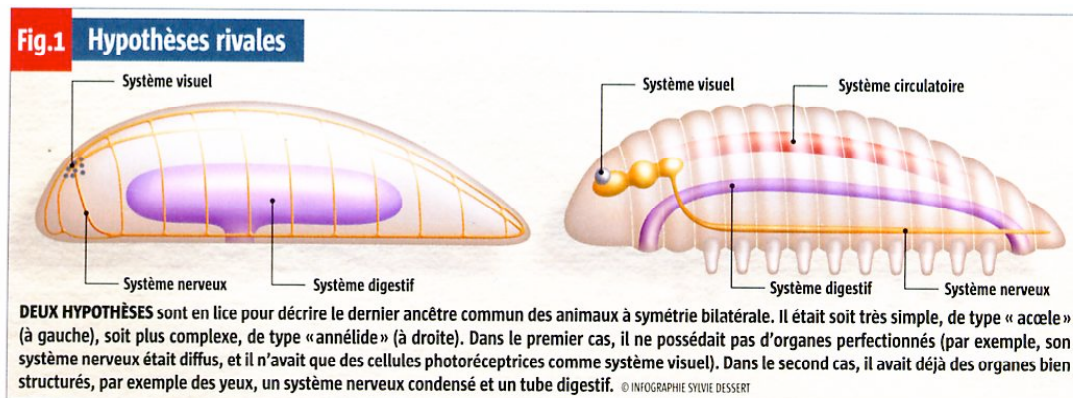


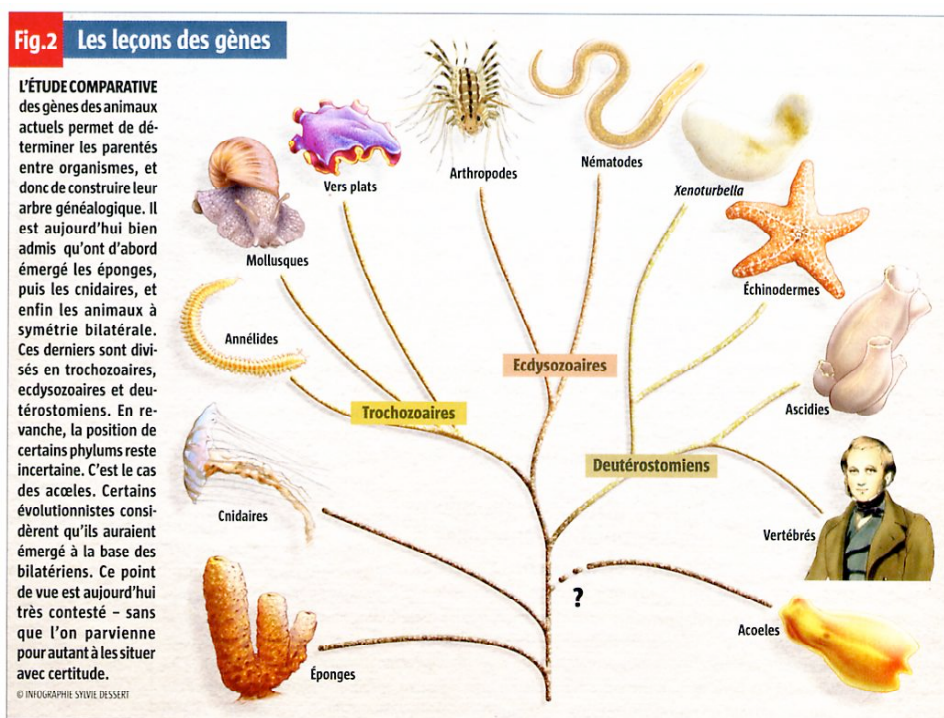
A QUOI RESSEMBLAIT LE PREMIER ANIMAL MODERNE ? (Sources : La Recherche Mars 2009, modifié)

Le dernier animal commun de la plupart des animaux actuels est apparu au Précambrien, il y a plus de 542 Ma. Pour certains auteurs, le ver plat *Convolutriloba longifissura* peut ressembler à ce dernier ancêtre commun des **bilatériens** dont la diversité a explosé au cambrien. C'est un ver plat de l'ordre des acoeles. Ovale et de couleur vive, il vit en eau marine peu profonde, sur les fonds sableux. Pour d'autres auteurs, cet ancêtre présenterait des points communs avec les Annelides.



Comprendre l'histoire évolutive des bilatériens

Comprendre l'histoire évolutive des bilatériens est difficile car les ancêtres précambriens des animaux actuels sont éteints depuis longtemps. La **phylogénie moléculaire** et la **génétique du développement** sont utilisées pour essayer de dresser un portrait robot de cet ancêtre. La phylogénie moléculaire consiste à analyser et à comparer les gènes partagés par l'ensemble des animaux actuels en partant du raisonnement suivant : plus les structures géniques de deux espèces sont proches, plus ces espèces doivent être de proches parents.



A la base de l'arbre se séparent les branches des **diblastiques** (éponges puis cnidaires) puis des bilatériens (deutérostomiens, ecdysozoaires et trochozoaires) mais le phylum des Acoeles est difficile à positionner. En 1999, l'analyse phylogénétique de l'ARN 18S montre que les acoeles ne font pas partie du phylum des vers plats ou plathelminthes et que leur lignée émergerait entre les cnidaires et les bilatériens. D'autre part, l'absence d'anus commune aux éponges, aux cnidaires et aux plathelminthes constituerait un caractère primitif (plésiomorphe). Ainsi, la morphologie des acoeles actuels refléterait la morphologie du dernier ancêtre commun des bilatériens.

L'étude des gènes architectes permet de comprendre comment un organisme primitif aurait pu évoluer vers des organismes plus complexes. Ainsi le gène *Emx*, spécifiquement exprimé dans la partie antérieure du système nerveux chez les bilatériens est exprimé tout le long de l'embryon chez l'acoèle. Les auteurs concluent que l'ancêtre des bilatériens possédait des gènes « généralistes » qui se seraient spécialisés dans le développement de tel ou tel organe chez les bilatériens.

Des études complémentaires portant non plus sur le seul gène codant l'ARN 18S mais sur 68 gènes codant des protéines chez un acoèle et 51 autres espèces d'animaux appartenant à 15 phylums différents remettent en cause ces interprétations. Selon ces auteurs, l'**horloge moléculaire** tourne plus ou moins vite d'un phylum à l'autre. Dans le cas des acoèles, leurs gènes évoluent si vite qu'il est difficile de situer ces animaux dans l'arbre phylogénétique.

Alors, comment procéder pour dresser le portrait de l'ancêtre lointain ?

La découverte dans les années 1982 des gènes architectes **Hox** permet d'apporter un élément de réponse. Ces gènes sont situés sur un même chromosome, à faible distance les uns des autres, dans un ordre bien précis. Ils contrôlent la morphologie d'une région spécifique du corps selon l'axe antéro-postérieur conformément au principe de la **colinéarité**. Ainsi les insectes ont un complexe dont chaque gène Hox contrôle la forme précise d'un ou plusieurs segments tandis que les vertébrés tétrapodes possèdent 4 complexes de gènes Hox qui contrôlent, entre autres, la forme des vertèbres et des côtes. **Or chacun des complexes Hox de vertébré est agencé comme un complexe Hox d'insecte.**

Cet assemblage apparaît trop complexe pour être apparu deux fois dans l'évolution. L'application du **principe de parcimonie ou économie d'hypothèses** suggère qu'un complexe de gènes Hox existait chez le dernier ancêtre commun des bilatériens.

Par ailleurs, il existe un complexe de gènes architectes du système nerveux dits de « régionalisation médio-latérale ». Chez les vertébrés, ces gènes sont à l'origine de la différenciation des neurones moteurs du côté le plus dorsal de la moelle épinière et des neurones sensoriels en position plus latérale. Or chez l'Annelide *Platynereis dumerrillii*, il existe des homologues de ces gènes de régionalisation médio-latérale et ils s'expriment dans le même ordre que ceux des vertébrés mais en position ventrale, comme une image dans un miroir. En suivant le même raisonnement que pour les gènes Hox, ces similitudes constituent un indice très fort de la présence d'un système nerveux condensé, probablement ventral chez l'ancêtre des bilatériens, qui serait devenu dorsal chez les vertébrés par une rotation de l'axe du corps.

Ceci laisse supposer que le dernier ancêtre commun des bilatériens possédait un corps métamérisé (gènes Hox), un système nerveux ventral (gènes de régionalisation médio-latérale), un tube digestif avec bouche et anus et probablement des organes photorécepteurs simples. Mais personne ne peut dire à quoi il ressemblait vraiment ! La simplicité des acoèles actuels résulterait de la perte de certains caractères et des gènes associés par **simplification évolutive**.

Les gènes architectes de notre ancêtre avait-il les mêmes fonctions que les nôtres ?

Tous les auteurs ne partagent pas cette interprétation des similitudes entre gènes complexes d'espèces éloignées. Ils proposent que les gènes architectes n'auraient pas assumé les fonctions chez l'ancêtre commun à savoir la mise en place du « **pattern de construction** ». Ces gènes n'auraient régulé que la différenciation de certaines cellules puis au fil de l'évolution, ils auraient permis la régulation du développement d'organes plus complexes intégrant ces cellules ancestrales. Par exemple dans le cas de la vision, des gènes architectes auraient conféré une capacité photoréceptrice à quelques cellules puis ces gènes auraient été utilisés dans le développement de structures complexes incluant ces cellules photoréceptrices, conduisant aux yeux des animaux modernes. Seule la découverte de fossiles précambriens permettrait de trancher.

Ces quelques faits d'observation ainsi que les hypothèses explicatives contradictoires les accompagnant montrent que la classification phylogénétique ne constitue pas un « nouveau paradigme » mais c'est une autre façon de comprendre la diversité du monde vivant à la lumière des connaissances du moment. Cette approche est donc, elle aussi, condamnée à évoluer !