

EN CHIFFRES :

8 000

Durant son périple en Amazonie, de 1848 à 1859, le naturaliste Henry Bates a collecté plus de 14 700 espèces animales (principalement des insectes), dont 8 000 nouvelles pour la science.

48

Aujourd'hui, 14 millions d'années après la divergence des papillons du genre *Heliconius* à partir de leur ancêtre commun, ce genre compte 48 espèces.

4

Quatre gènes majeurs modulent les motifs colorés des ailes des papillons *Heliconius* : *Optix*, qui active la couleur et l'iridescence, *Aristaless 1*, qui réprime la pigmentation, *Cortex*, qui régule le développement des écailles et *WntA*, dont il est question ici.



Il ne fait sans doute qu'une halte sur cette fleur, car il se nourrit exclusivement du nectar de passiflores.

La larve de ce papillon est une chenille d'environ 1,5 cm au corps blanc constellé d'épines et de points noirs, terminé d'un côté par un postérieur jaune et de l'autre par une tête orange ornée de deux cornes noires.



Heliconius melpomene
(en anglais, *postman butterfly*,
ou « papillon facteur »)
Longueur des ailes antérieures : 35-39 mm

pouvaient appartenir à la même espèce, alors que des papillons qui, au premier abord, présentaient les mêmes motifs de coloration, étaient parfois d'espèces complètement différentes.

HELICONIUS, CHAMPIONS DE L'IMITATION

Par exemple, deux variétés de l'espèce *Heliconius melpomene* n'ont pas les mêmes couleurs sur l'aile antérieure : noire et rouge pour l'une (*H. m. melpomene*), noire, rouge et blanche pour l'autre (*H. m. thelioppe*). Bates pensait qu'il s'agissait d'espèces distinctes, jusqu'à ce qu'il en trouve des hybrides. Il avait aussi constaté que certains papillons aux ailes

similaires appartenaient au même genre, tandis que d'autres étaient de genres totalement différents ! Ainsi, *Heliconius numata* ressemblait à *Mechanitis polymnia* qui ressemblait à son tour à *Dismorphia amphione*. Or les deux premières espèces étaient toxiques et la troisième, comestible. Ce phénomène, appelé « mimétisme », paraissait bien compliqué...

Bates comprit l'intérêt d'une espèce comestible à mimer une espèce toxique : les mêmes colorations d'avertissement trompaient un éventuel prédateur. Depuis, ce mimétisme est dit « batésien ». Il fallut attendre 1878 pour que le naturaliste allemand (vivant au Brésil) Fritz Müller explique pourquoi deux espèces toxiques ont aussi intérêt à se mimer : elles en bénéficient toutes deux, car les prédateurs apprennent alors plus vite à reconnaître une proie toxique et risquent moins de se tromper. C'est le mimétisme « mullérien ».

Dans le genre *Heliconius*, plusieurs espèces adoptent ce dernier. Comme celles-ci sont très proches évolutivement, il est tentant d'y voir un cas de parallélisme. D'autant que ces dix dernières années, différentes équipes ont mis en évidence le rôle majeur de quatre gènes dans la modulation des motifs de coloration des ailes d'*Heliconius*. Peu de gènes, des animaux très proches : on s'attendrait donc que des motifs identiques soient obtenus par les mêmes réseaux génétiques, contrôlés par les mêmes gènes majeurs – un véritable parallélisme. Mais comment vérifier cette assertion ?

Pour résoudre ce problème, une équipe internationale autour d'Owen >

> McMillan et Riccardo Papa, du Smithsonian Tropical Research Institute, au Panama, et d'Arnaud Martin, de l'université George-Washington, aux États-Unis, s'est focalisée sur l'un de ces gènes, *WntA*. Il code une glycoprotéine sécrétée dans l'espace intercellulaire, laquelle active une voie de signalisation de grande importance morphogénétique. En effet, cette voie est conservée chez tous les animaux, où son rôle dépend de la cible qu'elle contrôle. Par exemple, chez la drosophile, où elle a été découverte, elle influe sur la croissance tissulaire, la polarité et la forme.

Pour révéler le rôle de *WntA* dans la modulation des motifs des ailes d'*Heliconius*, les chercheurs ont muté ce gène de façon qu'il ne soit plus exprimé. En 2017, ils ont ainsi appliqué ce procédé à diverses espèces de papillons, dont deux *Heliconius*. Chez toutes les espèces testées, ils ont observé que l'extinction de *WntA* ne supprimait pas les motifs, mais faisait apparaître un nouveau patron coloré, comme si les réseaux génétiques conduisant aux motifs étaient régulés d'une autre manière. Chez une vanesse (*Vanessa cardui*), par exemple, le patron de rayures des ailes était altéré et un nouvel œil apparaissait; chez les deux *Heliconius*, les limites entre les champs noirs et colorés des ailes n'étaient plus au même endroit.

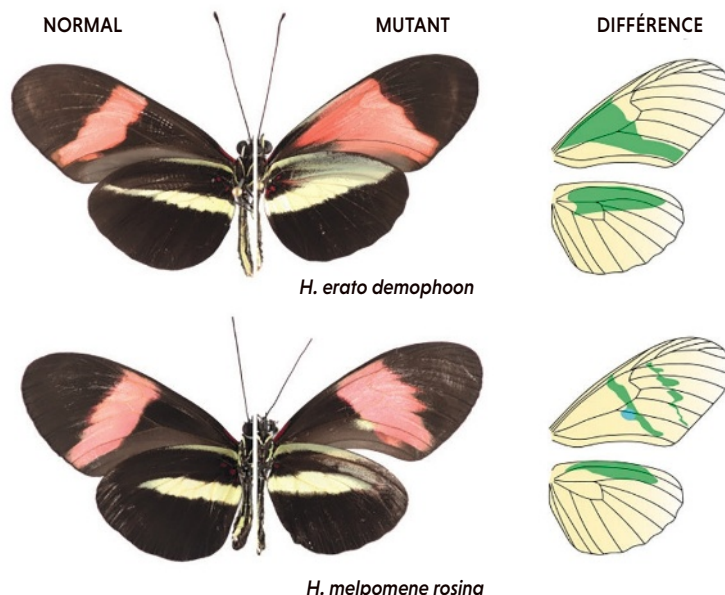
PARALLÉLISME OU CONVERGENCE?

Restait à déterminer si des espèces d'*Heliconius* se mimant mutuellement arrivaient à leur patron commun de la même manière (parallélisme) ou non (convergence). Pour ce faire, en 2019, l'équipe s'est penchée sur plusieurs couples de mimes au sein du genre *Heliconius*. Le gène *WntA* étant hérité de l'ancêtre commun du genre *Heliconius*, deux hypothèses s'affrontaient. La première, celle du parallélisme, repose sur un scénario déterministe: les réseaux et interactions de gènes seraient identiques chez les deux mimes d'un même couple, par évolution parallèle. Par conséquent, éteindre *WntA* devrait révéler les mêmes patrons chez les mimes, signe que *WntA* est prédisposé à conduire à certains patrons.

La seconde hypothèse, celle de la convergence, amène à postuler une flexibilité génétique. L'ancêtre du genre *Heliconius* date de 14 millions d'années, mais les cas de mimétisme ne remontent qu'entre 2,5 et 4,5 millions d'années d'après les arbres phylogénétiques construits à partir de l'analyse génomique

MÊMES MOTIFS, DIFFÉRENTS MÉCANISMES

Heliconius *erato demophon* et *Heliconius melpomene rosina* sont difficiles à distinguer tant leurs ailes se ressemblent (ailes de gauche). Pourtant, quand on éteint le gène *WntA*, lequel contrôle les limites entre zones noires et colorées des ailes, ces papillons présentent des motifs différents (ailes de droite). En d'autres termes, les mécanismes que *WntA* contrôle diffèrent chez ces deux lépidoptères : des mécanismes distincts conduisent aux mêmes motifs. Étonnant ? Peut-être pas tant que cela, car bien que ces papillons soient du même genre, leurs lignées ont divergé il y a plus de 10 millions d'années.



de papillons *Heliconius*. Dans les diverses lignées autonomes depuis 14 millions d'années, les réseaux de gènes responsables des patrons colorés des ailes auraient eu le temps de largement diverger, et les régulations sous contrôle de *WntA* se seraient mises en place de manière différente. Dans ce cas, l'extinction de *WntA* démasquerait des patrons différents chez les mimes...

C'est ce qu'ont montré les expériences (voir l'encadré ci-dessus). Ainsi, contre toute attente, bien que les espèces soient proches, on a ici un phénomène de convergence. L'évolution du mimétisme chez *Heliconius* correspond donc à un jeu mystérieux entre une flexibilité des réseaux de gènes et un certain déterminisme de la fonction de quelques gènes majeurs comme *WntA*, puisque les voies de signalisation qu'ils activent fonctionnent de la même façon d'une espèce à l'autre. Ce jeu ouvre de manière inattendue un vaste champ des possibles pour les réseaux de gènes et l'évolution en général. Et la combinatoire qu'il permet chez des animaux si proches interroge sur la frontière entre convergence et parallélisme. Voir sur l'existence du parallélisme... ■

BIBLIOGRAPHIE

C. Concha et al., **Interplay between developmental flexibility and determinism in the evolution of mimetic *Heliconius* wing patterns**, *Current Biology*, vol 29, pp. 3996-4009, 2019.

A. Mazo-Vargas et al., **Macroevolutionary shifts of *WntA* function potentiate butterfly wing-pattern diversity**, *PNAS*, vol. 114(40), pp. 10 701-10 706, 2017.

A. Martin et al., **Diversification of complex butterfly wing patterns by repeated regulatory evolution of a *Wnt* ligand**, *PNAS*, vol. 109(31), pp. 12 632-12 637, 2012.