

> 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.

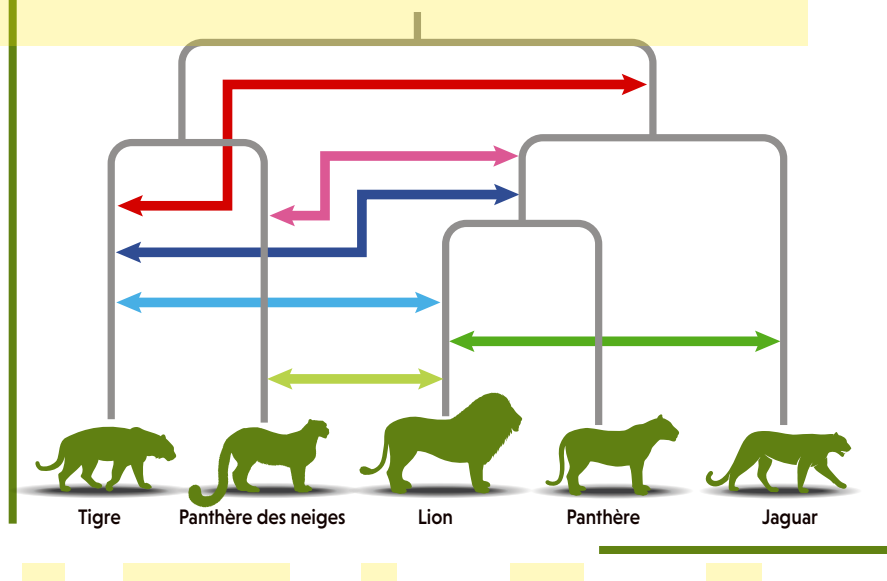
VERS UNE HISTOIRE PLUS COHÉRENTE DES FÉLIDÉS

En 2019, l'équipe de William Murphy a appliqué à l'ensemble des félidés 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 félidés 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 félidés 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 félidés 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.