

Avancées scientifiques



Un puzzle de code-barres moléculaires pour les Grenouilles vertes

Christophe DUFRESNES¹, Benjamin MONOD-BROCA¹, Pierre-André CROCHET², Mathieu DENOËL³, Daniel JABLONSKI⁴

¹ LASER, College of Biology and the Environment, Nanjing Forestry University, Nanjing, People's Republic of China

² CEFE-CNRS, 1919 route de Mende, 34293 Montpellier

³ Laboratoire d'Écologie et de Conservation des Amphibiens (LECA), Université de Liège, Liège, Belgique

⁴ Department of Zoology, Comenius University in Bratislava, Bratislava, Slovaquie

Les grenouilles vertes du genre *Pelophylax* sont fascinantes sous bien des aspects évolutifs (hybridogénèse, phylogéographie), écologiques (espèces exotiques envahissantes) et même économiques (commerces des cuisses de grenouilles). Malgré des décennies de recherche et des centaines d'études, *Pelophylax* reste le groupe d'anoures le plus complexe et problématique pour les herpétologistes eurasiatiques. Afin d'avoir une vision globale de la diversité mitochondriale, nous avons combiné >10,000 séquences « code-barres » pour cartographier toutes les lignées connues sur plus de 1,600 localités, et avons reconstruit leur phylogénie sur la base de mitogénomes complets et partiels.

Les résultats offrent un cadre spatio-temporel pour apprécier les diversités et distributions et reconstruire l'histoire biogéographique du genre depuis l'Oligocène jusqu'au dernier glaciaire. Ils interpellent également sur les origines et natures multiples (près de la moitié des lignées connues) des populations allochtones d'Europe occidentale, qui pourrait bien représenter une des invasions d'amphibiens les plus importantes à l'échelle mondiale.

✉ christophe.dufresnes@hotmail.fr

NOTES



50^e congrès

de la Société Herpétologique de France



© Claire Razložnik

Du 11 au 14 octobre 2023
à Erquy (22)

DOCUMENT DE SÉANCE

