



**ATTENTION
HORAIRE AVANCÉ !**



Vendredi 23 octobre 2015, 10:30

Grande salle de réunion

HISTOIRE ÉVOLUTIVE DE RONGEURS HOLARCTIQUES : APPROCHES MICRO ET MACROÉVOLUTIVES

par

Julie Pisano, Thèse CBGP

- La biodiversité n'est pas stable dans le temps et l'espace. Elle évolue en réponse à différents facteurs. À l'échelle macroévolutive, les moteurs de diversité sont essentiellement les changements tectoniques majeurs, climatiques globaux et environnementaux. Ils sont connus pour avoir façonné les patrons évolutifs de groupes d'espèces sur de grandes échelles spatiales et temporelles. À l'échelle microévolutive, les moteurs de diversité sont majoritairement liés à des forces évolutives telles que la mutation, la dérive génétique, la sélection ou la dispersion. Ils rythment l'évolution de la biodiversité populationnelle à une plus petite échelle spatiale et temporelle. Dans le cadre de cette thèse, le but a été de construire un cadre évolutif stable permettant de nous éclairer sur les processus évolutifs et/ou les facteurs qui ont rythmé l'histoire évolutive d'espèces et de populations de rongeurs.
- Pour étudier l'évolution de la biodiversité à l'échelle macroévolutive, nous avons pris comme modèle biologique la superfamille des Dipodoidea (Rongeurs : Myodonta). Groupe frère des Muroidea, la superfamille des Dipodoidea comprend trois grands groupes d'organismes : les sicistes (Sicistinae), les souris-sauteuses (Zapodinae) et les gerboises (Allactaginae, Cardiocraniinae, Dipodinae et Euchoreutinae). Dans la littérature, la superfamille des Dipodoidea comprend 51 espèces réparties dans 16 genres de six sous-familles, toutes de la famille des Dipodidae mais cette classification basée essentiellement sur des données morphologiques est très controversée. Avant cette thèse, aucune phylogénie moléculaire des Dipodoidea n'avait été reconstruite. De plus, les Dipodoidea sont particulièrement intéressants pour tester divers scénarios biogéographiques étant donné certaines distributions disjointes dans l'Holarctique et les nombreuses espèces réparties dans les déserts d'Asie et d'Afrique. Il est donc intéressant de comprendre comment ces patrons de distribution disjoints sur l'Holarctique (e.g. Afrique du Nord, Amérique du Nord) ont été mis en place et 'quand et où' ces différents groupes sont apparus.
- Lors de cette thèse, pour la première fois, une phylogénie moléculaire comprenant 20 des 51 espèces de Dipodoidea a été reconstruite à partir de quatre gènes nucléaires (BRCA1, GHR, IRBP, RAG1). Cette phylogénie moléculaire a ensuite été comparée à une phylogénie morphologique reconstruite sur base des caractères de la dentition, de la bulle auditive, du gland du pénis et des glandes reproductives accessoires. Cela a permis de comprendre que les nombreuses controverses autour de la taxonomie et de la systématique des Dipodoidea étaient dues à des homologies qui brouillaient le signal phylogénétique. Ainsi, une nouvelle taxonomie des Dipodoidea a pu être proposée. La superfamille des Dipodoidea est dorénavant constituée de 3 familles (Sminthidae, Zapodidae, Dipodidae) et de 19 genres. Ensuite, pour étudier l'histoire évolutive biogéographique de la superfamille des Dipodoidea, l'échantillonnage taxonomique a été augmenté. La phylogénie moléculaire la plus complète à ce jour incluant 34 espèces de Dipodoidea a pu ainsi être reconstruite sur base du gène mitochondrial du cytochrome b et des mêmes gènes nucléaires utilisés précédemment. Lors de cette seconde étude, nous avons pu montrer que la radiation des Dipodoidea modernes a eu lieu au Paléocène supérieur dans la région d'Asie Centrale et de l'Himalaya-Plateau Tibétain et que, de façon générale, leur histoire évolutive a été rythmée par les grands bouleversements climatiques et environnementaux engendrés par la surrection de l'Himalaya et du Plateau Tibétain.