



HAL
open science

La biogéographie des grillons Eneopterinae : un tour du monde en quatre-vingts... millions d'années

Tony Robillard

► To cite this version:

Tony Robillard. La biogéographie des grillons Eneopterinae : un tour du monde en quatre-vingts... millions d'années. Les amis du Muséum National d'Histoire Naturelle, 2018, 274, pp.26-28. hal-03885300

HAL Id: hal-03885300

<https://hal.science/hal-03885300>

Submitted on 20 Jan 2023

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

La biogéographie des grillons Eneopterinae : Un tour du monde en quatre-vingt... Millions d'années

Tony Robillard

Les grillons sont un groupe d'insectes appartenant à l'ordre des Orthoptères. Ils sont caractérisés par la faculté des mâles à produire des signaux de communication à l'aide de leurs élytres (les ailes antérieures rigidifiées) en vue d'attirer la femelle pour la reproduction. On ne trouve que quelques espèces en France, sans parler du grillon du métro parisien, celui des animaleries, rayon garde-manger pour NAC (nouveaux animaux de compagnie), et ceux qui peuplent les laboratoires de biologie. En effet, une poignée d'espèces de grillons a fait l'objet de très nombreuses études portant sur la communication acoustique, la sélection sexuelle, ou encore le fonctionnement des systèmes sensoriels et nerveux. Mais cette apparente familiarité pour le grand public et pour le biologiste dissimule la véritable diversité de ces insectes (il en existe près de 5000 espèces), qui résulte de leur longue histoire évolutive, car on estime l'origine des grillons à 250 millions d'années (Song et al. 2015). Cette diversité touche non seulement les formes qu'ils revêtent, mais aussi les habitats qu'ils occupent, leurs comportements et leurs émissions sonores.

Les représentants de la sous-famille Eneopterinae, soit actuellement environ 250 espèces réparties dans 21 genres, en sont un bon exemple. Des études récentes ont démontré que les espèces d'une tribu entière, les Lebinthini, produisent des signaux de communication dont les fréquences dépassent de loin les valeurs dont on pensait capables les grillons. Ainsi l'espèce de grillon dont le chant a la plus haute fréquence est actuellement *Pixibinthus sonicus* Anso & Robillard, 2016, originaire des maquis miniers de Nouvelle-Calédonie, et dont la fréquence du chant atteint 28 à 30 kHz (contre 5 kHz pour le grillon champêtre) (Anso et al. 2016). Une telle modification des signaux d'appels n'est pas sans conséquences sur le système de communication dans son ensemble, mais aussi sur la propagation du son dans le milieu et les interactions avec les autres composantes de l'écosystème acoustique (compétiteurs, parasites et prédateurs). Des travaux récents ont démontré que ces signaux à hautes-fréquences chez les Lebinthini participent à un système de communication qui diffère totalement de celui des autres grillons : la femelle ne s'oriente plus en suivant le chant du mâle (perte de la phonotaxie), mais elle lui répond à l'aide de vibrations produites en remuant l'ensemble du corps (trémulation) ; ces vibrations, transmises à travers le substrat végétal, permettraient alors au mâle de localiser la femelle (ter Hofstede et al. 2015).

Pour comprendre l'origine d'un tel bouleversement en matière de communication, il est important de pouvoir se replacer à l'époque et dans le contexte géographique dans lequel il s'est produit. Il est donc nécessaire de réaliser des inférences pour connaître le contexte où vivaient les lignées anciennes. Pour ce faire, on a recours à des outils phylogénétiques et biogéographiques en guise de machine à remonter le temps.

La phylogénie des Eneopterinae a été reconstruite à plusieurs reprises à l'aide de données morphologique et moléculaires. L'arbre de cette sous-famille est à présent assez stable et ces études confirment l'existence de cinq tribus monophylétiques, dont l'aire de distribution des espèces actuelles est la suivante (Figure 1) : les Eurepini sont endémiques d'Australie ; les Eneopterini, correspondant au genre *Eneoptera*, sont distribués dans le Nord de l'Amérique du Sud et une partie de l'Amérique Centrale ; les Nisitriini sont distribués en Asie du Sud-est, les Xenogryllini en Asie et en Afrique subsaharienne ; quant aux Lebinthini, qui ont développé le système de communication original, ils sont très largement distribués en Asie du Sud-Est, dans la plupart des archipels du Pacifique Ouest, dans le

nord de l'Amérique du Sud, et, pour quelques espèces récemment découvertes, dans le nord de l'Australie (Robillard & Su, 2018). Une distribution mondiale concentrée autour des zones tropicales, principalement dans l'Hémisphère Sud, et que l'on qualifie de disjointe. Une telle distribution pose de nombreuses questions quant aux événements de dispersions et/ou de vicariances et aux routes de migration qui ont conduits à cette situation.

L'arbre phylogénétique a été daté à l'aide de datations moléculaires calibrées à partir de fossiles de grillons. Les résultats indiquent que les Eneopterinae ont commencé à se diversifier vers 76-80 Ma, c'est-à-dire durant le Crétacé Supérieur et vers la fin de la fracturation du Gondwana (Vicente et al. 2017) (Figure 2). L'étape suivante de l'étude consiste à inférer des hypothèses quant à l'aire de distribution ancestrale de chaque nœud de l'arbre phylogénétique. Une approche probabiliste implémentée sous le langage R dans le package BioGeoBEARS (pour BioGeography with Bayesian Evolutionary Analysis in R Scripts) a été utilisée. Cette méthode permet de tester de des modèles tenant compte de nombreux paramètres : modèles de spéciation, informations sur les distributions actuelles, l'âge de chacun des nœuds de l'arbre, et surtout les configurations géologiques passées des aires biogéographiques considérées. Le tout est codé sous forme de matrices de probabilités de dispersion d'une aire à une autre, et ce pour chacune des tranches de temps géologique que l'on choisit d'utiliser. Les résultats que l'on en tire, pour chacun des modèles testés, est un patron phylogénétique pour lequel chaque nœud est associé à des probabilités d'aires ancestrales. La vraisemblance globale, estimée pour chaque modèle, permet d'en sélectionner un ou plusieurs et d'en analyser les résultats en termes d'événements biogéographiques.

Pour le cas des grillons Eneopterinae, l'origine la plus probable se situe en Australie, qui, au Crétacé supérieur, n'était pas encore déconnectée de l'Antarctique, qui était encore plus ou moins connecté à l'Amérique du Sud, l'ensemble des trois régions partageant un climat chaud et humide (Figure 3). Le modèle le plus soutenu par les analyses indique des origines en Australie et en Amérique du Sud par migrations (via un peuplement Antarctique). Une hypothèse de vicariance, faisant intervenir un peuplement ancestral commun aux trois régions, ne peut être entièrement écartée pour ces événements précoces, liés notamment à la fin de la fracturation du super continent gondwanien.

Quoiqu'il en soit, une lignée relativement ancienne de ces grillons aurait colonisé l'Amérique du Sud très tôt dans l'histoire de la sous-famille, lignée correspondant au genre *Eneoptera* actuel, peu diversifié (seulement 5 espèces sont connues) ou ayant subi de fortes extinctions durant sa longue histoire. A partir de cette lignée sud-américaine, les résultats indiquent une colonisation de l'Asie vers 67 Ma, qui s'est probablement effectuée via l'Hémisphère Nord. Aucun fossile de ce clade n'a jusqu'à présent été découvert, ainsi rien ne permet de statuer sur le chemin emprunté par cette colonisation, qui a pu s'effectuer par le Détroit de Béring ou via un chemin trans-atlantique. Cependant, nos résultats suggèrent un retour en Amérique du Sud et Centrale vers 40 Ma, correspondant à une lignée de la tribu Lebinthini. Si l'on considère que la majeure partie de la région Holarctique possédait un climat tropical durant cette période (Morley, 2007), la colonisation de l'Asie, puis la recolonisation de l'Amérique du Sud, pourraient avoir été facilitées par la présence en continu dans la région Boréotropicale de lignées à présent éteintes en raison du refroidissement progressif de l'Hémisphère nord. De tels peuplements ont été démontrés pour de nombreux groupes de plantes et chez certains animaux également, mais reste à confirmer par le registre fossile pour les grillons Eneopterinae.

En parallèle de ces migrations, les Xenogryllini se sont différenciés et auraient colonisé l'Asie continentale, puis l'Afrique, probablement via le Moyen orient avant la désertification de cette région. Outre la lignée de Lebinthini migrant de l'Asie à l'Amérique du sud, ces derniers se sont énormément diversifiés dans les archipels de l'Asie du Sud Est et du Pacifique Ouest. Plusieurs lignées de

Lebinthini ont d'ailleurs recolonisé récemment le nord de l'Australie, soit près de 80 Ma après l'origine de la sous-famille.

Les inférences biogéographiques sont riches d'enseignement pour étudier l'origine des traits des espèces. Dans le cas présent, la phylogénie seule ne permettrait guère de connaître le contexte dans lequel sont apparus les signaux de communication à haute fréquence, prémisses à l'évolution du nouveau système de communication des Lebinthini. Grâce aux résultats biogéographiques, on peut estimer que cette innovation s'est produite vers 54.4 Ma, durant le Paléocène, quelque part dans la vaste région Boréotropicale. Des études à venir permettront de recouper ces informations avec ce que l'on sait de la flore, de la faune et du climat de cette paléo-région. Peut-être ainsi sera-t-il permis de proposer une explication quant au facteur qui a déclenché ces changements évolutifs.

Références

- Anso, J., Barrabe, L., Desutter-Grandcolas, L., Jourdan, H., Grandcolas, P., Dong, J. & Robillard, T. (2016) Old lineage on an old island: *Pixibinthus*, a new cricket genus endemic to New Caledonia shed light on Gryllid diversification in a hotspot of biodiversity. *PLoS ONE*, 11, e0150920.
- Morley, R.J. (2007) Cretaceous and Tertiary climate change and the past distribution of megathermal rainforests. *Tropical rainforest responses to climatic changes* (ed. by M.B. Bush and J. Flenley), pp. 1–31. Praxis publishing, Chichester.
- Robillard, T. & Su, Y. N. (2018) New lineages of Lebinthini from Australia (Orthoptera: Gryllidae: Eneopterinae). *Zootaxa*, sous presse.
- Song, H., Amedegnato, C., Cicliano, M.M., Desutter-Grandcolas, L., Heads, S.W., Huang, Y., Otte, D., Whiting, M.F., 2015. 300 million years of diversification: elucidating the patterns of orthopteran evolution based on comprehensive taxon and gene sampling. *Cladistics*, doi: 10.1111/cla.12116.
- ter Hofstede, H., Schöneich, S., Robillard, T. & Hedwig, B. (2015) Evolution of a communication system by sensory exploitation of startle behavior. *Current Biology*, 25, 3245–3252.
- Vicente, N., Kergoat, G.J., Dong, J., Yotoko, K., Legendre, F., Nattier, R., Robillard, T. (2017). In and out of the Neotropics: historical biogeography of Eneopterinae crickets. *Journal of Biogeography*, in press. doi:10.1111/jbi.13026



Figure 1. Distribution actuelle des tribus appartenant aux grillons Eneopterinae

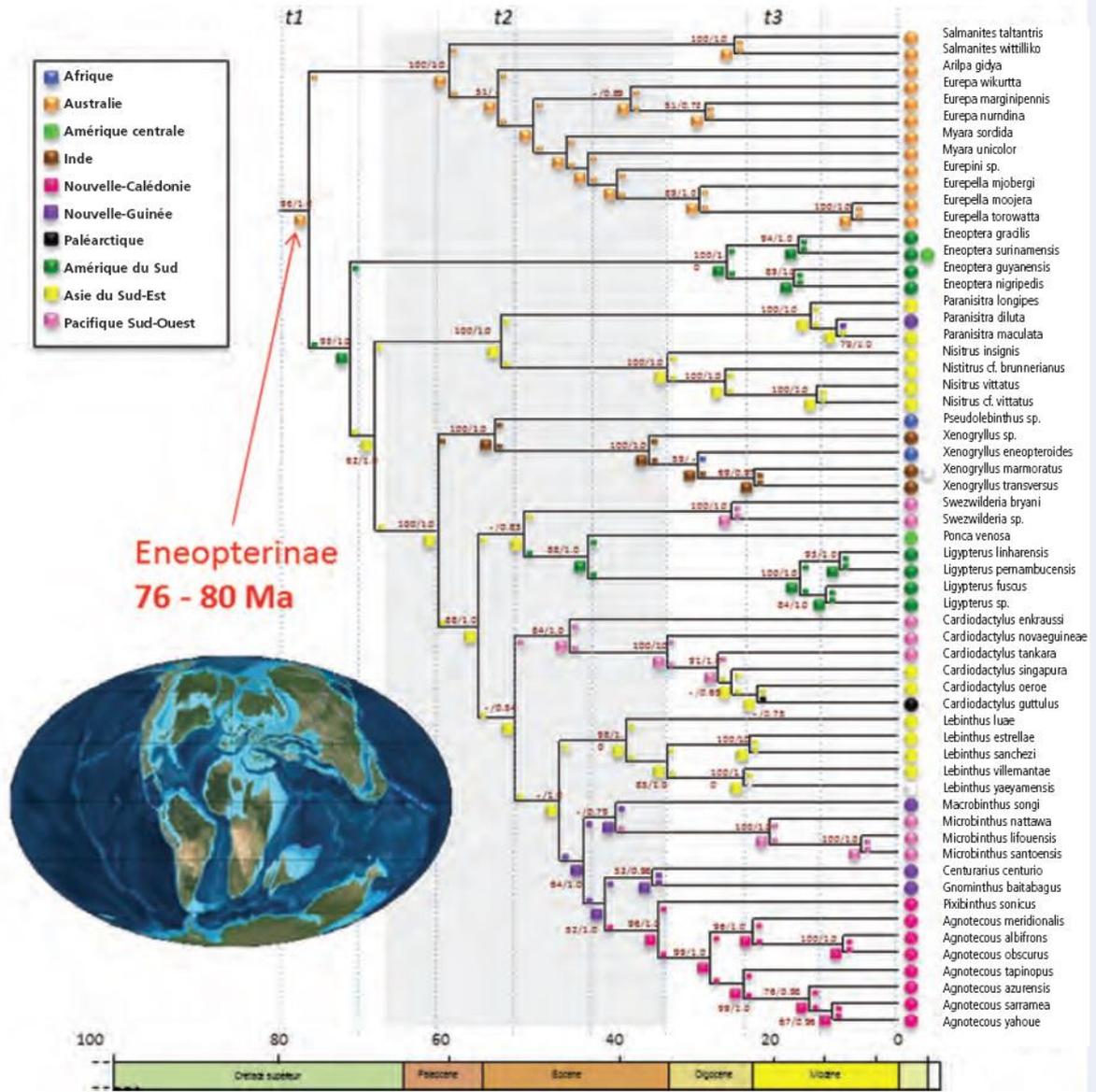


Figure 2. Phylogénie moléculaire datée et reconstruction des aires de distribution ancestrales

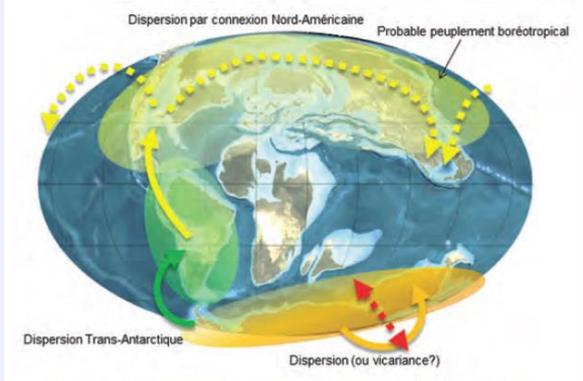


Figure 3. Evénements biogéographiques au Cétacé supérieur (80-60 Ma)

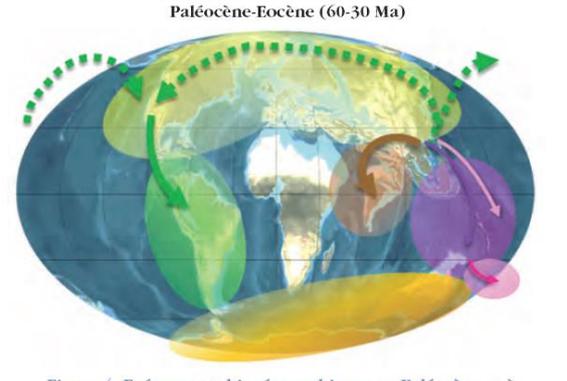


Figure 4. Evénements biogéographiques au Paléocène et à l'Eocène (60-30 Ma)