

Sous la direction de
DENIS FAURE, DOMINIQUE JOLY
et SYLVIE SALAMITOU

101 secrets de l'ADN

CNRS EDITIONS

Présentation de l'éditeur



Tout organisme vivant sur Terre contient de l'ADN, support de l'information génétique. L'étudier, c'est étudier le vivant dans toutes les composantes de sa diversité présente et passée, c'est saisir sa fragilité mais aussi sa capacité à s'adapter aux contraintes les plus diverses et les plus extrêmes, c'est comprendre qui nous sommes, nous humains, nos origines et dans quel monde complexe nous vivons.

Les années 1950 ont vu la découverte de la double hélice de cette molécule, puis dans les années 1970 émergent les premières technologies de séquençage qui permettent de décrire très précisément sa composition chimique, son organisation et son fonctionnement. Depuis, les progrès accomplis dans les technologies d'analyse et les recherches sur l'ADN et les génomes dans leur intégralité ont été considérables.

De l'arbre du vivant à la conservation des espèces, en passant par la paléogénomique, la phylogénie, le transfert de gènes, l'ARN, les symbioses, le microbiote, le recyclage des déchets, les *Big Data* appliquées au vivant, cet ouvrage propose 101 notions et objets de recherche au plus près de l'actualité scientifique.

Denis Faure (Institut de Biologie Intégrative de la Cellule - I2BC) et Dominique Joly (Évolution, Génomes, Comportement, Écologie - EGCE) sont biologistes, directeurs de recherche au CNRS. Sylvie Salamitou est chargée de communication de l'unité EGCE.

101 secrets de l'ADN

Coordonné par Denis Faure,
Dominique Joly et Sylvie Salamitou

CNRS Éditions, Paris, 2019
ISBN : 978-2-271-12743-3

101 secrets de l'ADN

CNRS ÉDITIONS

15, rue Malebranche – 75005 Paris

E

R

A

M

M

O

S

6 | INTRODUCTION

26 | PREMIER CHAPITRE EXPLORATION HAUT DÉBIT DU VIVANT

L'accès à haut débit aux séquences ADN et ARN ouvre de nouvelles opportunités d'exploration et de caractérisation du vivant, dans tous les milieux, sous toutes les latitudes, et en révolutionne la compréhension.

64 | DEUXIÈME CHAPITRE INVENTAIRE ET CONNAISSANCE DE LA BIODIVERSITÉ

Du micro au macroscopique, de nouvelles espèces, y compris les plus rares, sont inventoriées grâce à l'exploration de l'ADN dans tous les écosystèmes. La massification des données ADN propulse l'étude de la biodiversité dans l'ère des *big data*.

112 | TROISIÈME CHAPITRE L'ADN, TÉMOIN MOLÉCULAIRE DE L'ÉVOLUTION DES ORGANISMES

Chaque espèce actuelle est le reflet de l'histoire de ses interactions avec l'environnement et avec les autres espèces. L'information contenue dans les séquences ADN d'un génome permet de retracer cette histoire évolutive avec une précision jusque-là inégalée.

144 | QUATRIÈME CHAPITRE VIVRE SOUS CONTRAINTES

Les organismes doivent s'adapter aux changements, fuir ou disparaître. L'analyse des génomes permet d'identifier les mécanismes de l'adaptation des organismes aux contraintes naturelles et anthropiques.

186**CINQUIÈME CHAPITRE
INTERACTIONS ENTRE ESPÈCES**

Les relations entre espèces affectent positivement ou négativement la survie des organismes et leur évolution. Les nouvelles méthodes de séquençage ADN à haut débit permettent d'étudier ces interactions et d'en analyser les règles de fonctionnement.

216**SIXIÈME CHAPITRE
FONCTIONNEMENT ET FRAGILITÉ
DES ÉCOSYSTÈMES**

Les écosystèmes se distinguent les uns des autres par la diversité des organismes qui les composent et par les relations qui s'établissent entre eux et avec leur environnement. L'étude de la dynamique de ces relations permet de mieux comprendre le fonctionnement des écosystèmes.

256**SEPTIÈME CHAPITRE
PALÉOGÉNOMIQUE ET HISTOIRES ÉVOLUTIVES**

L'étude des ADN anciens et des ADN contemporains permet de proposer des scénarios d'évolution et de dispersion des espèces, voire de reconstituer les écosystèmes passés.

290**HUITIÈME CHAPITRE
L'HUMANITÉ ET SON ENVIRONNEMENT**

Les humains changent directement ou indirectement la biodiversité et les écosystèmes qui les entourent ; en retour, ces changements modulent à court et long termes le développement et la santé des populations humaines. Comprendre ces interactions, c'est pouvoir proposer de nouvelles pratiques en santé humaine et environnementale.

326**INDEX****330****TABLE DES MATIÈRES, AUTEURS, BIBLIOGRAPHIE**



Introduction

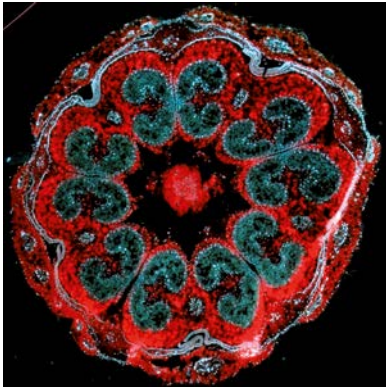
L'ADN révèle les secrets du vivant

Comme un livre auquel il est souvent comparé, l'ADN raconte le vivant, sa diversité, sa fragilité mais aussi sa capacité à s'adapter aux contraintes les plus diverses et les plus extrêmes grâce à des innovations biologiques plus surprenantes les unes que les autres.

Capter l'énergie solaire, utiliser des gaz atmosphériques comme nutriments et sources d'énergie, recycler les déchets, faire des « OGM », changer de sexe et de sexualité, produire des antibiotiques, y résister... voilà quelques exemples de ce que l'ADN révèle des innovations du vivant, dont certaines ont inspiré notre propre espèce, *Homo sapiens*.

Étudier l'ADN c'est comprendre la vie, son histoire, c'est aussi comprendre qui nous sommes, quelles sont nos origines, et dans quel monde complexe nous vivons.

Cet ouvrage invite au voyage dans le monde de l'ADN, un voyage dont les 101 escales révèlent autant de secrets du vivant.



Coupe d'un bourgeon de fleur de tomate. La couleur rouge correspond à la chlorophylle, les parties en bleu sont de l'ADN. Photographie A. Smirnova/GMCM/Unistra/Cemibio/ CNRS Photothèque.

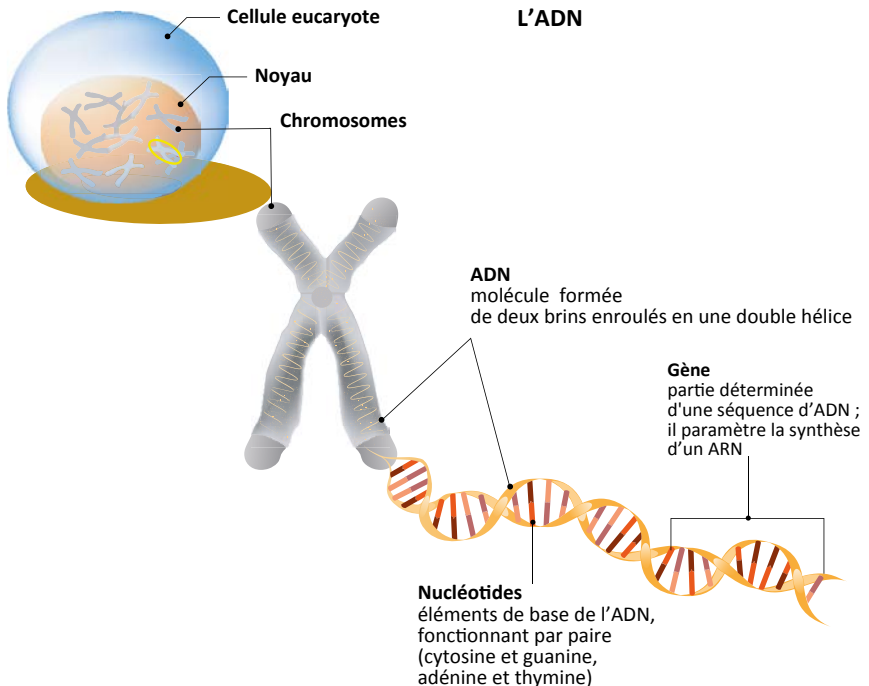
Pourquoi l'ADN ?

Plusieurs caractéristiques de l'ADN sont déterminantes pour comprendre à la fois l'information qu'il délivre aux chercheurs mais aussi les principales méthodes avec lesquelles il est étudié.

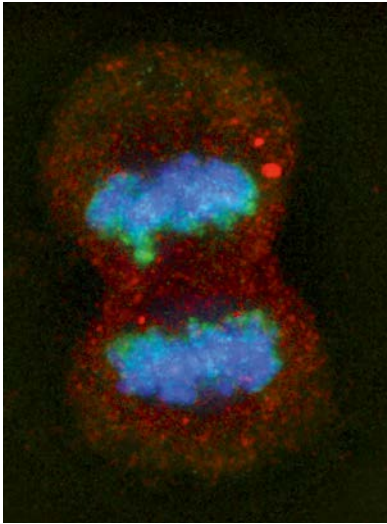
L'ADN est associé à la vie. L'ADN est l'acronyme d'acide désoxyribonucléique. C'est un polymère linéaire qui résulte de l'assemblage de plusieurs milliers voire milliards de briques moléculaires appelées nucléotides. Ces briques moléculaires sont de 4 types chimiques et

sont symbolisées par les lettres A, T, G et C. Dans les cellules, deux polymères d'ADN s'enroulent l'un autour de l'autre pour former une double hélice. La découverte de la structure de l'ADN a été récompensée par un prix Nobel en 1962 attribué à Francis Crick (1916-2004) et James Watson (né en 1928). L'ADN est produit par tous les organismes vivants, microscopiques ou macroscopiques, unicellulaires ou pluricellulaires. L'ADN est partout où s'est développée la vie sur Terre. Une vie sans ADN eu-t-elle été possible ? Peut-être. Celle que nous connaissons y est indissociablement liée. Étudier l'ADN, c'est étudier le vivant dans toutes les composantes de la diversité biologique, tel qu'il a été dans le passé, tel qu'il pourrait être demain en construisant des *scenarii* prédictifs de diversification, ou tel qu'il pourrait être sur une exoplanète.

Déterminer la séquence de l'ADN. Dans chaque organisme vivant, les milliers de briques moléculaires A, T, G et C de l'ADN sont agencées dans un ordre unique. Connaître cet ordre, c'est connaître la séquence ADN (le génome) d'un organisme. Cette séquence unique permet immédiate-



ment d'identifier un organisme, de le nommer et de le comparer à d'autres pour apprécier leurs similitudes et différences. Ainsi, l'ADN informe sur la taxinomie et la diversité du vivant. L'ADN est extrait d'un organisme, puis est séquencé avec des technologies dédiées. Une des premières techniques de séquençage a été inventée par Frederick Sanger (1918-2013) qui a partagé un prix Nobel pour cette découverte en 1980. Au cours des années 2000, d'autres avancées technologiques ont considérablement accru la rapidité du séquençage. Cette révolution du séquençage à haut débit permet d'accéder à moindre coût à la séquence ADN de tout organisme vivant. Associées à l'analyse informatique des séquences, ces nouvelles générations de séquenceurs ont profondément changé les stratégies d'étude de l'ADN, et ont contribué à l'explosion de nouvelles connaissances dont témoigne cet ouvrage.



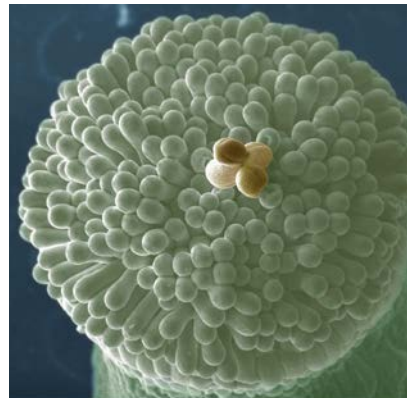
Cellules en cours de division, observées en microscopie optique à fluorescence. En bleu, l'ADN, en vert, une des protéines autour desquelles l'ADN s'enroule pour former un chromosome. Les chromosomes se sont ici déjà divisés, et la cellule va le faire elle aussi, afin de donner deux cellules au patrimoine génétique identique. Photographie J.-Chr. Ame/BSC/Unistra/CNRS Photothèque.

Amplifier l'ADN. Une caractéristique originale de l'ADN est son mode de réplication dans les cellules. Une molécule d'ADN matrice se réplique en deux molécules d'ADN identiques. Cette réplication est réalisée par des enzymes appelées ADN polymérases. Leur étude est à l'origine de la découverte de la PCR (ou *polymerase chain reaction*) qui a valu à Kary Mullis (né en 1944) de partager un prix Nobel en 1993 avec Michael Smith. Par cette technique, il est possible de répliquer facilement, à moindre coût et en grande quantité, un fragment d'ADN grâce à l'action d'une ADN polymérase. En quelques heures, dans un volume de réactifs chimiques équivalent à une goutte d'eau, 30 cycles d'amplification suffisent pour obtenir 2^{30} , soit environ 1 milliard de fragments d'ADN identiques à partir d'un seul fragment ADN matrice. Ainsi, même si l'ADN est extrait en de faibles quantités à partir de cellules, d'organismes ou d'échantillons environnementaux

(sol, eau, etc.), l'étape d'amplification permet d'en obtenir une quantité suffisante pour réaliser son séquençage et son analyse. Cette révolution a considérablement facilité l'étude de l'ADN. La plupart des méthodes de détection et de caractérisation de l'ADN, que ce soit à des fins de recherche ou de diagnostic (médical, sanitaire, judiciaire...), font intervenir une étape d'amplification, par PCR ou par une méthode analogue. Aujourd'hui, certaines techniques visent à s'affranchir de cette étape d'amplification pour séquencer directement l'ADN issus des échantillons biologiques.

Transmission de l'ADN d'une cellule à l'autre. La transmission de l'ADN s'opère lors de la division des cellules. Une cellule mère duplique son ADN en deux molécules identiques – ou quasi-identiques en fonction des erreurs faites par exemple par les ADN polymérases –, puis la cellule mère se divise en deux cellules filles qui acquièrent chacune une copie de l'ADN. Ce mode de transmission est appelé vertical car il s'opère en une seule fois d'une cellule mère aux cellules filles et il existe chez tous les organismes vivants. Ainsi, la descendance d'une cellule mère (aussi appelée cellule ancestrale) forme une lignée de cellules filles (ou de descendants) ayant un ADN identique, à l'exception près des rares variations qui apparaissent lors de la réplication de l'ADN.

Transmission de l'ADN d'un individu à l'autre. Chez les organismes unicellulaires comme les bactéries, chaque cellule est un individu capable de se diviser par scissiparité: une lignée cellulaire bactérienne correspond à un ensemble d'individus identiques, c'est-à-dire des clones. Chez les organismes pluricellulaires comme les plantes et animaux, chaque individu est constitué de l'assemblage des cellules appartenant à une même lignée de cellules, donc ayant le même ADN. Ces cellules à l'ADN identique constituent les différents tissus des organismes

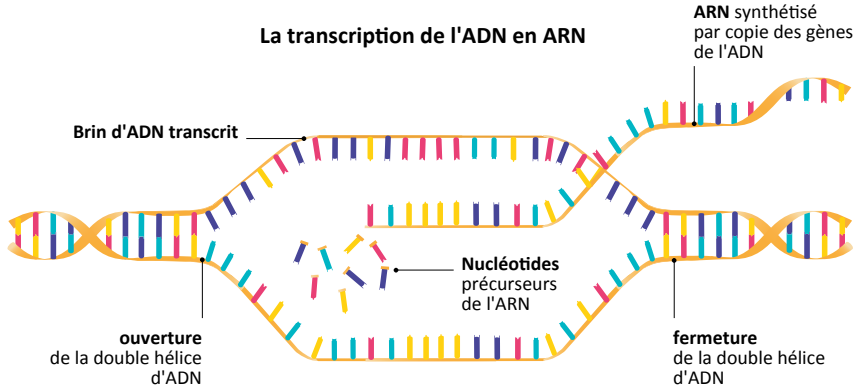


Phase initiale de la fécondation chez l'arabette des dames, observée en microscopie à balayage et colorée artificiellement : grains de pollen déposés sur un pistil. Chr. Mezard / INRA / CNRS Photothèque.

pluricellulaires. Chez eux, la cellule mère fondatrice de la lignée de cellules à l'origine d'un individu est issue soit d'un seul parent (lors d'une reproduction par parthénogénèse, par autofécondation, ou par prolifération végétative), soit de la fusion des cellules sexuelles provenant de deux parents (lors d'une reproduction sexuée). Au contraire des autres modes de reproduction, la reproduction sexuée génère à chaque génération des individus dont la séquence ADN est différente (même si elle présente de fortes similarités) de celle de chacun des parents. Bien que très présente chez certains groupes d'organismes vivants (tels les mammifères), la reproduction sexuée n'est pas le mode de reproduction le plus fréquemment observé dans le monde vivant.

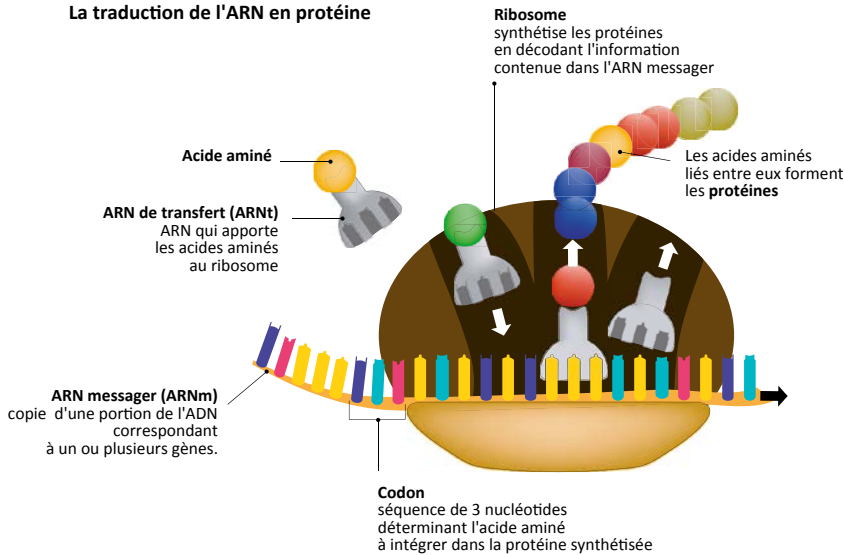
L'ADN révèle la parenté entre organismes. La séquence ADN permet de mesurer la parenté entre organismes: plus le nombre de différences entre les séquences ADN de deux organismes est réduit, plus faible est aussi le nombre de générations qui les séparent de leur ancêtre commun. Ce principe permet la reconstitution de la parenté entre les organismes appartenant à une même espèce, mais aussi à des espèces différentes. Il permet de comprendre l'évolution des organismes au fil des générations. L'arbre du vivant représente les liens de parenté de tous les organismes vivants obtenu par comparaison de leur séquence ADN. Ces méthodes d'analyse des organismes actuels permettent aussi de reconstruire, sur la base d'hypothèses évolutives, la séquence ADN de leur ancêtre disparu et ainsi d'élaborer des hypothèses quant aux conditions d'émergence des premiers organismes vivants. Par ailleurs, l'apparition d'incohérences entre les liens de parenté reconstruits grâce aux séquences ADN a révélé toute l'importance d'un autre mode de transmission: le transfert horizontal. Ce transfert d'ADN s'opère entre deux organismes, indépendamment de leur lien de parenté. Il a lieu également entre des espèces différentes, et agit comme un véritable accélérateur de l'évolution de l'ADN et du vivant.

L'ADN des gènes. La séquence ADN contient des informations essentielles à la forme (morphologie) et au fonctionnement (physiologie) d'un organisme: il s'agit, bien sûr, des gènes. Un gène correspond à une portion (quelques dizaines à milliers de nucléotides) de la séquence ADN qui va servir de matrice pour produire un autre polymère: l'ARN. L'ARN est l'acronyme d'acide ribonucléique. C'est un polymère linéaire qui résulte aussi de l'assemblage de nucléotides, légèrement différents de ceux présents dans l'ADN. Certaines de ces molécules vont à leur tour servir de matrice pour produire des protéines qui sont des constituants essentiels des cellules, dont des enzymes qui agissent comme catalyseurs pour la production d'autres constituants des cellules que sont les



métabolites comme les sucres, les lipides, les acides aminés, etc. Cette chaîne de production de molécules (ADN, ARN, protéines et métabolites) fait partie du métabolisme des cellules. Leur assemblage et leurs interactions définissent la forme et la physiologie des organismes. Et les virus ? Les particules virales ne sont pas des cellules, mais toutes les particules virales contiennent de l'ADN ou de l'ARN qui font l'objet de nombreuses recherches. Les virus influencent la viabilité, le fonctionnement et l'évolution des organismes infectés. L'ADN et l'ARN des particules virales se retrouvent soit dans les cellules infectées, soit à l'extérieur des organismes, dans l'environnement.

Reconstruire un organisme virtuel à partir de l'ADN. À partir de la séquence ADN d'un organisme, il est possible de prédire, avec certaines approximations, le nombre et la séquence ADN de ses gènes, ainsi que les caractéristiques des ARNs, protéines et métabolites qui peuvent être produits. Cette démarche prédictive qui analyse l'information contenu dans l'ADN, et plus particulièrement les gènes, relève de la génomique. L'intérêt de l'ADN est d'être stable (nonobstant les rares variations qui peuvent apparaître lors de la division cellulaire ou lors de transferts horizontaux) tout au long de la vie d'un individu. Ainsi, à tout moment de la vie, voire même après la vie d'un individu, il est possible par séquençage et analyse de sa séquence ADN de connaître non seulement sa taxinomie (l'espèce à laquelle il appartient), mais aussi de prédire (avec certains degrés d'approximation) sa morphologie et sa physiologie, sans l'avoir vu ni observé. La sophistication de la reconstruction d'un organisme virtuel à partir d'un ADN fait de plus en plus appel à un champ de recherche en émergence, la biologie des systèmes. Cette reconstruction du vivant peut être affinée par l'intégration d'autres sources d'information que l'ADN.



Seulement l'ADN? Peut-on comprendre avec précision la morphologie et la physiologie des organismes par la seule analyse de leur ADN? La réponse est non, car la production des ARNs, protéines et métabolites est influencée, voire conditionnée par l'environnement dans lequel vit chaque organisme. Par conséquent, si l'ADN permet de prédire une typologie de morphologie et de physiologie, seule l'analyse d'autres composants du métabolisme (ARNs, protéines, métabolites) permet de tenir compte de l'influence de l'environnement sur le développement et le fonctionnement d'un organisme. La séquence ADN informe sur ce qui est possible, l'analyse des autres composantes du métabolisme (ARNs, protéines, métabolites) informe sur ce que réalise un organisme dans un environnement donné. L'analyse à haut débit des variations de la production des ARNs (aussi appelés les transcrits), des protéines et des métabolites relève, respectivement, de la transcriptomique, protéomique et métabolomique. Les approches de génomique, transcriptomique, protéomique et métabolomique sont collectivement appelées les omiques. Outre les omiques, de nombreux paramètres sont mesurés chez les organismes vivants et dans leur environnement, comme certains paramètres physico-chimiques et rayonnements (son, lumière, UV, rayon X, etc.), grâce à une instrumentation très diversifiée capable de mesures de l'échelle moléculaire à l'échelle planétaire. Toutes ces approches permettent de décrire la morphologie, la physiologie

et le comportement d'un individu ou de groupes d'individus, et ainsi de comprendre comment ils vivent et s'adaptent à leur environnement.

L'ADN environnemental. L'ADN présent dans les écosystèmes comprend celui des organismes vivants et des virus, mais aussi celui que ces organismes libèrent tout au long de leur vie (notamment les fèces, poils, plumes) et qui constituent autant de traces signalant leur présence et leurs déplacements. L'ADN des écosystèmes comprend aussi celui des organismes morts, qui peut être préservé au cours du temps, et refléter la biodiversité du passé. Cet ADN prélevé dans les écosystèmes est communément appelé ADN environnemental. Plusieurs difficultés contraignent son étude. La première est l'accès aux échantillons : réaliser des prélèvements dans des sols, des forêts tropicales ou des océans n'est pas une opération triviale. Une deuxième est sa purification : l'ADN environnemental est parfois prisonnier de matériaux (présence d'acides humiques dans le sol, exosquelette minéral de certains organismes...) qui contraignent son extraction et sa purification. L'ADN qui passe cette étape d'extraction est parfois altéré et fragmenté, obtenu en de faibles quantités, et pas très pur, ce qui peut affecter l'étape de séquençage. Enfin, l'étape d'analyse informatique des séquences obtenues est d'autant plus complexe que la richesse en espèces est élevée dans l'échantillon étudié. En effet, l'ADN extrait des échantillons environnementaux est un mélange d'ADN de différentes espèces : savoir à quel organisme appartient une séquence devient une étape complexe quand il s'agit d'en analyser des milliards, provenant d'organismes appartenant à des milliers d'espèces. Les difficultés de ces quatre étapes d'analyse de l'ADN environnemental (échantillonnage, extraction et séquençage, puis analyse informatique des séquences) sont décuplées lorsqu'il s'agit d'ADN ancien provenant d'organismes morts il y a des milliers ou des centaines de milliers d'années. Qu'il s'agisse d'ADN contemporain ou ancien, les chercheurs doivent prendre des précautions – parfois drastiques – pour réduire les contaminations



Prélèvement et étiquetage de micro et macro-organismes à la station des Nouragues, Guyane. L'identification des bactéries et champignons utilisera l'ADN environnemental. Photographie Cl. Delhaye / CNRS Photothèque.

des échantillons étudiés par de l'ADN exogènes introduits accidentellement, et en premier chef celui du manipulateur.

Au cours de la dernière décennie des efforts considérables ont été réalisés par la communauté scientifique pour étudier l'ADN environnemental, et ainsi comprendre les écosystèmes présents et passés, leur complexité, leur dynamique et leur fragilité face aux changements environnementaux et aux pressions anthropiques.

Interroger l'ADN

Interroger l'ADN concerne plusieurs champs de recherche qui explorent la vie des organismes contemporains et du passé, y compris l'espèce humaine, en interaction avec leur environnement.

Taxinomie et biodiversité. Ce champ de recherche décrit et inventorie le vivant, il quantifie la biodiversité et ses variations dans les écosystèmes.

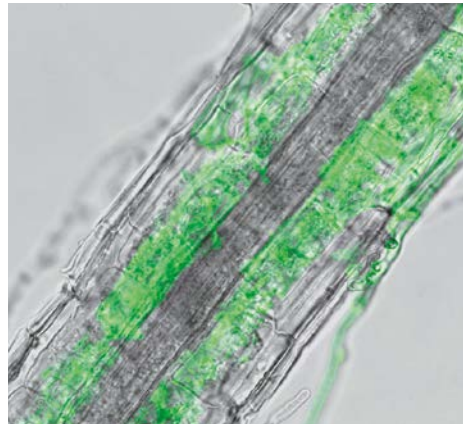
Il a des applications majeures dans l'usage, le commerce et la protection du vivant. La classification taxinomique partagée par la communauté mondiale des scientifiques nomme chaque espèce par un nom et une épithète: le panda géant (nom commun) est appelé *Ailuropoda melanoleuca* (nom scientifique). Ces espèces sont regroupées en genres, eux-mêmes en familles, etc. selon une classification hiérarchique des taxons dont la nomenclature a été établie par Carl von Linné (1707-1778). L'ADN est utilisé pour définir avec précision les limites entre les



Un scientifique relâche un requin citron, *Negaprion acutidens*, après l'avoir examiné, et avoir prélevé un petit morceau de peau pour des analyses génétiques. Atoll de Tetiaroa, archipel de la Société, Polynésie française. Photographie Th. Vignaud / CNRS Photothèque.

espèces, donc définir une espèce et pour assigner un individu à une espèce connue. Pour ce faire, les chercheurs utilisent soit toute la séquence ADN des organismes (leur génome), soit des portions de cette séquence ADN. Les séquences ADN qui distinguent les taxons (espèce, genre, famille, etc.) sont appelées des marqueurs génétiques ou code-barres ADN. Le séquençage ADN à haut débit a changé certaines procédures de dénomination du vivant et de mesure de la diversité biologique. Par exemple, l'utilisation des codes-barres ADN permet d'identifier et de compter les espèces connues, mais aussi celles qui n'ont pas fait l'objet d'une description taxinomique. Le séquençage ADN des codes-barres permet ce qui était impossible hier : inventorier le vivant à grande échelle et mesurer les variations de la biodiversité dans les écosystèmes, notamment en réponse aux changements environnementaux et aux pressions anthropiques. Ces recherches alimentent les travaux de la plateforme intergouvernementale scientifique et politique sur la biodiversité et les services écosystémiques (IPBES) chargée de fournir les meilleures données disponibles pour éclairer les décisions affectant la nature.

Fonctionnement du vivant : de la cellule aux écosystèmes. Ce champ de recherche analyse comment se développe et s'organise le vivant, que ce soit à l'échelle d'une cellule, d'un organisme ou d'un assemblage d'organismes (populations et communautés) au sein d'un écosystème. Il étudie aussi les interactions entre les organismes vivants, et entre ceux-ci et leur environnement, ainsi que les innovations du vivant qui permettent aux organismes de se développer et se multiplier dans un environnement dont ils exploitent les ressources et subissent les contraintes. Il prend aussi en compte les effets des activités humaines sur leur environnement. Ainsi, à l'interface de la physique et de la biologie, se développe l'étude du cycle



Racine d'une plante terrestre dans laquelle est présent un champignon symbiotique mycorrhizien, marqué en vert et observé en microscopie confocale grâce à un colorant spécifique. Photographie A. Le Ru / FRAIB / LRSV université Toulouse 3 / CNRS Photothèque.

des éléments fondamentaux du vivant (carbone, azote, phosphore, oxygène, hydrogène, fer...): de leur incorporation dans les organismes vivants à leur retour dans l'environnement après la mort des organismes, en passant par les transferts de matière entre les organismes de la chaîne trophique. L'acquisition et l'analyse des données omiques (génomique, transcriptomique, protéomique, métabolomique) permettent d'identifier les organismes, les gènes et les activités biologiques (comme celles catalysées par les enzymes) qui jouent un rôle clé dans les réseaux trophiques. Les omiques sont aussi mobilisées pour comprendre la complexité des interactions entre organismes (de la symbiose à la pathogénie), révélant l'interdépendance des organismes qui se côtoient dans les écosystèmes: un exemple est le lien qui unit un microbiote et son hôte végétal ou animal. Cette interdépendance des organismes au sein des écosystèmes est à l'origine de la définition des services écosystémiques (par exemples la pollinisation ou le recyclage de la matière organique) qui sont essentiels au fonctionnement des écosystèmes et dont bénéficient les sociétés humaines.

Évolution du vivant: la vie au fil des générations. Ce champ de recherche propose une lecture temporelle du vivant en étudiant l'ADN des organismes contemporains mais aussi l'ADN ancien des organismes morts. En combinant différentes approches omiques, ce champ de recherche explore aussi l'hérédité sans modification de la séquence ADN: l'épigénétique. Même si la massification des données ADN peut être source d'erreurs, le séquençage ADN à haut débit a considérablement enrichi les bases de données des séquences qui permettent, grâce à des logiciels appropriés, des reconstructions

solides des liens de parenté entre organismes. La comparaison de l'ADN des génomes des organismes actuels permet aussi la reconstruction des génomes de leurs ancêtres disparus: l'obtention de ces génomes ancestraux permet de prédire la physiologie de ces organismes disparus, voire les caractéristiques de



Crépis de Nîmes, qui pousse en abondance en ville. Elle produit deux types de graines: des plumeuses qui peuvent être dispersées par le vent et des plus lourdes qui tombent à son pied. Chaque année, les crépis des villes produisent de plus en plus de graines lourdes, plus aptes à germer dans un milieu urbain: c'est un exemple d'évolution rapide d'une espèce végétale. Photographie G. Przetak/ CEFE/CNRS Photothèque.

Remerciements

Cet ouvrage témoigne de l'engagement des scientifiques de tous organismes de recherche à partager leurs savoirs et leurs découvertes les plus récentes. Nous remercions chacun d'entre eux de s'être plié à un exercice parfois contraignant dans sa forme, mais dont la récompense est l'aboutissement de ce projet collectif.

L'iconographie a essentiellement été proposée par les chercheurs eux-mêmes. Nous les remercions très vivement pour l'attention qu'ils ont portée à sa préparation. Nous remercions les photothèques du CNRS, de l'INRA, de l'Inserm et de l'Institut Pasteur, ainsi que Pierre Ferrière qui a généreusement mis à disposition sa photothèque, tout en réalisant certains clichés sur demande.

Nous remercions le groupement de recherche en génomique environnementale (GDR GE, <http://gdr3692.wixsite.com/gdrge>) dont les actions scientifiques (colloques, réunions et discussions) soutenues principalement par le CNRS, l'INRA et le MNHN, nous ont inspirés dans le choix des travaux présentés dans cet ouvrage.

Enfin, nous souhaitons remercier très chaleureusement CNRS Éditions pour leur accueil enthousiaste lors de la présentation de cet ouvrage et plus particulièrement Marie Bellosta et Blandine Genthon qui nous ont accompagnés tout au long de sa réalisation.

Retrouvez tous les ouvrages de CNRS Éditions sur notre site
www.cnrseditions.fr