



Le
couagga :
un zèbre
aux origines
douteuses

Le cheval de nos champs de course, de labour et de bataille possède une série de « cousins », tels que l'âne ou les zèbres. Tous peuvent être croisés et donner naissance à des hybrides viables, le plus souvent stériles. On connaît bien la mule et le bardot, produits du cheval et de l'âne; il y a aussi des « zébrules », « zébrons » et beaucoup d'autres hybrides d'espèces sauvages. Mais il existe également des groupes naturels qui, sans être des hybrides, évoquent dans leur apparence extérieure une « mosaïque » de deux espèces différentes. Comme leurs noms l'indiquent, les hémiones et les hémiptères d'Asie semblent des « demi-ânes » ou des « demi-chevaux »; avec son corps à moitié zébré, le couagga d'Afrique du Sud, disparu depuis un siècle, paraissait combiner des traits de chevaux et de zèbres (fig. 1); enfin le zèbre des montagnes a les longues oreilles et les petits sabots des ânes tout en étant entièrement rayé.

Tous appartiennent au genre *Equus* qui rassemble donc le cheval domestique et ses nombreux « cousins ». Mais le nombre exact d'espèces que renferme ce genre est mal déterminé. Certes, le

cheval et l'âne appartiennent à l'évidence à des espèces distinctes. Mais que dire des groupes à morphologie « bâtarde » évoqués plus haut ? Sont-ils des espèces à part entière ou doivent-ils être rattachés à une espèce déjà identifiée en fonction de telle ou telle ressemblance ? En outre, quelles sont les relations de parenté entre les différents groupes ? Quelle est leur histoire évolutive ? A toutes ces questions, les arguments tirés de l'anatomie ont apporté des éléments de réponse. Aujourd'hui, ils sont confrontés aux données modernes de la biochimie pour tenter de les compléter. Chromosomes, protéines⁽¹⁾ et même ADN (support moléculaire de l'hérédité) sont étudiés pour une comparaison du patrimoine génétique des espèces (voir encadré). Pour les formes disparues toutefois, l'argumentation biochimique semblait à tout jamais exclue. Pourtant, des chercheurs américains, à Berkeley et à San Diego, sont, pour la première fois, parvenus à extraire, de la peau d'un couagga empaillé, du matériel génétique, à le « cloner », c'est-à-dire à le reproduire dans une bactérie, et à l'analyser⁽²⁾. Réussite technique spectaculaire donc, qui a provoqué

Figure 1. Avec son corps à moitié zébré, le couagga d'Afrique du Sud paraissait combiner des traits de chevaux et de zèbres. Après avoir habité en grand nombre les plateaux de la colonie du Cap, les couaggas firent l'objet d'une chasse si intensive qu'ils disparurent complètement, il y a un siècle, avant qu'on ne réalise qu'ils étaient en danger. Il n'en reste qu'une vingtaine de peaux et une douzaine de crânes. Quelques spécimens ont été empaillés, tels que celui que l'on peut voir sur cette photo, conservé au Muséum d'histoire naturelle et qui a été étudié par Cuvier. (Cliché D. Serrette, Muséum Nat. Hist. Nat.)

une certaine excitation dans la communauté scientifique. L'équipe américaine est parvenue à réaliser ce qui paraissait hautement improbable, voire impossible. On peut regretter qu'on ne soit pas aussi optimiste en France : un projet d'étude similaire, présenté en juin 1982 (dans le cadre de l'Aide à la recherche universitaire en biologie) n'a pas été retenu parce que reposant sur une hypothèse qualifiée de « problématique »... Quoi qu'il en soit, nous allons le voir, l'ADN n'est qu'un caractère parmi d'autres et la compréhension des équidés ne pourra se réaliser que dans un cadre pluridisciplinaire.

Le couagga est-il un zèbre ?

Que savons-nous au juste sur les équidés ? La plupart des auteurs s'accordent à distinguer six groupes principaux^(3,4) : les chevaux, les ânes, les hémiones, les zèbres de plaine, les zèbres de montagne et les zèbres de Grévy. Ces deux derniers ne contiennent chacun à coup sûr qu'une seule espèce. Les autres paraissent plus hétérogènes et pourraient en réunir deux ou trois.

Ainsi, le groupe des zèbres de plaine comprend les diverses variétés géographiques actuelles du zèbre de Burchell qui se distinguent par des rayures de moins en moins étendues et de moins en moins contrastées quand on passe du nord au sud de l'aire de répartition. C'est aussi dans ce groupe qu'est souvent rangé le trop mal connu couagga d'Afrique du Sud. D'abord pris pour la femelle du zèbre des montagnes parce qu'il n'était rayé qu'à moitié (probablement par analogie avec les oiseaux où seul le mâle aurait droit à un plumage éclatant...), le couagga a été tantôt considéré comme la variation extrême de dépigmentation du zèbre de Burchell (il est moins rayé que tous et plus méridional), tantôt comme une espèce à part entière. Parmi les auteurs qui lui reconnaissent le rang d'espèce, certains insistent sur ses ressemblances avec le cheval, d'autres sur ses ressemblances avec le zèbre des montagnes. D'après mes observations ostéologiques et dentaires, le couagga se rapproche plus du zèbre de Burchell que de n'importe quelle autre espèce actuelle, ce qui confirme d'ailleurs l'opinion du taxidermiste sud-africain R.E. Rau qui a examiné toutes les peaux disponibles⁽⁵⁾. Mes recherches (à l'U.A.12 du CNRS) laissent par ailleurs penser que le couagga était une vraie espèce ou, tout au moins, en voie de spéciation. Il s'agirait donc de « l'espèce-sœur » du zèbre de Burchell.

Si le nombre d'espèces actuelles d'*Equus* est incertain, leur histoire évolutive l'est également. La diversité des interprétations rappelle la célèbre chanson de Robert Lamoureux où toutes les permutations sont possibles entre « Papa, maman, la bonne et moi ». Les interprétations qui concernent les zèbres sont en particulier très variées, les trois sortes d'équidés rayés étant placés les uns par rapport aux autres de toutes les façons imaginables.

Cette diversité des interprétations proposées traduit en fait la difficulté à construire un arbre phylétique. En effet, il ne suffit pas de mettre en évidence des caractères en commun pour établir des parentés entre groupes. La ressemblance peut être due, par exemple, à la conservation d'un trait primitif qui n'a rien de spécifique aux deux groupes en question; elle peut aussi être le résultat d'une évolution convergente. L'arbre phylétique que je propose en figure 2 (fondé sur une analyse cladistique, voir « Le cladisme », *la Recherche*, n° 117, p. 1396.

décembre 1980) tient compte de ces difficultés. Mais, contrairement à mes résultats qui, rappelons-le, présentent le couagga comme l'espèce « sœur » du zèbre de Burchell, une autre analyse cladistique a vu dans le couagga un frère du cheval, les deux étant les plus proches parents du zèbre des montagnes; le zèbre de Burchell, lui, est rapproché d'une espèce californienne d'*Equus*⁽⁶⁾.

Le couagga et l'ADN.

Qu'apporte dans ce débat l'ADN du couagga disparu ? Pour l'instant nous n'en savons encore que peu de choses : comparé aux ADN de l'homme, de la vache et du zèbre des montagnes, il s'est montré, comme on pouvait s'y attendre, moins différent de ce dernier. Il est plus intéressant de noter que l'estimation, à partir de différences entre ces ADN, des dates de divergence entre les ancêtres du zèbre de montagne et du couagga s'accorde assez bien avec ce que nous suggèrent les fossiles. On peut en effet « étalonner » cette horloge biologique qu'est le taux de mutations séparant un ADN d'un autre, en fixant la date d'un des points de divergence d'après les données paléontologiques. Ainsi, on sait que la divergence entre les Artiodactyles (vache) et les Périssodactyles (zèbre) date probablement de 55 à 60 millions d'années. En supposant que le taux de mutations est à peu près constant, le degré de différences entre les ADN du couagga et du zèbre des montagnes suggère une divergence qui aurait eu lieu il y a 3 à 4 millions d'années. Or nous savons que les premiers représentants du genre *Equus* sont probablement apparus en Amérique du Nord il y a 3,3 millions

d'années⁽⁷⁾. Si cette date de première apparition n'est pas vieillie par de nouvelles découvertes, il est probable que la date de divergence entre couagga et zèbre de montagne est plus proche de 3 que de 4 millions : ils ne pouvaient guère diverger avant que le genre ne s'individualise ! D'autre part, les deux espèces en question ne seraient pas, tant s'en faut, de proches parentes, puisqu'elles auraient divergé très peu de temps après l'origine du genre. Ainsi, les résultats préliminaires de l'étude de l'ADN du couagga confirment plutôt l'arbre phylétique proposé en figure 2 où la lignée du couagga se sépare de façon précoce de celle qui donne naissance aux autres espèces actuelles et notamment au zèbre des montagnes. Il faut bien sûr attendre à ce sujet confirmations et informations complémentaires.

Quel avenir pour le couagga ?

Le côté presque miraculeux du sauvetage de l'ADN, même fragmentaire, d'un animal disparu et le prestige toujours attribué aux techniques et méthodologies nouvelles risquent de faire accorder une importance prépondérante aux résultats de l'étude de l'ADN du couagga. De façon semblable, l'analyse cladistique a joué et continue à jouer d'un engouement qui interdit presque de discuter de rapports phylétiques en dehors de ce cadre. Mais quelle que soit la valeur d'une méthodologie, son maniement n'est jamais infallible; nous avons vu que le cladisme a pu conduire à des interprétations bien différentes; il est possible que d'autres études de l'ADN proposent encore d'autres modèles évolutifs. Devant une information nouvelle, aussi

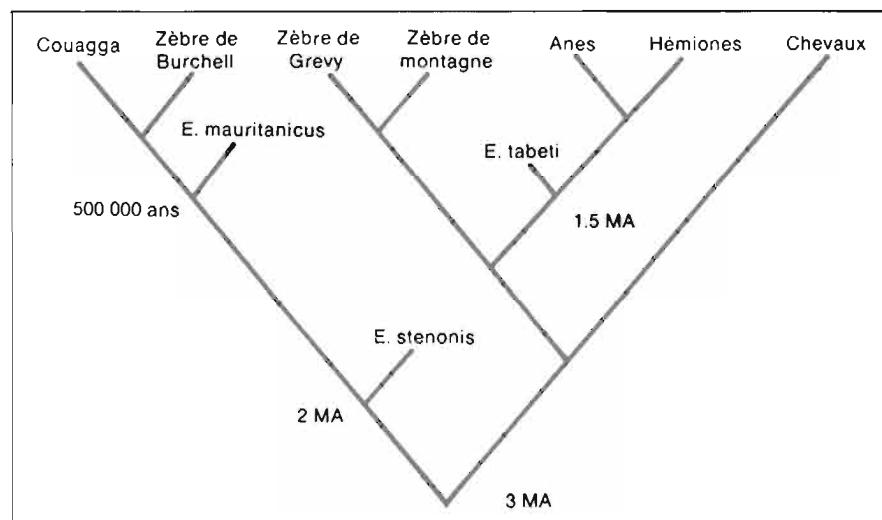


Figure 2. Cet arbre généalogique des espèces actuelles et de certaines espèces fossiles du genre *Equus* a été construit à partir de l'interprétation de plusieurs caractères crâniens et dentaires. On voit que les zèbres de Burchell et les couaggas sont des espèces « sœurs », proches d'une espèce fossile d'Afrique du Nord, *E. mauritanicus*, vieille d'environ un demi-million d'années. L'ensemble est probablement voisin d'une espèce fossile plus ancienne, *E. stenonis*, bien connue en Europe il y a 2 millions d'années. Les zèbres de Grévy et de montagne partageaient peut-être un même ancêtre non encore mis en évidence. Les ânes et les hémiones sont des espèces ou des groupes d'espèces sœurs, tous proches d'*E. tabeti*, un fossile africain de 1,5 million d'années. Les chevaux, bien que morphologiquement proches des couaggas, ne partagent avec eux qu'un ancêtre lointain vieux de plus de 3 millions d'années; leurs ressemblances sont dues à la persistance de caractères primitifs.

(1) M. Kaminski, *Pratique vétérinaire équine*, IX, 223, 1977.

(2) R. Higuchi et al., *Nature*, 312, 282, 1984.

(3) V. Eisenmann, *Cahiers de paléontologie*, Ed. du CNRS, 1980.

(4) C.P. Groves et D.P. Willoughby, *Mammalia*, 45, 321, 1981.

(5) R.E. Rau, *Ann. S. Afr. Mus.*, 77, 27, 1978.

(6) D.K. Bennett, *Syst. Zool.*, 29, 272, 1980.

(7) B. Kurtén et E. Anderson, *Pleistocene mammals of North America*, Columbia Univ. Press, 1980.

Il est possible d'obtenir de l'ADN d'espèces éteintes.

RESSUSCITER UN MAMMOUTH ?

Les progrès de la biochimie permettent de comparer les espèces au niveau de leur patrimoine génétique, dans le but d'estimer leur degré de ressemblance ou de divergence. La comparaison peut concerner les produits du matériel génétique, c'est-à-dire les protéines dont on analyse les propriétés. Mais l'observation directe du matériel génétique des espèces est devenue possible grâce aux techniques du génie génétique : les molécules d'ADN sont extraites des cellules, coupées en des endroits précis grâce à certaines enzymes. Sa composition en éléments de base (les nucléotides) peut être étudiée, mais surtout l'ordre dans lequel ils s'enchaînent (la séquence), dans des gènes homologues de différentes espèces, sont comparés pour voir ce qui change lorsque l'on passe d'une espèce à l'autre. Ces techniques ont notamment permis de montrer que le patrimoine génétique de l'homme est extraordinairement proche de celui du chimpanzé⁽⁸⁾.

Réservées jusqu'ici aux seules espèces vivantes, elles ouvrent depuis peu l'accès au matériel génétique des fossiles. Bien que les recherches en soient à un stade préliminaire, ces techniques peuvent apporter aux paléontologues des arguments nouveaux pour aider à clarifier les relations entre espèces vivantes et espèces disparues. Une méthode mise au point par J.M. Lowenstein aux Etats-Unis, a ainsi permis l'analyse de protéines résiduelles chez quelques fossiles⁽⁹⁾. Les chercheurs s'intéressent aussi à l'ADN d'espèces disparues. Quelques équipes, dont celle de A.C. Wilson, aux Etats-Unis, sont parvenues à extraire de l'ADN

de tissus bien conservés de mammouths⁽¹⁰⁾. Malheureusement, l'ADN de mammouth ne représente que 1 % de la totalité du matériel génétique obtenu, le reste provenant de bactéries contaminantes. Malgré tout, sa comparaison avec de l'ADN d'éléphants contemporains a pu être réalisée et montre une extraordinaire parenté : le matériel génétique semble identique à 98-99 %. L'intérêt, pour une analyse plus approfondie, serait d'obtenir de grandes quantités d'ADN de mammouth en amplifiant les différents fragments d'ADN dans une bactérie. Mais l'obtention d'une « bibliothèque » complète d'ADN de mammouth ne semble pas réalisée. En tout état de cause, on est loin de pouvoir faire « revivre » un mammouth à partir de son ADN, comme cela a été parfois abusivement annoncé !

Avec le couagga, les choses semblent plus faciles, puisque une bibliothèque de l'ADN extrait d'un fragment de peau a été réalisée par cette même équipe de Wilson (voir texte). D'autres spécimens éteints, voire des momies égyptiennes, seront sans doute soumis à de telles analyses dans les années à venir. Les chercheurs espèrent aussi pouvoir étendre la technique aux espèces dont il ne reste en apparence que les os. Malheureusement, il faut dire que l'on ne connaît pas grand chose sur la dégradation de l'ADN au cours des temps géologiques. Il est peu probable qu'il soit stable très longtemps. Donc, nombre de fossiles risquent de conserver longtemps leur secret moléculaire !

la Recherche

spectaculaire soit-elle. l'important est de ne pas oublier tout le reste, mais au contraire de tenter d'intégrer l'ensemble des faits et des suppositions dans le même tableau; pour cela il faut avant tout du bon sens.

En matière de phylogénies, même bâties sur la biologie moléculaire, la paléontologie est doublement privilégiée. D'abord parce qu'elle seule peut étalonner les horloges biologiques. Ensuite parce que l'étude des fossiles permet de tester les hypothèses phylogéniques : si une espèce fossile d'Afrique présente des caractères communs aux zèbres de Burckell et aux couaggas (ce qui est le cas), il est bien peu probable que l'un soit le frère du cheval et l'autre d'une espèce nord-américaine.

Il reste que les reconstitutions phylogéniques sont bien difficiles et que la collaboration entre des disciplines variées est certainement souhaitable. La communauté scientifique des naturalistes s'en rend bien compte, comme le prouve l'organisation d'un symposium sur le genre *Equus* qui doit réunir cette année au Canada (dans le cadre du IV^e Congrès international de thériologie) des biochimistes, des éthologues, des anatomistes et des paléontologues.

Véra Eisenmann