



COLLÈGE
DE FRANCE
—1530—

06 → 27
MAR → MAR
2026 2026

COURS

L'ADN, acteur et témoin de l'évolution des animaux

Partager ▾

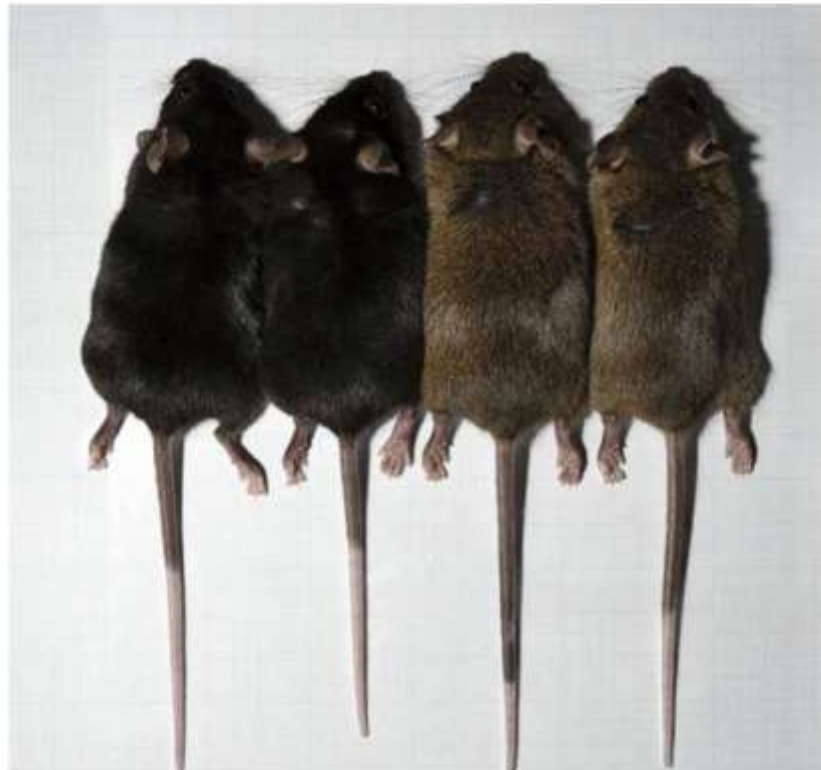
Du vendredi 6 mars au
vendredi 27 mars
2026

Voir aussi :

• [Denis Duboule](#)



Ajouter le cycle
à mon agenda





Collège de France; Chaire:
Evolution du Développement et des Génomes

*Colloque 2026: 'The Evolution of
Developmental Mechanisms'*

21 mai 2026, 9h-17h, Auditoire Budé

*Cours du Prof. Claude Desplan, NYU, USA
Professeur invité au Collège de France*

'Déterminisme et stochasticité au cours du développement neuronal'

28 mai 2026, Cours 1: Contributions spatiales et temporelles à la diversité neuronale

4 juin 2026, Cours 2: Du système visuel au cortex: Lignages stochastiques chez les invertébrés et mammifères

11 juin 2026, Cours 3: Adaptation évolutive de la neurogenèse des centres de l'apprentissage

18 juin 2026, Cours 4: Pheromones et sociétés

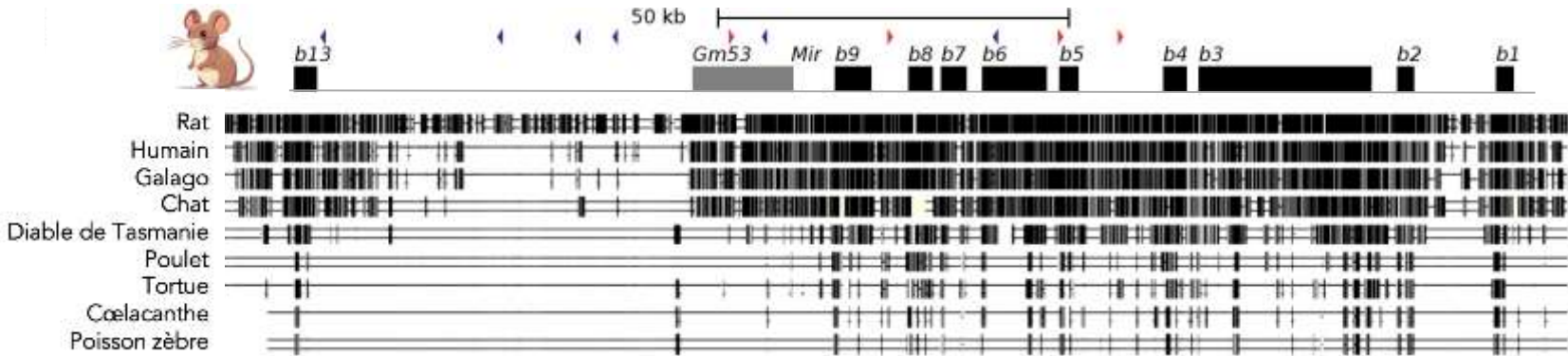
16h, Auditoire Budé



Collège de France; Chaire:
Evolution du Développement et des Génomes

*Cours 2026: L'ADN, acteur et témoin de
l'évolution des animaux*

Amphi G. Budé les vendredis 6, 13, 20 et 27 mars 2026; 10h



Delisle et al. (2024) PNAS



Collège de France; Chaire:
Evolution du Développement et des Génomes

Cours 2026: L'ADN, acteur et témoin de l'évolution des animaux

Depuis plus de 25 ans maintenant, nous pouvons analyser des génomes de différentes espèces animales (le notre inclus) et voir ainsi de façon globale à quel point ces génomes se ressemblent non seulement dans leurs contenus (par exemple en gènes), mais également dans leurs structures et leurs organisations fonctionnelles. Cependant, de nombreuses différences sont également observées, à des échelles analytiques variées, allant du niveau de la substitution d'une seule base de l'ADN dans une séquence d'intérêt, au nombre et à l'organisation générale des chromosomes, en passant par la présence massive d'un éventail d'éléments transposables. Alors que le lien est évident entre d'une part ces versions différentes d'un génome-type, qui toutes sont néanmoins basées sur les mêmes règles de fonctionnement et, d'autre part, les différences morphologiques et physiologiques qui définissent les espèces, les causalités précises entre ce matériel génétique et les organismes qui vont en dériver restent à définir clairement. C'est là encore les questions du déterminisme génétique et de la nature de l'information transmise qui peinent à être résolues. Il est admis que des changements dans l'ADN ont été nécessaires pour conduire et/ou accompagner l'évolution des animaux, mais de quels changements parlons-nous? De petites modifications dans certains gènes? De réorganisations abruptes de chromosomes? D'invasions d'éléments extérieurs chamboulant des systèmes de régulations fragiles? Et comment une forme peut être produite à partir d'un tel système de 'codage'?



Collège de France; Chaire:
Evolution du Développement et des Génomes

Cours 2026: L'ADN, acteur et témoin de l'évolution des animaux

Le cours de cette année va se pencher sur ces questions, en analysant quelques travaux récents qui proposent des réponses de natures différentes. Ces différences reflètent généralement les façons dont les chercheurs abordent ce problème clé des niveaux de lecture de notre ADN et de l'utilisation de l'information que ce polymère contient dans la réalisation d'un organisme en quatre dimensions.

En effet, depuis la fin du siècle passé et la découverte de l'étiologie génétique de nombreuses maladies monogéniques, l'importance décisive de notre ADN a pénétré notre société, jusqu'à en intégrer le langage commun (l'ADN d'une PME, d'un club de sport), renforcé en cela par le milieu scientifique lui-même dans sa quête d'explications simples et compréhensibles (par exemple le Téléthon) pour en faire un sujet d'intérêt général.

L'idée qu'une mutation ponctuelle puisse déclencher une maladie grave (ce qui est parfois le cas) a pu impacter notre pensée de la nature des variations évolutives, conduisant à une réduction de ces causes à de simples modifications de l'ADN. La littérature scientifique en témoigne, qui est riche en études proposant une relation directe entre l'ADN et la forme ou la fonction.



Collège de France; Chaire:
Evolution du Développement et des Génomes

*Cours 2026: L'ADN, acteur et témoin de
l'évolution des animaux*

Leçon #1: Introduction et objectifs du cours. Un bref résumé d'une brève histoire de l'Evo-Dévo. Introduction au développement et à l'évolution de la queue chez les mammifères.

Leçon #2: TbxT et la disparition de la queue chez les grands singes et chez l'homme. Histoire du locus T, approche ciblée.

Leçon #3: Les gènes Hox et la formation de la queue. Approche par l'analyse globale de variants évolutifs intra-spécifiques

Leçon #4: Les gènes Hox et la formation de la queue. Approches par gains de fonction.



Collège de France; Chaire:
Evolution du Développement et des Génomes

*Cours 2026: L'ADN, acteur et témoin de
l'évolution des animaux*

L'objectif de ce cours est double. **Le premier but** sera de discuter et de comprendre des travaux récents concernant le développement et l'évolution d'une structure morphologique importante chez les mammifères, la queue. Comment peut-on associer la présence ou l'absence ou encore les variations de longueur de cette structure chez des espèces différentes, à des variations dans la structure ou la régulation de notre matériel génétique? **Le deuxième but**, en parallèle, sera d'associer cette description de publications récentes sur ce paradigme particulier à une réflexion sur la nature des approches proposées, sur les différences épistémologiques et sur le besoin (impossible) d'objectiver les résultats. Peut-on comprendre la forme et la fonction en comprenant l'ADN?



L'ADN; cause proximale ou cause ultime? L'ADN est-il (code-t-il pour-) un 'programme'

Les discussions actuelles sur la nature de l'information contenue dans notre ADN (voir les cours récents de Thomas Lecuit) trouvent leur origine dans le début de la compréhension des mécanismes de fonctionnement de cet ADN au siècle passé. Utilisation du mot 'code' et notion de 'programme'.

Déjà à ce moment là, ce concept de 'programme' n'a pas le même sens pour tous. François Jacob, par exemple, utilise ce terme pour décrire une suite d'évènements qui s'enchaînent les uns aux autres pendant le développement, d'étapes successives d'états génétiques différents.

« Today biology has ended the old debate between epigenesis and preformation by introducing the concept of developmental programme. In this view, the fertilized egg does not contain a complete description of the future organism, as assumed by preformationists, but rather the coded instructions required to produce its molecular structures and to bring them into operation in time and space. The principles involved in the former – i.e. the genetic code and the protein-synthesizing machinery – begin to be reasonably understood. In contrast, those operating in the latter – the internal logic used by the embryo to execute the programme – are still almost completely unknown. »

François Jacob (1977), discuté dans M. Morange (2000)



L'ADN; cause proximale ou cause ultime? L'ADN est-il (code-t-il pour-) un 'programme'

Les discussions actuelles sur la nature de l'information contenue dans notre ADN (voir les cours récents de Thomas Lecuit) trouvent leur origine dans le début de la compréhension des mécanismes de fonctionnement de cet ADN au siècle passé. Utilisation du mot 'code' et notion de 'programme'.

Déjà à ce moment là, ce concept de 'programme' n'a pas le même sens pour tous. François Jacob, par exemple, utilise ce terme pour décrire une suite d'évènements qui s'enchaînent les uns aux autres pendant le développement, d'étapes successives d'états génétiques différents.

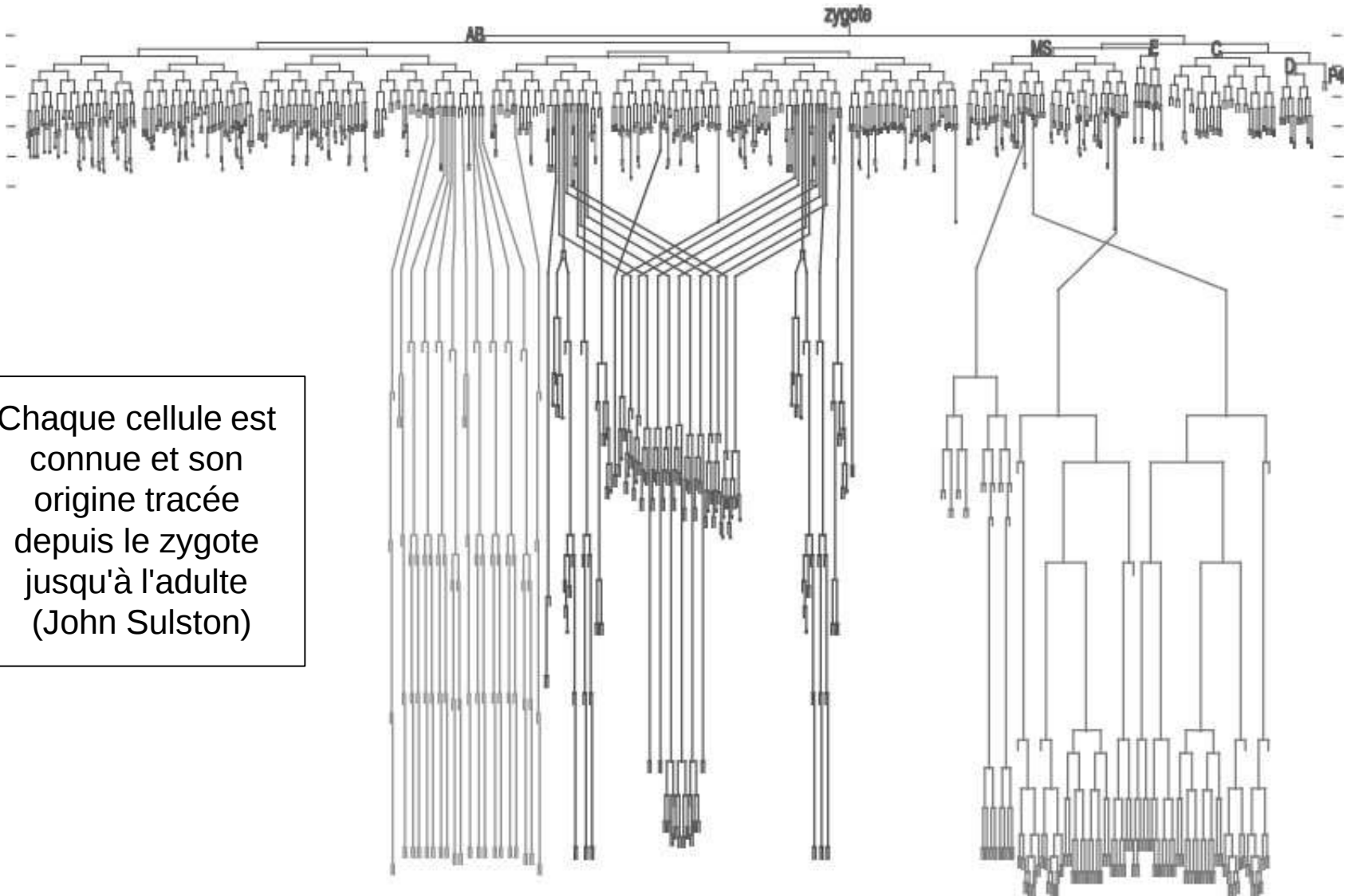
Cette vue d'un programme génétique de développement implique une suite de décisions étalées dans le temps, faisant suite à des états génétiques précédent, donc de natures instructives, venant des cellules dérivées de l'état précédent (par l'intermédiaire de leurs membranes, les cellules se parlent, contexte d'alors en immunologie, locus T...). De ce point de vue, ces interactions ne sont pas 'lisibles' ou 'visibles' dans notre ADN. Elles en sont des propriétés émergentes.. FJ (qui n'abusera pas de cette notion de 'programme') considère que le système est contextuel, auto-construit et donc pas d'un type de 'programme d'ordinateur'.

Sydney Brenner (collègue et ami de F. Jacob) a toutefois une vue plus influencée par l'informatique naissante et la programmation et pense que l'étude des mutations de l'ADN affectant le développement devrait révéler ce 'programme'. Une vue beaucoup plus 'génétique' qui influencera le choix de son système modèle (*C. elegans*)



COLLÈGE
DE FRANCE
—1530—

Lineage cellulaire complet de *C. elegans* (nématode) Entièrement connu et invariant (959 cellules)

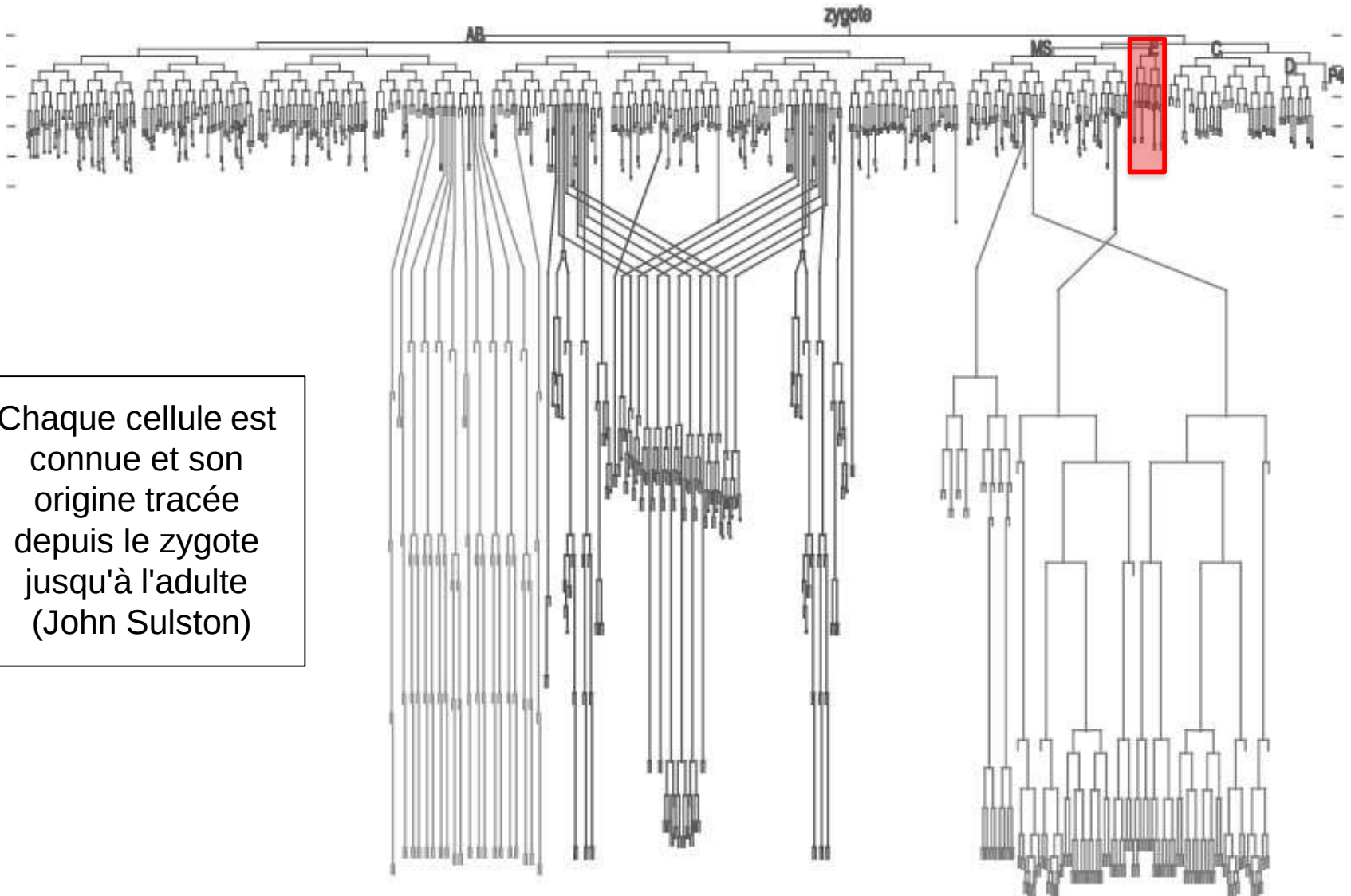


Chaque cellule est connue et son origine tracée depuis le zygote jusqu'à l'adulte (John Sulston)



COLLÈGE
DE FRANCE
—1530—

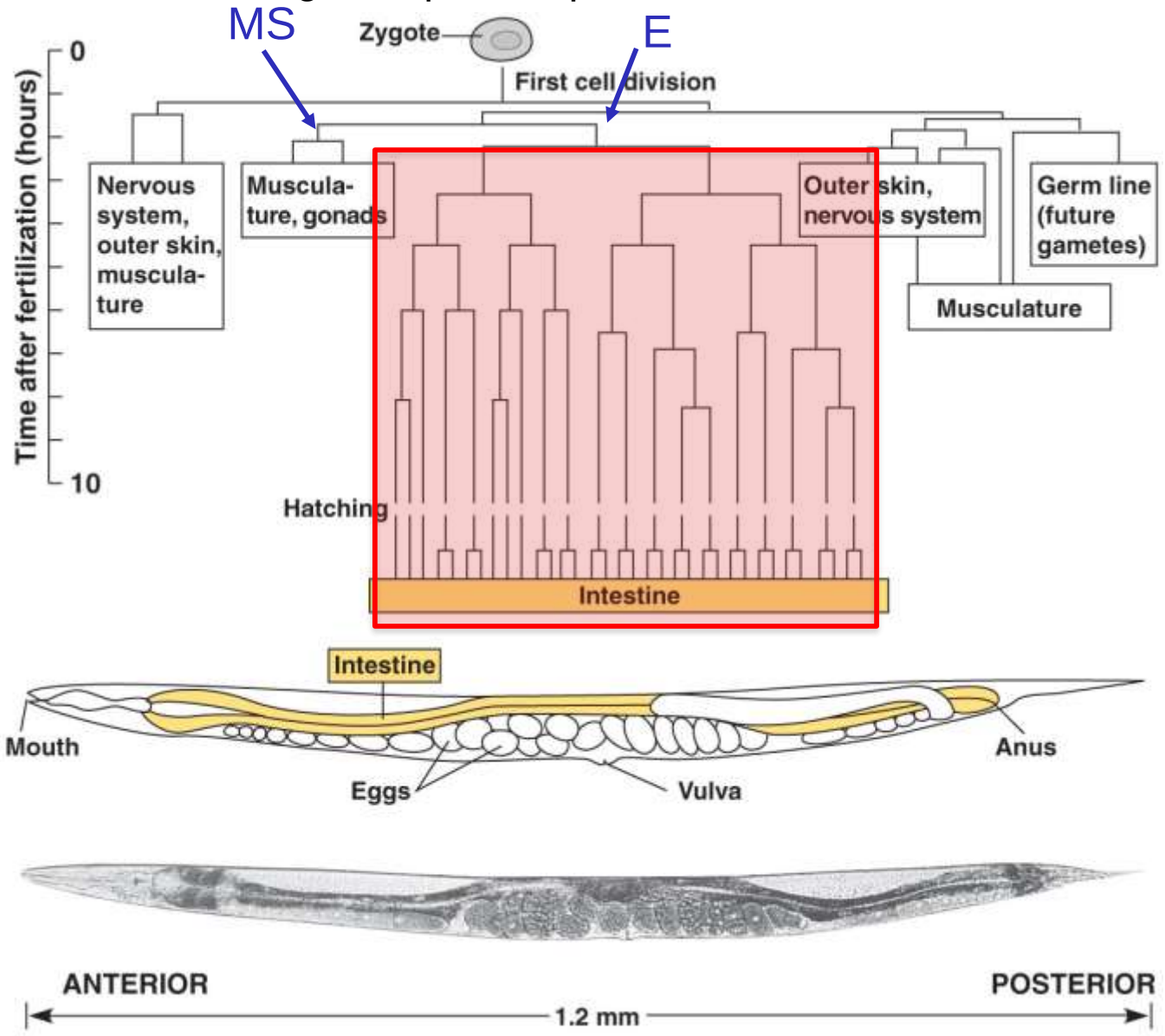
Lineage cellulaire complet de *C. elegans* (nématode) Entièrement connu et invariant (959 cellules)



Chaque cellule est connue et son origine tracée depuis le zygote jusqu'à l'adulte (John Sulston)

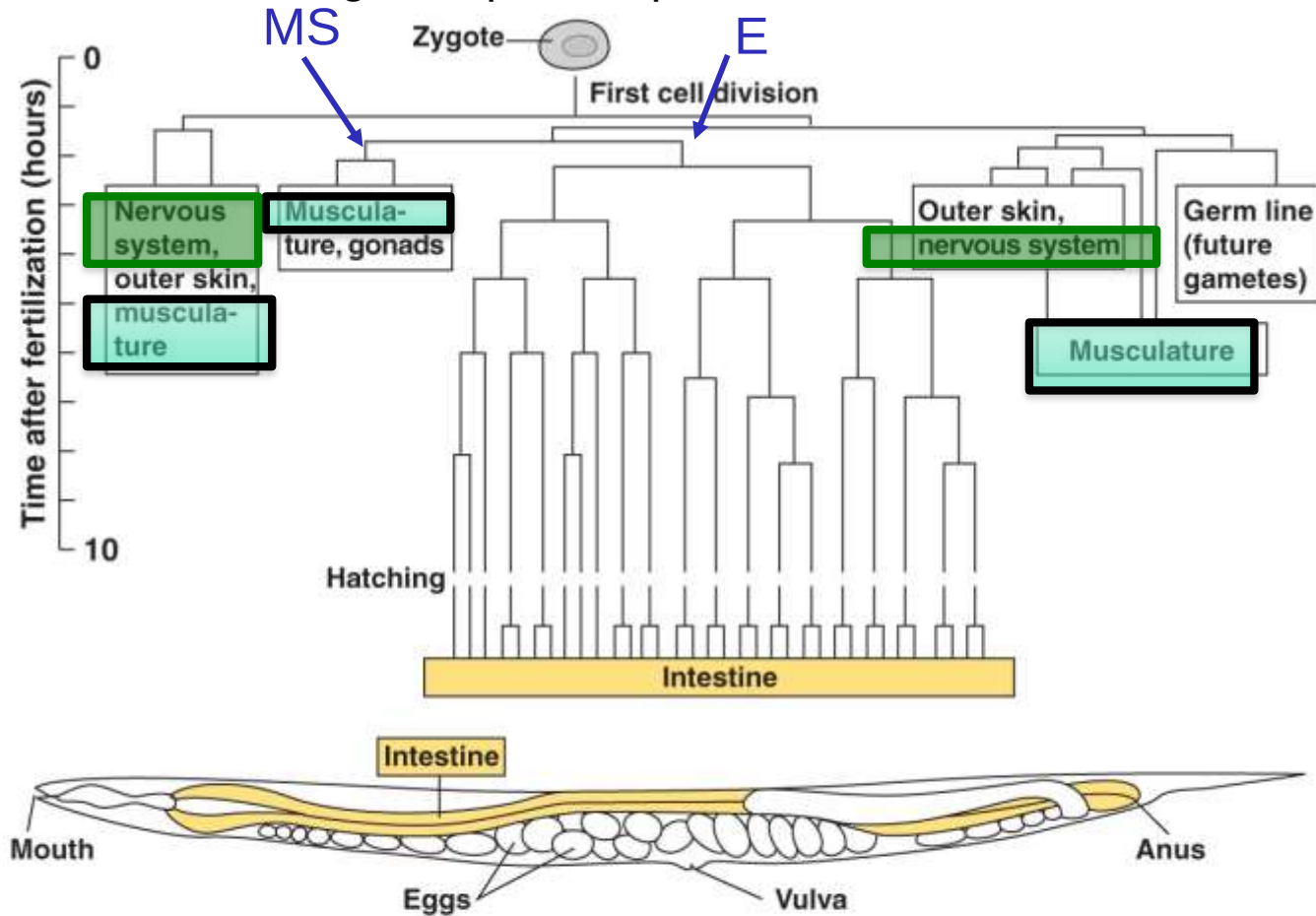


Déterminisme génétique complet difficile à admettre





Déterminisme génétique complet difficile à admettre



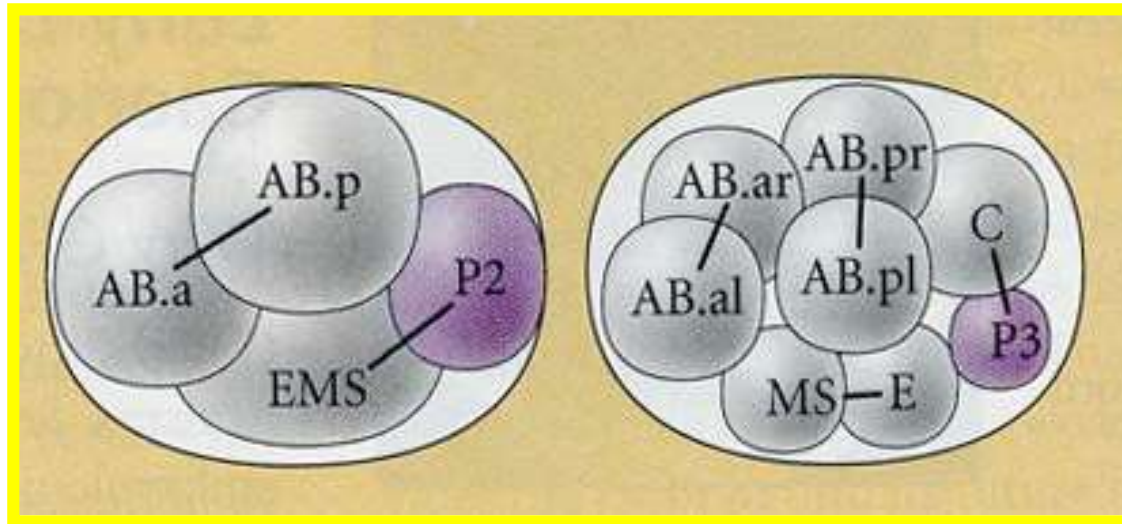
*La différenciation cellulaire ne suit pas forcément le linéage. La différenciation n'est pas 'monophylétique'... (donc elle se produit plusieurs fois, par convergence).

Déterminisme génétique associé à une instruction cellulaire

Un des quatre premiers blastomères ('EMS') produit:

Une cellule *MS*: Muscles

Une cellule *E*: Endoderme intestinal



⚠️ Si la cellule voisine P2 est enlevée, EMS donne deux cellules MS! donc:



La cellule P2 est nécessaire pour (instruit le-) le destin d'EMS
(composante génétique forte mais instruction cellulaire nécessaire...)

L'ADN; cause proximale ou cause ultime? Lectures additionnelles

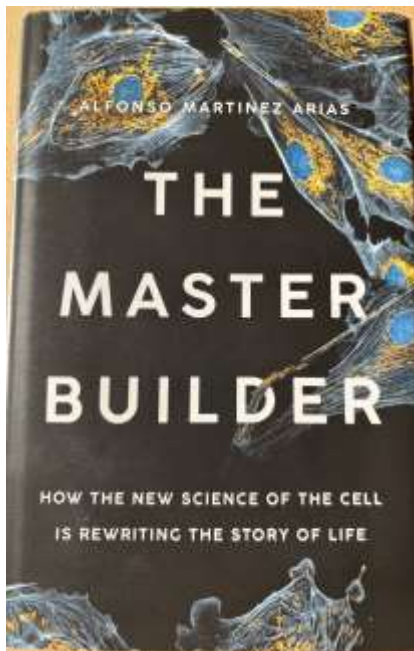
Portail Persée Perséides Data Persée



Le complexe T de la souris : Un mirage riche d'enseignements / *The complex of the mouse : An instructive mirage* [article]

Michel Morange

Revue d'histoire des sciences / Année 2000 / 53-3-4 / pp. 521-554



ADN, cellules, organisme... Y a-t-il une hiérarchie développementale?

Les cellules sont-elles des agents intermédiaires? Les briques centrales du vivant? Les deux?

Comment une théorie du développement (T. Huxley) pourrait intégrer à la fois une théorie cellulaire et une théorie génétique?



Collège de France; Chaire:
Evolution du Développement et des Génomes

Cours 2026: L'ADN, acteur et témoin de l'évolution des animaux

Leçon #1: Introduction et objectifs du cours. *Un bref résumé d'une brève histoire de l'Evo-Dévo. Introduction au développement et à l'évolution de la queue chez les mammifères.*

Leçon #2: *Tbxt et la disparition de la queue chez les grands singes et chez l'homme. Histoire du locus T, approche ciblée.*

Leçon #3: *Les gènes Hox et la formation de la queue. Approche par l'analyse globale de variants évolutifs intra-spécifiques*

Leçon #4: *Les gènes Hox et la formation de la queue. Approches par gains de fonction.*



La révolution de la génétique du Développement 1985-1995



Changement de paradigme

** Passage d'une explication basée sur la présence ou l'absence de gènes particuliers à une explication basée sur l'utilisation différentes des mêmes gènes.*

Difficile à intégrer à notre vue anthropocentrique (cerveau etc...) car le fonctionnement ne porte pas la même signification évolutive que la structure



La révolution de la génétique du Développement 1985-1995

Nématode (950 cellules): ca. 15'000 gènes

Homo Sapiens: ca. 22'000 gènes

Comment alors expliquer les différences de complexité?

*Complexification des structures géniques
(isoformes, épissages..)

*Diversification des fonctions géniques
(pleïotropie, multifonctionnalité..)

*Complexification des GRNs et de leurs interactions
(GRN: Gene Regulatory Networks)



COLLÈGE
DE FRANCE
—1530—

Quelques précurseurs...



Allan Wilson



Mary-Claire King

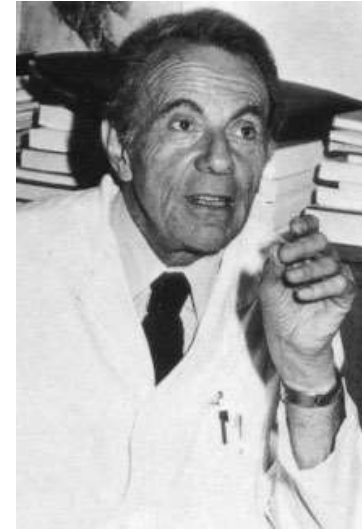
Evolution at Two Levels in Humans and Chimpanzees

Their macromolecules are so alike that regulatory mutations may account for their biological differences.

Mary-Claire King and A. C. Wilson

11 April 1975, Volume 188, Number 4184

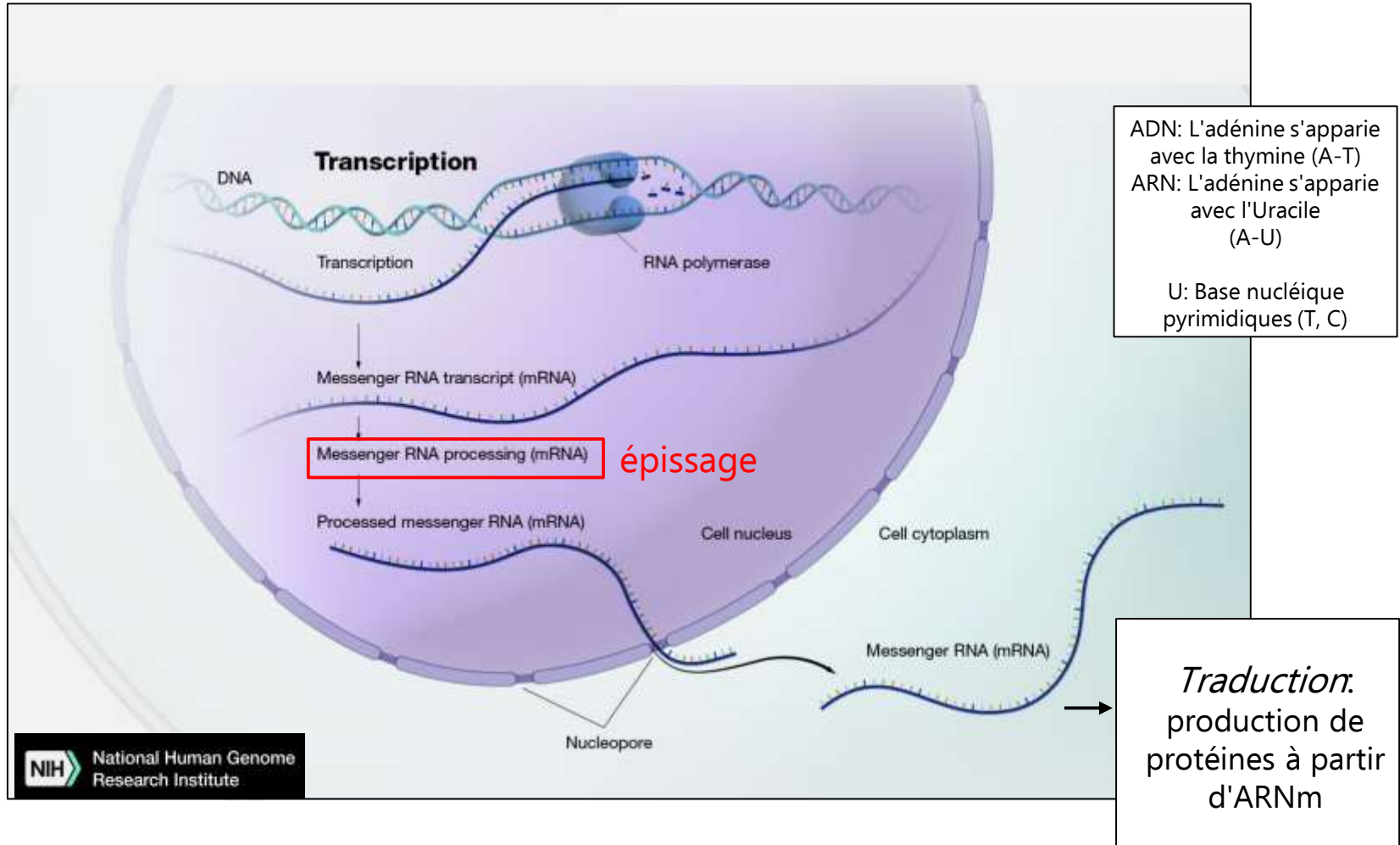
SCIENCE



François Jacob

'C'est une question de régulation, pas de structure !' Conférence de Berkeley sur le **bricolage** de l'évolution en 1977 (Science, 1977)

La transcription des gènes (produire des ARNs à partir de l'ADN)



Biology

A Global Approach

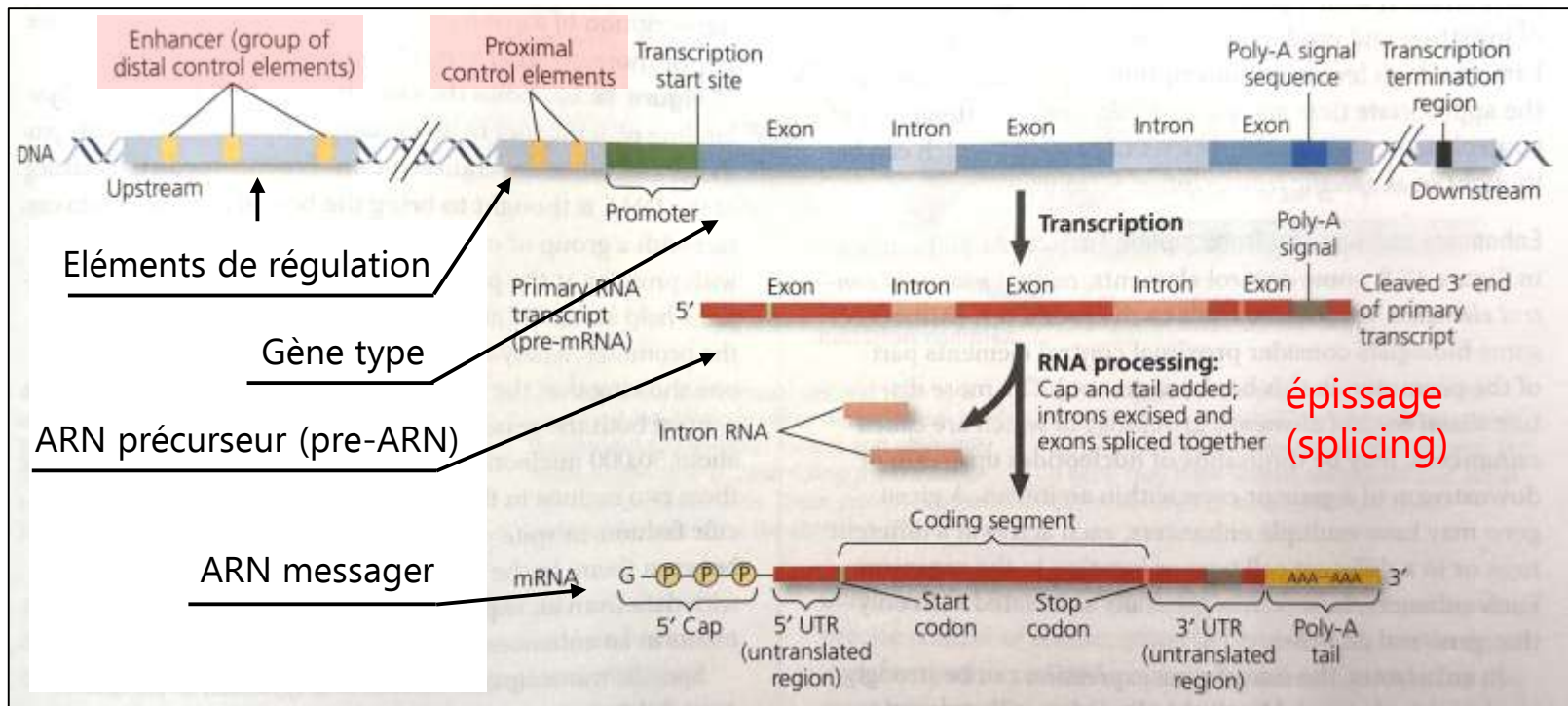
TENTH EDITION

Campbell • Reece • Urry • Cain • Wasserman • Minorsky • Jackson

GLOBAL
EDITION

10^{ème} Edition

Rappel de la structure d'un gène eucaryote
et de l'ARN messenger produit après épissage

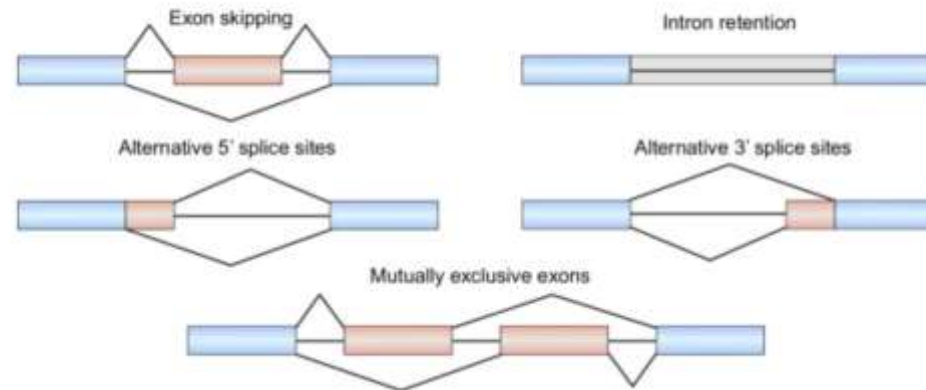


THE
EMBO
JOURNAL

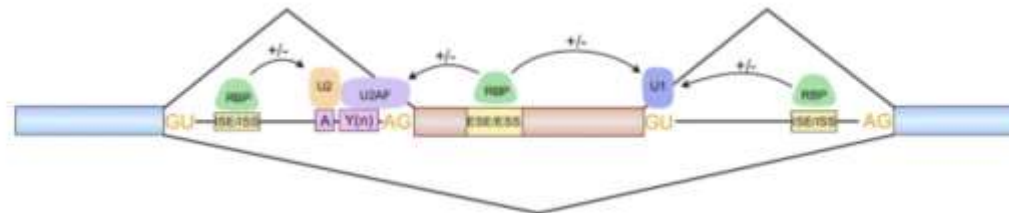
Published online: 16 January 2026

Carissa Emerson Hunter^{1,2,3} & Yi Xing^{1,4,5}

A



B



Plusieurs façons de générer de la diversité (développementale, évolutive..) par épissages alternatifs avec ou sans maintien du cadre de lecture



Régulation de la transcription des gènes

2 grandes catégories ('stratégies') de régulation:

Régulation basale de gènes dont les produits sont nécessaires de façon ubiquitaire pour le bon fonctionnement des cellules (par exemple des gènes codant pour de nombreuses enzymes nécessaires au métabolisme cellulaire –'housekeeping'-). Transcription stable, généralement à des niveaux assez faibles.

Régulation spécifique de certains gènes dont les produits sont nécessaires à des temps et dans des types cellulaires précis afin de remplir des fonctions particulières aux tissus concernés (différenciation cellulaire, développement, hormones etc). Niveaux de transcription très variables en amplitude dans des cellules différentes...



Régulation de la transcription des gènes

Régulation spécifique de certains gènes dont les produits sont nécessaires à des temps et dans des types cellulaires précis afin de remplir des fonctions particulières aux tissus concernés (différenciation cellulaire, développement, hormones etc). Niveaux de transcription très variables en amplitude dans des cellules différentes...

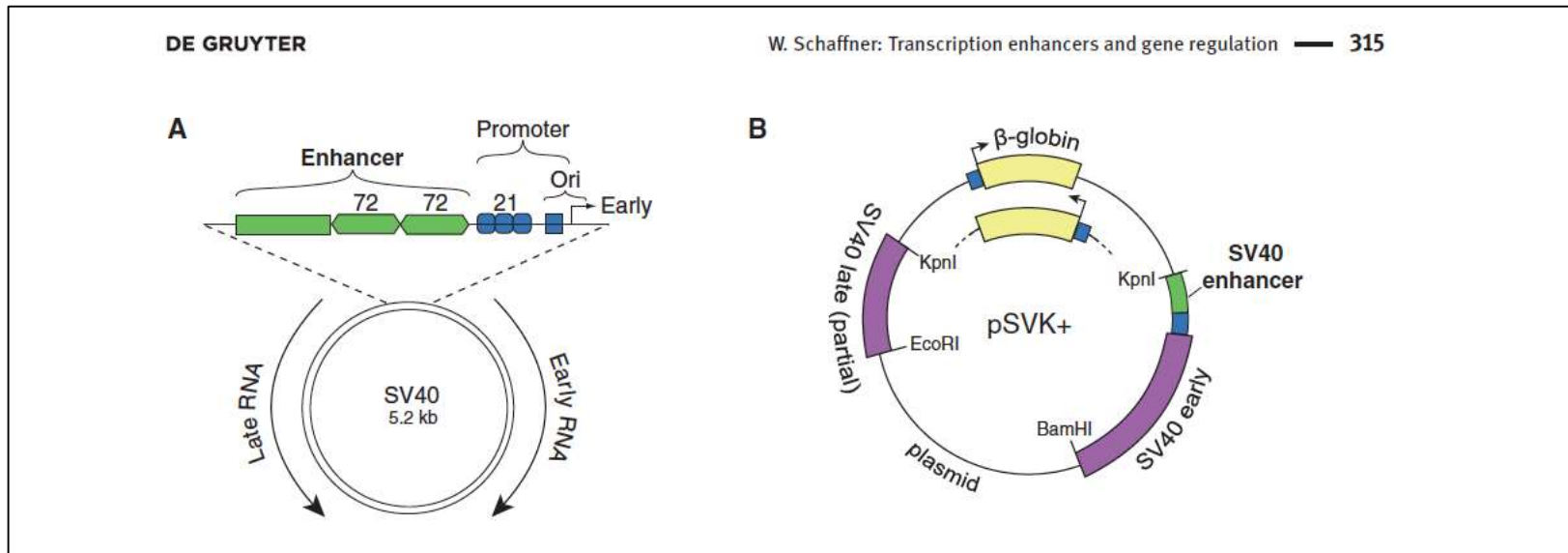
D'où la nécessité de disposer d'interrupteurs moléculaires donnant une série d'instructions claires aux gènes cibles, telles que: 'En marche', 'stop', 'plus fort' 'moins fort' 'en pause' etc...

Les interrupteurs moléculaires positifs sont appelés de façon assez générique des ***séquences enhancers*** (***des 'enhancers'***).



Un bref historique (1981)

- *SV40, un virus ADN utilisé pour introduire un gène (bêta-globine) dans des cellules en culture
- *Expression (ARN) du gène amplifiée (200X) en présence en *cis* d'un morceau du virus
- *Ce morceau ('72bp repeat') fonctionne indépendamment de l'endroit et de l'orientation



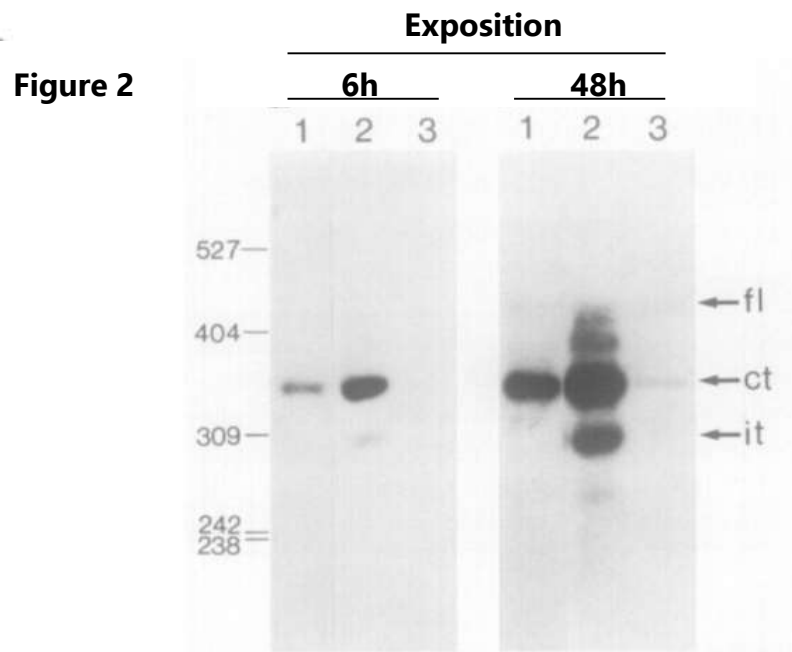


Un bref historique (1981)

Cell, Vol. 27, 299–308, December 1981 (Part 1). Copyright © 1981 by MIT

Expression of a β -Globin Gene Is Enhanced by Remote SV40 DNA Sequences

Julian Banerji, Sandro Rusconi and
Walter Schaffner
Institut für Molekularbiologie II
Universität Zürich
Hönggerberg, CH-8093 Zürich, Switzerland



- 1) Contrôle (gène de la beta-globine)
- 2) Béta-globine + plasmide **avec** SV40
- 3) Béta-globine + plasmide **sans** SV40

Figure 2. Detection of the Correct 5' Terminus of Globin RNA

(A) S1 nuclease mapping scheme (Weaver and Weissmann, 1979). For this experiment, a globin gene clone lacking the first intervening sequence (IVS1; see Figure 1A; Weber et al., 1981) was used as a radioactive probe (for further details see Rusconi and Schaffner, 1981). DNA end-labeled at the Bam HI site was hybridized to unlabeled RNA, treated with S1 nuclease, denatured, fractionated by gel electrophoresis and autoradiographed.

(B and C) Autoradiographs of the same gel after 6 hr and 48 hr of exposure, respectively. (Lanes 1) Hybridization to 0.2 ng rabbit β -globin mRNA. (Lanes 2) Hybridization to RNA from 2.5×10^6 HeLa cells transfected with the β -globin-SV40-pBR322 clone pSVK+ (Figure 1C). (Lanes 3) Hybridization to RNA from the β -globin-gene recombinant plasmid p $\beta 2 \times$, which does not contain SV40 sequences (Figure 1F). The intensity difference in the major band between lanes 2 and 3 was measured to be 200-fold. This was done by scanning a series of autoradiographs of different exposure times to minimize any nonlinear relation between radioactivity and blackening of the x-ray film.



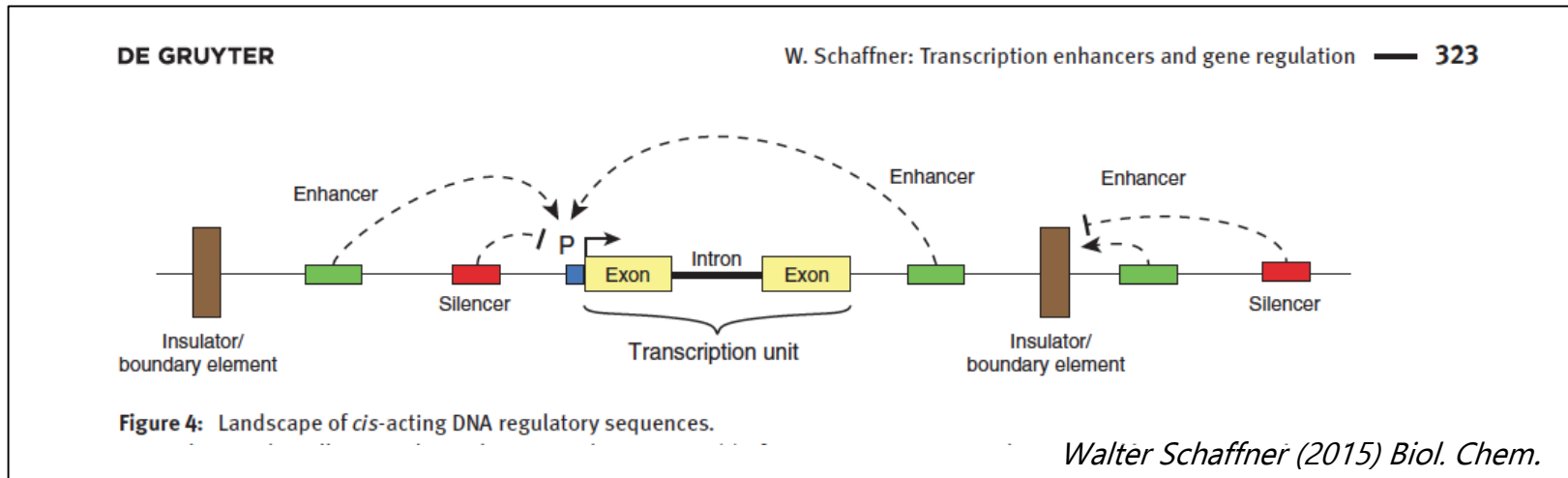
Un bref historique (1981)

Expression of a β -Globin Gene Is Enhanced by Remote SV40 DNA Sequences

Julian Banerji, Sandro Rusconi and
Walter Schaffner
Institut für Molekularbiologie II
Universität Zürich
Hönggerberg, CH-8093 Zürich, Switzerland

***Les bases générales du concept d'enhancer' sont énoncées au début des années 1980**

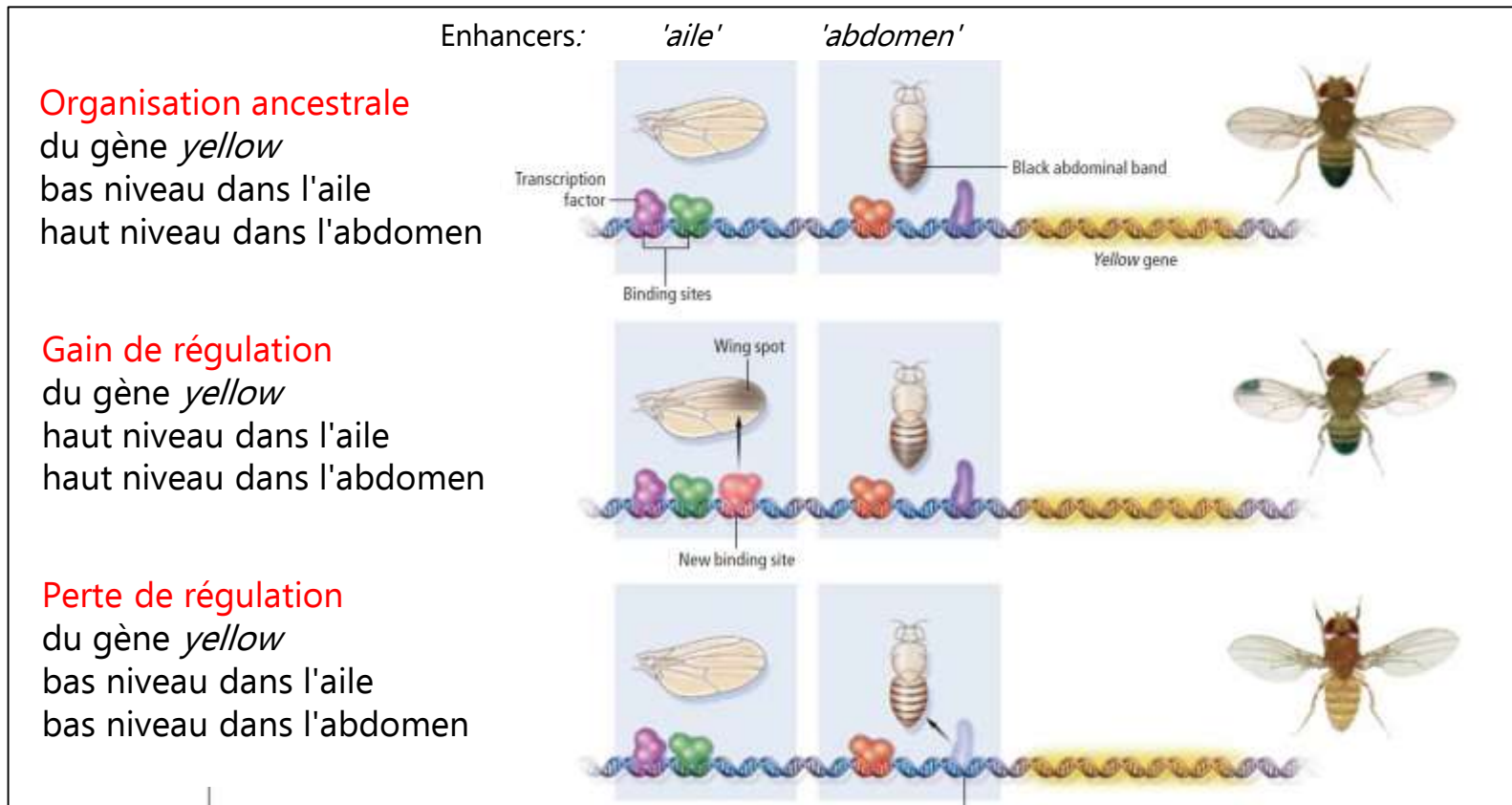
***Une séquence d'ADN qui peut agir à distance pour augmenter la transcription à partir d'un promoteur cible, et cela indépendamment de son orientation**



Fonction des enhancers: Ce sont des interrupteurs qui médient/transmettent les temps et les endroits où un gène particulier sera activé.

Les gènes 'de développement' sont régulés par des enhancers multiples qui ont une grande modularité, de telle sorte que l'expression de ces gènes peut être modifiée de façon locale, intra- ou interspécifique.

Importance des enhancers pour modifier les régulations au cours de la spéciation (*évolution par changement de régulation*)





Ces séquences enhancers ont une grande modularité, de telle sorte que l'expression de ces gènes peut être modifiée de façon locale, intra- (pleïotropie) ou interspécifique (évolution).

Importance des enhancers pour modifier les régulations dans des tissus différents de la même espèce
(*'paysage de régulation'*, 2003)

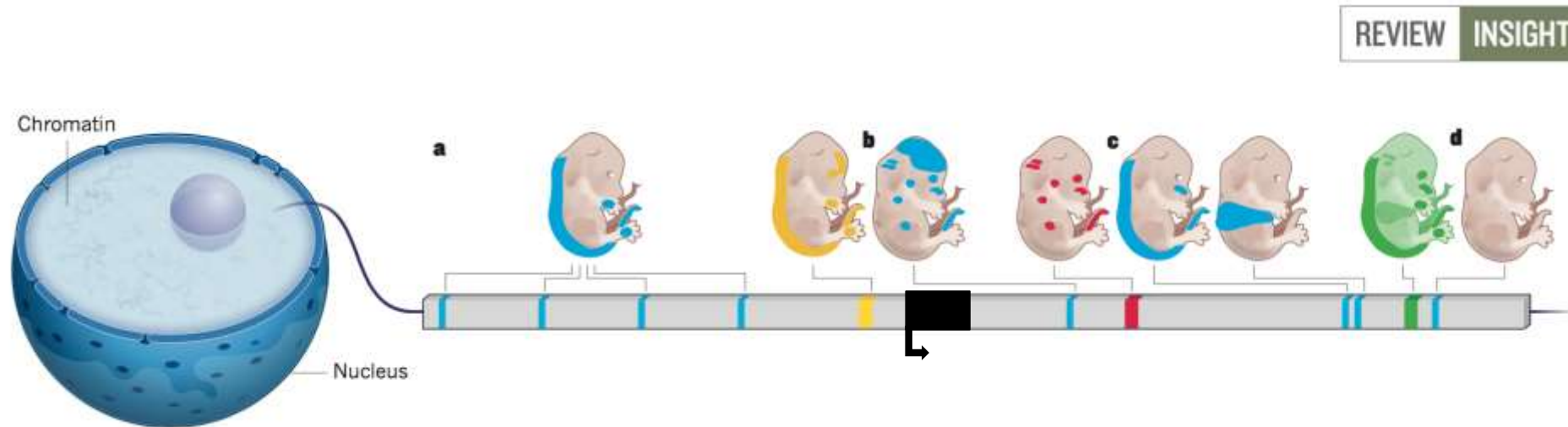


Figure 2 | The mammalian regulatory jungle.

Modifié de: de Laat and Duboule, 2013 Nature

La multifonctionnalité des gènes du développement

Un domaine d'expression 'ancestral' et des régulations additionnelles 'recrutées' (co-optées) au fil de l'évolution d'innovations structurelles (archéologie des régulations, régulations 'fossiles', récapitulation..).



**Système nerveux,
intestins..**

Pro-chordés
(ca. -500 mio)



Mains et pieds

Tétrapodes
(ca. -380 mio)



**Follicules des
poils et moustaches**

Mammifères
(ca. -180 mio)



Multifonctionnalité et Pléiotropie

Pléiotropie: La mutation d'un gène peut avoir des effets multiples dans différentes structures, organes ou cellules (définition génétique, maladies génétiques syndromiques..)

Multifonctionnalité: Un (produit de -) gène peut avoir des fonctions multiples selon les contextes mécanistiques (définition fonctionnelle).

Les enhancers permettent d'éclairer ce concept ancien



Collège de France; Chaire:
Evolution du Développement et des Génomes

Cours 2026: L'ADN, acteur et témoin de l'évolution des animaux

Leçon #1: Introduction et objectifs du cours. Un bref résumé d'une brève histoire de l'Evo-Dévo. Introduction au développement et à l'évolution de la queue chez les mammifères.

Leçon #2: TbxT et la disparition de la queue chez les grands singes et chez l'homme. Histoire du locus T, approche ciblée.

Leçon #3: Les gènes Hox et la formation de la queue. Approche par l'analyse globale de variants évolutifs intra-spécifiques

Leçon #4: Les gènes Hox et la formation de la queue. Approches par gains de fonction.



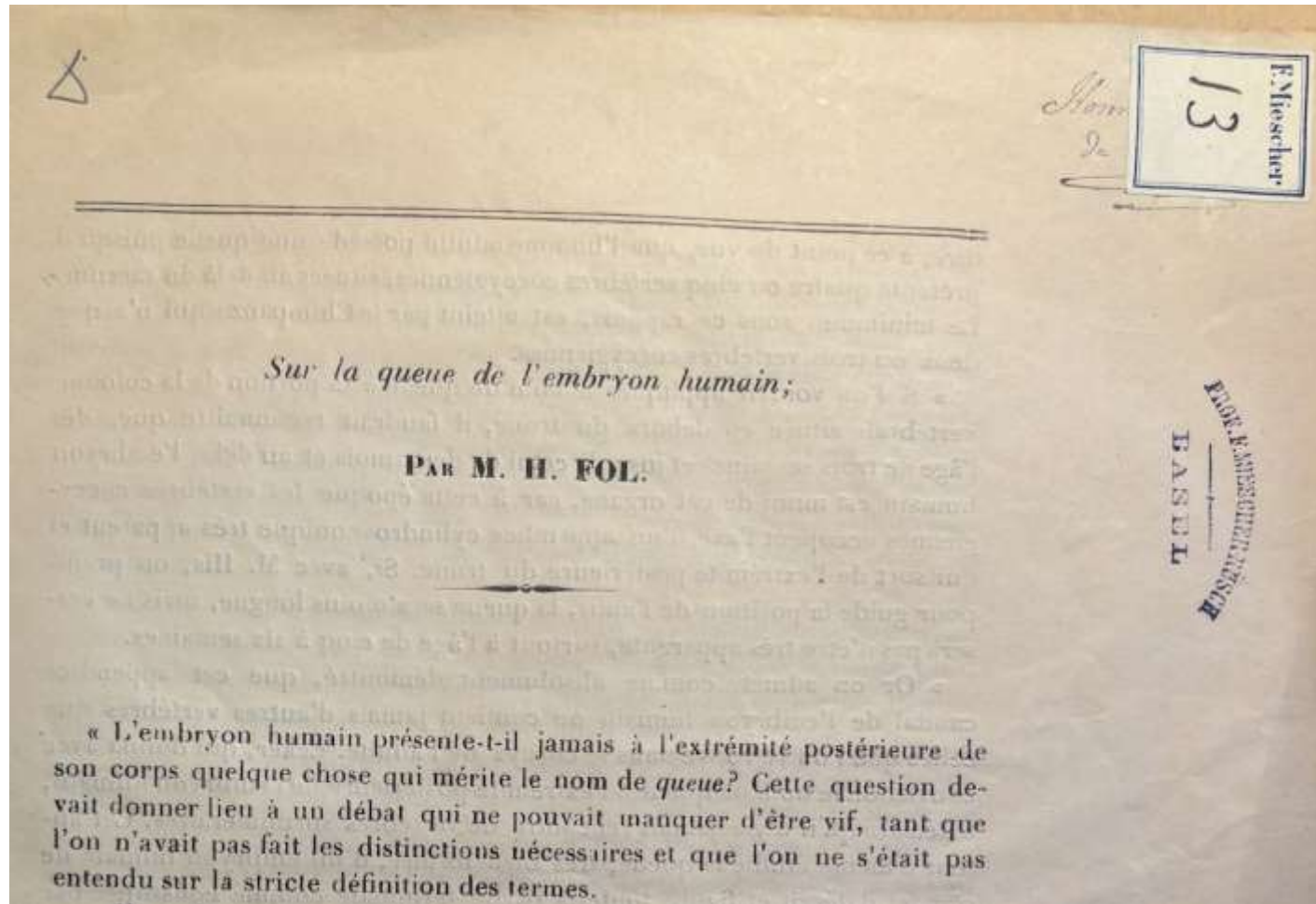
Développement de la queue chez les vertébrés Un paradigme utile et fécond

- *Une structure anatomique visible et variable*
- *Une structure souvent adaptée à des conditions environnementales*
- *Un développement tardif, donc observable et manipulable*
- *Un développement faisant appel à des principes généraux applicables à toutes autres situations (facteurs, voies de signalisations gradients, cellules souches, mouvements cellulaires etc)*
- *Une structure d'une grande importance historique dans l'émergence de la génétique du développement chez la souris (Locus T)*
- *Une perte caractéristique des Hominoïdes (grands singes) il y a app 25 Mio années, probablement associée à une transition critique*



COLLÈGE
DE FRANCE
—1530—

Disparition de la queue chez les Hominoïdes...adultes



Hermann Fol: '*Sur la queue de l'embryon humain*' Comptes Rendus Acad. Sci. (1885)

Tiré-à-part Collection privée de Friedrich Mischer



Disparition de la queue chez les Hominoïdes...adultes

» Or on admet, comme absolument démontré, que cet appendice caudal de l'embryon humain ne contient jamais d'autres vertèbres que celles que l'on retrouve dans le coccyx de l'adulte. Ecker, qui donna avec conviction le nom de queue à l'extrémité postérieure de l'embryon humain, a déclaré qu'il n'y a jamais rencontré de vertèbres surnuméraires. Cet auteur a même étudié la queue, très bien formée, d'un embryon humain de 9^{mm}, et il décrit et figure toute la partie terminale comme constituée par un blastème informe. M. His y trouve cependant un prolongement de la corde dorsale et de la moelle épinière, mais point de segmentation. L'un et l'autre admettent qu'au delà de la 33^e ou 34^e vertèbre il n'y a plus aucune pièce du squelette.

» Sur ce point capital, mes recherches m'ont amené à un résultat diamétralement opposé à celui de mes devanciers. L'erreur de M. His provient de ce que les embryons les plus âgés dont il ait fait la reconstruction, ceux de 7^{mm} et une fraction, ont précisément 34 myomères, c'est-à-dire 33 vertèbres, et il admet, sans autre preuve, qu'il s'agit déjà de l'état définitif.

» J'ai eu l'honneur de présenter à l'Académie un résumé de mon étude anatomique d'un embryon humain de 5^{mm} et 6 dixièmes, c'est-à-dire de 25 jours. Cet embryon n'avait encore que 33 somites, ce qui représente 32 vertèbres. Il y a donc une augmentation de nombre pendant la quatrième semaine. Ce fait m'engagea à rechercher si ce nombre n'irait peut-être pas encore en augmentant pendant la cinquième semaine et mon attente ne fut pas trompée ! L'embryon humain de 9^{mm} à 10^{mm}, âge où la queue atteint son maximum de proéminence, possède un nombre de vertèbres supérieur à celui de l'adulte.



COLLÈGE
DE FRANCE
—1530—

Disparition de la queue chez les Hominoïdes...adultes

» Les dernières vertèbres caudales n'ont qu'une existence très éphémère; déjà sur des embryons de 12^{mm}, c'est-à-dire de six semaines, la trente-huitième, la trente-septième et la trente-sixième vertèbre se confondent en une seule masse, et la trente-cinquième elle-même n'a plus des limites parfaitement nettes. Un embryon de 19^{mm} n'a plus que trente-quatre vertèbres, la trente-quatrième résultant évidemment de la fusion des quatre dernières; à ce moment, la queue dans son ensemble est déjà beaucoup moins proéminente.

» Il résulte de ces faits que l'embryon humain, pendant la cinquième et la sixième semaine de son développement, est muni d'une queue incontestable régulièrement conique, allongée et qui mérite sous tous les rapports le nom que je lui donne. Cet organe, évidemment dépourvu de toute utilité physiologique, doit être classé au nombre des organes représentatifs. »

(8 juin 1885.)



Développement de la queue chez les vertébrés

Un paradigme utile et fécond

Cellular and Molecular Life Sciences (2020) 77:1021–1030
<https://doi.org/10.1007/s00018-019-03311-1>

Cellular and Molecular Life Sciences

REVIEW



The vertebrate tail: a gene playground for evolution

Moisés Mallo¹

Neuromesodermal specification during head-to-tail body axis formation

C. Martins-Costa^{a,1}, V. Wilson^{b,*,1}, and A. Binagui-Casas^{b,*,1}

^aInstitute of Molecular Biotechnology of the Austrian Academy of Sciences, Vienna BioCenter, Vienna, Austria

^bCentre for Regenerative Medicine, Institute for Stem Cell Research, School of Biological Sciences, University of Edinburgh, Edinburgh, United Kingdom

*Corresponding authors. e-mail address: v.wilson@ed.ac.uk; a.binagui-casas@ed.ac.uk

Martins-Costa, C., Wilson, V. & Binagui-Casas, A., 8 May 2024, *Vertebrate Pattern Formation*. Mallo, M. (ed.). First ed. London: Academic Press, Vol. 159. p. 232-271 40 p. (Current Topics in Developmental Biology; vol. 159).



COLLÈGE
DE FRANCE
—1530—

REVIEW

The vertebrate tail: a gene playground for evolution

Moisés Mallo¹

Introduction

The tail is arguably among the most enigmatic parts of the vertebrate body. It is not a vital structure, yet it is fully conserved throughout vertebrate phylogeny. Indeed, even seemingly tailless animals contain a residual tail: the coccyx of humans or of tailless apes is one of the best-known examples. Another distinctive characteristic of the vertebrate tail is that, contrary to most body structures, we cannot assign a single function to it. Instead, the tail seems to be involved in a variety of different and sometimes remarkably unrelated roles [1], which is also reflected on the large diversity of sizes and structural features observed in the tails of different species. Many of those functions have a mechanical component. Improvement of locomotion performance is among the

La queue: Une grande variété de fonctions, souvent critiques et très adaptées (grande flexibilité adaptative, une structure relativement peu contrainte?)

most prominent roles in this category. Particularly, animals living in aquatic environments, such as fish or crocodiles, use their tail mainly as a propelling device [2, 3]. Land vertebrates also benefit of the tail for locomotive purposes, either as an additional leg for kangaroos, facilitating walking mechanics in lizards, or serving as a counterbalance to help animals like cats or mice move through narrow or unstable surfaces [4–7]. An interesting variation upon this function was the evolution of prehensile tails, which allow grasping and holding to objects [8, 9]. Non-mechanical tail functions have also been described for some vertebrate species. For instance, in rats or beavers this structure has been shown to play important roles in body temperature regulation [10, 11], and the tail of the leopard gecko serves as a primary fat storage structure [12]. Also relevant is the tail's protective role in different vertebrates, both actively as a weapon [13] and passively by providing a large bodily target for predator attack that can be discarded without compromising animal's life, a process known as autotomy [14]. Finally, the

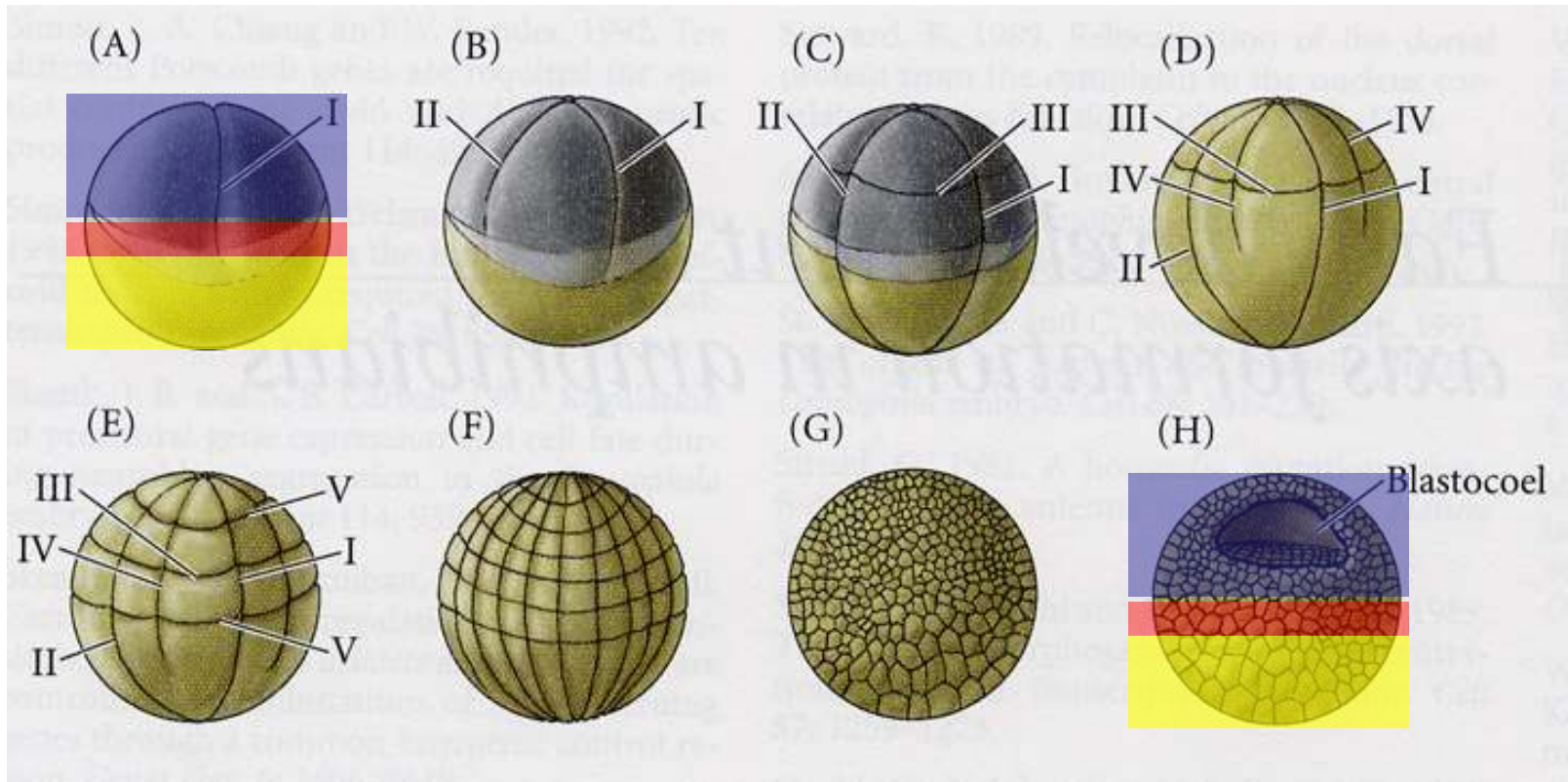
✉ Moisés Mallo
mallo@igc.gulbenkian.pt

¹ Instituto Gulbenkian de Ciência, Rua da Quinta Grande 6,
2780-156 Oeiras, Portugal



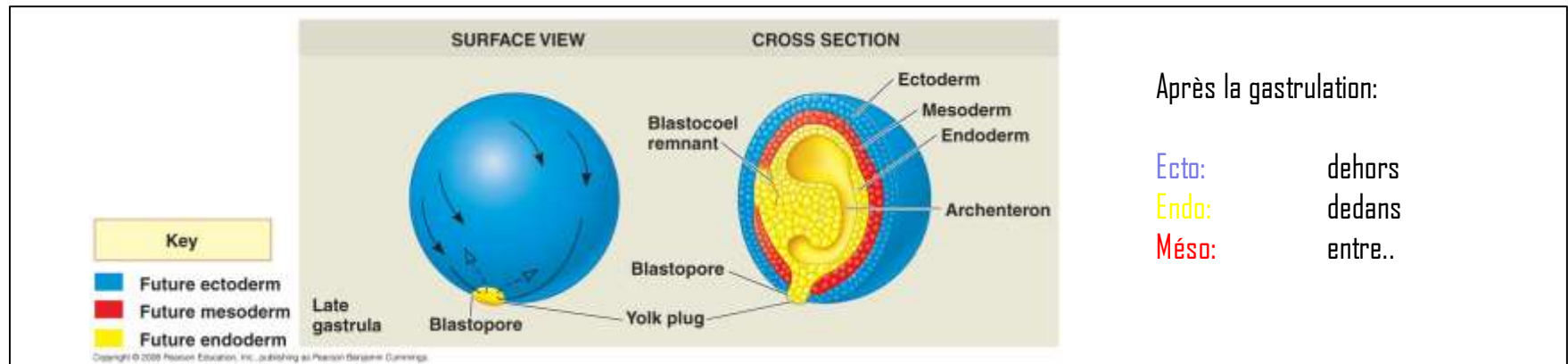
*Le développement est un processus hétérogène, passant par des phases différentes

*1) Phase de production (clivages); 2) phase d'organisation (gastrulation); phase; 3) phase d'organogenèse et de croissance





Derivés des trois 'feuilletés embryonnaires' (code de couleurs universel)



Après la gastrulation:

Ecto: dehors
Endo: dedans
Méso: entre..

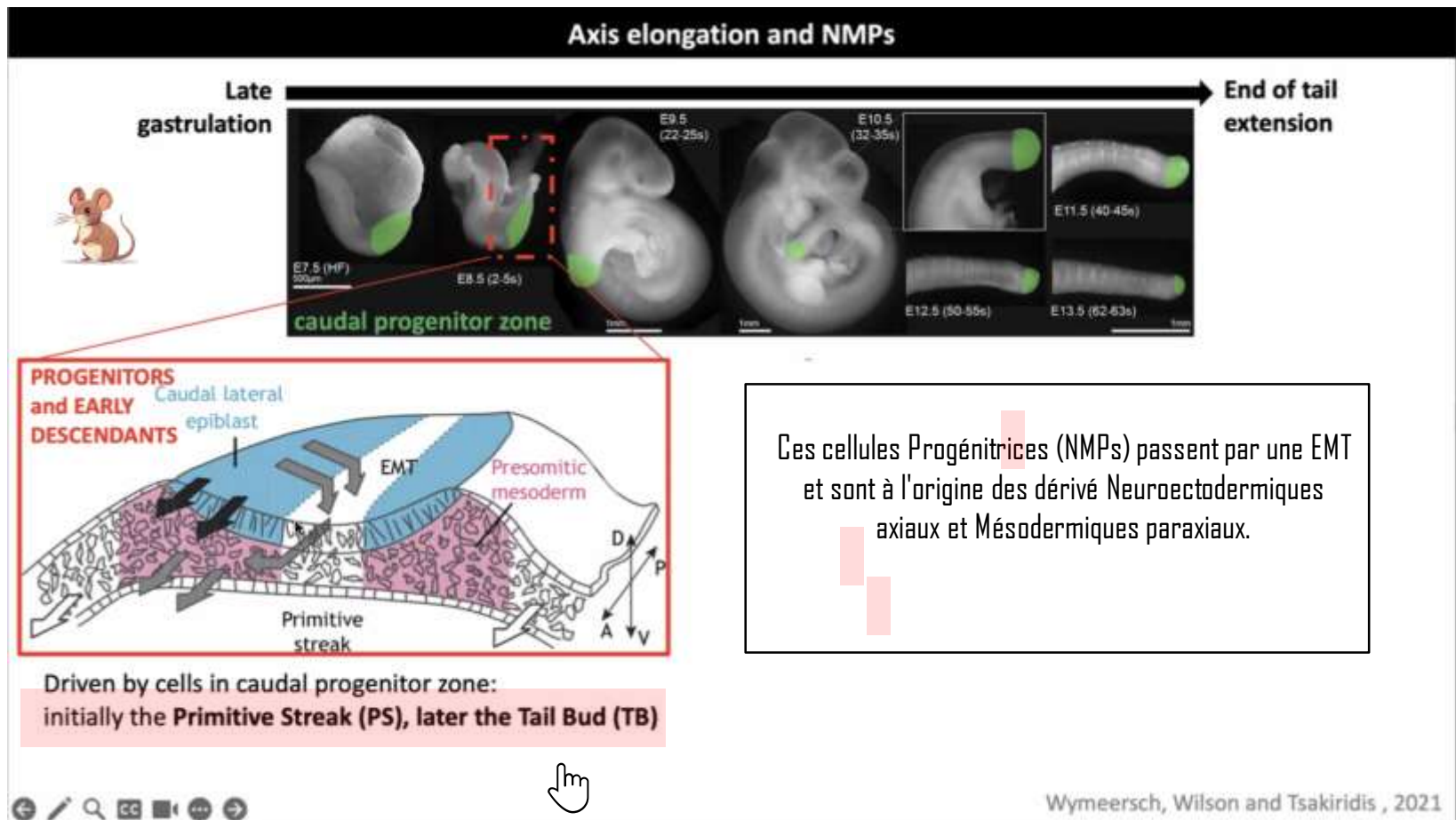
ECTODERM	MESODERM	ENDODERM
• Epidermis of skin and its derivatives (including sweat glands, hair follicles) • Epithelial lining of mouth and anus • Cornea and lens of eye • Nervous system • Sensory receptors in epidermis • Adrenal medulla • Tooth enamel • Epithelium of pineal and pituitary glands	• Notochord • Skeletal system • Muscular system • Muscular layer of stomach and intestine • Excretory system • Circulatory and lymphatic systems • Reproductive system (except germ cells) • Dermis of skin • Lining of body cavity • Adrenal cortex	• Epithelial lining of digestive tract • Epithelial lining of respiratory system • Lining of urethra, urinary bladder, and reproductive system • Liver • Pancreas • Thymus • Thyroid and parathyroid glands

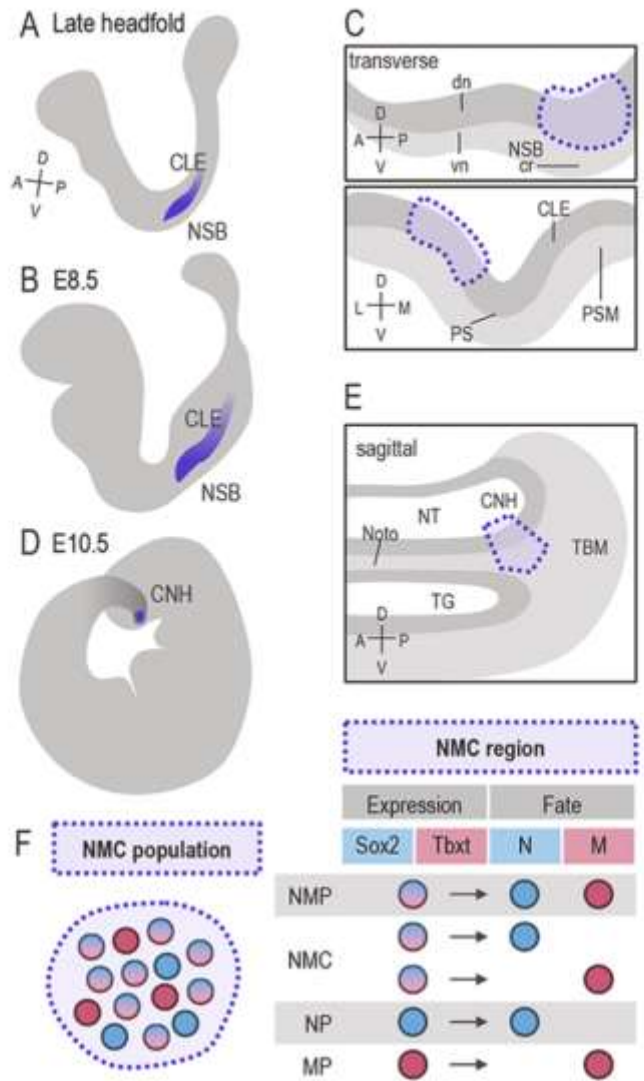
Copyright © 2008 Pearson Education, Inc., publishing as Pearson Benjamin Cummings.

A l'intérieur se trouvent les glandes et le tube digestif (**endo**) entourés par le squelette et les muscles (**meso**) qui sont eux-mêmes entourés et protégés par une couche externe (**ecto**) qui produit également le système nerveux



Transition entre les 'types' de gastrulation, d'abord par ingression le long de la ligne primitive, puis par formation d'un 'bourgeon de queue'. Les cellules progénitrices (NMPs) sont dans la ligne primitive, puis dans le bourgeon.





Transition entre les 'types' de gastrulation, d'abord par ingression le long de la ligne primitive, puis par formation d'un 'bourgeon de queue'. Les cellules progénitrices (NMPs) sont dans la ligne primitive, puis dans le bourgeon.

Territoires de localisation des NMPs ou NMCs (neuromesodermal 'competent cells', légèrement différentes...)

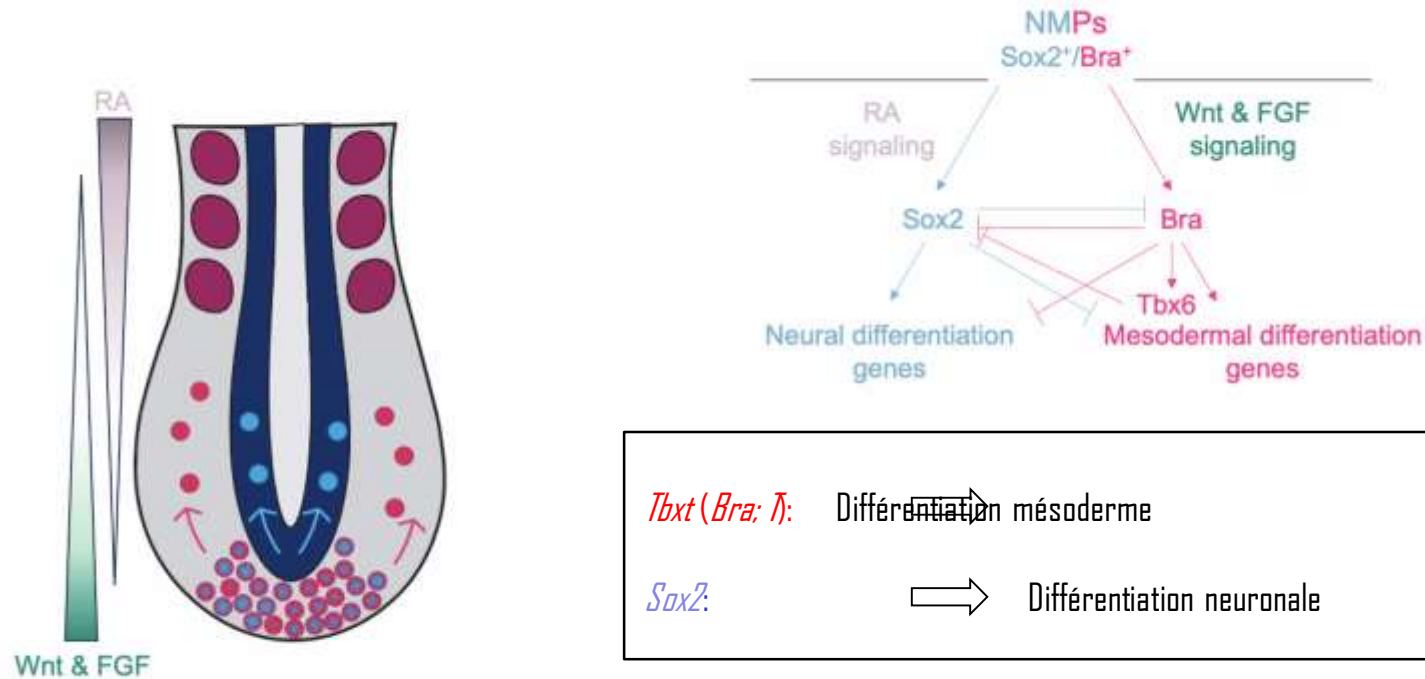
Effets des gènes *Sox2* et *Tbxt* au sein de la population

Within the NMC, more motile cells (*Tbxt*>*Sox2*) will be mesoderm and less motile cells (*Sox2*>*Tbxt*) will be neural.
Bénazeraf et al., 2021, 2024



Dans le 'bourgeon de queue', ces cellules progénitrices (NMPs) sont sous les mêmes influences de signalisation (*Wnt*, *Fgf*, *RA*), mais se divisent donc en deux sous-populations marquées par l'expression de *Tbxt* (*Bra*) et de *Sox2*

Transient bipotent neuromesodermal progenitors give rise to neural and presomitic progeny





Tbxt (*Brachyury*) et *Sox2* vont être à l'origine de la mise en place de deux GRNs conduisant à la fabrication de mésoderme et de tissu neural, respectivement.

L'absence de *Tbxt* va pousser vers la différenciation neurale et le manque de mésoderme va arrêter le processus (queue -tail, *T*-absente ou raccourcie; *Brachyurie*..)

238

C. Martins-Costa, V. Wilson and A. Binagui-Casas

