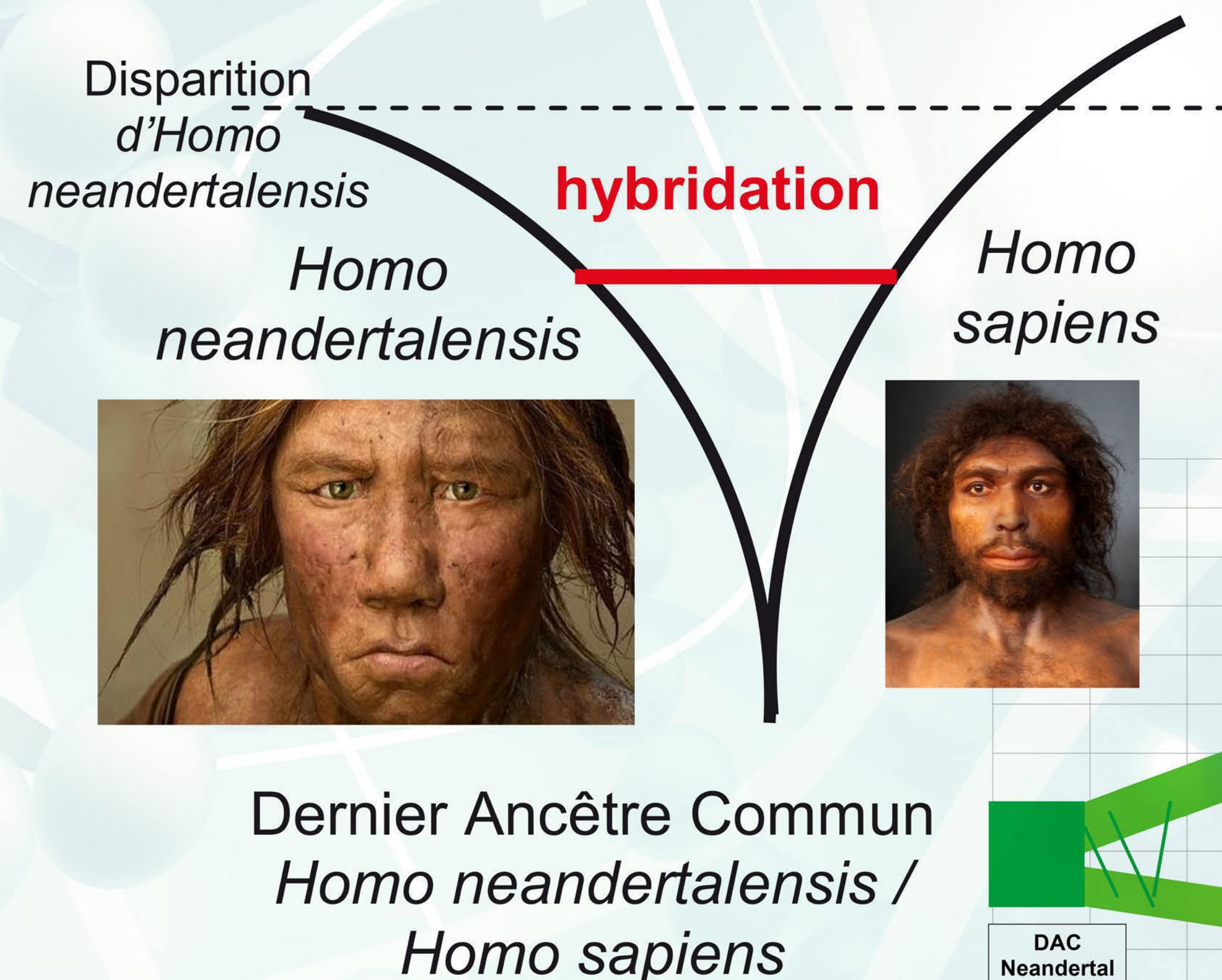


La classification simplifie la diversité et la complexité du vivant

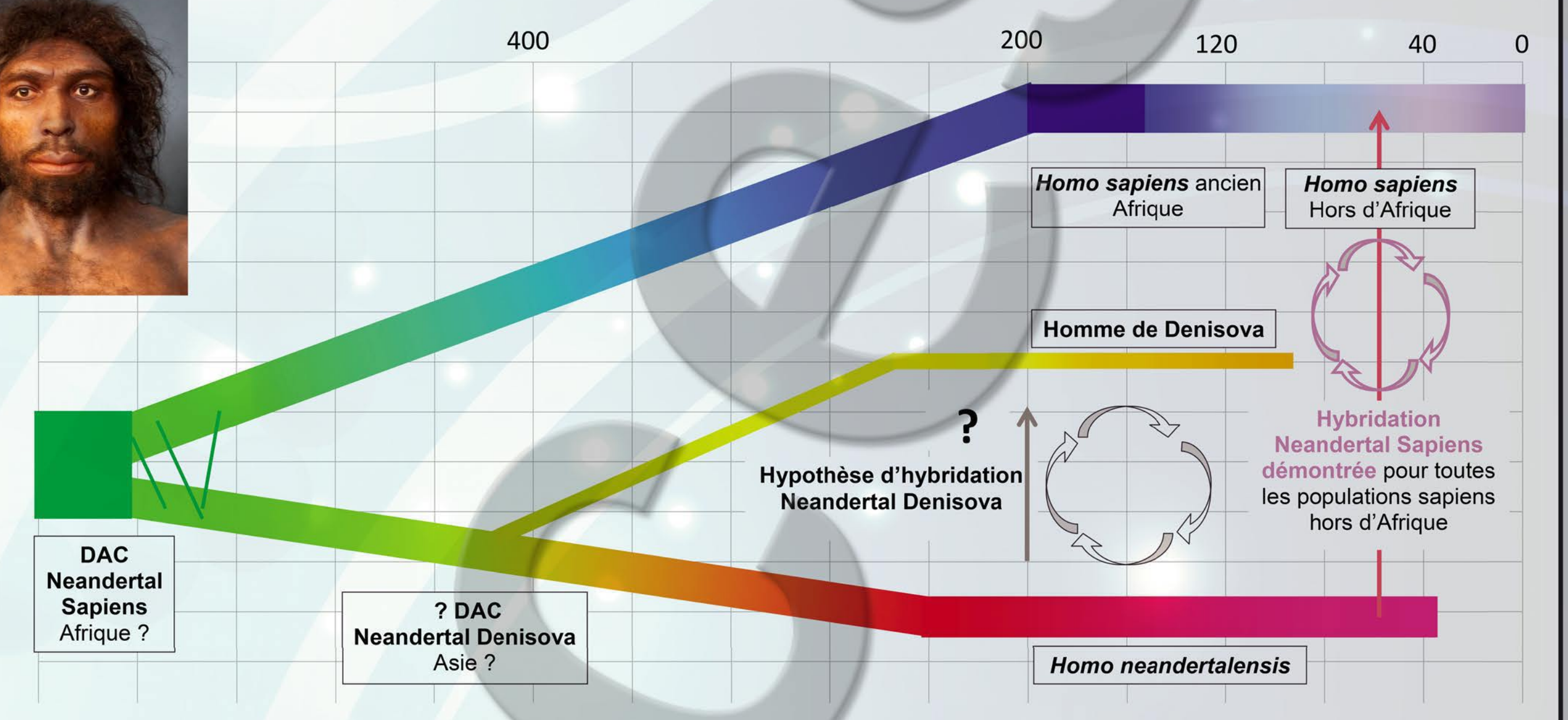
L'arbre du vivant devient un réseau

Les phénomènes de croisements entre espèces, que l'on appelle hybridation, ne sont pas rares, y compris chez les animaux. Ainsi, des branches de l'arbre du vivant se retrouvent liées entre elles. C'est le cas par exemple chez *Homo sapiens*. Au moins une population de *sapiens* s'est hybridée avec une population néandertalienne : des humains actuels sont porteurs de gènes néandertaliens. Ces groupes d'humains sont donc issus d'au moins deux branches du vivant : *Homo sapiens* ancien ET *Homo neandertalensis*. Le modèle de la classification phylogénétique et ses représentations trouvent leurs limites dans ces phénomènes d'hybridation. Et l'arbre du vivant se transforme en réseau, certaines lignées évolutives s'impactant les unes les autres pour former de nouvelles espèces ou même de nouvelles lignées.

Hybridation : exemple de la lignée humaine *Sapiens* actuel, un humain hybride

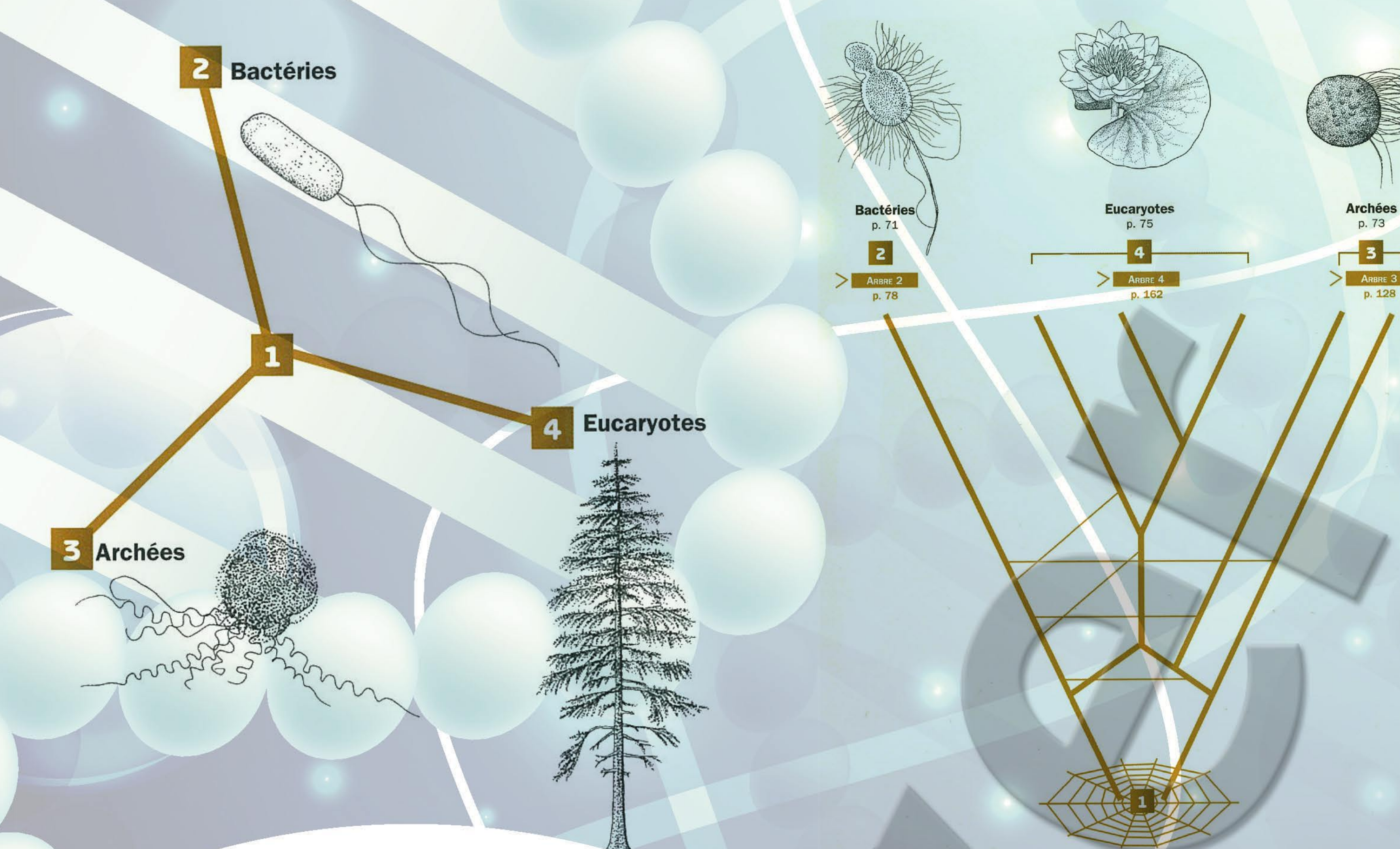
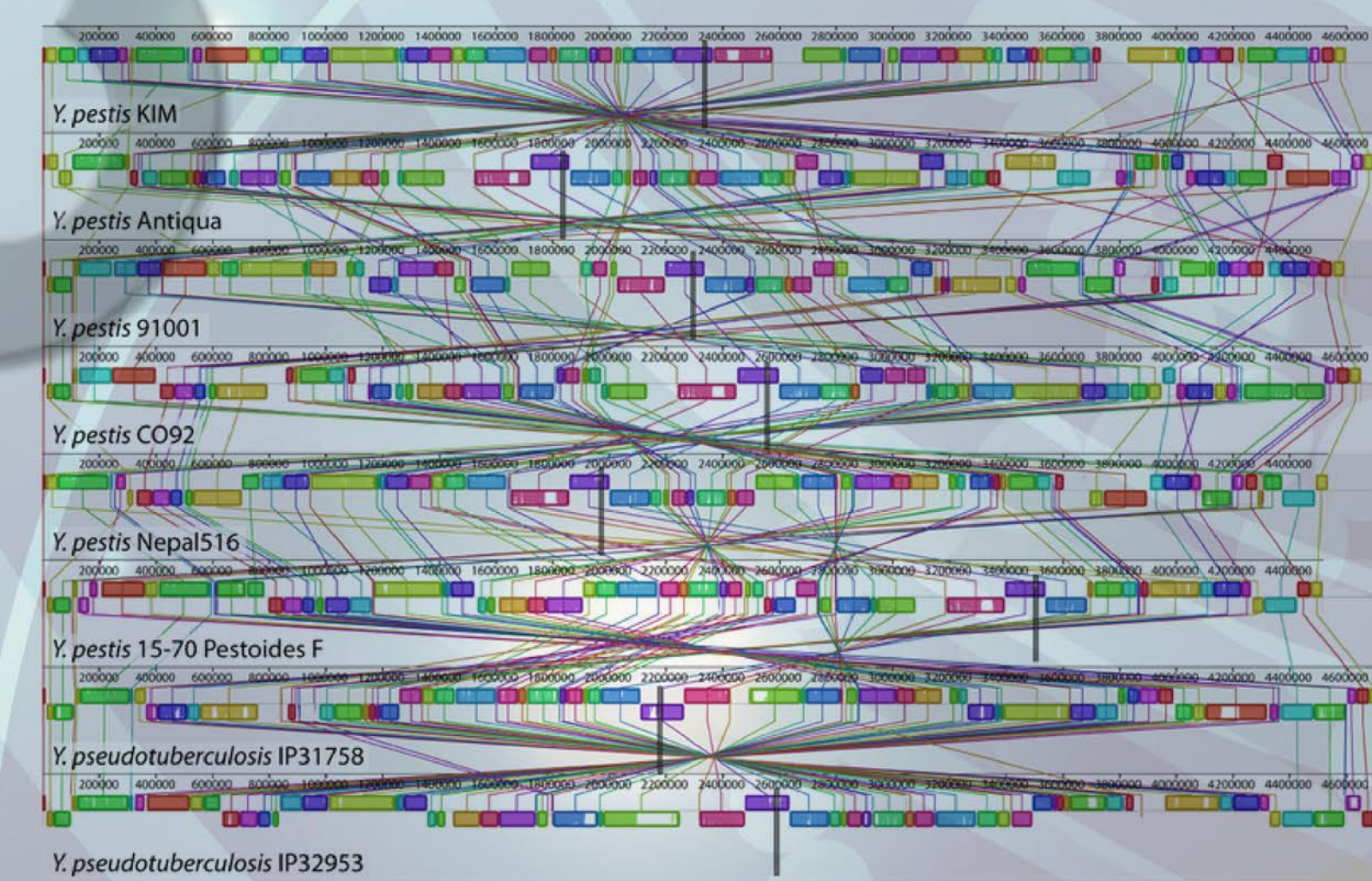


Depuis 2013, il est admis que lorsque certaines populations d'*Homo sapiens* ont quitté l'Afrique, elles ont rencontré au Moyen-Orient des populations néandertaliennes avec lesquelles elles se sont hybridées. En effet, des populations humaines actuelles portent les traces génétiques de cette hybridation. Pourtant, il semble que plus tard, lorsque qu'*Homo sapiens* arrive en Europe du Nord, où des populations néandertaliennes sont encore présentes, les barrières à la reproduction (biologiques et/ou culturelles) sont trop fortes pour engendrer de nouvelles hybridations. Enfin, pour ajouter à la complexité du « buisson » humain, les analyses génétiques tendent à montrer qu'une autre espèce, l'homme de Denisova, qui aurait un ancêtre commun plus récent avec néandertal, se serait elle aussi hybridée avec des populations néandertaliennes avant leur hybridation avec *Homo sapiens*. Les recherches sont en cours notamment à l'institut Max Planck de Munich en Allemagne. Le modèle d'évolution de l'espèce humaine, le plus largement étudié de tout le vivant, révèle la complexité des modèles actuels de classification et d'évolution, modèles en permanente évolution !



Analyses génétiques et statistiques

Si la classification des Vertébrés Tétrapodes est – relativement – bien établie, de nombreux travaux restent à mener par exemple chez les Insectes. Le nombre des espèces décrites est considérable (et bien plus sont encore non décrites ni même découvertes). Les génomes de ces espèces constituent d'énormes masses d'informations : les outils numériques restent insuffisants pour établir les relations de parenté au sein de cette diversité. Par ailleurs, selon les algorithmes ou les séquences de gènes utilisées pour les analyses, les résultats et les arbres établis peuvent connaître des variations importantes.



La base de l'arbre du vivant tel que présentée en 2001 (à gauche) et en 2017 (à droite)

Il est désormais généralement admis par les scientifiques que certains éléments se trouvant dans les cellules des Eucaryotes (champignons, lignée verte et animaux en première approximation) sont issus d'une endosymbiose. Autrefois, des cellules eucaryotes vivaient en symbiose avec des bactéries. Par voie d'évolution, ces bactéries ont été absorbées et intégrées au sein des cellules eucaryotes. C'est par exemple le cas des mitochondries, présentes dans toutes les cellules des animaux. Elles contribuent pleinement au métabolisme des animaux. Cette endosymbiose justifie l'un des traits qui relie la lignée des bactéries à celle des eucaryotes. Et pour les microbiologistes, toutes les espèces animales sont des chimères issues de la « fusion » entre deux êtres vivants anciens unicellulaires. D'autres endosymbioses ont eu lieu sur les voies de l'évolution. Endosymbioses et transferts de gènes horizontaux (sans lien de descendance) contribuent à faire un réseau de l'arbre du vivant.

Les animaux actuels, tous issus de plus de 3 milliards d'années d'évolution, ont acquis des formes très différentes. La classification est un outil artificiel créé par les scientifiques pour décrire et simplifier cette diversité et tenter de comprendre des phénomènes naturels complexes. La classification ne permet donc pas de connaître avec précision chaque animal, ses origines et son évolution.

B

- Classification phylogénétique du vivant, Guillaume Lecointre, Hervé Le Guyader, 4e éd. 2016 et 2017 (Tome 2), éd. Belin
- Jamais seul, Marc-André Selosse, 2017, éd. Actes Sud
- L'ontophylogénèse, Jean-Jacques Kupiec, 2012, éd. Quae
- Guide critique de l'évolution, ss la dir. de Guillaume Lecointre, 2009, éd. Belin
- Néandertal, à la recherche des génomes perdus, Svante Pääbo, 2015, éd. Babel

© Gulliver 2018
www.gulliver-sciences.fr



L'hybridation entre espèces : une difficulté pour le modèle actuel de classification. Plus généralement, le concept d'espèce, pourtant unité de base de la classification, semble être mal adapté à certains êtres vivants, notamment les bactéries.



Crédit photos / images :
Commons wikimedia
Lecointre LeGuyader