

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