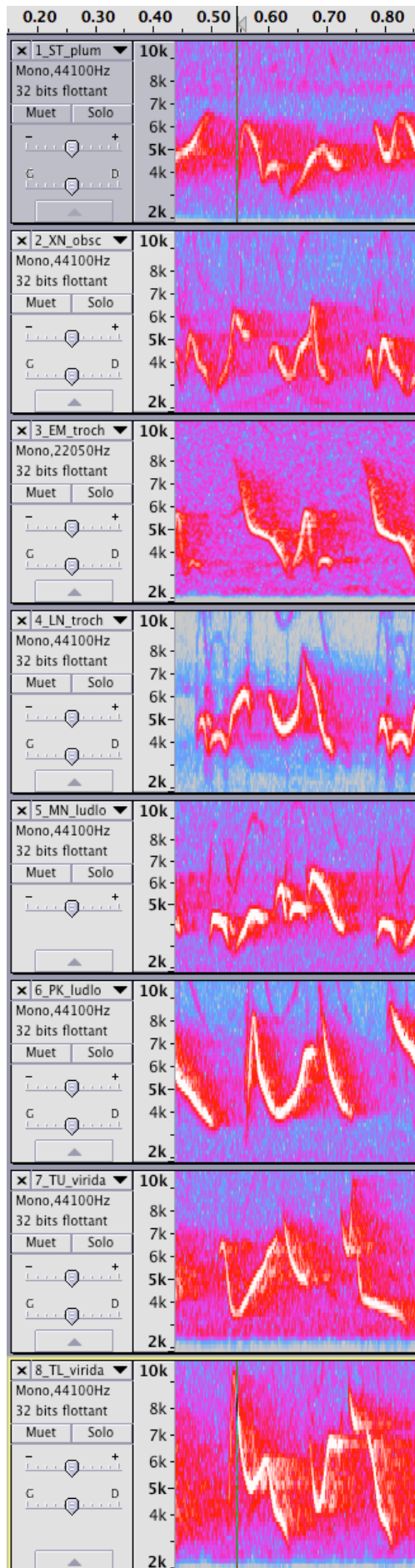


L'histoire du Pouillot verdâtre d'Asie

TS - Génétique et évolution - TD.5 - Diversification du vivant et évolution de la biodiversité - Fiche 4

Documents tirés de D.E. Irwin et son équipe.



Corrigé

L'analyse des documents de présentation du pouillot verdâtre en Asie montre une séparation de la population d'origine (LN) au sud du massif himalayen en populations qui se remontent vers le Nord par l'Est ou l'Ouest du massif. Ces populations divergent lentement et progressivement en contournant le massif himalayen par les forêts sur les pentes :

- par l'Ouest, MN, PK, TU, puis TL dans la forêt sibérienne
- par l'Est EM, XN et ST dans la forêt sibérienne.

Après contournement de l'obstacle les populations TL et ST se retrouvent sur un même territoire géographique (la forêt sibérienne) mais sans se reproduire entre eux ni se reconnaître.

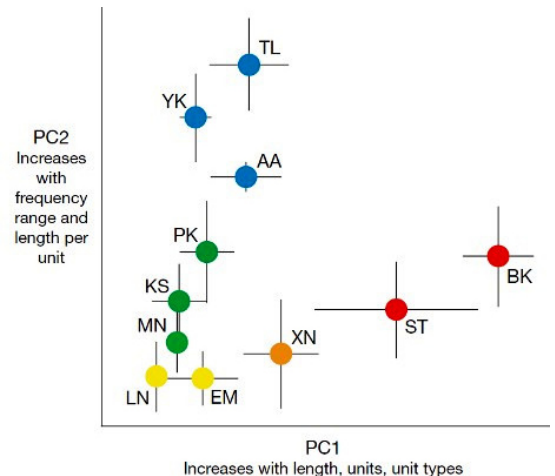
Or au moment de l'accouplement, la femelle reconnaît le mâle pour se diriger vers lui et le choisit par le chant et la qualité de son plumage. Elle a appris ce chant en écoutant son père et ses frères.

De plus le chant des mâles permet de délimiter leur territoire entre mâles de la même espèce.

Si nous étudions le plumage, les deux espèces mâles divergent par un motif des plumes de l'aile.

Si nous étudions le chant avec *Audacity*, nous pouvons mettre en évidence une différenciation des motifs (spectrogramme) par rapport au chant de LN (population ancestrale).

La variation géographique du chant des sous espèces de Pouillots verdâtres quantifiée par analyse en composantes principales (fréquence et longueur du motif peuvent être traduits graphiquement (à droite - auteur DE Irwin).



Cela montre une évolution des fréquences par complexification dans la branche occidentale et de l'étalement dans la branche orientale.

L'analyse (à gauche, résultat obtenu en TP) des chants dans *Audacity* montre après traitement, classement et alignement des séquences. LN étant placé sur la 4^e ligne (référence ancestrale).

L'étude de l'ADN mitochondrial confirme la divergence génétique des populations plumbeitarsus ST et viridanus (TL). Les populations ont évolué séparément avant de se retrouver.

Les deux sous-espèces ont suffisamment divergé avant de se retrouver pour le plus se reconnaître comme étant de la même espèce (interfécondation et possession d'un territoire).