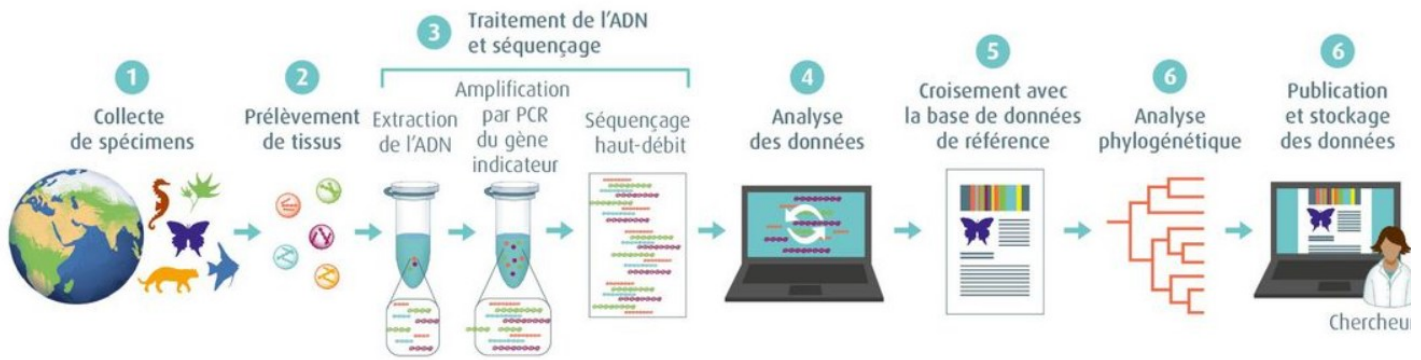


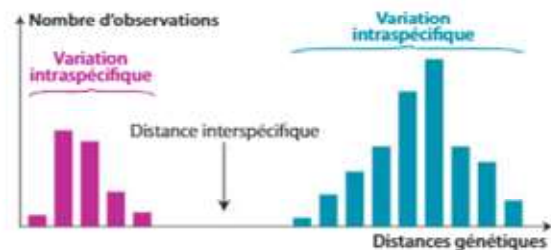
Annexe 2 : Un nouveau regard sur la notion d'espèce

Document 1 : identifier des espèces grâce à un « code barre » génétique.



Le *barcoding* repose sur la variabilité d'un fragment d'ADN judicieusement choisi, de façon à ce que la variabilité intraspécifique soit faible, et la variabilité interspécifique relativement forte. Chez la plupart des animaux, c'est une portion du gène mitochondrial de la cytochrome oxydase I (COI), une enzyme impliquée dans la respiration cellulaire et se trouvant dans le génome de chaque mitochondrie, qui fait office de *barcode*. Ce gène est présent en grande quantité ce qui est pratique lorsqu'il faut travailler sur de petits échantillons ou s'ils sont fortement dégradés. De plus, les mitochondries mutent beaucoup plus que l'ADN nucléaire car elles sont en milieu oxydant et ont peu de système de réparation des mutations. Comme elles accumulent plus de mutations, elles sont plus judicieuses lors de la comparaison d'espèces historiquement proches.

Pour chaque groupe taxonomique, un seuil de variation de 2 à 12 % est défini. Au dessus de ce seuil, les groupes n'appartiennent plus à la même espèce. En comparant la séquence du gène mitochondrial de la cytochrome oxydase à une base de données, où les séquences d'ADN sont associées à chaque espèce, l'identification de l'espèce est possible, de la même façon que si on scannait un code-barre.



Document 2 : Une ou deux espèces d'éléphants d'Afrique ?

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.

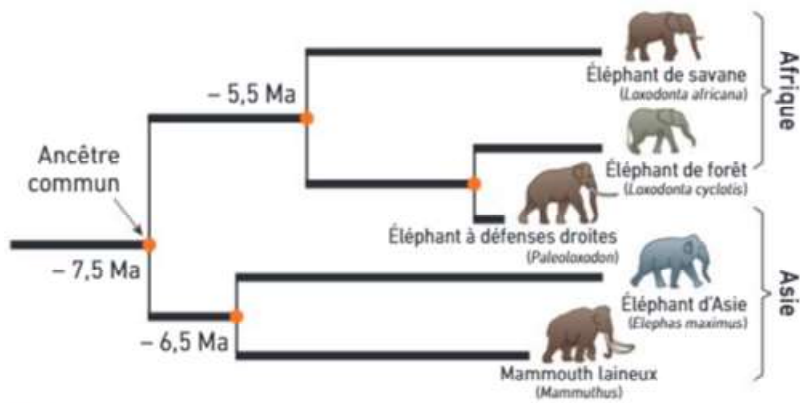


Les éléphants de forêt (A) sont plus trapus que les éléphants de savane (B) et leurs défenses plus longues. Ils sont plus rares et se reproduisent moins (les femelles ne sont fertiles que vers 20 à 25 ans et le temps entre deux gestations est de 5 à 6 ans).

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.