



UNIVERSITÉ
DE GENÈVE

COMMUNIQUÉ DE PRESSE

Genève | 20 juin 2016

ATTENTION: sous embargo jusqu'au 24 juin 2016, 20h, heure locale

Poils, plumes ou écailles, même combat !



Les trois sortes de dragon barbu. Celui du dessous est le type sauvage classique, pourvu d'écailles normales. Celui du milieu possède une copie du gène mutant et celui du dessus est entièrement nu car il porte deux copies de la mutation du gène *EDA*.
© Michel Milinkovitch, UNIGE

Le lien évolutif entre les poils des mammifères, les plumes des oiseaux et les écailles des reptiles est controversé depuis des décennies. Aujourd'hui, des chercheurs de l'Université de Genève (UNIGE) et du SIB Institut Suisse de Bioinformatique démontrent que tous ces appendices cutanés sont homologues : ils partagent une même origine évolutive. Grâce à une analyse embryonnaire extrêmement fine, les chercheurs suisses ont mis au jour des signatures moléculaires et des caractéristiques micro-anatomiques identiques entre les poils, les plumes et les écailles, démontrant de ce fait que tous trois découlent d'un seul et même ancêtre et se développent initialement de la même manière. Une découverte à lire dans la revue *Science Advances*.

Les poils des mammifères et les plumes des oiseaux se développent à partir de 'placodes' : des épaissements locaux de l'épiderme formés de cellules en colonnes qui réduisent leur prolifération et expriment des gènes particuliers. Cette observation a intrigué les biologistes de l'évolution et du développement pendant de nombreuses années puisque ces animaux ne sont pas des groupes frères : ils proviennent de différentes lignées évolutives. Les chercheurs se sont ensuite intéressés aux reptiles actuels qui, quant à eux, n'avaient a priori pas recours à la placode anatomique pour former leurs écailles. Les mammifères et les oiseaux semblaient alors avoir « inventé » indépendamment la même placode anatomique au cours de leur évolution.

Une seule et même origine confirmée

En 2015, une équipe de l'Université de Yale a publié un article mettant en avant de nouvelles caractéristiques moléculaires communes entre les poils, les plumes et les écailles. Ces travaux ont renforcé un vieux débat entre deux écoles concurrentes. La première y a vu un début de preuve d'une origine évolutive commune entre les trois appendices cutanés, alors que la seconde y a trouvé uniquement une confirmation de la réutilisation indépendante des mêmes gènes pour développer des structures différentes.

Aujourd'hui, Nicolas Di-Poi et Michel Milinkovitch, chercheurs au sein du Département de génétique et évolution de la Faculté des sciences de l'UNIGE et au SIB, résolvent une fois pour toute cette controverse en démontrant que le développement des écailles chez les reptiles passe par la formation d'une placode présentant toutes les caractéristiques moléculaires et anatomiques des placodes d'oiseaux et de mammifères. Les deux scientifiques ont observé et analysé de manière très fine les caractéristiques morphologiques et moléculaires de la peau lors du développement embryonnaire des crocodiles, des serpents et



Swiss Institute of
Bioinformatics

des lézards. « Notre découverte non seulement complète les études moléculaires des chercheurs américains, mais apporte également des données anatomiques inédites, explique Michel Milinkovitch. En effet, nous avons à présent identifié plusieurs nouvelles signatures moléculaires identiques entre le développement du poil, de la plume et de l'écaille, mais nous avons également découvert l'existence de la même placode anatomique que chez l'oiseau ou le mammifère. Ceci indique donc qu'il y a effectivement homologie entre ces trois appendices cutanés : les écailles des reptiles, les plumes des oiseaux et les poils des mammifères, malgré leurs formes finales très différentes, sont bel et bien issus de la modification des écailles présentes chez leur ancêtre reptilien commun. »

Un gène clé dans le développement des appendices cutanés

Lors de leur nouvelle étude, les biologistes de l'UNIGE et du SIB se sont intéressés plus particulièrement au dragon barbu, une espèce de lézard dont il existe trois variantes. La première est celle que l'on trouve couramment dans la nature, la deuxième porte une copie d'une mutation naturelle qui provoque une réduction de la taille de toutes les écailles, et la dernière porte deux copies de cette mutation et est totalement dépourvu d'écailles. En comparant le génome de ces trois variantes, Di-Poï et Milinkovitch ont découvert le gène responsable de cette anomalie. « Ce lézard nu nous a permis d'identifier que la mutation affecte l'ectodysplasine-A (EDA), un gène dont des mutations chez l'homme et la souris sont connues pour provoquer des anomalies du développement des poils, des dents, des ongles et des glandes », souligne Michel Milinkovitch. Les chercheurs suisses ont démontré que lorsque EDA est défaillant, la placode anatomique du dragon barbu ne se forme plus et empêchent le développement de l'écaille, tout comme chez l'oiseau ou le mammifère, où des mutations similaires dans le même gène empêche le développement normal de la plume ou du poil. Toutes ces données indiquent de manière cohérente l'homologie entre les poils, les plumes et les écailles.

Il s'agit à présent de s'intéresser aux mécanismes expliquant la diversité de forme de ces appendices cutanés qui découlent de ce même ancêtre commun. Comment ces structures ancestrales ont-elles évolué pour former des poils, des plumes et des écailles ? Et comment expliquer l'existence d'écailles de formes très différentes ? De nombreux mécanismes physiques et biologiques sont encore à découvrir, afin d'appréhender au mieux la complexité et la diversité biologique.

contact

Michel Milinkovitch

022 379 33 38

Michel.Milinkovitch@unige.ch

UNIVERSITÉ DE GENÈVE
Service de communication

24 rue du Général-Dufour
CH-1211 Genève 4

Tél. 022 379 77 17

media@unige.ch

www.unige.ch