

Les gènes des chimpanzés nous livrent les secrets de leur vie

Une révolution vient de se produire chez les primatologues qui pourrait bien gagner nombre de biologistes étudiant des espèces sauvages. Jusqu'à maintenant, il fallait à ces spécialistes des années de patiente observation pour obtenir des informations sur le comportement, les relations familiales, la phylogénie des chimpanzés [1]. Une équipe américaine conduite par Woodruff [2], un biologiste de l'évolution à l'université de Californie-San Diego, vient de montrer qu'à partir d'ADN extrait de poils de chimpanzé, il était possible de connaître la structure génétique et sociale des groupes ainsi que de décrire une nouvelle espèce. Les chimpanzés adultes font de nouveaux nids chaque nuit dans les arbres avec des branches et des feuilles et, à l'exception des couples mère-enfant, y dorment seuls. Il ne reste plus aux chercheurs qu'à monter dans les nids au petit matin après le départ des singes, pour ramener une poignée de poils tombés de l'animal pendant la nuit et en extraire l'ADN. Les chercheurs ont ainsi étudié la population de chimpanzés du Parc national de Gombe en Tanzanie (soit 43 individus) et 66 animaux répartis sur 20 sites en Afrique de l'Ouest et équatoriale.

Les femelles vont faire leur vie ailleurs

Chez la majorité des mammifères sociaux, les jeunes mâles ont tendance à quitter le groupe dans lequel ils sont nés pour trouver des femelles et un nouveau territoire. Chez les chimpanzés, on avait l'impression que ce schéma était inversé et que c'était les femelles qui quittaient le groupe, modifiant profondément la structure sociale des chimpanzés. Par l'étude du génotype des singes de la communauté de Gombe après amplification génétique *in vitro* par PCR au niveau de huit *loci* composés de répétitions de séquences simples hypervariables (di, tri et tétranucléotides) et la recherche des allèles partagés au niveau des *loci* entre les individus, les auteurs ont

confirmé cette hypothèse et montré que les mâles étaient plus apparentés entre eux que ne l'étaient les femelles. En effet, les mâles sont en moyenne de l'ordre du demi-frère. De plus, l'homozygotie est significativement plus élevée à plusieurs *loci* par rapport à la prédiction de la loi de Hardy-Weinberg. Ainsi, il semble bien que la dispersion des femelles hors du groupe avant la reproduction soit à la base de la structure génétique de la communauté. La conséquence sociale de cette exogamie des femelles est que les mâles génétiquement reliés coopèrent entre eux pour défendre leur territoire, augmentant par là même l'accès des femelles et des ressources. En revanche, dans une communauté, les femelles non génétiquement reliées, ont peu d'inclinaison à s'entraider. L'étude de l'ADN mitochondrial (ADNmt), ADN hérité seulement de la mère et non soumis aux recombinaisons méiotiques, a permis de préciser encore les choses. Après PCR, Woodruff et ses collègues ont séquencé 345 paires de bases de la région la plus variable de l'ADNmt (région de contrôle) de 66 chimpanzés répartis

sur 20 sites africains. Ils ont eu la surprise de trouver une variation génétique élevée à l'intérieur des communautés qu'ils ont attribuée à un flux génique important dû à la dispersion des femelles. Les similitudes de séquences entre certains individus distants de 600 à 900 km sont en faveur de l'hypothèse que ce flux génique soit à l'origine du peu de différenciation morphologique chez les chimpanzés.

Une nouvelle espèce ?

Deux espèces sont habituellement reconnues dans le genre *Pan* : le bonobo du Zaïre (*P. paniscus*) et le chimpanzé (*P. troglodytes*). Cette dernière espèce a une distribution particulièrement étendue en Afrique équatoriale et a été subdivisée en trois sous-espèces. *P.t. verus* à face pâle, trouvé à l'ouest ; *P.t. troglodytes* à face noire, trouvé au centre ; *P.t. schweinfurthii* à longs poils, trouvé à l'est. Le séquençage après PCR de 178 paires de bases du gène du cytochrome b, une région moins variable que la région de contrôle, chez 34 chimpanzés et un humain a montré l'absence de différences fixes dans les séquences des *P.t. troglodytes* et des *P.t. schweinfurthii*. En revanche, une distance génétique de 2,8 % a été trouvée qui sépare clairement *P.t. verus* des deux autres sous-espèces (figure 1) suggérant un temps de divergence d'à peu près 1,6 million d'années. Certes, la description d'une nouvelle espèce ne peut pas reposer uniquement sur des arguments génétiques, et il faut rechercher des différences écologiques ou de comportement, mais une telle approche peut aider à résoudre la question de la « trichotomie » gorille-chimpanzé-homme.

E.D.

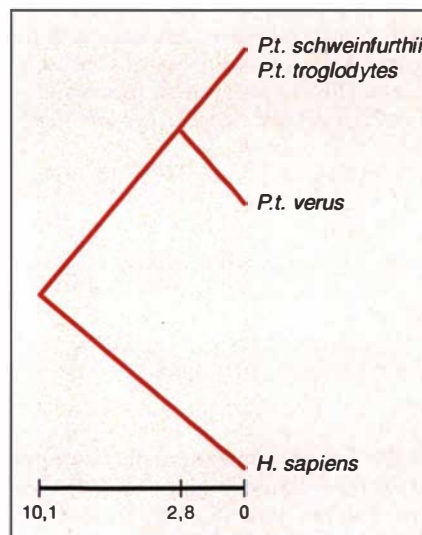


Figure 1. Arbre phylogénétique basé sur les distances génétiques corrigées pour les polymorphismes intraspécifiques au niveau du locus cytochrome b. (D'après [2].)

1. Morell V. Decoding chimp genes and lives. *Science* 1994 ; 265 : 1172-3.
2. Morin PA, Moore JJ, Chakraborty R, Jin L, Goodall J, Woodruff DS. Kin selection, social structure, gene flow, and the evolution of chimpanzees. *Science* 1994 ; 265 : 1193-201.