

Activité 11 – Notion d'espèce et séquençage d'ADN

La notion d'espèce a été discutée bien avant la découverte du rôle de l'ADN dans l'hérédité. Mais aujourd'hui, le séquençage de l'ADN fournit des outils pour identifier de nouvelles espèces.

Problème – Comment le séquençage de l'ADN permet-il d'étudier les espèces ?

C1 - Pratiquer des démarches scientifiques	Interpréter des résultats et en tirer des conclusions.
C3 - Utiliser des outils et mobiliser des méthodes pour apprendre	Recenser, extraire, organiser et exploiter des informations à partir de documents, à des fins de connaissance et pas seulement d'information.

Définir une espèce n'est pas si simple ! La délimitation des espèces a longtemps reposé sur des similitudes de caractères morphologiques. Ernst Mayr, en 1942, propose une définition biologique de l'espèce introduisant le critère d'interfécondité : des espèces sont des groupes d'individus isolés reproductivement les uns des autres. Les techniques de génétique moléculaire permettent aujourd'hui d'étudier la proximité génétique des individus (définition génétique de l'espèce), ou de leur attribuer un ancêtre commun (concept phylogénétique). Finalement, c'est la combinaison de plusieurs approches qui permet de délimiter les espèces.



b Deux individus d'espèces différentes : Aigle pêcheur d'Afrique (en haut) et Pygargue à tête blanche (en bas)

1-Quelles sont les limites au concept d' « espèces » ?

Le code-barres moléculaire, ou DNA barcoding, est une technique consistant à caractériser un spécimen en séquençant un **gène indicateur** qui possède les caractéristiques suivantes :

- il doit être présent en de nombreuses copies dans les cellules, ce qui facilite le séquençage.
- il doit évoluer de manière rapide de manière à ce que des différences de séquences existent entre les différentes espèces.

Le choix du gène indicateur dépend du groupe auquel appartient le spécimen. S'il s'agit d'un animal (métazoaire),

on prend souvent le gène *COX1*, présent dans l'ADN mitochondrial et qui code une enzyme (cytochrome oxydase 1). La séquence d'ADN du spécimen à caractériser est ensuite replacée dans un arbre phylogénétique construit par comparaison des séquences de ce même gène indicateur pour les différentes espèces connues (ces dernières sont stockées dans les bases de données librement accessibles à la communauté scientifique). Il est alors possible de rattacher le spécimen à une espèce connue ou bien de démontrer qu'il s'agit d'une espèce nouvelle pour la science.



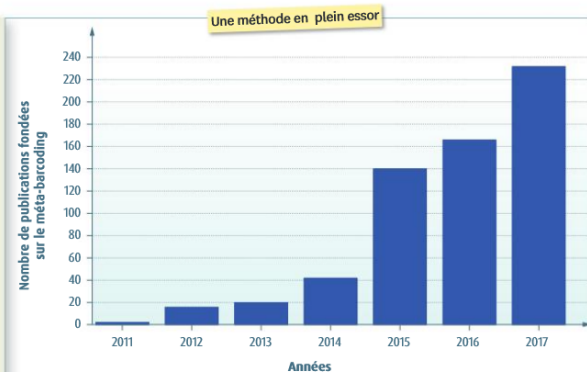
1 Le code-barres moléculaire (« DNA barcoding »).

Avantages

- Coûts réduits
- N'implique le prélèvement de spécimens (méthode non-invasive)

Inconvénients

- On ne sait pas si une espèce détectée est encore présente dans le milieu (son ADN peut « subsister plus longtemps qu'elle »)
- On ne sait rien des populations des espèces détectées (effectifs, localisation)
- On ne peut pas exclure que certains groupes d'ADN correspondent à plusieurs populations d'une même espèce et non à plusieurs espèces



2 Le code-barres moléculaire appliqué à l'ADN environnemental (« DNA méta-barcoding »). Dans le DNA méta-barcoding, on n'utilise plus d'ADN prélevé sur des échantillons vivants, mais l'ADN directement prélevé dans l'environnement (le sol le plus souvent).

2-Montrez comment l'étude de l'ADN peut contribuer à la découverte de nouvelles espèces malgré certaines limites.

THEME I – Génétique et évolution / Chapitre 3 - L'inéluctable évolution des génomes au sein des populations
Activité 10, Partie II - Ours polaire et Grizzly : 2 espèces différentes ou 2 populations d'une même espèce ?

3-Expliquez ce qu'a apporté les études modernes du séquençage d'ADN pour caractériser l'espèce dans le cas de l'exemple des ours polaires et des grizzlis.

Jusqu'au début des années 2000, on distinguait deux espèces d'éléphants, sur la base de nombreux critères, morphologiques et géographiques : l'éléphant d'Asie et l'éléphant d'Afrique. En Afrique, les éléphants de forêt et les éléphants de savanes étaient alors considérés comme deux populations de la même espèce, coexistant, se fréquentant peu mais pouvant *a priori* s'accoupler.

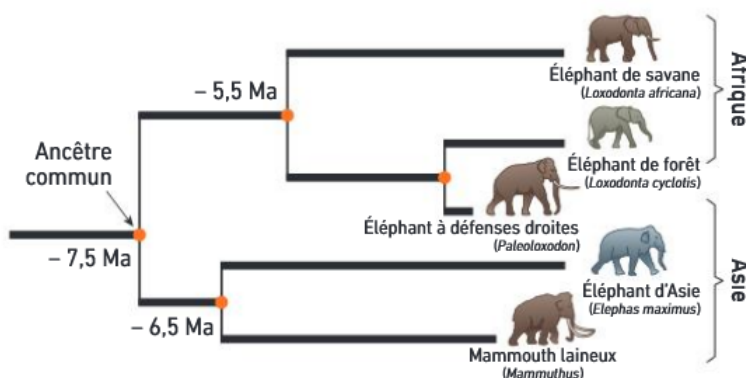


Les **éléphants de forêt (A)** sont plus trapus que les **éléphants de savane (B)** et leurs défenses plus longues. Ils sont plus rares et se reproduisent moins (les femelles ne sont fertiles que vers 20 à 25 ans et le temps entre deux gestations est de 5 à 6 ans).

Entre 2010 et 2018, plusieurs équipes de chercheurs ont analysé l'ADN des éléphantidés actuels et d'éléphantidés aujourd'hui disparus (le mammouth laineux et l'éléphant à défenses droites). Quatorze génomes ont ainsi été séquencés et analysés et ont permis de reconstituer un arbre phylogénétique* (C). Alors que des phénomènes d'hybridation sont souvent observés entre espèces apparentées, les chercheurs n'ont trouvé aucune

trace d'hybridation entre les génomes appartenant aux éléphants de forêt et ceux de savane.

Il n'y a plus de doute : l'éléphant de savane (*Loxodonta africana*) et l'éléphant de forêt (*Loxodonta cyclotis*), bien que vivant dans des milieux géographiquement proches, n'échangent plus de gènes depuis au moins 500 000 ans : ils doivent être considérés comme deux espèces distinctes.



C Arbre phylogénétique établi par analyse d'ADN de différentes espèces d'éléphantidés.

Le principe de construction d'un arbre phylogénétique

- À partir de l'analyse de séquences d'ADN, les chercheurs établissent le pourcentage de similitudes entre les génomes. Logiquement, on considère que plus deux espèces partagent des similitudes, plus elles ont un ancêtre commun récent.
- À partir de différentes données (datation des fossiles, estimation du taux de mutations), on peut dater approximativement la divergence des lignées.

4-Montrez que le critère d'interfécondité utilisé pour définir l'espèce a ses limites, avec cet exemple.

5-Donnez les arguments permettant d'affirmer qu'il existe bien 2 espèces d'éléphants africains.

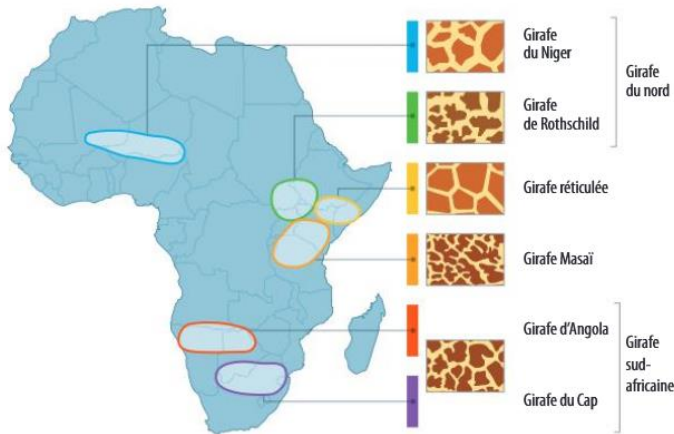
THEME I – Génétique et évolution / Chapitre 3 - L'inéluctable évolution des génomes au sein des populations



Présente sur l'ensemble du continent africain, la girafe fait l'objet d'une attention particulière. En effet, ses effectifs ont diminué de 40 % entre 1985 et 2015. Les girafes ont longtemps été considérées comme appartenant à une seule espèce, divisée elle-même en 9 sous-espèces. Une étude récente indique cependant qu'il y aurait en réalité 4 espèces de girafe.

Nom latin	Nom commun	Habitat	Nombre d'individus
<i>G. c. peralta</i>	Girafe du Niger	Niger	400
<i>G. c. antiquorum</i>	Girafe de Kordofan	Afrique centrale et de l'Est	2 000
<i>G. c. camelopardalis</i>	Girafe de Nubie	Soudan du Sud, Éthiopie	650
<i>G. c. reticulata</i>	Girafe réticulée	Kenya, Ethiopie, Somalie	8 660
<i>G. c. rothschildi</i>	Girafe de Rothschild	Uganda, Kenya	1 500
<i>G. c. tippelskirchi</i>	Girafe Masaï	Kenya, Tanzanie	32 000
<i>G. c. thornicrofti</i>	Girafe de Thornicroft	Zambie	550
<i>G. c. angolensis</i>	Girafe d'Angola	Botswana, Namibie	13 000
<i>G. c. giraffa</i>	Girafe du Cap	Botswana, Afrique du Sud, Zambie, Zimbabwe	31 500

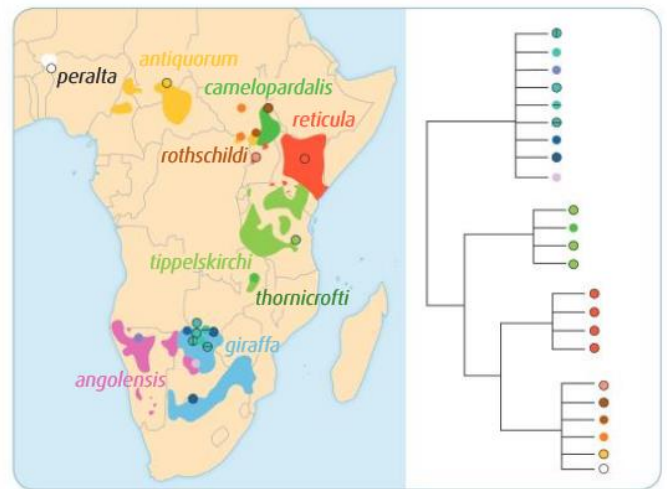
▲ 1. Sous-espèces de girafe, distribution géographique et taille des populations. *G. c.* : *Giraffa camelopardalis*.



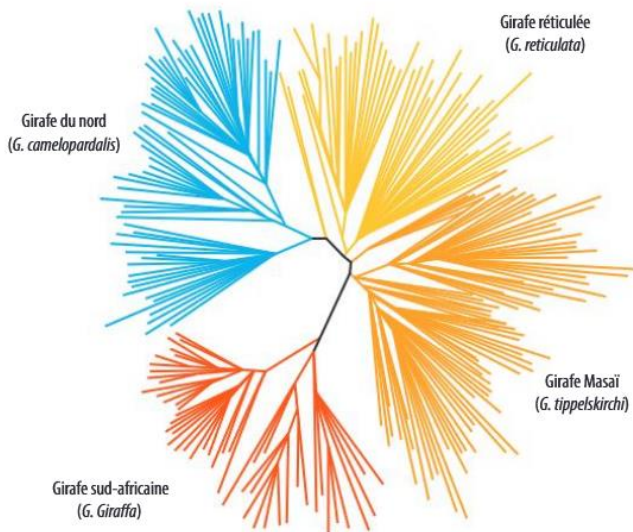
a Aires de répartition géographique et aspects des pelages de différentes populations de Girafes

Même pour les populations voisines sans obstacle géographique entre elles, les Girafes ne se reproduisent pas ou très peu entre populations distinctes.

Source : D. Brown, BMC Biology (2007)



▲ 2. Localisation et arbre de parenté simplifié des 9 sous-espèces de girafe. Chaque sous-espèce est représentée par une couleur. L'arbre de parenté est fondé sur l'analyse de 7 gènes. Chaque rond représente un individu issu de la population indiquée sur la carte.



b Relations phylogénétiques entre différentes populations de Girafes, obtenues à partir de séquençage d'ADN mitochondrial et de petites séquences d'ADN nucléaire

Les résultats ont des implications pour la conservation : toutes les espèces de Girafes doivent être protégées, avec une attention particulière accordée aux Girafes du nord et réticulée, chacune de ces espèces comptant moins de 10 000 individus.

Source : J. Fennessy, Current Biology (2016)

- 6-Justifiez l'existence de 4 espèces de girafes.
- 7-Déterminez quelle espèce de girafe nécessite un effort de protection particulier.

Aide

- Pour chaque espèce, analysez les effectifs des populations et la continuité de l'aire de répartition des différentes populations.