

L'UNIVERS AVANT LE BIG BANG

- 7 dossiers rédigés par des chercheurs et des experts sur le sujet
- Une lecture adaptée sur écrans

3,99 €



Les *Thema* sont une collection de hors-séries numériques. Chaque numéro contient une sélection des meilleurs articles publiés dans *Pour la Science* sur une thématique.

Dans la collection *Thema* découvrez aussi



**Commandez et téléchargez
les numéros en pdf**



Pour lire votre numéro, rendez-vous dans votre compte client



boutique.pourlascience.fr/tous-les-numeros/thema.html

L'AUTEUR



HERVÉ LE GUYADER
professeur émérite de biologie
évolutive à Sorbonne Université,
à Paris

LES FÉLINS, ROIS DE L'HYBRIDATION

Ligres, tigrons, jaglions, léoguars... Et si ces étranges fauves nés de croisements entre différentes espèces de félins détenaient les clés de la curieuse histoire évolutive de cette famille?

Imposants comme le tigre ou le lion, rapides comme le guépard, discrets comme la panthère des neiges ou familiers comme le chat domestique: la famille des félinés (ou félins) rassemble les carnivores les plus renommés. À l'état naturel, on les trouve sur tous les continents, sauf l'Antarctique et l'Australie. On pourrait penser que l'histoire évolutive d'animaux aussi médiatiques est parfaitement connue des biologistes. Pourtant, il n'en est rien, et plusieurs études récentes ont révélé pourquoi cette histoire est un réel casse-tête.

Si au XIX^e siècle les zoologistes avaient eu bien du mal à classer les félins à partir de leurs caractéristiques anatomiques, on pensait que les phylogénies moléculaires – les constructions d'arbres de parenté fondés sur l'étude des génomes – amèneraient rapidement la solution. C'est ainsi qu'il y a quinze ans, l'équipe de Stephen O'Brien, à l'Institut américain du cancer, à Frederick, dans le Maryland, a publié une phylogénie consensuelle. Huit clades distincts se seraient diversifiés à la fin du Miocène (il y a moins de 11 millions d'années) et auraient étendu leurs territoires à partir d'un centre situé en Eurasie. Toutefois, les auteurs ont exposé leurs résultats avec grandes précautions, expliquant que l'ADN issu des mitochondries (les compartiments qui fournissent de

l'énergie aux cellules), celui des chromosomes sexuels et celui des autres chromosomes donnaient parfois des résultats contradictoires. Des incohérences apparaissaient à certains endroits de l'arbre phylogénétique, dues sans doute à des processus génétiques complexes.

Il est vrai que, depuis longtemps, zoologistes et généticiens s'interrogent sur certaines originalités des félins. Ainsi, le tigre et le lion, bien que reconnus comme des espèces distinctes, sont interfertiles et ont donné naissance, dans des zoos, à des tigrons (hybrides entre une lionne et un tigre) ou des ligres (hybrides entre une tigresse et un lion), eux-mêmes fertiles quand ils sont femelles. La seule barrière de reproduction est la séparation des territoires et la différence de comportement.

D'ÉTRANGES GÉNOMES

Il y a deux ans, une équipe internationale autour de William Murphy, de l'université du Texas, et d'Eduardo Elzirik, de la faculté des sciences de Porto Alegre, au Brésil, a utilisé les génomes nouvellement séquencés de la panthère (ou léopard, *Panthera pardus*) et du jaguar (*P. onca*) pour tenter de comprendre les problèmes évolutifs du clade correspondant au genre *Panthera* et comprenant cinq grands félins: la panthère, le jaguar,



Si les ligres mâles sont stériles, les ligresses sont souvent fertiles.



Hervé Le Guyader
a notamment publié:
**Biodiversité:
le pari de l'espoir,**
(Le Pommier, 2020).

EN CHIFFRES

41

C'est le nombre d'espèces de félinés modernes.

Ce ligre, jeune fauve hybride, est né de l'union d'une tigresse et d'un lion en captivité.

3,6 MÈTRES

Les félins les plus grands sont des ligres : Hercule, un ligre américain, mesure 3,6 mètres et pèse 410 kilogrammes. Le tigre de Sibérie, lui, ne mesure « que » 3,3 mètres pour 300 kilogrammes...

242

Dans les génomes du clade lion + panthère + jaguar, 242 fenêtres de 100 kilobases correspondent à des échanges de gènes lors d'hybridations.



Ligre
Taille: 3 à 3,6 m

De tels hybrides sont rares dans la nature : les différences de comportement et la séparation des territoires suffisent à créer une barrière de reproduction.

le lion (*P. leo*), le tigre (*P. tigris*) et la panthère des neiges (*P. uncia*).

Le séquençage quasi complet de ces cinq génomes (auxquels on ajoute celui du chat domestique pour comparaison) semble être le gage de l'obtention d'une phylogénie fiable. Mais, vu les remarques de l'équipe de Stephen O'Brien à laquelle appartenait William Murphy, les différents arbres ont été construits en utilisant soit les génomes totaux, soit seulement le chromosome X, le chromosome Y ou l'ADN mitochondrial. Comme prévu, des discordances apparaissent entre les phylogénies résultantes. Mais comment savoir quel arbre est le plus proche de la réalité?

Les chercheurs ont utilisé une astuce qui consiste à faire glisser sur les séquences d'ADN une fenêtre de 100 kilobases et de réaliser à chaque fois un arbre. Une même topologie est retrouvée largement majoritaire, tandis que les autres topologies correspondent à des fenêtres situées à des endroits précis des chromosomes. Ainsi, la position du jaguar dans l'arbre peut changer, le couple lion + jaguar remplaçant parfois lion + panthère, signe que de telles régions n'ont pas la même histoire que le reste du chromosome. Il y a donc eu apport secondaire de matériel génétique qui brouille le message.

Les génomiciens ont alors recherché systématiquement de tels motifs et ont mis >

© Lizov Ivan/Shutterstock.com

> en évidence un réseau complexe d'hybridations ancestrales dans le genre *Panthera*, comme celle entre un ancêtre de la panthère des neiges et l'ancêtre du couple lion + panthère (voir l'encadré ci-contre). De tels résultats sont essentiels pour reconstruire la biogéographie des ancêtres car, pour qu'il y ait échange, il faut que les animaux aient vécu sur des territoires proches.

Dans le clade lion + panthère + jaguar, parmi les fenêtres intéressantes, 43 d'entre elles correspondent à des gènes sélectionnés positivement, relatifs à la morphologie, la stature, le cerveau, le développement, la pigmentation et la perception sensorielle, ce qui suggère que des hybridations ancestrales ont pu favoriser la sélection de ces gènes. Chez le jaguar, notamment, les gènes *ESRP1* et *SSTR4* semblent clés. D'une part, ils portent une mutation propre à cet animal et des signes de sélection. D'autre part, ils sont impliqués dans le développement crâniofacial et expliqueraient pourquoi le jaguar est caractérisé par une tête massive et une mâchoire extraordinairement puissante : à la fin du Pléistocène, avec l'extinction de ses proies habituelles – de grands mammifères –, le fauve a dû se rabattre sur des reptiles coriaces comme les caïmans ou les tortues d'eau douce. Ce changement de régime aurait sélectionné des variants des gènes facilitant le broyage des nouvelles proies. Et une hybridation concomitante aurait favorisé le processus.

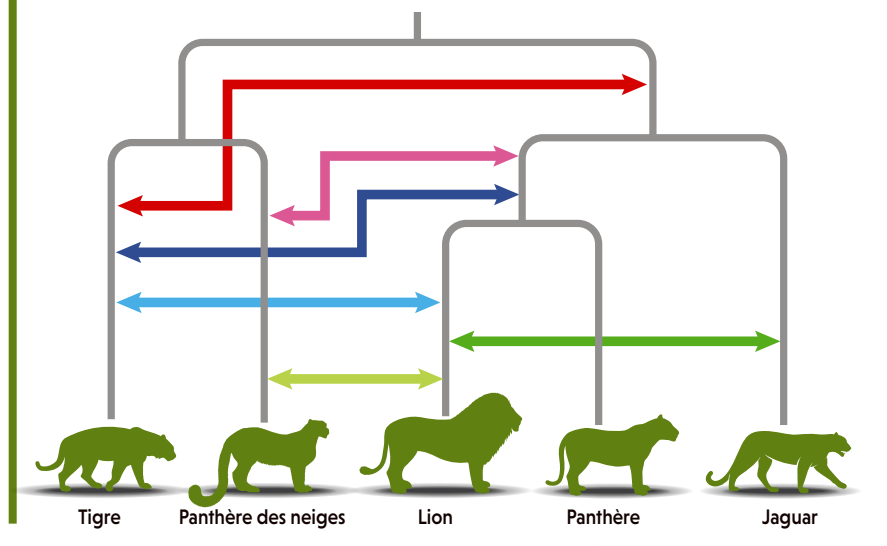
VERS UNE HISTOIRE PLUS COHÉRENTE DES FÉLIDÉS

En 2019, l'équipe de William Murphy a appliqué à l'ensemble des félinidés la démarche mise au point lors de l'étude du genre *Panthera*. L'idée forte de ce travail a consisté à séparer de façon systématique les séquences suivant leurs taux de recombinaison. Les régions à taux élevé, c'est-à-dire là où majoritairement on trouve des apports de gènes par hybridation, ont donné des phylogénies à histoires évolutives distordues. *A contrario*, les régions à bas taux ont permis de reconstruire des arbres cohérents dont les branchements présentaient des dates en accord avec les données paléontologiques, alors que l'équipe de Stephen O'Brien avait obtenu des discordances.

Les félinidés se structurent toujours en huit clades, chacun étant caractérisé par un animal emblématique – le chat domestique (*Felis silvestris catus*), le chat-léopard (*Prionailurus bengalensis*), le puma (*Puma concolor*), le lynx boréal (*Lynx lynx*), l'ocelot (*Leopardus pardalis*), le chat

UN ARBRE TRÈS ENTRECROISÉ

En 2017, une équipe internationale a construit un arbre phylogénétique des cinq espèces de grands félins, qui prenait en compte les traces d'hybridation détectées dans leurs génomes. Outre le fait que ce nouvel arbre diffère du précédent, qui rassemblait lions et jaguars, il témoigne de nombreuses hybridations (flèches) entre cousins pas toujours proches, comme un ancêtre de la panthère des neiges et l'ancêtre du couple lion + panthère (flèche rose).



de Temminck (*Catopuma temminckii*), le caracal (*Caracal caracal*) et la panthère (*Panthera pardus*).

La mise en évidence des flux de gènes intraclades a résolu plusieurs discordances phylogéographiques, comme celle des lynx pardelle et boréal. D'après les dates précédemment obtenues, ces animaux se seraient hybridés alors qu'ils vivaient sur des territoires séparés, ce qui n'est plus le cas avec les nouvelles dates. Les génomiciens ont par ailleurs mis en évidence des hybridations interclades, et même entre ancêtres de ces clades. La prise en compte de tous ces artefacts entraîne que la plupart des diversifications des clades sont maintenant plus récentes que dans l'arbre de Stephen O'Brien, tandis que les branchements les plus profonds sont devenus plus anciens. Ainsi, le clade du chat domestique se diversifie à 3,5 millions d'années au lieu de 5 millions. En revanche, l'ancêtre des félinidés est maintenant daté à 14,5 millions d'années, au lieu des 11 millions d'années inférées précédemment.

Ainsi, les systématiciens ont désormais tous les outils pour reconstruire l'histoire des félinidés avec une précision insoupçonnée il y a encore une dizaine d'années. Quant aux ligres et tigrons, ils ne sont finalement que des exemples actuels de l'étonnante capacité des félins à s'interféconder, qui a sans doute plusieurs fois contribué à leur survie... ■

BIBLIOGRAPHIE

G. Li et al., **Recombination-aware phylogenomics reveals the structured genomic landscape of hybridizing cat species**, *Mol. Biol. Evol.*, vol. 36(10), pp. 2111-2126, 2019.

H. V. Figueiró et al., **Genome-wide signatures of complex introgression and adaptive evolution in the big cats**, *Sci. Adv.*, vol. 3, e1700299, 2017.

W. E. Johnson et al., **The late Miocene radiation of modern Felidae : A genetic assessment**, *Science*, vol. 311, pp. 73-77, 2006.

3 FORMULES AU CHOIX



À renvoyer accompagné de votre règlement à :

PAG20STD



OUI, je m'abonne
pour 1 an à **POUR LA SCIENCE**

FORMULE
PAPIER

- 12 n° du magazine papier

59€
Au lieu de

Ad lieu de
~~82,80€~~

01A59E



FORMULE **PAPIER**
+ **HORS SÉRIE**

- 12 n° du magazine papier
- 4 Hors-série papier

79€

Au lieu de
114 ~~40€~~

P1A79E



FORMULE INTÉGRALE

- 12 n° du magazine (papier et numérique)
- 4 Hors-série (papier et numérique)
- Accès illimité aux contenus en ligne

996

99€
Au lieu de
~~174,40€~~

11A99E

☐ M. ☐ Mme

Nom: Prénom:

Adresse:

Code postal | | | | | Ville:

Téléphone

Email: (indispensable pour la formule intégrale)

.....@

J'accepte de recevoir les offres de Pour la Science ☐ OUI ☐ NON

☐ Par chèque à l'ordre de Pour la Science☐ Carte bancaire

Nº

Date d'expiration Clé (Les 3 chiffres au dos de votre CB)

Signature obligatoire:

* Réduction par rapport au prix de vente en kiosque et l'accès aux archives numériques. Durée d'abonnement : 1 an. Délai de livraison : dans le mois suivant l'enregistrement de votre règlement. Offre valable jusqu'au 31/03/2021 en France métropolitaine uniquement. Pour un abonnement à l'étranger, merci de consulter notre site <https://boutique.pourlascience.fr>. Photos non contractuelles.

Les informations que nous collectons dans ce bulletin d'abonnement nous aident à personnaliser et à améliorer les services que nous vous proposons. Nous les utiliserons pour gérer votre accès à l'intégralité de nos services, traiter vos commandes et paiements, et vous faire part notamment par newsletters de nos offres commerciales moyennant le respect de vos choix en la matière. Le responsable du traitement est la société *Pour la Science*. Vos données personnelles ne seront pas conservées au-delà de la durée nécessaire à la finalité de leur traitement. *Pour la Science* ne commercialise ni ne loue vos données à caractère personnel à des tiers. Les données collectées sont exclusivement destinées à *Pour la Science*. Nous vous invitons à prendre connaissance de notre charte de protection des données personnelles à l'adresse suivante : <https://lebrand.fr/charte-donnees-pls>. Conformément à la réglementation applicable (et notamment au Règlement 2016/679/UE dit « RGPD ») vous disposez des droits d'accès, de rectification, d'opposition, d'effacement, à la portabilité et à la limitation de vos données personnelles. Pour exercer ces droits (ou nous poser toute question concernant le traitement de vos données personnelles), vous pouvez nous contacter par courriel à l'adresse protection-donnees@pourlascience.fr.