

Lors d'expériences, les chercheurs ont constaté qu'un rat-taupe nu répondait beaucoup plus souvent à un *soft chirp* émis par un individu de sa colonie plutôt que venant d'un autre groupe. Le rongeur reconnaît-il la voix de l'individu ou des sonorités caractéristiques de sa colonie? Pour le savoir, les chercheurs ont identifié parmi les signaux enregistrés des éléments spécifiques de chaque colonie. Ils ont ensuite créé un cri artificiel reproduisant ces éléments sans imiter le *chirp* d'un individu en particulier. Résultat : les rats-taupes nus de la colonie correspondante y répondaient davantage. Cette reconnaissance du groupe serait un outil essentiel pour ces animaux qui ne tolèrent pas la présence d'étrangers dans leur colonie.

L'équipe de recherche a aussi voulu savoir si le dialecte chez le rat-taupe nu était acquis et ainsi transmis de génération en génération. Ils ont placé des bébés orphelins dans d'autres colonies que celle où ils sont nés. Au bout de six mois, ces petits ont adopté le patois local.

Alison Barker et ses collègues ont aussi fait une découverte étonnante sur le rôle de la reine dans le maintien du dialecte de son groupe. En laboratoire, dans une colonie particulière, deux reines sont mortes successivement de façon rapprochée. Les chercheurs ont alors constaté que, pendant la période d'«anarchie» faisant suite au décès royal, les individus ne respectaient plus aussi bien l'idiome local : la variabilité individuelle de certaines de ses caractéristiques a augmenté. D'ailleurs, le logiciel de reconnaissance des cris n'était plus aussi efficace dans ces périodes d'instabilité, où l'on assiste à des départs de la colonie et à des combats entre individus pour accéder au statut de reproducteur.

La cohésion de la colonie est restaurée avec l'établissement d'une nouvelle reine, et le dialecte se stabilise aussi. Par quel mécanisme? Les émissions sonores de la reine servent-elles à recalibrer en permanence le patois de sa colonie? Et lorsqu'une nouvelle colonie se crée, comment un «nouveau parler» se met-il en place? Les travaux d'Alison Barker et de son équipe ont ouvert un vaste champ de questions à explorer. ■

SEAN BAILLY

A. J. Barker *et al.*, *Science*, vol. 371, pp. 503-506, 2021

De l'ADN très ancien de mammouth séquencé

En datant et en séquençant de l'ADN de mammouth vieux de plus de 1 million d'années, l'équipe de Love Dalén, du Centre de paléogénétique de l'université de Stockholm et du Muséum de cette ville, a révélé une ancienne lignée de ces animaux. Le paléogénéticien Régis Debruyne explique ce que ces travaux nous apprennent.

Propos recueillis par FRANÇOIS SAVATIER



RÉGIS DEBRUYNE
paléontologue
au Muséum national
d'histoire naturelle,
à Paris

Le séquençage d'ADN passe la barre du million d'années : comment est-ce possible ?

Parce que les trois génomes partiellement lus se trouvaient dans des dents provenant du sol gelé sibérien. La dégradation de l'ADN y est assez lente ; il n'est donc pas très étonnant qu'un séquençage reste possible, même après plus de 1 million d'années. La vraie limite est ailleurs : comme il n'existe sur Terre aucun pergélisol âgé de plus de 2,5 millions d'années, nous pourrions difficilement séquençer de l'ADN plus ancien. En fait, ce qui est vraiment novateur dans le travail de l'équipe de Love Dalén, ce sont les datations des trois dents de mammouths.

Comment ont-elles été réalisées ?

Le dégel perturbe la structure du pergélisol, ce qui empêche la datation stratigraphique. Par chance, ces dents étaient associées à des faunes datables. Cela a permis d'estimer que le spécimen nommé Chukochya est vieux de 0,5 à 0,8 million d'années, tandis que l'âge des spécimens Adycha et Krestovka est compris entre 1 et 1,2 million d'années.

En quoi ces dates sont-elles intéressantes ?

Au Pléistocène supérieur, donc il y a moins de 126 000 ans, il n'existait plus que deux espèces de mammouths : les mammouths laineux et, en Amérique seulement, les mammouths de Colomb. Or – et c'est la première trouvaille de l'équipe de Love Dalén –, si Chukochya et Adycha sont des prédécesseurs des mammouths laineux, Krestovka est d'une autre lignée. Cela illustre qu'une plus grande diversité existait chez les mammouths il y a 800 000 ans que ce n'était le cas il y a quelques milliers d'années, lorsque les derniers

mammouths laineux ont disparu dans le nord de la Sibérie.

Comment les chercheurs ont-ils décelé cette nouvelle lignée ?

Dans les échantillons tirés des dents, l'équipe de Love Dalén a obtenu seulement de l'ordre de 1 % du génome de Krestovka, le plus ancien, et un peu plus de celui d'Adycha et de Chukochya. Après analyse bio-informatique, le peu d'identité génétique représentée par les millions de paires de nucléotides correspondants a suffi pour conclure que le génome de Krestovka est très distinct de la trentaine de génomes nucléaires partiels de mammouth connus.

Quelle est la seconde trouvaille de l'équipe de Love Dalén ?

C'est le fait que la moitié des variants génétiques de Krestovka ressemblent à ceux du mammouth laineux et l'autre moitié à ceux du mammouth de Colomb, ce qui indique un métissage. L'équipe de Love Dalén en conclut que nous aurions un cas de spéciation hybride, c'est-à-dire d'obtention d'une nouvelle espèce par mélange de deux... Cette conclusion me paraît prématurée, car bien des trajectoires évolutives peuvent conduire à un même mélange.

Menez-vous au Muséum des recherches comparables ?

Nous avons aussi des fossiles de mammouth contenant de l'ADN. Toutefois, plutôt que de travailler à obtenir des génomes entiers comme l'équipe de Love Dalén – qui va sûrement continuer à séquençer de l'ADN de Krestovka –, nous avons déterminé des séquences du génome traduisant les adaptations qui, à partir d'éléphants, ont produit les mammouths et nous les avons rassemblées pour une centaine de spécimens. Leur comparaison, dont nous préparons la publication, fournira un aperçu d'ensemble de l'évolution des mammouths. ■

C. M. Duarte *et al.*, *Science*, vol. 371, article eaba4658, 2021