



UNIVERSITÉ
DE GENÈVE

COMMUNIQUÉ DE PRESSE

Genève | 13 juillet 2021

mséum
Genève

L'ADN révèle l'histoire évolutive des spécimens de musée

Une équipe internationale, dirigée par l'UNIGE et le MHN, a développé une méthode pour analyser les génomes de spécimens des collections d'histoire naturelle afin de pouvoir situer les espèces sur l'échelle de l'évolution.

Les spécimens de musée conservés dans les collections d'histoire naturelle à travers le monde représentent une manne d'informations génétiques sous-utilisée en raison de l'état de conservation de l'ADN qui le rend souvent peu exploitable. Une équipe internationale, dirigée par des chercheurs/euses de l'Université de Genève (UNIGE) et du Muséum d'histoire naturelle de la Ville de Genève (MHN), a optimisé une méthode d'analyse d'ADN ancien pour déterminer les relations entre espèces sur une échelle évolutive profonde. Ce travail est publié dans la revue *Genome Biology and Evolution*.

En combinant et comparant les séquences d'un grand nombre de gènes ou de génomes complets, il est possible d'établir les liens existants entre des espèces apparentées et retracer les principales étapes de l'évolution des organismes depuis un ancêtre commun. Ces études phylogénomiques se basent sur l'amplification et le séquençage de fragments d'ADN, suivis d'analyses bioinformatiques pour comparer les séquences. Elles nécessitent donc classiquement un ADN soigneusement échantillonné et en bon état de conservation.

Décrypter des ADN dégradés

Pour cette raison, la plupart des spécimens conservés dans les musées d'histoire naturelle n'ont pas encore révélé tous leurs secrets puisque dans la plupart des cas, l'ADN est souvent fortement dégradé et difficile à séquencer. Une équipe internationale menée par Emmanuel Toussaint, chargé de recherche au MHN, et Nadir Alvarez, chercheur au Département de génétique et évolution de la Faculté des sciences de l'UNIGE et conservateur en chef au MHN, a perfectionné une méthode déjà utilisée pour des échantillons bien conservés afin de pouvoir l'appliquer à des ADN très fragmentés suite à leur dégradation partielle. La technique HyRAD-X consiste à aller pêcher des morceaux du génome à analyser grâce à des sondes ADN issues d'espèces proches, pour ensuite les séquencer et détecter les différences entre les génomes. Ces sondes ADN ne sont cependant des hameçons efficaces que pour les génomes proches et cette technique n'avait jusqu'à présent permis de suivre l'évolution que d'une même espèce au cours du temps.

Dans ces travaux, les scientifiques ont utilisé des sondes HyRAD-X à ARN à la place des sondes ADN pour retrouver des fragments d'intérêt dans le génome. Les ARN, copies des molécules de l'ADN en charge du transfert de l'information codée par le génome, présentent une affinité très forte pour l'ADN et les appariements ARN-ADN se produisent plus facilement que des appariements ADN-ADN. Les sondes ARN sont donc des hameçons plus efficaces, notamment lorsque le génome à analyser présente des divergences plus grandes. «Grâce à cette nouvelle méthode, nous avons pu retracer l'histoire évolutive,

© Philippe Wagneur / Muséum Genève



Aplothorax burchelli, le carabe géant de St-Hélène, aujourd'hui éteint et dont trois spécimens sont conservés au Muséum de Genève.

Illustrations haute définition

non pas au sein d'une seule espèce sur un million d'années, mais au sein de plusieurs espèces et sur des dizaines de millions d'années!», explique Emmanuel Toussaint, premier auteur de l'étude.

La généalogie du carabe mieux connue

Les chercheurs/euses se sont intéressé-es aux spécimens d'un carabe emblématique de l'île de Sainte-Hélène au milieu de l'océan Atlantique, collectés dans les années 1960 et conservés au MHN de Genève. L'analyse de l'ADN de ces coléoptères a révélé que cette espèce, aujourd'hui éteinte et jusqu'à présent classée dans le genre *Aplothorax*, appartient en réalité au genre *Calosoma*. Elle a également permis de situer son origine biogéographique vraisemblablement en Afrique et de générer la chronologie de l'évolution de la sous-famille des *Carabinae* dont l'origine remonte au Crétacé inférieur. «Notre étude ouvre de nombreuses perspectives pour établir l'histoire évolutive des millions de spécimens des collections muséales à travers le monde», conclut Nadir Alvarez.

contact

Nadir Alvarez

Professeur titulaire au Département de génétique et évolution

Faculté des sciences, UNIGE

Conservateur en chef, Responsable de l'Unité Recherche et Collections

Muséum d'histoire naturelle de la Ville de Genève

+41 22 418 64 56

Nadir.Alvarez@unige.ch

Emmanuel Toussaint

Chargé de recherche

Muséum d'histoire naturelle de la Ville de Genève

+41 22 418 64 67

emmanuel.toussaint@ville-ge.ch

DOI: [10.1093/gbe/evab112](https://doi.org/10.1093/gbe/evab112)

UNIVERSITÉ DE GENÈVE

Service de communication

24 rue du Général-Dufour
CH-1211 Genève 4

Tél. +41 22 379 77 17

media@unige.ch

www.unige.ch