

L'espèce est un concept créé et défini par l'Homme. Dans un environnement en perpétuel changement, les populations évoluent en permanence, et peuvent former de nouvelles espèces. Lorsque les critères classiques d'identification des espèces montrent leurs limites, les techniques de séquençage de l'ADN peuvent apporter des arguments aux scientifiques.

**Problème** : Comment les apports modernes du séquençage de l'ADN peuvent-ils faire évoluer la définition du concept d'espèce ?

### III. Apports du séquençage de l'ADN à l'étude des espèces :

**TP n°12** : Sapiens, Neandertal, Denisova : des espèces différentes ?

Dans sa définition la plus courante, l'espèce est un groupe d'individus interféconds capables de donner naissance à une descendance fertile dans des conditions naturelles. Cette définition s'appuie sur l'isolement reproducteur : deux populations constituent deux espèces différentes lorsqu'elles n'échangent plus ou très peu de gènes. Cet isolement peut être géographique, écologique ou lié à une faible survie voire nulle des hybrides.

Depuis quelques dizaines d'années, la baisse importante du coût du séquençage génétique permet de mesurer avec plus de précision les flux de gènes entre différentes populations.

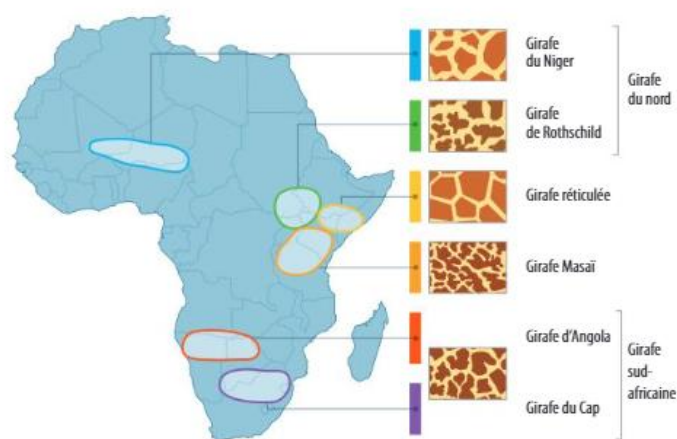
Dans certains cas, le séquençage remet en cause des conceptions pourtant bien ancrées. Par exemple, les scientifiques pensaient certaines populations homogènes sont en réalité constituées de sous-populations isolées depuis plusieurs centaines de milliers d'années et ne constituent pas une mais plusieurs espèces.

Une seule espèce de Girafe a jusque récemment été reconnue sur le continent africain : *Giraffa camelopardalis*, avec neuf sous-espèces définies selon les motifs du pelage, les caractéristiques des cornes et l'aire de répartition géographique.

#### **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)



Au contraire, les analyses génétiques révèlent parfois des hybridations plus fréquentes entre des individus appartenant à des groupes considérés comme des espèces différentes. Ainsi, les flux de gènes entre les populations de Néandertaliens, de Sapiens et de Denisoviens montrent que les limites entre deux espèces sont difficiles à définir et sont finalement assez arbitraires. Les analyses génétiques sont donc une avancée majeure pour mieux comprendre l'histoire des populations et leur évolution.

**Bilan** : Les analyses génétiques, permises par les progrès du séquençage de l'ADN, permettent de mesurer directement les flux de gènes entre des populations et de préciser l'histoire évolutive de ces populations. Ceci conduit parfois à remettre en cause des classifications précédemment établies.

Séquençage : détermination de l'ordre d'enchaînement des nucléotides pour un fragment d'ADN donné.