



www.cnrs.fr

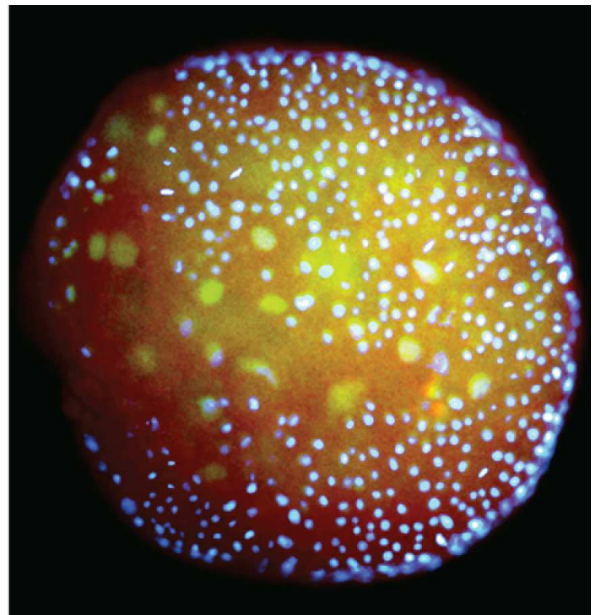
COMMUNIQUÉ DE PRESSE RÉGIONAL | LYON | DIFFUSÉ LE 18 MARS 2014

Origine moléculaire de la diversité animale : une énigme résolue

Par quels mécanismes les cellules qui constituent les êtres vivants ont-elles « appris » à trouver leur juste place dans chaque espèce pour aboutir à la diversité du monde animal qui nous entoure ? L'équipe de Samir Mérabet de l'Institut de génomique fonctionnelle de Lyon (IGFL, CNRS / ENS de Lyon / Université Claude Bernard Lyon 1) vient de découvrir un nouveau scénario moléculaire pour expliquer ces mécanismes : il prend sa source dès les premiers êtres unicellulaires. Cette découverte étonnante est publiée le 18 mars dans la revue scientifique *eLife*.

A l'instar de la partie droite et de la partie gauche de notre corps, la majorité des espèces animales sont plus ou moins « symétriques ». Sans une telle organisation, la diversité du monde animal, adaptée à son environnement, n'aurait pas été possible. Au cœur de cette évolution : les gènes. Certains contiennent les informations utiles au corps pour que chaque cellule trouve sa juste place au sein d'un axe de symétrie. C'est le cas de trois d'entre eux appelés les gènes Hox, PBC et Meis. Leur importance lors du développement embryonnaire est aujourd'hui bien établie, de même que dans un certain nombre de cancers et leucémies chez l'Homme, dans des cas où les cellules n'obéissent plus aux règles normales. Les gènes Hox, PBC et Meis sont également retrouvés chez les cnidaires, une branche évolutive plus ancienne que les espèces à symétrie bilatérale et dont les plans du corps divergent considérablement. De manière surprenante, les gènes PBC et Meis sont aussi présents dans des organismes unicellulaires, soit avant l'apparition des premiers animaux.

Les récents travaux de l'IGFL ont justement porté sur des protéines Hox, PBC et Meis de cnidaire : ils ont montré que ce trio partage les mêmes propriétés moléculaires que celles observées chez les espèces à symétrie bilatérale. Ces propriétés permettent une étonnante plasticité pour l'assemblage en complexes protéiques. Résultat : cela a multiplié les possibilités d'évolution, et donc la diversification du vivant. En utilisant des protéines d'organismes unicellulaires, l'équipe de Samir Mérabet a également pu retracer l'origine évolutive du système Hox/PBC/Meis chez les eucaryotes.¹ L'ensemble de ces résultats illustre comment l'acquisition progressive de motifs protéiques a pu permettre l'émergence d'un système moléculaire complexe de



Embryon de cnidaire permettant d'étudier les interactions entre les protéines Hox et PBC. Les points lumineux correspondent aux interactions Hox-PBC dans l'embryon vivant.

Crédits : IGFL

¹ Les eucaryotes sont tous les êtres vivants composés de cellules avec noyau et mitochondries. Cela comprend les animaux, les champignons, les plantes et les protistes.



www.cnrs.fr

différenciation. Cette complexité moléculaire est indispensable pour le contrôle des différentes formes le long des axes longitudinaux et a ainsi permis l'apparition d'une incroyable diversité morphologique au cours de l'évolution des animaux.

Contact-chercheur

Samir Mérabet | IGFL | 04 26 73 13 17 | samir.merabet@ens-lyon.fr

Contacts-presse

CNRS Rhône Auvergne | Sébastien Buthion | T 06 88 61 88 96 | communication@dr7.cnrs.fr

ENS de Lyon | Aude Riom | T 04 72 72 89 41 | aude.riom@ens-lyon.fr

Université Claude Bernard Lyon 1 | Béatrice Dias | T 06 76 21 00 92 | beatrice.dias@univ-lyon1.fr