

Résultat: l'hypothèse géographique est privilégiée (voir l'encadré ci-contre). À partir d'un ancêtre vivant en Eurasie, la première spéciation, il y a 35 millions d'années, a donné naissance à la licorne de Sibérie, qui a peuplé une grande partie ouest de la Russie. Puis entre 16 et 15 millions d'années, à la fin du Miocène inférieur, au moment d'un optimum climatique très marqué (entre 17 et 14 millions d'années, la température était supérieure de 3 à 4°C à aujourd'hui), une diversification massive a porté deux espèces dans la partie sud de l'Afrique, tandis que les autres restaient en Eurasie. La paléontologie a finement documenté cette période, où nombre d'animaux – giraffidés, suidés (phacochères...), viverridés (civettes...) – ont immigré en Afrique, tandis que d'autres – singes, éléphants – émigraient vers l'Eurasie. Les rhinocéros laineux et de Merck ont alors envahi l'ensemble du continent, tandis que l'Asie du Sud-Est était le siège d'un peuplement spécifique dont a émergé une branche à une corne.

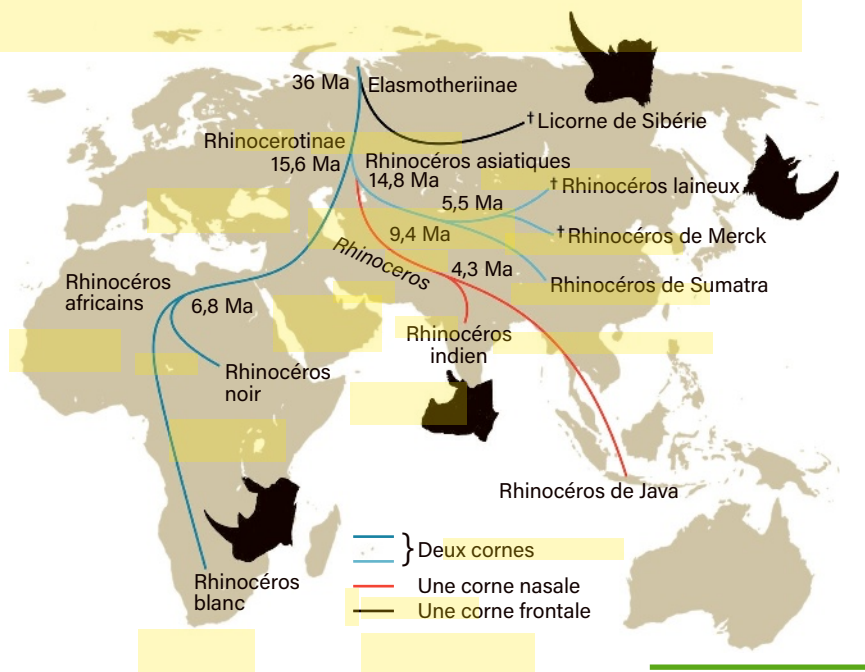
Cette phylogénie explique pourquoi il était si difficile auparavant de situer le rhinocéros de Sumatra. Il se trouve isolé si on n'inclut pas les animaux fossiles, or une telle situation peut donner lieu à des artefacts de reconstruction phylogénétique. De plus, une analyse fine des génomes a mis en évidence un flux de gènes entre espèces dû à des hybridations. On comprend alors que des phylogénies construites à partir de portions de génomes aient donné des arbres différents.

LA CONSANGUINITÉ N'EXPLIQUE PAS TOUT

Cerise sur le gâteau, comme souvent, le séquençage des génomes entiers a révélé des informations inattendues. D'abord, il a fourni une base pour évaluer la diversité génétique des rhinocéros éteints et actuels. Depuis longtemps, les généticiens constatent que la diversité génétique des rhinocéros actuels est bien basse, ce qui a été mis sur le compte de l'érosion des populations, qui aurait débouché sur une consanguinité importante. Mais les nouveaux résultats suggèrent que dès les espèces éteintes, la diversité génétique était faible dans la famille des rhinocéros comparée à d'autres herbivores et à plusieurs mammifères carnivores. Or, les populations d'herbivores étant plus importantes que celles des carnivores, on s'attend à une diversité génétique bien supérieure chez

L'HISTOIRE DES RHINOCÉROS

L'étude des génomes entiers des cinq espèces actuelles et de trois espèces éteintes de rhinocéros a permis de reconstruire l'histoire de cette famille. La licorne de Sibérie a une place à part, car elle est apparue isolée il y a environ 35 millions d'années (Ma). Puis trois clades majeurs ont émergé : il y a 15 millions d'années est apparu un clade comprenant les deux rhinocéros africains, comme groupe frère de tous les autres animaux d'Eurasie. Ces derniers se sont ensuite très vite partagés en deux nouveaux clades, le premier avec les espèces indienne et de Java du genre *Rhinoceros* (en rouge) et le deuxième avec le rhinocéros de Sumatra accompagné des deux autres espèces fossiles, les rhinocéros laineux et de Merck.



les premiers que chez les seconds. Ce résultat étonnant est important en biologie de la conservation, car il montre que le récent déclin des populations de rhinocéros a eu moins d'impact sur les aspects génétiques qu'on ne le pensait.

Ensuite, ô surprise, le séquençage des génomes a fourni l'explication d'une curiosité des rhinocéros, leur très mauvaise vue. En effet, l'analyse des génomes a mis en évidence des mutations du gène *IFT43*. Or la protéine que ce gène produit participe au transport intracellulaire de protéines le long des flagelles et des cils cellulaires. Quel rapport? Les cellules en cônes ou en bâtonnets de la rétine fonctionnent grâce à l'accumulation d'opsines – des protéines photoréceptrices – dans une partie ciliée. Mais ces dernières ne jouent leur rôle que si elles se lient à un chromophore, le rétinol, une forme de la vitamine A. Or sans transport fonctionnel le long des cils, le rétinol ne rejoint pas les opsines. Les déficiences de la protéine IFT43 des rhinocéros seraient vraisemblablement l'une des causes de leur déplorable vue. ■

BIBLIOGRAPHIE

S. Liu et al., **Ancient and modern genomes unravel the evolutionary history of the rhinoceros family**, *Cell*, 2021.

P.-O. Antoine et al., **A new rhinoceros clade from the Pleistocene of Asia sheds light on mammal dispersals to the Philippines**, *Zool. J. Linn. Soc.*, 2022 (en ligne le 22 mai 2021).

A. Margaryan et al., **Recent mitochondrial lineage extinction in the critically endangered Javan rhinoceros**, *Zool. J. Linn. Soc.*, 2020.