Le Temps
Samedi 1er décembre 2012

Contes et légendes de l'ADN ancien

> Génétique L'ADN extrait d'un oiseau empaillé ou d'une phalange d'humain archaïque nous fait remonter le temps

> Jusqu'où?

Lucia Sillig

Il était une fois, il y a vraiment très longtemps, un ours à peine polaire, trois frères perdus sur le glacier d'Aletsch et un homme du Groenland qui craignait la calvitie. Pour autant qu'on arrive à le faire parler, l'ADN raconte beaucoup d'histoires. Elles nous viennent souvent du froid, mais pas toujours. Des chercheurs, genevois notamment, sont récemment parvenus à déchiffrer celle du chevalier à ailes blanches – un oiseau ramené de Tahiti par le capitaine Cook et qui n'existe plus que sous la forme empaillée. Jusqu'où ces conteurs modernes peuvent-ils remonter le temps?

«Dans les années 90, les nouvelles techniques de séquençage de l'ADN ont provoqué une vague d'enthousiasme, se souvient Luca Fumagalli, responsable du Laboratoire de biologie de la conservation de l'Université de Lausanne. La communauté scientifique pensait qu'on allait pouvoir extraire l'information génétique de tous les échantillons de musée ou de terrain.» La revue *Science* annonce que du matériel génétique est resté gravé dans un os de dinosaure datant de 80 millions d'années. La machine à légendes se met en route: dans le film *Jurassic Park*, sorti en 1993, une entreprise peu scrupuleuse ressuscite les grands sauriens à partir de leur sang retrouvé dans un insecte fossilisé dans de l'ambre.

Mais la dure réalité de laboratoire renvoie rapidement Steven Spielberg, Michael Crichton et les autres créateurs de mythes contemporains à leur copie. «Tous ces résultats se sont révélés être des artefacts, poursuit Luca Fumagalli. Les échantillons avaient été contaminés. Un problème aigu lorsque vous disposez de très peu d'ADN.» Dans le cas du dinosaure, ce qu'on avait pris pour des molécules du crétacé provenait d'un chromosome masculin humain.

Au fil du temps, l'ADN se dégrade. Alice Cibois, du Département de mammalogie et d'ornithologie du Muséum de Genève, en sait quelque chose, elle qui a patiemment reconstitué le puzzle génétique du chevalier à ailes blanches. «Cela revient à essayer de recomposer une très longue phrase dont on n'aurait que les syllabes», explique-t-elle. L'interminable molécule d'ADN est cassée en éléments toujours plus petits – phosphates, minéraux, etc. «C'est le principe du compost», ajoute l'ornithologue. «Certains facteurs de décomposition sont internes, comme une enzyme qui découpe la molécule. D'autres externes: les insectes, les champignons, la chaleur ou même les pressions mécaniques. Tout dépend de la façon dont le spécimen est mort et des conditions dans lesquelles son cadavre a été conservé», relève Luca Fumagalli, qui travaille aussi avec le Centre universitaire romand de médecine légale. Comme pour les livres anciens, l'humidité est le pire ennemi du matériel génétique. «Elle accélère les choses», précise Alice Cibois. Il faut aussi se méfier d'un processus appelé désamination, qui a tendance à réécrire l'histoire, en remplaçant certaines lettres de l'ADN par d'autres.

> La revue «Science» avait annoncé qu'il y avait de l'ADN dans un os de dinosaure de 80 millions d'années

Le matériel génétique le plus ancien jamais exhumé a entre 450 000 et 800 000 ans. Il a été retrouvé dans la glace du Groenland et raconte un passé de forêts de pins, d'aulnes et d'ifs, peuplées de papillons et d'araignées. Quant au plus vieux mammifère dont l'ADN soit parvenu jusqu'à nous, il s'agit d'un ours qui a perdu sa mâchoire quelque part du côté de l'archipel norvégien du Svalbard, il y a 110 000 à 130 000 ans. Si morphologiquement il appartenait déjà à la catégorie des arpenteurs du Grand Nord, son génome était encore quasi identique à celui de son cousin l'ours brun.

«En général, on retrouve plutôt les parties dures, commente Luca Fumagalli. Le squelette, les dents ou les cheveux et les poils.» Malgré le fait qu'il était porteur d'un gène annonceur de calvitie, c'est grâce à l'un de ses cheveux, congelé, que l'on a par exemple pu dresser un portrait de l'homme du Groenland d'il y a 4000 ans. Il avait les yeux bruns, une peau sombre et de la cire d'oreille d'une qualité plutôt sèche. Il était aussi plus proche des Sibériens que des Amérindiens.

Car, des relations charnelles de nos ancêtres avec l'homme de Néandertal à la filiation d'Yves Montand, en passant par les sagas familiales des pharaons ou des Romanov, la reconstitution des liens de parenté reste une des spécialités des conteurs de génome. C'est ainsi que la police valaisanne a formellement identifié des ossements restitués par le glacier d'Aletsch en juin: il s'agit de trois frères – Johann, Cletus et Fidelis Ebener – disparus en 1926, a-t-elle annoncé la semaine passée. L'histoire conserve sa part de mystère puisque aucune trace du quatrième membre de la cordée, qui ne faisait pas partie de la famille, n'a été retrouvée.

Le froid glacial protège l'ADN. Mais, sous des latitudes plus clémentes, le matériel génétique peut aussi être préservé par des conditions d'extrême sécheresse ou des techniques de conservation – la momification par exemple. Encore faut-il que le processus n'endommage pas irrémédiablement l'ADN, comme lorsque les peaux d'animaux sont tannées ou les corps plongés dans le formol. Les oiseaux empaillés sont de bons sujets d'étude puisque leurs pattes sont souvent simplement séchées. C'est le cas du dernier représentant des chevaliers à ailes blanches, ramené par le capitaine Cook en 1773 et conservé au Muséum d'histoire naturelle des Pays-Bas, sur lequel a travaillé Alice Cibois. La reconstitution a permis de lui trouver un «frère» contemporain: le chevalier des Tuamotu, un oiseau rare qui vit sur des atolls inhabités de la Polynésie française. «Il est remarquable qu'un animal empaillé depuis 239 ans puisse contribuer à la recherche taxonomique moderne, souligne René Dekker, du Muséum. Notre collection d'histoire naturelle n'est pas une archive morte.»

GOFFE STRUIKSMA/NATURALIS BIODIVERSITY CENTER

Chevalier à ailes blanches. De l'ADN a pu être extrait de ce spécimen empaillé – le dernier de l'espèce – ramené par le capitaine Cook en 1773. ARCHIVES

D'autant que les progrès techniques révèlent le potentiel narratif d'échantillons toujours plus vétustes. «Il y a sept ans, il semblait inimaginable de déchiffrer le génome complet de l'homme de Néandertal, souligne Lucas Fumagalli. Pourtant, c'est ce qu'ont fait les chercheurs de l'Institut Max Planck de Leipzig en 2010. Je dois changer le cours que je donne sur l'ADN ancien chaque année.» Cet été, ce même institut a annoncé dans *Science* avoir analysé le génome d'un autre hominidé vieux d'une cinquantaine de milliers d'années avec une précision équivalente aux séquençages contemporains. Il s'agit de la fillette de Denisova, dont seule une phalange et quelques dents ont été retrouvés dans le sud de la Sibérie. Ce saut de qualité spectaculaire a été obtenu grâce à une nouvelle approche qui consiste à travailler sur chaque brin de l'hélice d'ADN séparément. «Les techniques de séquençage traditionnelles ont été développées pour du matériel génétique récent: des molécules intactes en grandes quantités, commente Matthias Meyer, auteur de l'étude. Nous sommes repartis de zéro.»

Cette fillette est la plus ancienne représentante du genre *Homo* dont le génome a été déchiffré. La précision de l'analyse a permis, à partir d'une seule phalange, de déterminer que la variabilité génétique au sein de son groupe était faible. «Ce travail, comme celui mené sur Néandertal, est important pour étudier tout ce qui nous sépare de ces espèces», souligne Matthias Meyer. Il a notamment mis en évidence des différences au niveau de gènes impliqués dans les fonctions cérébrales et le système nerveux.

Ces avancées font remonter le début de l'histoire toujours plus loin, mais il y a vraisemblablement une limite au-delà de laquelle on ne pourra pas aller. En comparant plusieurs échantillons d'os de moas, des oiseaux géants aujourd'hui disparus, des chercheurs sont arrivés à la conclusion que la dégradation du matériel génétique suivait une courbe exponentielle, comme les éléments radioactifs. Leurs résultats ont été publiés le mois dernier dans *Proceedings of the Royal Society B*. Selon leurs calculs, dans des conditions optimales de – 5°C, il faut 6,8 millions d'années pour que l'ADN soit totalement décomposé. Mais l'histoire devient déjà illisible après 1,5 million d'années. Au-delà, les paléontologues, astronomes et autres conteurs traditionnels de la nuit des temps restent faiseurs de légendes.