



HAL
open science

L'arbre du vivant

Damien de Vienne

► **To cite this version:**

Damien de Vienne. L'arbre du vivant : Etat des lieux et visualisation. Denis Faure, Dominique Joly, Sylvie Salamitou. 101 secrets de l'adn, CNRS Éditions, pp.358, 2019, SOCIETE, 978-2-271-12323-7. hal-02323928

HAL Id: hal-02323928

<https://cnrs.hal.science/hal-02323928>

Submitted on 22 Oct 2019

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Objet/concept : Arbre de la vie

Titre : L'arbre du vivant

Sous-titre : État des lieux et visualisation

L'arbre de la vie représente l'intégralité des liens évolutifs qui unissent les espèces de notre planète. Sa reconstruction fait l'objet de nombreuses études, aidées par l'essor des nouvelles techniques de séquençage à haut débit. Sa visualisation est un véritable défi.

L'évolution des espèces depuis plus de 3,5 milliards d'années a conduit à la biodiversité actuelle, dont nous ne connaissons qu'une petite partie. Les liens de parenté, ou liens évolutifs, qui existent entre toutes ces espèces forment un arbre, nommé « arbre de la vie » (ou arbre du vivant), où chaque feuille représente une espèce et chaque nœud un ancêtre, à la manière des arbres généalogiques. De nombreuses recherches sont menées pour tenter de reconstruire cet arbre, grâce notamment aux nouvelles techniques de séquençage des génomes et des métagénomes, de traitement des données massives et de reconstruction informatique des arbres.

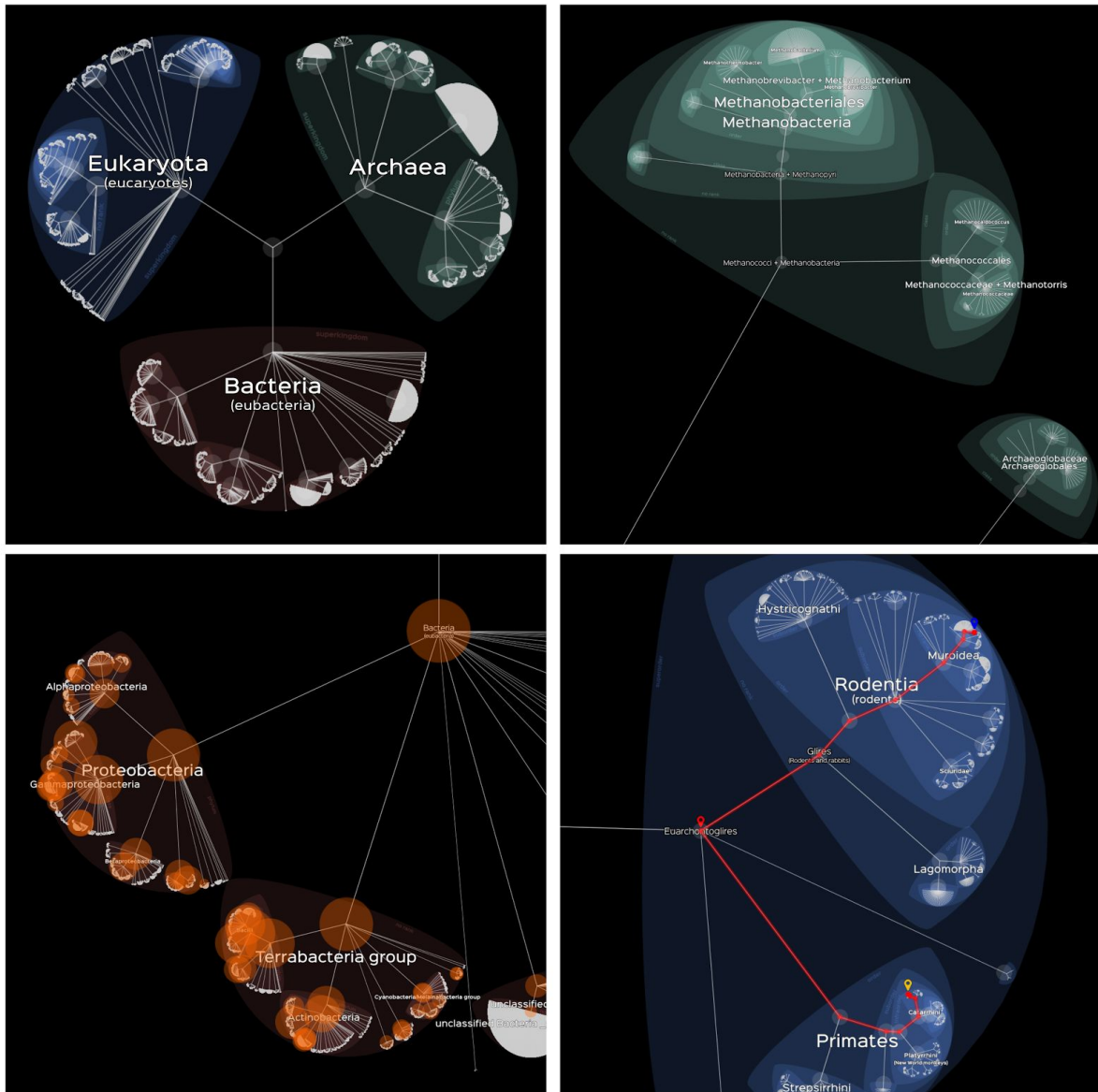
Notre connaissance de l'arbre de la vie est encore très partielle. Tout d'abord, le nombre d'espèces considérées est faible (2,3 millions d'espèces dans le plus grand arbre reconstruit) comparé au nombre d'espèces vivant sur terre, estimé à quelques dizaines de millions, voire de milliards. Ce nombre devient même négligeable si l'on considère aussi le nombre d'espèces qui ont existé dans le passé et qui sont aujourd'hui éteintes. Ensuite, les espèces présentes dans l'arbre de la vie ne sont pas représentatives de la diversité réelle. L'arbre est riche en eucaryotes (animaux, champignons, plantes) et en certains groupes de bactéries et d'archées, qui sont facilement échantillonnables et/ou d'intérêt médical ou agro-industriel. Mais les espèces non cultivables, vivant dans des environnements extrêmes ou peu accessibles, sont peu ou pas représentées. Chaque étude qui s'est intéressée à ces environnements a mis en évidence de nouveaux groupes d'espèces très différents de ceux que nous connaissons, révélant notre méconnaissance d'une grande partie de la diversité actuelle, notamment bactérienne. Enfin l'arbre de la vie est difficile à reconstruire. Plus un nœud de l'arbre est profond (ancien), plus il est difficile d'en déterminer la position à partir du signal évolutif détectable chez les espèces actuelles. De plus, des transferts de matériel génétique entre espèces – ou transferts horizontaux, par opposition aux transferts verticaux entre parents et descendants – se sont produits et continuent à se produire, ce qui brouille fortement le signal évolutif et donc la topologie de l'arbre obtenu.

Au-delà de sa reconstruction, la visualisation de l'arbre est aussi un défi majeur en raison de la quantité considérable d'information à représenter. Mais la nature hiérarchique de l'organisation des espèces a permis de proposer une solution inspirée des outils de cartographie. En effet, de même qu'une rue fait partie d'une ville, qui fait partie d'un département, qui fait partie d'une région, qui fait partie d'un pays, une espèce fait partie d'un genre, d'une famille, d'un ordre, d'une classe, d'un règne et d'un domaine. Partant de ce constat, l'outil *Lifemap* s'appuie sur des outils initialement développés pour la cartographie et propose une nouvelle façon de représenter les données hiérarchiques. *Lifemap* permet ainsi de se déplacer dans l'arbre de la vie comme on le fait sur une carte avec *Google Maps*. Cela permet pour la première fois d'explorer l'intégralité de l'arbre de la vie tel qu'il est connu

aujourd'hui de façon interactive et intuitive, facilitant ainsi son utilisation, sa compréhension et sa diffusion.

Article associé: de Vienne DM (2016) Lifemap: Exploring the Entire Tree of Life. PLoS Biol 14(12): e2001624. doi:10.1371/journal.pbio.2001624.

Illustrations



Quelques vues de l'outil Lifemap, l'explorateur interactif de l'arbre de la vie (accessible à <http://lifemap.univ-lyon1.fr>). Crédits: D.M. de Vienne, 2016-2017. Licence CC-BY-NC.

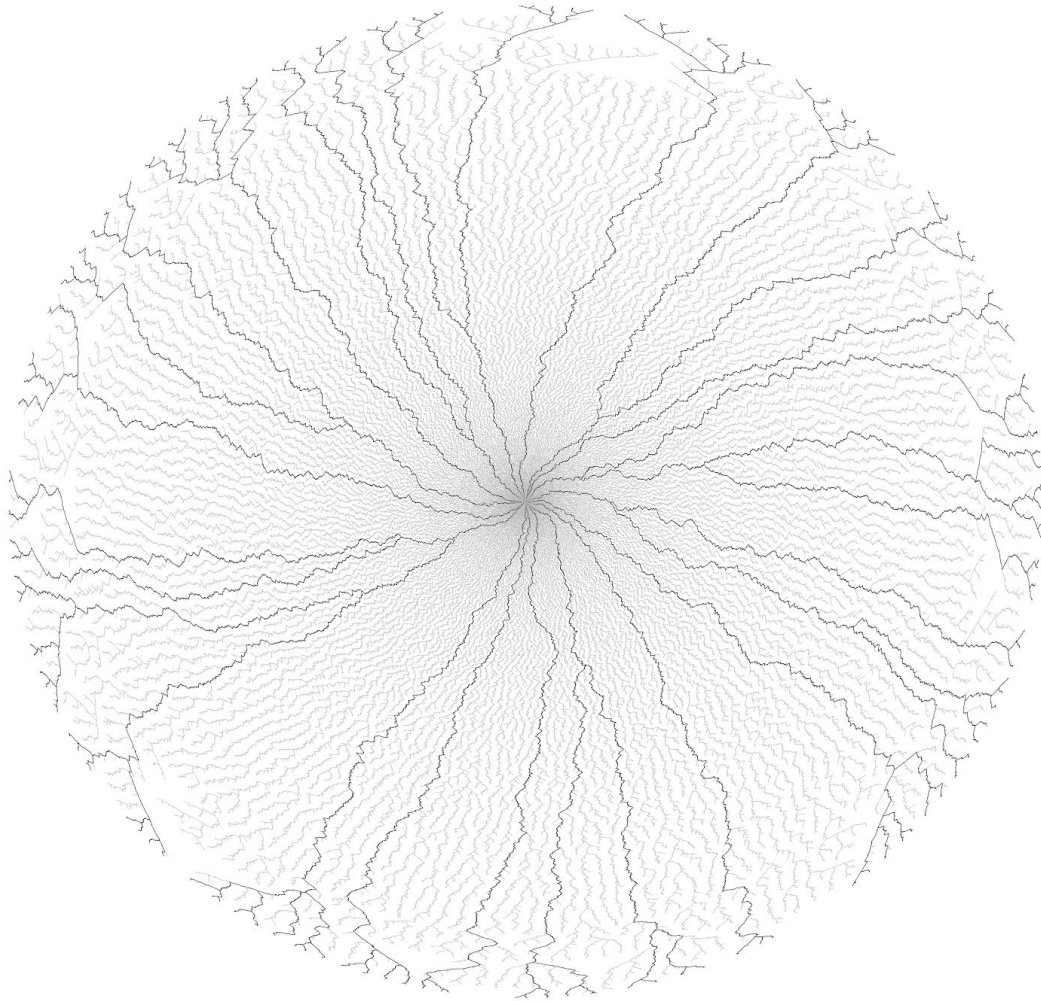


Illustration par simulations de la différence entre un arbre de la vie reconstruit à partir de la diversité actuelle (traits noirs) et l'arbre qui serait obtenu si l'on y intégrait la diversité éteinte (traits gris). Le centre du cercle représente l'apparition de la vie. Les espèces actuelles sont à la périphérie. Les extinctions de masse connues sont visibles.

Crédits: D.M. de Vienne et W. Duchemin, 2017. Licence CC-BY-NC.