



actualité
scientifique

A l'origine de la diversité actuelle des eucaryotes

Des chercheurs de l'Université d'Uppsala en Suède, de l'Institut des Sciences Marines de Barcelone en Espagne, de l'Académie des Sciences Chinoise, et de Sorbonne Université montrent que les eucaryotes ont, au cours de leur évolution, fait des centaines de transitions entre d'une part le milieu marin et d'autre part les écosystèmes d'eau douce et le sol et inversement.

De telles transitions d'habitat sont des événements évolutifs qui peuvent déclencher des explosions de diversité. On ne connaît pas, cependant, la fréquence de ces transitions d'habitat au cours de l'évolution ni où elles se situent sur l'arbre du vivant.

A l'aide des séquences de longs fragments d'ADN d'eucaryotes microbiens provenant d'échantillons prélevés dans des lacs boréaux, dans des sols forestiers, dans l'Océan Indien, dans la fosse des Mariannes et dans d'autres environnements, les chercheurs ont pu reconstruire les arbres phylogénétiques des organismes trouvés dans ces environnements. Les résultats indiquent que ces eucaryotes microbiens ont réussi à s'établir avec succès (transitions difficiles à réaliser) dans de nouveaux habitats plusieurs centaines de fois au cours de leur évolution, permettant aux colonisateurs d'occuper des niches écologiques vacantes, ce qui a conduit à la grande diversité d'eucaryotes que nous voyons aujourd'hui.

Les arbres phylogénétiques construits à partir des séquences d'ADN ont également permis aux chercheurs d'envisager ce que pouvaient être les habitats de ces eucaryotes : parmi ces derniers, les *SAR* et les *Obozoa* seraient apparus dans des habitats complètement différents. La lignée *SAR*, qui comprend des groupes comme les diatomées, les ciliés, les dinoflagellés, les radiolaires, etc. ..., semble apparaître, au Précambrien, pour la première fois en domaine océanique. Les *Obazoa*, diversifiés en champignons, animaux, choanoflagellés et amibozoaires, auraient quant à eux habité des habitats non marins... pour y retourner en partie.

Pour en savoir plus...

- [Global patterns and rates of habitat transitions across the eukaryotic tree of life](#), Jamy M., Biber C., Vault D., Obiol A., Jing H., Peura S., Massana R., Burki F., 2022, *Nat. Ecol Evol.* 1–13.
- [MetaPR2: a database of eukaryotic 18S rRNA metabarcodes with an emphasis on protists](#), Vault D., Sim C.W.H., Ong D., Teo B., Biber C., Jamy M., Lopes dos Santos A., 2022, *Molecular Ecology Resources in press*.