



Universiteit
Leiden
The Netherlands

Genetic diversity in the lion (*panthera leo* (Linnaeus 1758)) : unravelling the past and prospects for the future

Bertola, L.D.

Citation

Bertola, L. D. (2015, March 18). *Genetic diversity in the lion (*panthera leo* (Linnaeus 1758)) : unravelling the past and prospects for the future*. Retrieved from <https://hdl.handle.net/1887/32419>

Version: Not Applicable (or Unknown)

License: [Licence agreement concerning inclusion of doctoral thesis in the Institutional Repository of the University of Leiden](#)

Downloaded from: <https://hdl.handle.net/1887/32419>

Note: To cite this publication please use the final published version (if applicable).

Cover Page



Universiteit Leiden



The handle <http://hdl.handle.net/1887/32419> holds various files of this Leiden University dissertation.

Author: Bertola, Laura Diana

Title: Genetic diversity in the lion (*panthera leo* (Linnaeus 1758)) : unravelling the past and prospects for the future

Issue Date: 2015-03-18

L'étude de la distribution spatiale de la diversité génétique contribue à une meilleure compréhension des pressions évolutives qui ont façonné les patterns d'organisation de la variation actuelle. De plus, elle nous fournit des lignes directrices sur la façon de préserver efficacement cette diversité et peut donc servir à justifier la conservation prioritaire de certaines populations, en visant à minimiser les pertes de la diversité génétique et de préserver lignées génétiquement distinctes. Dans cette thèse, la diversité génétique intraspécifique du lion (*Panthera leo*) est évaluée. Ces grands prédateurs ont un rôle crucial dans l'écosystème, en contribuant autant à sa richesse spécifique qu'à sa résilience. Cependant, de nombreux carnivores, y compris le lion, voient le nombre de leurs populations décroître à la suite de pressions anthropiques. En raison de leur importance et leur vulnérabilité, les carnivores représentent un modèle fondamental pour l'élaboration de plans de conservation.

Actuellement, deux sous-espèces de lions sont officiellement reconnues par l'UICN: le lion d'Afrique (*Panthera leo leo*), répartis sur l'ensemble de l'Afrique subsaharienne à l'exception de la forêt tropicale dense, et le lion d'Asie (*Panthera leo persica*), confiné à une seule population en Inde. Cependant, d'autres espèces ayant une distribution similaire à travers le continent africain montrent une dichotomie de base, distinguant les populations d'Afrique de l'Ouest/Centrale et les populations d'Afrique Orientale/Australe. Cette dichotomie se reflète souvent dans leur taxonomie. Les études morphologiques des lions qui ont initialement conduit à la distinction de près de huit "sous-espèces", semblent confirmer les deux lignées de lions. Toutefois les résultats de ces études doivent être interprétés avec précaution car les variations d'âge et de sexe ne sont pas toujours traitées de façon adéquate. Les premières études génétiques ont confirmé que la variation génétique du lion est supérieure au nombre de taxon établi et que la sous-espèce africaine est constituée de plusieurs lignées génétiques. Puisque les stratégies de conservation et la taxonomie sont interdépendants, il est important de veiller à ce que la variation génétique existante soit bien documentée.

Jusqu'à présent, les études phylogéniques du lion ont principalement inclus les lions d'Afrique Orientale et Australe et se sont concentrées sur le positionnement des sous-espèces Asiatiques par rapport aux populations africaines. Dans un même temps, les populations d'Afrique de l'Ouest et (en parties) de l'Afrique Centrale ont montré des déclin exceptionnellement forts du nombre de lions et d'autres espèces sauvages. En conséquence, le lion d'Afrique de l'Ouest a été classé comme «régionalement menacé», et il a même récemment été suggéré de le classer «en danger critique». Cette thèse se concentre principalement sur l'étude génétique du lion d'Afrique de l'Ouest et d'Afrique Centrale, en raison du besoin urgent de conservation dans ces régions et du fait de la présence potentielle de lignées génétiques uniques.

Dans le Chapitre 2, la phylogéographie des populations du lion d'Afrique de l'Ouest et d'Afrique Centrale a été analysée. Cette analyse a été faite à l'aide du marqueur génétique cytochrome *b* et d'une partie de la région de contrôle afin d'y inclure les données de deux études antérieures. Dans notre étude, les arbres phylogénétiques montrent lignées bien différenciées en Afrique Orientale/

Australe et une forte relation génétique entre des lions d'Afrique de l'Ouest/Centrale et la sous-espèce Asiatique. Ce résultat peut être expliqué par de graves sécheresses dans la partie ouest de l'aire de distribution du lion, conduisant à un fort goulot d'étranglement ou à l'extinction locale de ces populations. Une recolonisation ultérieure venant de l'Afrique du Nord ou du Moyen-Orient pourrait alors expliquer la forte relation génétique avec la sous-espèce Asiatique. La conclusion principale est que la taxonomie actuelle ne reflète pas adéquatement la diversité génétique du lion africain. Les différentes options pour une révision taxonomique concordante, notamment en ce qui concerne le positionnement du lion d'Afrique de l'Ouest/Centrale, devraient être explorées.

Les phylogénies basées sur les marqueurs mitochondriaux pourraient masquer la complexité génomique en raison des différents modes de transmission génétique et du temps de coalescence par rapport aux marqueurs autosomiques. Puisque les révisions taxonomiques ont des conséquences potentiellement importantes sur la gestion et la conservation de la biodiversité, une telle révision du lion devrait être basée sur une combinaison de marqueurs génétiques non liés. Dans le Chapitre 3, la congruence entre les patterns phylogénétiques basé sur des marqueurs mitochondriaux et autosomiques est évaluée au moyens de 20 loci microsatellites et d'ADN mitochondrial dans 15 populations de lions. Les résultats permettent de différencier quatre groupes génétiques distincts: les populations de 1) l'Afrique de l'Ouest/Centrale, 2) l'Afrique de l'Est, 3) l'Afrique Australe, et 4) Asiatiques. Bien que les microsatellites soient des marqueurs appropriés pour inférer la structure des populations, ils ne permettent pas d'explorer les relations phylogénétiques. La diversité génétique réduite de la population Asiatique permet de distinguer clairement de la sous-espèce Asiatique. Toutefois, ceci ne reflète pas nécessairement une longue distance évolutive. Par conséquent, il n'est pas possible de tester les relations phylogénétiques entre les populations d'Afrique de l'Ouest/Centrale et la sous-espèce Asiatique. De plus, ces analyses n'indiquent aucune réduction de la diversité génétique dans les populations de l'Afrique de l'Ouest/Centrale, comme le suggérerait l'hypothèse basée sur l'histoire des populations dans cette région. Ce résultat peut être expliqué par une diminution récente de l'effectif de lions pouvant masquer la signature génétique. Cependant, des exemples de gestion intensive des populations de lion ont montré que la consanguinité peut survenir rapidement au sein de petites populations isolées. Par conséquent, une meilleure gestion des populations peut être nécessaires pour les prémunir contre une perte de la diversité génétique et de ces effets sur la fitness de ces populations.

Comme les données autosomiques ne contredisent pas les patterns phylogénétiques basés sur l'ADN mitochondrial, l'échantillonnage de localité a été étendu et inclus à l'ensemble de données précédent puis analysé dans le Chapitre 4. Des spécimens provenant de collections d'histoire naturelle ont été inclus pour les zones où les lions ont aujourd'hui disparu (ce est à dire, l'Afrique du Nord et Moyen-Orient) et pour les zones dans lesquelles il n'était pas possible d'échantillonner de lions sauvages. Une méthode appelée «ancient DNA» a été utilisée pour l'analyse génétique de ces données. Un total de 194 échantillons provenant de 22 pays ont été inclus et les mitogenomes complets de 14 individus ont été analysés, couvrant ainsi les principaux groupes phylogéographiques. Les reconstructions phylogénétiques révèlent une dichotomie de base fortement soutenue, en distinguant les lions de la partie nord de la distribution, y compris la sous-espèces Asiatique (Groupe du Nord), et les populations de la partie sud de la distribution (Groupe Sud). Six principaux haplogroupes peuvent être identifiés: 1) l'Afrique d'Ouest, 2) l'Afrique Centrale, 3) l'Afrique du Nord/Asie (Groupe Nord), 4) l'Afrique de Nord-Est, 5) l'Afrique Oriental/Australe, et 6) l'Afrique de Sud-Ouest (Groupe Sud). La division de base en deux groupes phylogénétiques principaux et la distinction

d'autres haplogroupes se retrouvent dans plusieurs autres mammifères de la savane. Ceci indique que des facteurs environnementaux auraient façonné la répartition phylogéographique d'espèces coexistantes. Pour le lion, le plus récent ancêtre commun de ces lignées est estimé à ~300 mille ans et la diversification des haplogroupes s'est probablement produite durant les derniers ~100 mille ans. L'expansion cyclique de la forêt tropicale et du désert pouvant entraver le flux de gènes entre les populations, expliquerait ce résultat. La contraction temporelle dans des refuges localisés pourrait alors avoir conduit à différents clades clairement distincts dû à la coalescence rapide des marqueurs d'ADN mitochondrial. Le scénario proposé est confirmé par les résultats de modèles d'enveloppes bioclimatiques publiés dans une étude précédente et qui prédit des refuges correspondant aux différents haplogroupes du lion. Le degré de divergence entre le Groupe Nord et le Groupe Sud et en particulier la position de la sous-espèce Asiatique dans le clade d'Afrique d'Ouest/Centrale soutient l'idée que la taxonomie actuelle ne concorde pas avec l'histoire évolutive du lion, et justifierait par conséquent une révision taxonomique.

Dans le chapitre 5, nous développons un nouveau marqueur génétique spécifique pour le lion obtenu par séquençage du génome entier de 10 lions, couvrant les principaux groupes phylogénétiques. Les données génomiques ont été extraites pour des positions variables et un total de ~18 000 SNPs ont été identifiés. Des analyses phylogénétiques basées sur ces SNPs résultent en un arbre avec une structure hiérarchique dans lequel il n'a pas de clades réciproquement monophylétiques. Cependant, la sous-espèce Asiatique se trouve à nouveau imbriquée dans le clade d'Afrique d'Ouest/Centrale. Les SNPs identifiés dans ce chapitre permettent de générer un panel de SNP pouvant être utilisé pour génotyper rentablement un plus grand effectif de lions, comme lors d'analyse génétique à très haut débit de lions sauvages ainsi que l'évaluation de lignées génétiques présentes dans les populations captives.

Les ensembles de données présentés dans cette thèse illustrent d'une manière cohérente que la sous-espèce Asiatique a une position imbriquée dans le lion d'Afrique. Les données d'ADN mitochondrial ainsi que les données microsatellites montrent que le lion de l'Afrique d'Ouest/Centrale est reconnu comme un clade distinct. Cependant, en Afrique Orientale et Australe, les clades géographiques identifiés par l'ADN mitochondrial et les microsatellites divergent. Cela pourrait être le résultat de flux de gènes d'origine masculine, étant donné la dispersion biaisée des sexes chez les lions. De plus, le temps de coalescence rapide de l'ADN mitochondrial contribue à des clades monophylétiques clairement reconnaissables selon nos données. La topologie de l'arbre basé sur les SNPs indique un modèle de flux de gènes à l'échelle continentale. Les différences dans les temps de mutation entre les marqueurs SNP bi-allélique et marqueurs microsatellites multi-alléliques suggèrent que les données des SNPs reflètent un modèle de flux de gènes plus ancien qui se serait produit avant que les populations aient été isolées dans des refuges localisés.

Afin de traduire les données en recommandations pour la conservation, il est conseillé de reconnaître les unités en dessous du niveau de l'espèce, comme par exemples les ESUs ou le MUs². Exiger d'utiliser des groupes réciproquement monophylétiques pour des marqueurs d'ADN mitochondrial et autosomiques peut être trop restrictif. Cependant, un niveau de divergence pour les allèles nucléaires doit être présent afin éviter les erreurs de classification des unités liés par les flux de gènes nucléaires, et non par les flux de gènes des organites. De surcroît, la divergence sur la base de données d'ADN mitochondrial pourrait représenter une relique d'isolations passées et maintenues seulement par la forte philopatrie des femelles. Par conséquent, il est suggéré de traiter les clades monophylétiques obtenus par l'ADN mitochondrial comme les ESUs et ne pas les élever au statut de sous-espèce.

Enfin, pour s'assurer que la taxonomie reflète l'histoire évolutive du lion, il est suggéré de réviser la taxonomie actuelle et reconnaître les unités suivantes:

Panthera leo leo (Linnaeus, 1758)

Unit 1: l'Asie (+ Afrique du Nord et Moyen-Orient, disparu)

Unit 2: l'Afrique Centrale

Unit 3: l'Afrique de l'Ouest

Panthera leo melanochaita (Hamilton Smith, 1848)

Unit 4: l'Afrique de Nord-Est

Unit 5: l'Afrique Oriental/Australe

Unit 6: l'Afrique de Sud-Ouest

Il est conseillé de suivre une approche pragmatique, en tenant compte des problèmes liés à l'échelle et des solutions possibles associées à la gestion de ces unités. Ceci compte autant pour les populations sauvages que captive. Les données présentées dans cette thèse donnent un aperçu plus complet de la distribution de la diversité génétique dans le lion par l'addition de données de plusieurs populations, notamment en provenance d'Afrique de l'Ouest et Centrale, et par l'analyse d'une variété de marqueurs génétiques. Une phylogéographie plus détaillée du lion donne, d'une part, un aperçu sur l'histoire évolutive qui a façonné la structure génétique, et d'autre part, contribue à l'élaboration de plans de gestion efficace pour conserver la diversité génétique complète du lion.