

LA PHYLOGÉNIE DES CERCOPITHECINÉS «ENCORE EN CONSTRUCTION»

SINEO LUCA ET LO BIANCO STEFANIA

Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche, Chimiche e Farmaceutiche (STEBICEF), Università degli Studi di Palermo

Résumé

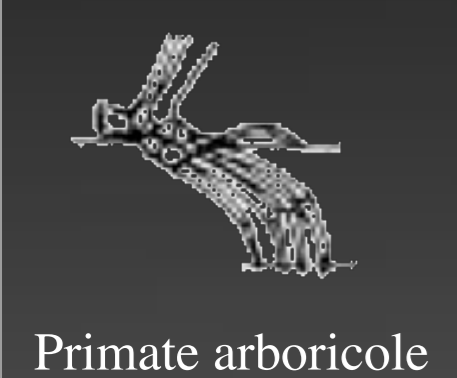
Les cercopithecinés sont un groupe de singes africains qui se compose d'environ 36 espèces actuelles avec une évolution et une phylogénie très difficile à reconstruire.

L'approche classique tend à proposer de diviser le groupe en question en deux catégories: strictement arboricoles et terrestres. Au cours de cette présentation, nous analyserons de façon critique les différentes reconstructions phylogénétiques proposées aujourd'hui tout en conduisant une analyse sur la base des aspects moléculaires, chromosomiques et écologiques des espèces incluses dans le "groupe d'espèces" actuellement reconnues. Cette approche multidisciplinaire inclut la morphologie, l'écologie régionale ainsi que les résultats des recherches conduites dans les zones géographiques d'origine et démontre l'incohérence et l'insuffisance du point de vue traditionnel.

Mots-clés: Cercopithecines, Evolution, Phylogénie

La sous-famille "Cercopithecinae" réunit une partie des primates du Vieux Monde. Elle peut être subdivisée en deux tribus: la première, celle des Papionini, est caractérisé par une uniformité génétique, cytogénétique et aussi par une morphologie comme le chien, caractères qu'on ne trouve pas dans la deuxième tribu, celle des Cercopithecini, qui réunit une radiation évolutive de primates arboricoles avec une distribution africaine.

Actuellement, les 6 genres reconnus au sein des Cercopithecini (*Cercopithecus*, *Chlorocebus*, *Miopithecus*, *Erythrocebus*, *Allochrocebus* et *Allenopithecus*) – font l'objet d'une récente révision taxonomique – ils sont caractérisés par des nombres diploïdes qui vont du 48 au 72, par des habitats variés: des forêts en montagne jusqu'à la région subsaharienne (Butynski T. M., 2002), mais aussi par la couleur de leur manteau et des parties génitales, qui varient comme dans aucun autre cas. Cette variabilité morphologique et leur diffusion sur une si vaste zone géographique ont alimenté un riche débat au sujet de l'origine et de la phylogénèse du groupe, qui se poursuit depuis longtemps.



Dans leurs différentes géolocalisations, les Cercopithecini sont protagonistes de larges superpositions de aire de répartition ainsi que d'isolements tout aussi significatifs : le résultat de ces phénomènes est que leur grande variabilité génétique a été souvent mise en relation à la biogéographie. C'est Dutrillaux (1988) à introduire l'idée de diviser le *taxon* en deux clades: le premier regroupe les terricoles, que l'on présume ancestrales et avec un nombre chromosomique (2n) réduit, et le deuxième, celui des arboricoles, d'origine plus récente, soumis à hybridation et génétiquement plus riches (2n majeur).

L'étude des caryotypes a donc dû faire face à une tâche complexe: celle d'indiquer une tendance évolutive des génomes et des différents taxa. La grande variabilité entre les genres a rendu difficile l'identification de la phylogénèse du *taxon*, que l'on se soit basé sur des approches simples ou multidisciplinaires.

Même l'attribution du *état* de « ancêtre » a rencontré un certain nombre d'obstacles et est d'ailleurs toujours en cours. Plusieurs espèces, en alternance, ont été choisies pour occuper la position basale : de manière plus fréquente les *Erythrocebus patas* (EPA) et *Allenopithecus nigroviridis* (ANI); mais aussi *Miopithecus talapoin* (MTA), *Chlorocebus aethiops* (CAE) et *Allochrocebus lhoesti* (ALH).

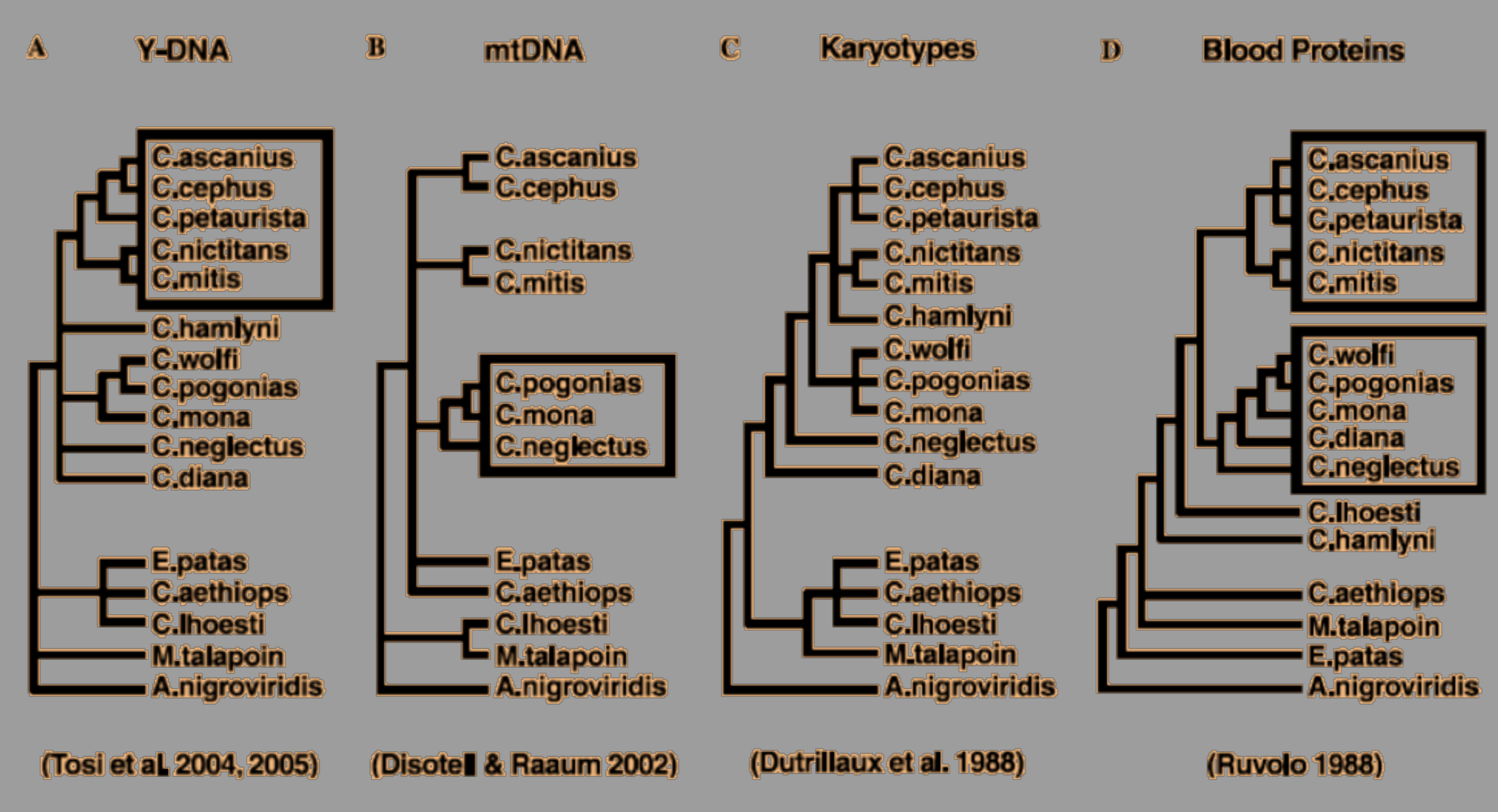
Si les ancêtres avaient été composées uniquement par des terricoles, les espèces actuelles devraient présenter en héritage de cette origine des variations de la forme du astragale et du membre postérieur, au contraire tous les Cercopithecini présentent des structures d'arboricoles, sauf pour da la EPA qui est au contraire un terricole super spécialisé.

Même l'écologie da terricole poussé en CAE, devrait être considérée comme une spécialisation secondaire: hypothèse suggérée par son héritage d'adaptations arboricoles; la même tendance pourrait être confirmée en considérant la mosaïque de caractères qui constituent ALH.

A ces conditions, les deux espèces qui restent éligibles – MTA, uniquement arboricole et ANI habitant les marais – sont les mêmes que Perelman et al. (2011) impliquent dans un précoce évènement de spéciation, situé il y a 7 millions d'années (Mya), qui les auraient séparées des autres Cercopithecini, en les rendent automatiquement plus ancestrales.

Les approches moléculaires de Tosi et al. (2005) et de Perelman et al. (2011), même en étant en apparence contradiction, ne soutiennent pas le partitionnement et rassemblent des arboricoles étroits dans le cluster des terricoles ancestrales et vice-versa. Le cladogramme de Guschanski et al. (2013) souligne le manque de données à soutien de la subdivision en clades et met le genre *Chlorocebus* comme poli – ou paraphylétique par rapport aux autres.

La plus part des phylogénèses qui se sont succédées au fil du temps ont penchés pour rechercher un regroupement capable de justifier la variabilité observée, mais cela d'un point de vue zoologique ne trouve pas de sens. L'opposition des résultats entre eux est le fruit d'une approche multidisciplinaire, qui nous suggère qu'on devrait se limiter à identifier une tendance – pour certains genres – à acquérir une attitude terricole - même en gardant des adaptations liés à la vie arboricole - sous l'impulsion de pressions écologiques.



Une grande quantité de données de différentes origines ne permet pas de séparer de manière vraisemblable le clade des terricoles et celui des arboricoles et les données fournies à soutien de la séparation, ne sont pas suffisantes pour le faire sans équivoques et de manière ferme et définitive.

Actuellement, avec l'exclusion de l'EPA, il semble impossible de fixer un cluster terricole au sein de la tribu des Cercopithecini, tout comme d'en définir l'ancêtre avec certitude. La situation était et reste de difficile interprétation et une révision de la systématique – libérée de tout préjugé ou d'apriori académique – s'annonce plus que jamais nécessaire.

Bibliographie

Butynski, T. M. (2002). The guenons: An overview of diversity and taxonomy. In *The guenons: Diversity and adaptation in African monkeys*, 3-13.

Dutrillaux, B., Mulieris, M., & Couturier, J. (1988). Chromosomal evolution of Cercopithecinae. *A primate radiation: evolutionary biology of the African guenons*, 150-159.

Glenn, M. E. (Ed.). (2002). *The guenons: Diversity and adaptation in African monkeys* (Vol. 2). Springer.

Guschanski, K., Krause, J., Sawyer, S., Valente, L. M., Bailey, S., Finstermeier, K., ... & Savolainen, V. (2013). Next-Generation Museomics Disentangles One of the Largest Primate Radiations. *Systematic biology*, 62(4), 539-554.

Perelman, P., Johnson, W. E., Roos, C., Seuánez, H. N., Horvath, J. E., Moreira, M. A., ... & Pecon-Slattery, J. (2011). A molecular phylogeny of living primates. *PLoS genetics*, 7(3), e1001342.

Tosi, A. J., Detwiler, K. M., & Disotell, T. R. (2005). X-chromosomal window into the evolutionary history of the guenons (Primates: Cercopithecini). *Molecular phylogenetics and evolution*, 36(1), 58-66.