



www.cnrs.fr



MUSÉUM
NATIONAL D'HISTOIRE NATURELLE

UPMC
SORBONNE UNIVERSITÉS

COMMUNIQUÉ DE PRESSE NATIONAL | PARIS | 22 FEVRIER 2016

ATTENTION ! Sous embargo jusqu'au 22/02/2016, à 18h (heure française)

Les glyptodons, une lignée éteinte de tatous

Jusqu'à la dernière glaciation, l'Amérique du Sud était parcourue par une mégafaune impressionnante. Au milieu de créatures comme le mégathérium, un paresseux de la taille d'un éléphant, paissaient diverses espèces de glyptodons. Ces imposants mammifères à carapace étaient traditionnellement rapprochés des tatous, tout en restant distincts, mais leurs affinités phylogénétiques exactes demeuraient jusqu'ici énigmatiques. Une équipe pilotée par l'Institut des sciences de l'évolution de Montpellier (CNRS/Université de Montpellier/IRD/EPHE) et le centre McMaster aDNA au Canada¹, impliquant en France le Centre de recherche sur la paléobiodiversité et les paléoenvironnements (CNRS/Muséum national d'Histoire naturelle/UPMC), a résolu cette question en séquençant le génome mitochondrial complet d'un spécimen vieux d'environ 12 000 ans. Les chercheurs sont ainsi parvenus à déterminer que les glyptodons représentaient une lignée éteinte de tatous qui a subi une spectaculaire augmentation de taille depuis leur apparition il y a 35 millions d'années. Ces travaux sont publiés le 22 février 2016 dans la revue *Current Biology*.

Les glyptodons se classent dans le super-ordre des xénarthres dans lequel on retrouve les tatous, mais également les paresseux et les fourmiliers. Si les tatous et les glyptodons se distinguent de tous les autres mammifères par leur carapace, ces premiers possèdent une carapace à bandes mobiles tandis que celle de leurs cousins préhistoriques était composée d'un seul bloc. Plusieurs différences morphologiques ont également contribué à ce que les glyptodons soient longtemps considérés comme un groupe distinct, constituant le groupe frère² des tatous au sein des xénarthres. Cette interprétation traditionnelle a été récemment remise en cause par une étude des caractères crâniens et dentaires qui a classé les glyptodons à l'intérieur des tatous.

Pour éclairer cette question, les chercheurs ont étudié l'ADN présent dans un fragment de carapace attribué à un *Doedicurus* vieux de 12 000 ans. Cette espèce se range parmi les plus gros glyptodons, avec une masse corporelle estimée à 1,5 tonne. Elle se reconnaissait à sa queue en forme de massue équipée de pointes. Le séquençage de l'ADN ancien soulève cependant de nombreuses difficultés, d'abord parce que celui-ci se fragmente sous l'action du temps et de l'humidité. Il faut également parvenir à séparer les brins d'ADN endogène, propre à cette espèce, des nombreuses contaminations environnementales.

Les chercheurs doivent pour cela mettre au point des sondes ARN capables de reconnaître le matériel génétique de l'espèce ciblée, une tâche compliquée quand le génome d'une espèce proche n'est pas

¹ Il s'agit du centre d'ADN ancien de l'université McMaster, située à Hamilton (Ontario, Canada).

² Humains et chimpanzés appartiennent par exemple à deux groupes frères.



www.cnrs.fr



MUSÉUM
NATIONAL D'HISTOIRE NATURELLE

UPMC
SORBONNE UNIVERSITÉS

connu. Afin de contourner cette difficulté, l'équipe a modélisé par ordinateur des séquences ancestrales plausibles à l'aide de génomes mitochondriaux de xénarthres modernes (tatous, fourmiliers et paresseux). Ces séquences bio-informatiques ont ensuite permis de synthétiser des sondes ARN adéquates, qui ont été utilisées pour isoler des dizaines de milliers de fragments d'ADN de glyptodon. Réunis, ils ont rendu possible la reconstruction du génome mitochondrial quasiment complet de cette espèce éteinte. Les analyses phylogénétiques ont alors placé sans ambiguïté les glyptodons comme une lignée distincte mais placée au sein même des tatous. Les derniers représentants de cette lignée de tatous gigantesques, vieille de quelque 35 millions d'années, se sont éteints il y a seulement 10 000 ans à la fin de la dernière glaciation.

Cette étude illustre le potentiel des méthodes de capture d'ADN ancien basées sur des séquences ancestrales reconstruites bio-informatiquement. Une astuce technique utilisée ici pour la première fois.



Spécimen fossile de *Doedicurus* du Musée de La Plata (Argentine)
© Museo de La Plata / Sergio Vizcaino

Bibliographie

The phylogenetic affinities of the enigmatic glyptodonts. Delsuc F., G. C. Gibb, M. Kuch, G. Billet, L. Hautier, J. Southon, J.-M. Rouillard, J. C. Fernicola, S. F. Vizcaino, R. D. E. MacPhee, et H. N. Poinar. *Current Biology*. 22 février 2016.
<http://dx.doi.org/10.1016/j.cub.2016.01.039>

Contacts

Chercheur CNRS | Frédéric Delsuc | T 04 67 14 39 64 | frederic.delsuc@umontpellier.fr
Presse CNRS | Priscilla Dacher | T 01 44 96 46 06 | priscilla.dacher@cnrs-dir.fr