre de problèmes soulevés par les pionniers de la biologie moderne, sous-tendus par des concepts désormais classiques: symbiose, chaînes alimentaires, cycles géochimiques, biosphère... Retraçons-en rapidement l'histoire pour bien comprendre la richesse de la démarche exposée dans cet ouvrage.

*La symbiose*

En 1867, le botaniste suisse Simon Schwendener (1829-1919) propose une explication à la surprenante organisation des lichens. Est-ce un champignon ou une algue? À juste titre, il y voit les deux, proposant une association entre un champignon et une algue. Très vite, cette double nature du lichen se trouve démontrée de manière irréfutable et, pour nommer le processus à la source d'une telle structure, le mycologue allemand Anton de Bary (1831-1888) forge, en 1870, le terme de «symbiose» (*syn bios*, vie ensemble). Le microbiologiste russe Constantin Merejkovski (1855-1921) continue ces études pionnières sur les lichens et généralise le concept de symbiose. Visionnaire, il est, en 1905, le premier à avancer une origine endosymbiotique pour les chloroplastes, dont la structure lui paraît similaire à celle des cyanophycées, le nom donné à l'époque aux cyanobactéries.

Pour la symbiose mitochondriale, il faut remonter à 1890. Dès leurs toutes premières observations, les cytologistes allemands Richard Altmann (1852-1900) et Otto Bütschli (1848-1920), détectant une ressemblance frappante entre mitochondrie et bactérie, suggèrent une nouvelle symbiose. De manière récurrente, cette hypothèse va être reprise par différents microbiologistes, dont l'Américain Ivan Wallin (1883-1969) qui, en 1922, est le premier à expérimenter sur ce sujet. Puis il faudra attendre une longue parenthèse – entre les années 1930 et 1960 – pour que de nouveaux résultats réactivent ces études.

Parallèlement, le zoologiste belge Pierre-Joseph Van Beneden (1809-1894), le père du célèbre cytologiste Édouard Van Beneden (1846-1910), se pose dans la continuité d'Anton de Bary et distingue, outre la symbiose, les différents types de relations animales: mutualisme (chaque organisme tire profit de l'autre), commensalisme (exploitation non parasitaire d'un

## PRÉFACE

organisme par un autre), parasitisme (un organisme tire profit d'un autre).

En 1962, le cytologiste américain Hans Ris (1916-2004) prouve, cette fois-ci en microscopie électronique, la présence d'ADN dans le chloroplaste. Un an plus tard, les Suédois Margit (1931-) et Sylvan (1929-) Nass font de même avec la mitochondrie. C'est alors que l'évolutionniste américaine Lynn Margulis (1938-2011) reprend, généralise et popularise le concept d'endosymbiose pour expliquer l'émergence de la cellule eucaryote. Les travaux de biologie moléculaire apportent au fur et à mesure des preuves à ce qui n'est toujours qu'une hypothèse forte. En 1975, le biochimiste américain W. Ford Doolittle (1941-) trouve des similarités entre l'ADN des chloroplastes et celui des cyanobactéries puis, en 1983, le biologiste moléculaire américain Ronald Butow (1936-2007) montre que, chez la levure, des gènes mitochondriaux ont été transférés de la mitochondrie vers le noyau. Ainsi, la nature chimérique du génome de la cellule eucaryote est envisagée, et le concept de transfert horizontal de gènes commence à être évoqué et discuté. La parenté des mitochondries et des protéobactéries est définitivement prouvée en 1985 par le microbiologiste américain Carl Woese (1928-2012), celle des chloroplastes et des cyanobactéries en 1988 par le biochimiste américain Norman Pace (1942-).

### *Les relations écologiques*

En 1866, le zoologiste allemand Ernst Haeckel (1834-1919) forge le mot «écologie» (*oikos logos*: science de l'habitat) pour nommer «la science des relations des organismes avec le monde environnant, c'est-à-dire, dans un sens large, la science des conditions d'existence». Pourtant l'écologie ne devient vraiment

## TOUS ENTRELACÉS!

une science que trente ans plus tard, avec des botanistes, en particulier le Danois Eugenius Bülow Warming (1841-1924) et l'Allemand Andreas Frantz Wilhelm Schimper (1856-1901) qui, dans les dernières années du XIX<sup>e</sup> siècle, assurent les fondements de l'écologie végétale. Ils démontrent les interrelations entre plantes, le rôle des facteurs abiotiques (lumière, chaleur, humidité, sol) et, étudiant les relations animaux-végétaux, généralisent à tout le vivant les concepts de mutualisme, commensalisme, symbiose et parasitisme. Regardant la dynamique des peuplements, Bülow Warming décrit le processus de successions végétales dans un peuplement, processus étudié également par le botaniste américain Henry Chandler Cowles (1869-1939) avec l'exemple des dunes du lac Michigan. En 1927, le zoologiste britannique Charles Sutherland Elton (1900-1991) définit les notions de chaîne alimentaire, de pyramide alimentaire et de réseau trophique.

En 1935, Arthur G. Tansley (1871-1955) définit l'écosystème, en insistant sur les transferts de matière entre organismes et entre organismes et environnement, considérant l'écosystème comme l'unité de base de la nature : « Bien que les organismes puissent attirer en premier notre attention, quand nous essayons de penser de manière fondamentale, nous ne pouvons les séparer de leurs environnements spéciaux, avec lesquels ils forment un système physique. » Parallèlement, le chimiste russe Vladimir Ivanovitch Vernadski (1863-1945), dans la continuité du Suisse Eduard Suess (1831-1914), éclaire une nouvelle facette de l'écologie en proposant la vie comme une force géologique qui transforme la Terre. Il définit alors le concept de biosphère, fonde la géochimie moderne et étudie les grands cycles géochimiques, comme celui du carbone.



## PRÉFACE

### *Au-delà des arbres et des cycles*

Lynn Margulis nous explique que «Vernadski fait, pour l'espace, ce que Darwin a fait pour le temps: alors que Darwin a démontré que toute vie descend d'un ancêtre lointain, Vernadski a montré que toute la vie vient d'un unique matériau, la biosphère». Certes, mais approfondissons cette citation en considérant les outils. Suivant Darwin, on recherche les relations de parenté et on construit des arbres; suivant Vernadski, on suit le cheminement des éléments chimiques (carbone, azote, phosphore...) et on trace des cycles. Peut-on, dans une même réflexion, faire cohabiter arbres et cycles? Impossible, pour de nombreuses raisons – théoriques comme pratiques. Mais, par les transferts horizontaux, les arbres deviennent des réseaux; par la complexité des échanges dans les écosystèmes, les cycles deviennent des réseaux. Tout change, et les simplifications anciennes (ne critiquons pas, elles étaient nécessaires) évoluent vers des modélisations cohérentes.

Puisse le bref résumé historique brossé ci-dessus montrer l'innovation théorique capitale qu'Éric Baptiste veut introduire dans *Tous entrelacés!* Par les réseaux, il acquiert la possibilité d'étudier de manière logique les interrelations dans l'espace et le temps entre entités biologiques, même provenant de niveaux d'organisation différents. Les travaux pionniers de nos grands anciens ne paraissent plus isolés et, comme les touches de couleur d'un tableau pointilliste, participent à l'émergence d'une unité autrefois rêvée et pourtant inaccessible. La biosphère, structurée par ces entrelacs, apparaît dans toute sa dynamique, comme une invite à une nouvelle lecture de l'évolution biologique.

Hervé Le Guyader  
*Professeur émérite de biologie évolutive à l'université  
Pierre-et-Marie-Curie*



## PRÉAMBULE

Notre monde n'a pas toujours été tel qu'il est. Si nous pensons pour l'instant régner en maîtres sur la planète, de nombreuses autres espèces ont successivement occupé avantageusement les lieux et imprimé de leurs empreintes l'histoire de la Terre. Avant nous, bien d'autres mammifères foulaient déjà les sols, visitaient les mers... Et avant eux, des populations désormais disparues de dinosaures arpentaient les montagnes, traversaient les airs et les forêts. Et bien avant tous ces animaux encore, des bactéries croissaient et se multipliaient à des cadences infernales, peuplaient les moindres interstices rocheux et marins, transformaient de fond en comble les recoins et l'atmosphère de notre singulière planète bleue. Sans compter que longtemps avant ces êtres vivants minuscules, des molécules grouillaient sur le globe, s'entrechoquaient, se disputaient mécaniquement des parcelles d'espace et des sources d'énergie. En un mot, notre monde n'a cessé de changer. Chaque étape de l'histoire de la Terre et de la vie a connu ses héros, ses guerres, ses morts, ses succès, ses révolutions, ses innovations. Rien de cela ne vous surprendra probablement. Mais êtes-vous bien sûrs de connaître les vrais responsables de ces événements, les causes

## TOUS ENTRELACÉS!

réelles de ces incessantes transformations? Permettez-moi de le suggérer: il est possible que la réponse à cette question soit plus complexe que vous ne le supposez. À moins que vous ne soyez déjà familiers avec un des modes d'actions les plus répandus du monde biologique depuis la nuit des temps: le collectif! À moins que vous ne connaissiez déjà les complices de l'évolution...

Les évolutionnistes ont beaucoup travaillé pour reconstituer les circonstances dans lesquelles notre planète et ses populations se sont transformées. Ils ont cherché les acteurs, les processus et les événements cruciaux dans l'histoire de la vie, et commencé à dessiner la toile de fond, à planter le décor géologique et biologique duquel un jour notre propre espèce a surgi. De ce fait, l'enquête sur nos origines ne cesse de progresser. Le mot est choisi à dessin. L'idée selon laquelle la recherche est une enquête est loin d'être absurde. Les anglophones parlent d'ailleurs de «*scientific inquiries*» pour décrire la démarche scientifique. Un des livres les plus célèbres de la philosophie, rédigé par Wittgenstein, s'intitule *Les Investigations Philosophiques*. Cela signifie que toutes les enquêtes n'ont pas vocation à résoudre des meurtres ou à éclaircir des crimes. Beaucoup d'entre elles se consacrent à identifier les causes de phénomènes qui fascinent des penseurs, des savants ou la société. Il en va de même dans le cas particulier de l'enquête évolutive, même si, non sans ironie, la théorie classique de l'évolution propose en fait une histoire du vivant jalonnée de crimes. En effet, l'action de la sélection naturelle consiste à éliminer. Exit les gènes et les organismes les moins performants d'une population dans un contexte donné! À cet égard, les lignées biologiques contemporaines sont non seulement des survivantes, mais aussi les descendantes de formes de vie qui ont su supplanter les autres, au moyen d'innovations qui se sont révélées être autant d'armes mortelles.

## PRÉAMBULE

En ce sens, les avancées des études de biologie évolutive révèlent une planète sur laquelle bruissait une diversité de protagonistes : criminels, complices, ou simples badauds de passage. Leur *modus operandi* et les scènes majeures de l'évolution semblent de mieux en mieux caractérisés. Les esquisses les plus éclairantes des reconstitutions scientifiques pointent finalement vers un grand arbre, l'arbre du vivant, qui regroupe les familles de tous les organismes ayant occupé la planète. C'est le long de cet arbre que se trouveraient les indices déterminants pour comprendre l'émergence de notre si remarquable lignée, de celles des plantes, des animaux.

Comme l'affaire remonte à très longtemps, il a fallu comparer sous toutes leurs coutures, molécules, organes et populations, *Homo sapiens* et les autres familles d'organismes, pour déterminer quels éléments ancestraux ont façonné, par étapes, les caractéristiques aux sources du « propre de l'homme ». Quelles lignées étaient présentes durant les périodes critiques ? Quand les changements clefs ont-ils eu lieu ? Y a-t-il eu beaucoup de pertes à déplorer, d'espèces éteintes, durant ce processus ? Et en définitive, comment de luttes en luttes, ou de coup de dés en coups de dés, notre destin s'est-il joué ?

On pourrait penser que répondre à ces questions devient de plus en plus aisé, parce que les méthodes à la disposition des scientifiques semblent de mieux en mieux rodées. Dans les grandes lignes, il s'agit d'identifier des familles d'organismes, puis de trouver celle qui est la plus proche parente de la nôtre pour établir ce qu'elle et nous partageons. Mais pour remonter complètement le fil des innovations biologiques ayant conduit à notre espèce par divergence depuis un ancêtre commun, il faut aussi découvrir la plus proche parente de notre lignée sœur, et la plus proche parente de cette lignée supplémentaire encore un peu plus éloignée de nous, etc. Autrement dit, il faut dévoiler

## TOUS ENTRELACÉS!

les relations de parenté entre un très grand nombre de lignées, ayant chacune tiré son épingle du jeu au cours de l'Histoire. Car si le moindre chaînon avait manqué sur cette longue route, nous ne serions pas là pour regarder derrière nous. En principe, définir l'ordre d'apparition des branches de l'arbre du vivant depuis sa racine unique permettra ainsi de croquer le portrait-robot de chaque ancêtre intermédiaire entre la toute première cellule et nous. Nous appuyer sur cet arbre nous permettra de voir comment les ancêtres successifs ont graduellement changé, de déduire l'ordre et la nature des contributions de nos prédécesseurs à notre histoire. La piste pour tirer au clair l'énigme de notre évolution est donc connue et semble-t-il éprouvée. Des acteurs principaux : les lignées individuelles ; et un processus évolutif essentiel à l'œuvre au fur et à mesure des générations : la divergence progressive par rapport aux formes ancestrales de ces lignées, favorisée par des luttes au sein de ces familles et entre elles. Ne s'agirait-il plus désormais que d'une question de temps, d'un peu de patience, pour que les évolutionnistes, en rassemblant une fois pour toutes le grand arbre du vivant, ce témoignage d'abondants conflits passés, tranchent enfin ce mystère déroutant : « D'où venons-nous ? »

Selon moi, la réponse est négative. Malheureusement, cette méthode de reconstitution me paraît insuffisante pour reconstruire la bonne scène de crime et la nature des événements fondamentaux de l'histoire biologique. Cette conception ne prend pas suffisamment la mesure des principaux protagonistes de l'évolution et de leurs rôles. Incontestablement, les êtres vivants sont le résultat d'une longue histoire, mélange de stases et de transformations. Mais cette histoire n'est pas seulement celle d'une divergence, et d'un remplacement perpétuel des formes de vies antérieures par des successeurs plus heureux. Elle se caractérise surtout par des causes multiples, des relations

## PRÉAMBULE

entre de nombreux acteurs, des séries de courtes échelles évolutives entre lignées. En un mot, c'est une histoire de collectifs, c'est une histoire d'interactions. Les clefs de l'enquête sur nos origines ne se trouvent donc probablement pas dans la reconstruction d'un arbre de lignées indépendantes, mais dans une autre sorte de charpente, qui a structuré l'histoire de la vie. Les évolutionnistes devraient plutôt chercher à déchiffrer un gigantesque réseau de complicités et d'interactions à l'intérieur des lignées, entre les lignées et autour des lignées, mettant en œuvre une multitude de processus qui ont transformé le monde vivant, parfois par saut. Pour parvenir à ce résultat, les scientifiques doivent s'attacher à tisser une diversité de liens, exactement comme dans un roman policier. Dans cette littérature, les enquêteurs cherchent à retrouver les connexions qui relient un criminel à sa victime. « Qui connaît qui? », « Qui a rencontré qui? », « Qui a interagi avec qui? », « Qui a été complice de qui? » Les ombres et les doutes disparaissent au fur et à mesure qu'un lien mène à un autre, jusqu'à dessiner une trame unissant contextes, assassins et victimes.

Cette démarche, les évolutionnistes ont bel et bien commencé à la mettre en œuvre. Et en remontant ainsi de lien en lien, ils ont découvert une solution aux énigmes du passé qui implique un prodigieux coup de théâtre. Tout est pluriel! *Homo sapiens* n'est pas vraiment le bipède original que nous croyions, triomphalement campé en haut de sa branche évolutive! Son histoire, comme celle d'ailleurs des autres organismes, dépend de très nombreux collectifs. Ce sont des groupes, moléculaires, cellulaires, animaux, etc., appuyés les uns sur les autres, qui ont donné naissance aux processus responsables des transformations du monde vivant sur la terre. Tout est, d'une certaine façon, non pas une histoire d'irrésistible ascension des meilleurs de leurs espèces, mais de courte échelle.

## TOUS ENTRELACÉS!

Comment en vient-on à une telle hypothèse? À la lecture des articles scientifiques, une constante, un point commun à toute la biologie, saute inévitablement aux yeux. À toutes les échelles considérées en biologie, le monde vivant est complexe, plus exactement organisé et complexe. C'est ce que commencera par démontrer cet ouvrage. Pour cela, nous nous familiariserons avec plusieurs aspects de cette complexité. Je présenterai des découvertes au sujet des molécules, puis des organismes unicellulaires comme les bactéries, et enfin au sujet des organismes multicellulaires, comme les plantes et les animaux. Les notes de fin d'ouvrage fourniront des précisions techniques, exclusivement destinées aux lecteurs les plus curieux. Mais il ne s'agira pas d'un catalogue hétéroclite. Au fur et à mesure de la lecture, l'ouvrage se révélera de plus en plus simple à suivre, et son unité apparaîtra de plus en plus manifestement. Des liens s'établiront. Les idées nouvelles, rencontrées lors de la description des complicités entre molécules, se retrouveront en effet dans les descriptions des interactions impliquant des éléments biologiques plus grands. Toutes ces connaissances apporteront des témoignages convergents, susceptibles de réorienter l'enquête sur l'histoire du vivant. Les philosophes de la biologie appellent cela un renversement de perspective. Car à l'issue de ces descriptions biologiques, les collectifs apparaîtront comme un élément incontournable, récurrent dans le fonctionnement et dans l'évolution du vivant, et ce depuis des milliards d'années. Puis l'ouvrage prendra un tour plus théorique. Il proposera une réponse à une question de fond: comment la théorie de l'évolution pourrait-elle mieux expliquer la complexité et la diversité biologique? Les pratiques de disciplines aussi différentes que la biologie moléculaire, la biologie cellulaire, la microbiologie, la biologie animale, pour ne citer qu'elles, encouragent toutes à aller dans le même sens. La biologie évolutive



## PRÉAMBULE

pourrait être considérée non plus comme une science consacrée à établir la divergence des lignées, mais comme une science des réseaux dynamiques, représentant les interactions entre des composants apparentés ou non. Ce changement de perspective est d'ailleurs justifié par de nombreux avantages conceptuels. Il offre de nouveaux éclairages sur les phénomènes du monde vivant, encourage une nouvelle manière de penser l'évolution et d'unifier les connaissances au sujet de l'évolution. En élargissant la portée de la théorie évolutive, il permet également de faire des prédictions originales sur l'histoire de la vie. De tels élargissements ne sont pas sans précédent en sciences. Les mathématiques en ont subi un nombre conséquent, à chaque fois que la nécessité d'employer des structures plus générales que celles existant déjà s'est fait trop fortement sentir. Les mathématiques se sont ainsi élargies des nombres entiers aux nombres réels, des nombres réels aux nombres complexes, de la géométrie euclidienne à la géométrie riemannienne et aux groupes de Klein, etc. En biologie, les lignées individuelles de la théorie classique de l'évolution méritent pareillement de céder la place à des ensembles encore plus larges : des collectifs, qui incarnent, chacun à leur manière, des processus essentiels pour réfléchir aux transformations de la vie sur Terre, dans le cadre d'une théorie de l'évolution étendue.

Dans ce cadre, le recours au réseau d'interactions, d'abord conçu pour éclairer le passé, permettra aussi de s'interroger autrement au sujet de notre avenir. Ce modèle nous aidera à réaliser comment les entrelacements entre les espèces, notamment avec les microbes, nous ont affectés. Et il nous invitera également à réfléchir à la manière dont ces liens nous affectent encore aujourd'hui, et nous affecteront demain. Au point de faire un jour, peut-être, d'*Homo sapiens* un cyborg microbiologique. Cette extension de la théorie de l'évolution incitera donc

## TOUS ENTRELACÉS!

à rouvrir une nouvelle enquête, non moins conséquente, l'autre grande énigme sur la pile du bureau des scientifiques: «Où allons-nous?» Ces considérations, loin d'être anthropocentrées, permettront d'élaborer un nouvel outil, le Macroscopie\*, pour réfléchir à l'évolution de la vie sur toute notre planète sous un jour nouveau<sup>1</sup>.

---

\* Comme l'avait notoirement proposé Joël de Rosnay, dès 1975, dans son célèbre ouvrage sur l'analyse systémique, *Le macroscopie* (Seuil).

## PREMIÈRE PARTIE

# Cartographie des molécules

Un constat simple fait basculer l'enquête sur nos origines dans une tout autre dimension. Le vivant est complexe. Ou pour être plus précis, le vivant est plus complexe que nos reconstitutions et que nos hypothèses sur les individus impliqués dans les transformations du monde vivant et leurs relations ne permettent de le décrire. Ce point de départ n'est pas, en soi, choquant. Les modèles scientifiques fournissent toujours une représentation simplifiée de la réalité. C'est là leur essence et leur intérêt. Leur simplicité les rend manipulables, opérationnels. Nos raisonnements nous donnent accès au monde, nous permettent de nous repérer, d'y voir plus clair. Un évolutionniste utilise ainsi des modèles pour s'orienter dans l'espace et dans le temps, pour remonter le fil des changements survenus sur la planète, comme un voyageur utiliserait des cartes de randonnée pour s'orienter en terre inconnue. Dans les deux cas, ces modèles n'ont pas à être des décalques exacts de la réalité. Si tout y était contenu, si chaque endroit susceptible d'être parcouru était cartographié, de

## TOUS ENTRELACÉS!

telles cartes ne nous aideraient pas pour trouver notre chemin. Nous serions immergés dans la réalité, confrontés à celle-ci dans toute sa diversité, sans axe, sans piste, sans rien qui fasse ressortir les indices marquants, les structures importantes dispersées dans ce fatras qu'est en apparence le monde. À l'inverse, si des éléments ou des informations essentielles font défaut dans nos cartes, mais que nous nous appuyons sur elles pour aller de l'avant, embarqués sur notre lancée sur la base d'éléments incomplets, nous risquons d'emprunter des voies sans issues, de faire fausse route, de nous retrouver à un moment donné coincés entre des territoires peu praticables.

Heureusement, il y a une manière de décider s'il convient de modifier nos cartes et nos explications, de réaliser l'étendue de leurs simplifications éventuelles. On peut, en les laissant provisoirement de côté, lever la tête et regarder autour de nous avec le moins d'aprioris possibles. Scanner le paysage, ouvrir nos yeux sur toutes les données disponibles, contempler la complexité première du monde vivant. Si le décalage apparaît trop grand entre nos schématisations et nos observations<sup>1</sup>, cartes et modèles scientifiques méritent alors d'être repensés. On évitera ainsi bien des impasses.

La science évolutionniste fort heureusement est... évolutive. Elle peut changer ses modèles pour s'adapter à des données nouvelles, de nouvelles preuves, et obtenir toujours plus d'informations sur le déroulement de l'Histoire biologique. Si les principaux suspects représentés sur les reconstitutions consciencieusement proposées par des générations de scientifiques ne ressemblent pas assez aux protagonistes réellement impliqués dans la survie et la disparition des espèces, il faudra refaire, améliorer, ou compléter ces inférences. Reprenons donc en partie les investigations, en commençant par nous replonger dans la complexité du monde biologique.

Je n'essayerai pas de tout décrire. Je présenterai seulement certaines des organisations complexes que les scientifiques ont découvertes. Ce sont autant d'indices qui invitent à aborder les réflexions sur nos origines et sur l'évolution de la vie sur terre d'une autre manière. De façon un peu artificielle, j'exposerai d'abord des témoignages importants provenant des molécules, puis ceux portant sur des niveaux d'organisation biologiques dits «supérieurs». Nous admirerons successivement la complexité des organismes unicellulaires (bactéries, archées et protistes<sup>2</sup>), puis des organismes multicellulaires (essentiellement les animaux), et enfin celle de leurs communautés, de nos communautés. Pour débiter donc, concentrons-nous sur l'infiniment petit, pas parce que le fait que tous les objets soient constitués de molécules impliquerait, qu'à ce niveau, l'analyse soit plus informative, mais pour se rendre compte que, dès cette échelle extrêmement réduite, tous les phénomènes biologiques sont une affaire de collectifs. Prenez votre souffle avant d'entamer la plongée... à votre rythme, sans hésiter d'ailleurs à réémerger de ce premier chapitre, pour aborder la suite de l'ouvrage, moins technique parce que portant sur des éléments plus familiers. Le texte, en effet, est modulaire, et peut se lire par morceaux, en sautant d'une section à l'autre.

### *L'original et la copie*

Chaque organisme est constitué de nombreuses parties. Les organismes eux-mêmes assemblés en communautés forment des ensembles mosaïques. Pour s'y retrouver dans le puzzle du vivant, une première approche consiste logiquement à identifier les pièces qui le composent. L'ADN est probablement la molécule que nous associons le plus spontanément avec les êtres vivants<sup>3</sup>.

## TOUS ENTRELACÉS!

Des objets encore plus petits, composés d'ADN, nous sont aussi très familiers : les gènes. Ceux-ci ont une réputation de « meneurs de l'évolution ». Richard Dawkins, un évolutionniste influent, a notamment développé une théorie célèbre et populaire à leur sujet. Cette théorie s'intitule « les gènes égoïstes ». En un mot, elle fait de ces minuscules donneurs d'instructions les bénéficiaires ultimes et les manipulateurs en chef de l'histoire du vivant sur la planète. Les gènes commandent et les autres molécules et organismes exécutent. Dans la mesure où le gène est constitué d'ADN, recopier cet ADN revient à répliquer le gène. Certaines pièces du puzzle du vivant sont donc régulièrement reproduites. Et comprendre les règles de cette reproduction est essentiel pour comprendre comment les organismes se transforment.

Une de ces règles a un impact fondamental. Il convient de l'avoir à l'esprit pour penser l'évolution. Un brin d'ADN est composé par une série de constituants de bases, les célèbres lettres A, T, C et G. Ce brin sert directement de modèle à la machinerie biologique qui va le reproduire. Comme une feuille de papier insérée dans un photocopieur, le texte en ADN du gène doit être physiquement présent pour être copié. Cette opération, dite de répllication, produit donc une copie supplémentaire du gène. Une nouvelle feuille, porteuse des mêmes informations que l'originale, peut alors à son tour être placée dans un photocopieur du vivant et être recopiée. De cette manière, les répllications se succèdent au cours du temps, les gènes produisent des copies d'eux-mêmes, perpétuant un cycle vieux de plusieurs milliards d'années. Or, tous les objets impliqués dans l'évolution, toutes les pièces du puzzle du vivant, ne font pas cela, loin s'en faut.

Ce qui est encore plus fort, c'est que les instructions portées par le gène contribuent en partie à construire la machine qui va les répliquer, ou à produire de quoi garantir le fonctionnement de cette photocopieuse. Si l'on adopte l'approche de Dawkins,

tout le monde vivant semble donc taillé sur mesure par et pour le gène. Une des raisons pour lesquelles les espèces porteuses de ces gènes finissent néanmoins par évoluer, c'est que la photocopieuse n'est pas toujours parfaitement précise. Regardez: une copie de copie de copie de copie de copie n'est plus nécessairement exactement conforme à l'original. Au fil des répliquions, des altérations peuvent survenir çà et là dans le texte. Ces mutations peuvent par exemple changer un "G" en "C". Ceci peut conduire à des instructions inédites. «J'aime marcher dans la grotte» peut devenir «J'aime marcher dans la c...». De fil en aiguille, le texte des gènes peut changer en profondeur. Les amateurs de jeux de lettres et de paronymes, ces mots qui ne diffèrent les uns des autres que par une lettre, mais dont les sens peuvent être différents, connaissent bien ce phénomène<sup>4</sup>. Certaines pièces du puzzle du vivant se transforment petit à petit, à chaque fois qu'elles sont imparfaitement recopiées.

Alors qu'elles s'accumulaient inévitablement au cours de l'histoire, la plupart de ces mutations n'ont eu aucun effet sur les photocopieurs de gènes ou leur fonctionnement. D'autres ont conduit à une impasse, en contribuant à l'assemblage de photocopieurs inefficaces. D'autres encore ont pu améliorer la vitesse, voire la fidélité, de la répliquion, et donc bénéficier au gène muté. Dans tous les cas, ces mutations impliquent qu'il existe plusieurs versions d'un gène sur la planète, plusieurs paronymes d'un texte d'ADN original, autrement dit des familles de gènes et d'instructions apparentés.

Mais les places ici-bas sont chères, les ressources énergétiques et l'espace pour entretenir et faire tourner les photocopieuses à gènes sont limités. Les différentes copies de gènes tendent donc à lutter indirectement les unes contre les autres, au travers d'autres machines biologiques qu'elles façonnent et qui contribuent à les propager. Dans ces conflits, la forme de gène

## TOUS ENTRELACÉS!

gagnante est évidemment celle qui laisse le plus de descendants, le plus de copies d'elle-même. Mécaniquement, cette forme de gène plus efficacement démultipliée envahit le monde, en canalisant l'énergie biologiquement exploitable à son profit.

Pour toutes ces raisons, une grande partie de la science de l'évolution et des énigmes à résoudre pour comprendre les transformations du monde vivant est, d'emblée, moléculaire. La génétique des populations, discipline reine et fédératrice de la biologie évolutive, consiste ainsi à retracer l'origine et le devenir des copies de gènes. Elle étudie plus précisément les variations des fréquences des multiples copies de gènes au sein des populations d'organismes, c'est-à-dire, vous l'avez compris, au sein des différents photocopieurs et autres pantins biologiques, qui répliquent ces molécules reines au cours du temps. Dans ce contexte, les organismes sont les marionnettes des crimes fomentés par les gènes dans le cadre de leurs luttes. Ils sont décrits sous le terme d'interacteurs (ou de véhicules), alors que les gènes sont qualifiés de répliqueurs. Les premiers travaillent et s'affrontent, ce qui assure la multiplication des seconds. Ceci suggère l'existence de deux types d'acteurs évolutifs très distincts. Les interacteurs, engendrés par les instructions des gènes, prennent et distribuent les coups à leur place ; les répliqueurs, éventuellement, en profitent.

Cette façon de penser est incontestablement fructueuse. La génétique des populations a permis d'établir plusieurs résultats importants. En particulier, le nombre d'organismes dans une population capables de photocopier des gènes et de les transmettre à la prochaine génération joue un rôle essentiel dans l'évolution des textes génétiques et dans leur capacité à éliminer leurs concurrents. Plus il y a d'organismes capables de reproduire une copie de gène donnée, plus les gènes efficaces l'emporteront face à leurs concurrents. La sélection naturelle tient le



haut du pavé. Les meilleurs s'imposent dans les populations. En revanche, quand le nombre d'organismes capables de répliquer les gènes est faible, même un gène moins efficace peut devenir plus abondant que les autres par le simple jeu du hasard<sup>5</sup>. Dans une grande population, ce sont les plus valeureux qui s'imposent ; dans une petite population, ce sont les plus chanceux.

Ces explications sont très générales, mais aussi très abstraites, au sens où elles s'appuient sur une vision du gène très désincarnée. C'est à la fois une force et une faiblesse de ces modèles. Ils semblent fonctionner pour des gènes très différents. Mais peuvent-ils vraiment fonctionner pour tous ? Peut-on résumer l'histoire du vivant avec ce type de schéma ? Et n'y aurait-il pas un problème si ce type de raisonnement en éclipsait d'autres, susceptibles d'offrir des connaissances alternatives au sujet de l'évolution ?

Répondre par l'affirmative à ces questions implique d'essayer d'adopter d'autres perspectives pour expliquer l'évolution. Mais cette démarche est loin d'être intuitive. Beaucoup d'évolutionnistes sont satisfaits de continuer à étudier l'évolution comme ils l'ont toujours fait. C'est peut-être que, développée indépendamment de la théorie du gène égoïste et de la génétique des populations, la biologie moléculaire contribue aussi à placer une représentation du gène assez abstraite sur un piédestal. Cette seconde discipline joue un rôle considérable dans les études de biologie évolutive. Objet de tant d'attentions, le gène est donc un suspect de premier choix par rapport aux autres molécules qui composent les êtres vivants, et un des principaux éléments à étudier pour comprendre l'essor et la disparition des espèces. Le « dogme central » de la biologie moléculaire explique ainsi par quelle mécanique le gène transforme ses instructions en actions, comment il façonne les diverses machines moléculaires évoquées plus haut, qu'il actionne tel un marionnettiste.

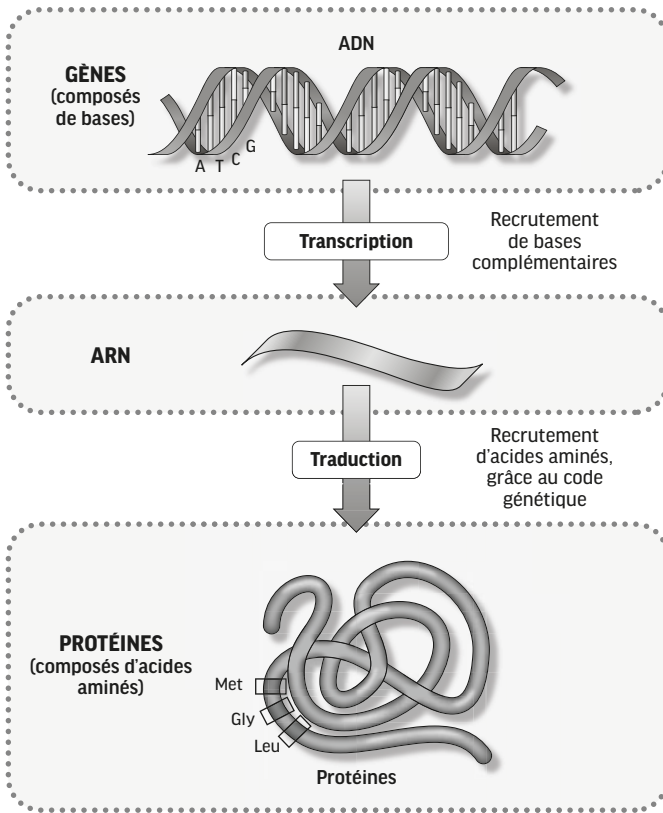
*Le dogme central*

Si les gènes sont aux commandes, restent encore à exposer comment leurs ordres sont mis en oeuvre. Dans les années 1950, Watson et Crick notamment ont contribué à établir par quels moyens les gènes exercent leur pouvoir sur le monde. Depuis leurs travaux les relations entre trois principaux types de molécules biologiques sont traditionnellement représentées sous forme d'une chaîne d'assemblage, à l'image de celle qu'on pourrait voir dans une usine de fabrication de voitures. Le dogme central décrit un enchaînement d'étapes, qui vont du gène aux différents produits moléculaires qui en dérivent. Au début de ce processus, on trouve le premier type de molécule: l'ADN, et ses instructions. L'ADN est d'abord copié sous forme d'ARN, une deuxième sorte de molécule, qui peut physiquement se détacher de sa matrice<sup>6</sup>. Si la portion d'ADN ainsi transcrite correspondait à un gène, l'ARN libéré sera capable de transmettre les instructions de ce gène à des machines intracellulaires qui produisent un troisième type de molécule: une protéine, que l'ADN puis l'ARN spécifiaient (Figure 1).

Schématiquement, chaque protéine est un petit robot de dimension nanoscopique, capable d'accomplir une ou plusieurs tâches ou réactions chimiques précises. Les protéines réalisent ainsi une diversité de fonctions dans les cellules et constituent par conséquent une classe d'acteurs incontournables de l'évolution. Elles sont, par exemple, impliquées dans l'envoi de signaux biologiques, dans la réponse immunitaire, dans le photocopie de l'ADN, et de nombreux autres processus cellulaires vitaux, tels que le transport d'une palanquée de ressources énergétiques et de plusieurs métaux indispensables à la vie.

La seconde étape du « dogme central » durant laquelle l'ARN permet d'élaborer une protéine s'appelle la traduction. Ce

## CARTOGRAPHIE DES MOLÉCULES



1. Composition et relations entre 3 principaux types de molécules, selon le dogme central de la biologie moléculaire.

terme a été choisi pour souligner la différence de nature entre les ARNs et les protéines. Traduire consiste à décrypter des instructions génétiques et à les matérialiser sous forme de protéines. Ce processus implique le célèbre code génétique, qui fournit la correspondance entre les éléments du langage moléculaire présent dans l'ARN et les éléments protéiques assemblés conformément aux instructions du gène. C'est cela « le dogme central »: « l'ADN produit de l'ARN qui

## TOUS ENTRELACÉS!

produit de la protéine». Ou dans le cas d'un gène: «un gène produit un ARN qui produit une protéine».

Cette formulation (inexacte parce que trop simpliste) demeure fondamentale dans les inférences au sujet de l'histoire évolutive. En effet, elle offre une assise pour essayer de comprendre comment fonctionne le monde vivant au niveau moléculaire. Le dogme central propose d'identifier une chaîne de responsabilité: du commanditaire, le gène, jusqu'à l'exécuteur des basses œuvres: la protéine codée par le gène. Le raccourci tentant est donc d'imaginer qu'un gène permet de réaliser une fonction biologique. Cette intuition: «un gène, une fonction» incite à chercher la fonction codée par chaque instruction génétique prise isolément, à dévoiler la commande émise par le gène (pour en déduire ses éventuelles conséquences sur le reste du monde). Dans sa forme la plus caricaturale, on retrouve là une notion très familière, consacrée dans les médias par une expression: «le gène de X». Selon l'actualité, «X» représente un phénomène dont on cherche la cause: l'intelligence, la longévité, l'orientation sexuelle, la violence, l'alcoolisme...

Cette interprétation du dogme central mérite toute notre attention. Ce modèle peut en effet se décomposer en deux facettes distinctes, susceptibles d'affecter l'étude de l'évolution. La première, «un gène produit une protéine», décrit ce qu'on pourrait appeler du «préformationnisme moléculaire». Toute la fonction de la protéine serait déjà inscrite dans le texte du gène. La seconde facette, «une protéine réalise une fonction», propose une relation simple, du type: «un agent, une action». Ce slogan suggère qu'il est possible de caractériser les actions de molécules isolées pour comprendre les mécanismes biologiques. Dans un contexte évolutif, cette logique semble offrir une stratégie très puissante pour inférer les causes moléculaires des événements biologiques passés. Puisque les gènes commandent, et sont

## TOUS ENTRELACÉS!

<i>Création de nouveaux gènes par brassage</i>	70
<i>Les réseaux d'interactions protéines-protéines</i>	73
<i>Bidouillages protéiques</i>	74
<i>Bureaucratie moléculaire: comment produire de la complexité par hasard?</i>	80
<i>Du hasard à la nécessité</i>	82
<i>Les progénètes: communautés échangeistes primitives</i>	86
<i>Conclusion provisoire</i>	97
<b>DEUXIÈME PARTIE - Incursions dans la complexité cellulaire</b>	<b>103</b>
<i>Microbiologie et mise à jour de la théorie de l'évolution</i>	106
<i>Interactions génétiques chez les procaryotes</i>	112
<i>Interactions symbiotiques chez les procaryotes</i>	115
<i>Symbioses fraternelles: l'oscillation des Bacilles</i>	120
<i>La théorie de la Reine Noire</i>	127
<i>Mort au vainqueur</i>	131
<i>Endosymbioses entre procaryotes</i>	134
<i>Les eucaryotes, ces nouveaux venus</i>	136
<i>Eucaryogenèse: grandes lignes (de fractures)</i>	141
<i>Tout ce que vous avez toujours voulu savoir sur la mitochondrie sans jamais oser le demander</i>	143
<i>Et le noyau fut</i>	145
<i>Alternatives et controverses</i>	151
<i>La révolution verte</i>	156
<i>Les chimères archéo-bactériennes</i>	158
<i>Dédarwinification des endosymbiontes: l'évolution à l'envers?</i>	165
<i>Coincés dans l'organite</i>	167
<i>Deuxième conclusion provisoire</i>	171
<b>TROISIÈME PARTIE– Les arcanes des eucaryotes multicellulaires</b>	<b>175</b>
<i>L'organisme animal, ce collectif</i>	179
<i>Les Holobiontes</i>	184
<i>Le développement à l'interface macrobe-microbes</i>	188
<i>Les microbes de résistance</i>	189
<i>Accueillir ses amis, assommer ses ennemis</i>	192
<i>Bien se sentir en société</i>	196
<i>Le choix conjoint du partenaire</i>	200
<i>Les microbes de spéciation</i>	203

## TABLE DES MATIÈRES

<i>L'évolution animale démultipliée</i>	207
<i>La génétique des communautés</i>	209
<i>Le retour de Lamarck par la porte microbienne</i>	212
<i>Troisième conclusion provisoire</i>	215
<b>QUATRIÈME PARTIE – L'enquête évolutive réorientée</b>	219
<i>Le changement et la complexité</i>	221
<i>L'évolution des organisations</i>	223
<i>Tout est collectif, donc tout est processus</i>	226
<i>Les composants de l'évolution</i>	230
<i>Sortez le microscope!</i>	237
<i>Une vision : le réseau dynamique des interactions sur Terre</i>	238
<i>Coïncidences et Répétitions</i>	244
<i>Vestiges : les racines géologiques du vivant</i>	245
<i>Les codes (encore) secrets de l'évolution</i>	248
<i>Étendre la théorie de l'évolution pour penser les collectifs</i>	251
<i>Dépoussiérer le dossier « réseau »</i>	252
<i>Le grand retour du hasard?</i>	256
<i>La pensée des processus, le chant des possibles</i>	259
<i>Recomposition théorique et naissance de transdisciplines</i>	262
<i>Rêvons un peu à demain!</i>	268
<b>CINQUIÈME PARTIE – Un peu de nombrilisme</b>	273
<i>Et Homo sapiens dans tout ça?</i>	274
<i>Les hommes-microbes</i>	276
<i>D'Homo sapiens à Chosmo sapiens</i>	283
<b>Épilogue</b>	291
<b>Annexe</b>	293
<b>Notes</b>	295