

Communiqué de presse – 13 février 2023

Quels sont les premiers ancêtres de nos poissons modernes ?

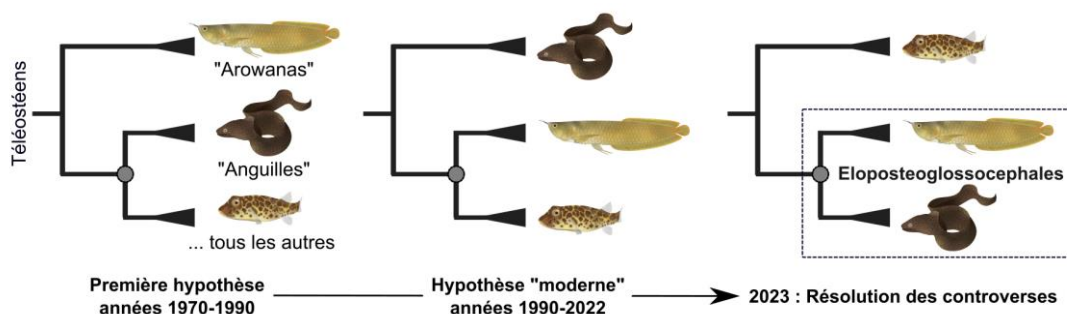
Quelle est l'origine des ancêtres de nos poissons modernes ? Quelles espèces en découlent ? Une controverse scientifique vieille de 50 ans portait sur la question de savoir quel groupe, entre celui des poissons « arowanas » ou des « anguilles », était le plus ancien. Une étude d'INRAE, du CNRS, de l'Institut Pasteur, de l'Inserm et du Muséum national d'histoire naturelle, vient de mettre fin au débat en montrant par analyse génomique que ces poissons forment en réalité un seul et même groupe, baptisé du nom étrange de « eloposteoglossocephales ». Ces résultats, publiés dans *Science*, éclairent de façon nouvelle l'histoire évolutive des poissons.

Comprendre l'histoire évolutive des espèces grâce à leurs relations de parenté est une question essentielle et fait régulièrement l'objet de controverses scientifiques. L'une d'elle concerne la position, dans l'arbre de la vie, des 3 plus anciens groupes de poissons téléostéens, apparus vers la fin du Jurassique (période qui s'étend de -201,3 à -145 millions d'années) et qui comprennent la plupart de nos poissons modernes. Ces 3 groupes se composent des « arowanas », des « anguilles » et d'un groupe qui réunit toutes les autres espèces de poissons téléostéens. Dans les années 1970, les premières classifications, qui se basaient uniquement sur des critères anatomiques, avaient classifié les « arowanas » comme le groupe le plus ancien. Les approches modernes de classification, fondées sur l'utilisation de séquences ADN pour reconstruire l'histoire évolutive du vivant, plaçaient, elles, les « anguilles » comme le groupe le plus ancien. Depuis, la controverse s'est installée.

Et si les deux hypothèses étaient fausses ?

Pour étudier cette question, les scientifiques ont séquencé les génomes de plusieurs espèces du groupe « anguilles », parmi lesquelles l'anguille européenne et la murène géante. Ils ont analysé les séquences d'ADN pour mieux connaître la structure et l'organisation des gènes au sein du génome. Ils ont ainsi pu reconstruire, de façon très fiable, les relations de parenté entre les différents poissons téléostéens, ce qui a conduit à mettre fin à la controverse sans gagnants, ni perdants : aucune des deux 2 hypothèses n'était valide !

En effet, et de façon surprenante, les scientifiques ont découvert que les 2 groupes des « anguilles » et des « arowanas » ne font en fait qu'un seul et même groupe dans l'histoire évolutive. Les chercheurs ont baptisé ce groupe « eloposteoglossocephales ». Ces résultats permettent de mettre fin à plus de cinquante 50 ans de controverses sur l'histoire évolutive des branches maîtresses de l'arbre de la vie des poissons téléostéens. Ils éclairent de façon nouvelle l'histoire évolutive des poissons et la compréhension des processus d'évolution.



Arbres de vie des poissons téléostéens représentant les 2 hypothèses de la controverse et sa résolution dans la présente étude.

Référence

Parey E., Louis A., Montfort J. et al. (2023). Genome structures resolve the early diversification of teleost fishes. *Science*. 9 Feb 2023 - Vol 379, Issue 6632, pp. 572-575 <https://www.science.org/doi/10.1126/science.abq4257>

Étude financée par [l'ANR GenoFish](#).

Contacts scientifiques :

Yann Guiguen - yann.guiguen@inrae.fr

Laboratoire de physiologie et de génomique des poissons

Département scientifique PHASE

Centre INRAE Bretagne-Normandie

Camille Berthelot - camille.berthelot@pasteur.fr

Chercheuse Inserm

Groupe Génomique fonctionnelle comparative

Institut Pasteur

Hugues Roest Crolius - hrc@bio.ens.psl.eu

Institut de Biologie de l'ENS

CNRS

Contact presse :

Service de presse INRAE : 01 42 75 91 86 – presse@inrae.fr

Service de presse CNRS : 01 44 96 51 51 – presse@cnr.fr

Service de presse de l'Institut Pasteur : presse@pasteur.fr
