



actualité
scientifique

L'évolution et les espèces « fantômes »

On qualifie d'espèce « fantôme », une espèce inconnue ou éteinte, distincte des espèces vivantes identifiées, et beaucoup plus nombreuses que ces dernières. La plupart des flux de gènes détectés sur un ensemble choisi d'espèces connues sont donc susceptibles de provenir d'espèces fantômes. Information habituellement négligée... dont la prise en compte pourrait radicalement changer les conclusions des études sur les flux de gènes, donc la phylogénie d'espèces puisque c'est à partir de l'observation et de l'analyse d'une minorité d'espèces que les scientifiques cherchent à comprendre les processus qui gouvernent l'évolution du vivant.

La (bio)diversité disparue ou inconnue a cependant laissé des traces dans le génome des espèces étudiées, *via* les flux « horizontaux » de gènes. Ainsi trouve-t-on des gènes néandertaliens dans des génomes d'*Homo sapiens*, ou encore des gènes de résistance aux antibiotiques qui sont communs à des souches ou espèces distinctes de bactéries pathogènes.

Pourtant l'analyse des flux de gènes telle qu'elle est pratiquée aujourd'hui ignore habituellement l'existence passée ou présente des espèces fantômes, alors que ces dernières sont potentiellement les principales pourvoyeuses de gènes transmis horizontalement. Par des approches de simulation et une réanalyse de données publiées ces dernières années, les auteurs de l'étude sous presse (*PLOS Biol.*) montrent qu'ignorer les espèces fantômes peut conduire à proposer des scénarios évolutifs totalement erronés.

Ces auteurs ont évalué l'impact de cet effet habituellement négligé à partir des données de trois études :

- l'une propose un test statistique de détection des flux de gènes entre espèces proches ;
- une autre porte sur l'étude de l'histoire évolutive du complexe d'espèces *Anopheles gambiae*, des moustiques vecteurs du paludisme ;
- une dernière porte sur l'estimation de l'ordre d'acquisition de différents gènes bactériens ayant conduit à l'émergence de la cellule eucaryote (y compris les gènes à l'origine de la mitochondrie).

Les résultats montrent non seulement que l'interprétation des tests de détection des transferts est généralement erronée car elle conduit à une mauvaise identification des espèces donneuses et receveuses, mais aussi que des hypothèses importantes en biologie évolutive basées sur la détection de flux de gènes peuvent être remises en question. Ainsi, la réanalyse du complexe *gambiae* ouvre la possibilité d'une histoire évolutive différente de celle admise jusqu'alors, qui pourrait redessiner l'histoire des croisements interspécifiques dans ce groupe taxonomique important en termes de santé humaine.

De même, la méthode utilisée pour ordonner l'histoire des intégrations de gènes par la cellule proto-eucaryote révèle une faiblesse méthodologique majeure : appliquée en tenant compte de la présence possibles d'espèces fantômes, elle revient à jouer à pile ou face pour savoir si un événement de transfert a eu lieu avant ou après un autre. Ce qui change nos connaissances des premières étapes de l'émergence des eucaryotes.

[Pour en savoir plus...](#)

[Ghost lineages can invalidate or even reverse findings regarding gene flow](#), Tricou T., Tannier E., de Vienne D.M., (LBBE - CNRS / Université Claude Bernard / VetAgro Sup), 2022. *PLOS Biol.* in press