

SCIENCES PALÉONTOLOGIE

Des microbes de mammouths révélés par la paléogénomique

Les génomes de six bactéries, dont l'une vieille de 1,1 million d'années, ont pu être identifiés dans des échantillons de ces éléphantidés disparus.

Par Hervé Morin

Publié aujourd'hui à 05h45 · Lecture 2 min.

Article réservé aux abonnés



Une défense de mammoth laineux émergeant du pergélisol au centre de l'île Wrangel, située au nord-est de la Sibérie (Russie), le 17 février 2021 . LOVE DALÉN/AFP

Les derniers mammouths se sont éteints il y a environ quatre mille ans, sur l'île Wrangel, à 140 kilomètres au nord des côtes extrême-orientales russes du district de Tchoukotka. Et, avec eux, un cortège de microbes dont on vient de retrouver une infime trace, une prouesse [présentée le 2 septembre dans la revue Cell](#).

Benjamin Guinet (Centre de paléogénomique et Muséum d'histoire naturelle de Stockholm) et ses collègues ont passé au tamis l'ADN prélevé sur 483 échantillons de mammouths, dont certains provenant d'un spécimen vieux de 1,1 million d'années. Ils ont pu identifier des séquences attribuées à six bactéries des genres *Actinobacillus*, *Pasteurella*, *Streptococcus* et *Erysipelothrix*. Précisons que, pour ce faire, ils n'ont manipulé que de l'information génétique, et non les microbes eux-mêmes, depuis longtemps disparus.

« L'ADN microbien, c'est le cauchemar de mes collègues paléogénéticiens qui souhaitent étudier les mammoths, car il peut ressembler au génome de ceux-ci », observe Benjamin Guinet. Leur premier réflexe est donc de s'en débarrasser. Lui a fait l'inverse : « J'ai jeté toutes les données qui ressemblaient à de l'ADN d'éléphant. » Le reste a été soumis à une série de filtres pour éliminer les contaminations survenues en laboratoire, mais aussi les séquences des plantes, des champignons et des microbes qui pouvaient se trouver dans l'environnement des mammoths, sans faire partie de leur microbiote.

Du streptocoque dans les dents

La méthode a permis l'identification d'une bactérie *Erysipelothrix* associée à un mammoth des steppes vieux de 1,1 million d'années, ce qui en fait le plus ancien couple connu entre un microbe et son hôte. Mais cela ne restera pas le plus ancien microbe officiellement identifié par la paléogénomique : « Nos collègues du groupe d'Eske Willerslev, à Copenhague, ont déjà décrit des communautés microbiennes dans des échantillons environnementaux vieux de deux millions d'années prélevés dans le nord du Groenland », précise Benjamin Guinet. Dès que leur étude, qui a fait l'objet d'une prépublication en 2023, sera dûment publiée dans un journal scientifique, le record leur reviendra.

Lire aussi (2024) | [Le génome d'un mammoth laineux reconstitué en 3D, à partir de chromosomes « fossiles »](#)

Mais ce qui intéresse le chercheur français, ce n'est pas tant l'ancienneté que les relations entre des microbes et leur hôte. Impossible cependant de savoir si la bactérie *Erysipelothrix* identifiée, proche de celle retrouvée encore aujourd'hui dans les amygdales de porcs et de chiens, était un pathogène pour le mammoth. « On manque de données vétérinaires chez l'éléphant pour le savoir », dit-il.

Le Monde Application

La Matinale du Monde

Chaque matin, retrouvez notre sélection de 20 articles à ne pas manquer

Télécharger l'application

En revanche, une bactérie du genre *Pasteurella* trouvée sur deux mammoths est proche d'une souche responsable en 2020 de septicémies mortelles chez six éléphants d'Afrique au Zimbabwe. « Elle aurait pu aussi être pathogène chez leurs cousins mammoths », avance Benjamin Guinet.

L'association qui a le plus retenu son attention concerne un streptocoque retrouvé dans les dents des derniers mammoths, ceux de Wrangel, et de deux autres plus anciens. « Cette bactérie a sûrement été transmise entre populations de mammoths au fil de leur évolution », poursuit le jeune chercheur.

Manque de référentiel moderne

« Ces résultats de la paléogénomique sont impressionnants, commente Régis Debruyne (Muséum national d'histoire naturelle, Paris), qui n'a pas participé à ces travaux. La quantité de données génomiques recueillie permet de proposer des filtres, et au final un tri des séquences pertinentes convaincant. » Il rejoint son collègue sur un frein paradoxal à ce type d'analyse, lié à un manque de référentiel moderne : « On a désormais moins de données génomiques sur l'éléphant actuel que sur les mammoths. »

Lire aussi (2022) | [Découverte de Lucy : Entretien d'Yves Coppens « Quand vous fouillez, le passé vous arrive en ligne directe, c'est inoubliable »](#)

Une anecdote résume une autre difficulté d'interprétation. Il y a une quinzaine d'années, raconte Régis Debruyne, il avait fallu irradier un petit mammoth avant de l'étudier en France, car ses découvreurs russes suspectaient la présence sur la carcasse du bacille de l'anthrax. *« On a effectivement retrouvé la trace d'un mycobactérium du sol, contaminant de l'environnement, dit le paléogénéticien. Mais il était non pathogène. »*

Les ressemblances entre microbes ne garantissent pas qu'on puisse leur accorder les mêmes fonctions. Benjamin Guinet en est bien conscient. C'est pourquoi il se garde d'attribuer aux bactéries identifiées un rôle dans l'extinction du mammoth. Celle-ci reste *« une boîte noire que nos données ne peuvent éclairer »*, remarque-t-il.

Hervé Morin

Jeux

Découvrir

Mots croisés mini

Profitez tout l'été de grilles 5x5 inédites et ludiques, niveau débutant

Mots croisés

Chaque jour une nouvelle grille de Philippe Dupuis

Mots trouvés

10 minutes pour trouver un maximum de mots

Voir plus