

HORIZON
2020

Comparative Phylogeography of a Megadiverse Fauna across the Mediterranean

Résultats en bref

Les reptiles de la région égéenne révèlent des secrets sur la spéciation

Une initiative de recherche financée par l'UE a permis de recueillir des données génétiques sur les serpents et les lézards de la zone égéenne. Ces informations permettent de mieux comprendre comment les barrières maritimes ont influencé l'évolution de la biodiversité.



CHANGEMENT
CLIMATIQUE ET
ENVIRONNEMENT



ALIMENTATION ET
RESSOURCES
NATURELLES



RECHERCHE
FONDAMENTALE



© Prochazka, Shutterstock

La phylogéographie se sert de l'ADN pour étudier la répartition géographique de la biodiversité afin d'identifier les processus évolutifs et écologiques qui ont laissé une empreinte génétique sur les organismes vivants. Cela permet d'avoir une perspective historique, ce qui s'avère crucial pour étudier la spéciation, la biogéographie, la taxonomie et la biologie de la conservation.

Située à proximité de l'Afrique et de l'Asie, la région de la mer Égée est l'une des zones européennes les plus riches en espèces, et elle fait office de laboratoire naturel pour les études phylogéographiques. Son histoire géologique comporte de nombreuses périodes où des barrières maritimes sont apparues et ont disparu, isolant des populations ou leur permettant d'entrer en contact les unes avec les autres. Les barrières revêtent une importance essentielle dans le processus de spéciation, au cours duquel de nouvelles espèces sont créées.

Le projet [CO-PHY-MED](#)  a utilisé des reptiles de l'ordre des squamates (des lézards et des serpents) comme organismes modèles pour mener une analyse phylogéographique comparative multi-espèces à grande échelle dans la région égéenne. «Les reptiles sont des modèles exceptionnels en matière d'écologie et d'évolution en raison de leur dépendance à la température, qui les rend particulièrement sensibles au changement climatique, et de la diversité qu'ils présentent en termes de capacité (ou d'incapacité) à franchir les barrières», déclare Panagiotis Kornilios, chercheur principal.

Une meilleure compréhension de la spéciation

La phylogéographie se base traditionnellement sur l'analyse de l'ADN mitochondrial, la partie du génome qui n'est généralement héritée que de la mère. Les études modernes s'appuient toutefois sur de multiples marqueurs génétiques, dispersés dans l'ensemble du génome, pour donner des résultats plus robustes, précis et fiables.

Des chercheurs ont étudié plus de 700 échantillons de musée provenant de plus de 40 espèces de lézards et de serpents. En utilisant le séquençage de nouvelle génération (NGS) pour analyser des milliers de marqueurs génomiques indépendants, ils ont identifié des modèles qui diffèrent significativement des connaissances actuelles concernant l'histoire des espèces étudiées. «Notre compréhension des mécanismes sous-jacents est en train de changer car étudier la spéciation et la biogéographie en se contentant d'utiliser l'ADN mitochondrial peut aboutir à des conclusions trop simplistes», explique Panagiotis Kornilios.

Combiner l'analyse NGS avec celle de l'ADN mitochondrial offre une image plus complète de l'histoire de la diversification des organismes étudiés, en donnant un aperçu plus détaillé de la biodiversité et en révélant certains de ses éléments les plus cryptiques, y compris de nouvelles espèces, ainsi qu'en identifiant les zones géographiques et les obstacles importants qui ont fait office de moteurs de la spéciation.

Les naufragés des îles

Certains résultats révèlent des tendances biogéographiques inattendues. Par exemple, les lézards verts du genre *Lacerta* semblent avoir colonisé la péninsule balkanique à partir de l'Asie mineure, en traversant l'ancienne mer Égée et en utilisant les îles de cette époque comme étapes. Des lézards se sont ainsi retrouvés naufragés sur les îles centrales de la mer Égée et, des millions d'années plus tard, nous sommes en mesure de les identifier comme des espèces «cryptiques» distinctes. Dans le même temps, les résultats concernant la couleuvre à quatre raies ont mis en évidence des îles où les populations sont génétiquement mélangées entre

d'anciens habitants et des colonisateurs plus récents, à la suite de multiples colonisations.

CO-PHY-MED, entrepris avec le soutien du programme Marie Skłodowska-Curie, propose une approche innovante à grande échelle pour les reconstitutions phylogéographiques comparatives. «Le projet apporte non seulement des preuves détaillées de la biodiversité, mais explique les facteurs qui la font évoluer. Il peut donc contribuer à une gestion et à une conservation efficaces de la biodiversité, ce qui constitue un défi majeur, en particulier face aux changements environnementaux», conclut Panagiotis Kornilios.

Mots-clés

CO-PHY-MED, biodiversité, mer Égée, séquençage de nouvelle génération (NGS), phylogéographie, évolution, ADN mitochondrial, îles, barrières maritimes

Découvrir d'autres articles du même domaine d'application

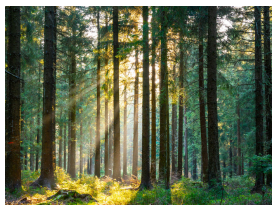


[Des pratiques agricoles bénéfiques pour l'environnement et le portefeuille de l'agriculteur](#)



[Impliquer les jeunes dans l'élimination des déchets plastiques sur les plages des Caraïbes](#)





Planifier l'avenir des forêts européennes



Des orientations pour inciter les agriculteurs à protéger la biodiversité



Informations projet

CO-PHY-MED

N° de convention de subvention: 656006

[Site Web du projet](#)

DOI

[10.3030/656006](https://doi.org/10.3030/656006)

Projet clôturé

Date de signature de la CE

5 Novembre 2015

Date de début

1 Novembre 2016

Date de fin

31 Octobre 2019

Financé au titre de

EXCELLENT SCIENCE - Marie Skłodowska-Curie
Actions

Coût total

€ 239 191,20

Contribution de l'UE

€ 239 191,20

Coordonné par

AGENCIA ESTATAL CONSEJO
SUPERIOR DE
INVESTIGACIONES CIENTIFICAS



Spain

Dernière mise à jour: 14 Avril 2020

Permalink: <https://cordis.europa.eu/article/id/415811-aegean-reptiles-reveal-secrets-to-speciation/fr>

European Union, 2025

