



Un aperçu phylogénomique de la diversification des vipères du genre *Vipera*

Christophe Dufresnes, Samuele Ghielmi, Bálint Halpern, Fernando Martínez-Freiría, Konrad Mebert, Dusan Jelić, Jelka Crnobrnja-Isailović, Sven Gippner, Daniel Jablonski, Ulrich Joger, Lorenzo Laddaga, Silviu Petrovan, Ljiljana Tomović, Judit Vörös, Naşit İğci, Mert Kariş, Oleksandr Zinenko, Sylvain Ursenbacher



Introduction

Genre *Vipera* : large distribution en Eurasie

≈20 espèces (selon in Freitas et al, 2020)

Espèces et sous-espèces avec une très grande variabilité morphologique

(p. ex. morphologie du crâne, écaillures, dessins dorsaux ...; Freitas et al., 2020)

Présence d'hybrides malgré une divergence génétique et phénotypique marquée

(Guiller et al., 2017; Mochales-Riaño et al., 2023)

Présence d'hybridation insoupçonnée ou de sélection locale

(Dubey et al., 2015; Martínez-Freiría et al., 2020b; Mebert et al., 2015, 2017)



Introduction

Analyses phylogéographiques essentiellement réalisées sur l'ADN mitochondrial, parfois avec quelques

(Alencar et al., 2016; Mizsei et al., 2017; Doniol-Valcroze et al., 2021)

Études génétiques/génomiques récemment conduites montrent des cas de divergence ADNmt/ADNn, de fusions de lignées ou de taxons d'origine

(*V. ammodytes*: Thanou et al., 2023; *V. ursinii*: Vörös et al., 2022; *V. orlovi*: Zinenko et al., 2016)

Introduction

Analyses phylogéographiques essentiellement réalisées sur l'ADN mitochondrial, parfois avec quelques

(Alencar et al., 2016; Mizsei et al., 2017; Doniol-Valcroze et al., 2021)

Études génétiques/génomiques récemment conduites montrent des cas de divergence ADNmt/ADNn, de fusions de lignées ou de taxons d'origine

(*V. ammodytes*: Thanou et al., 2023; *V. ursinii*: Vörös et al., 2022; *V. orlovi*: Zinenko et al., 2016)

Buts:

Analyses ddRAD-seq d'une sélection de taxons couvrant une grande partie de la diversité phylogéographique et taxonomique des vipères paléarctiques du genre *Vipera*

avec un focus sur les populations européennes de *V. berus*, pour élucider le cas *V. walser*

Tester le niveau d'échange génétique entre et au sein des clades

Matériel et Méthodes

33 taxa de 17 espèces (suivant Freitas et al., 2020)

- 1) 7,333 marqueurs RAD (1.1 Mb, 69,630 SNPs) couvrant au moins 60/85 échantillons
- 2) test avec seulement les animaux «purs»: 3,462 marqueurs RAD (500 kb, 32,561 SNPs)

Arbre enraciné sur le complexe *V. ammodytes*

Analyses de la structure des populations

Matrice de 698 SNPs présents dans 80/85 échantillons

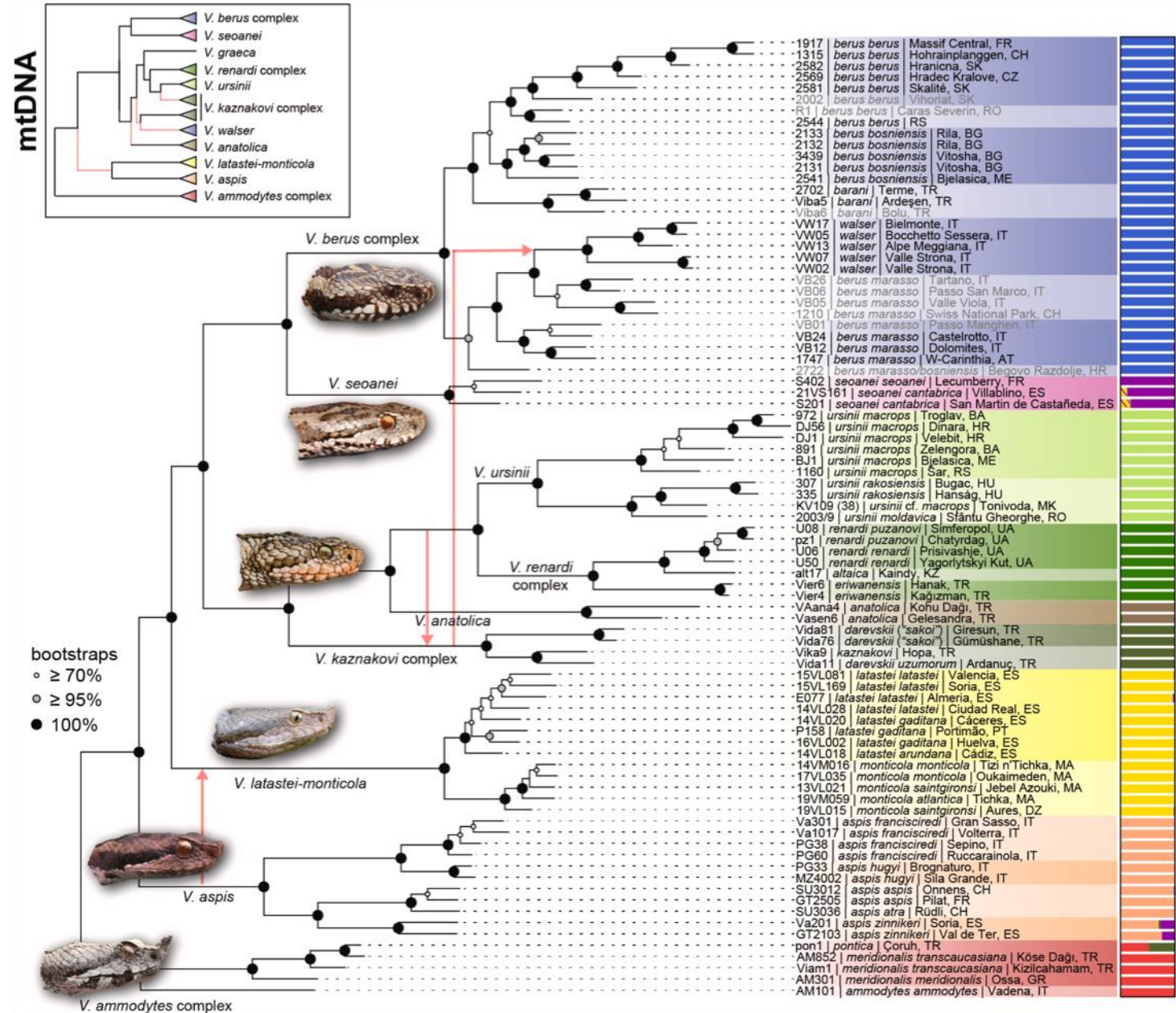
Analyses en composantes principales (PCA) à l'aide du package R adegenet

(Jombart, 2008)

Résultats

9 groupes principaux

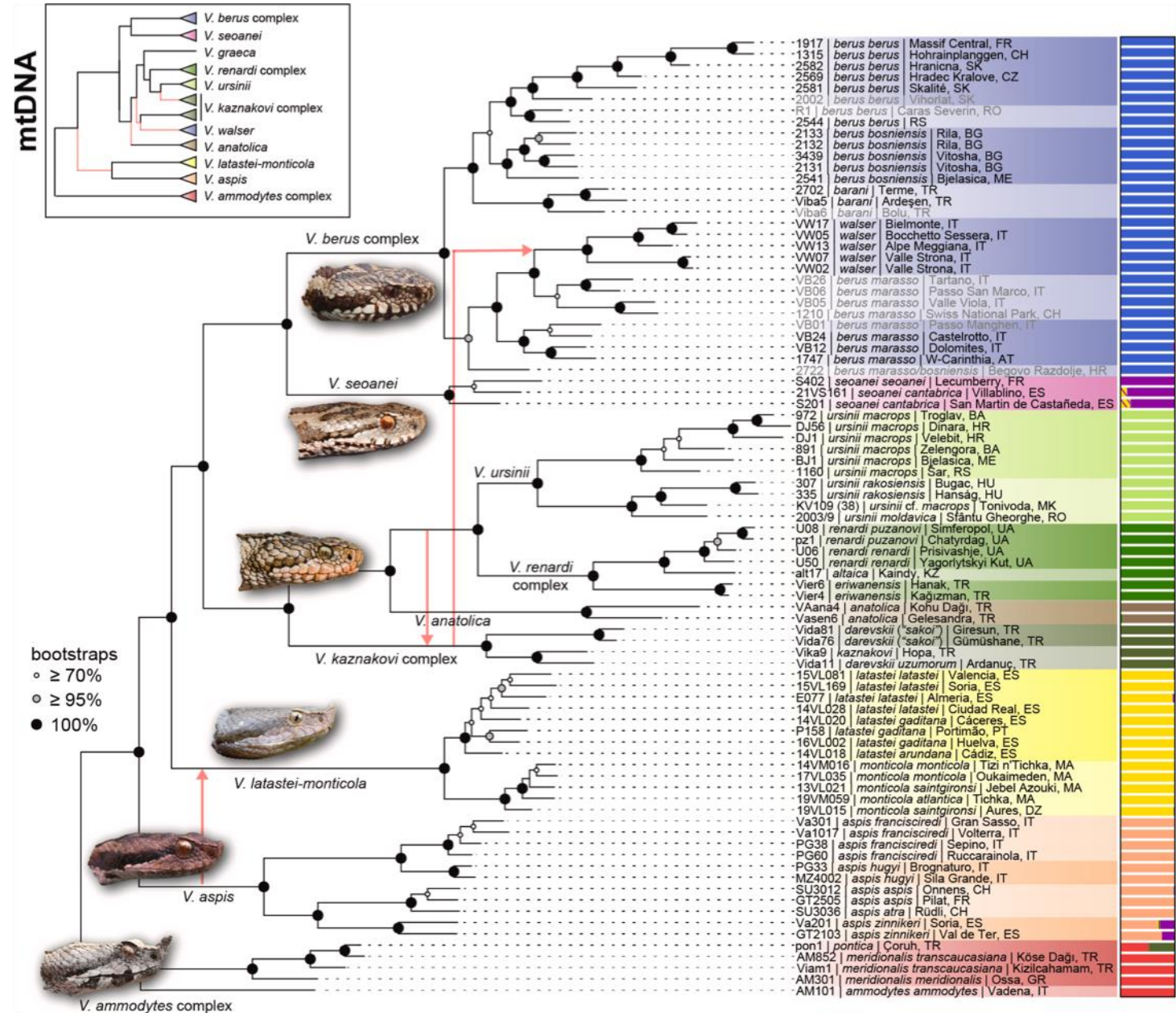
- (1) complexe *V. ammodytes*
(incluant *V. transcaucasiana* et *V. pontica*)
- (2) *V. aspis*
- (3) *V. latastei–monticola*
- (4–7) quatre clades correspondant à :
 - complexe *V. Kaznakovi*
(incluant *V. darevskii* “*sakoi*”)
 - *V. anatolica*
 - complexe *V. renardi*
(incluant *V. altaica* and *V. eriwanensis*)
 - *V. ursinii*
- (8) *V. seoanei*
- (9) complexe *V. berus*
(incluant *V. barani* et *V. walser*)



Résultats

Discordance entre l'ADNmt et l'ADNn

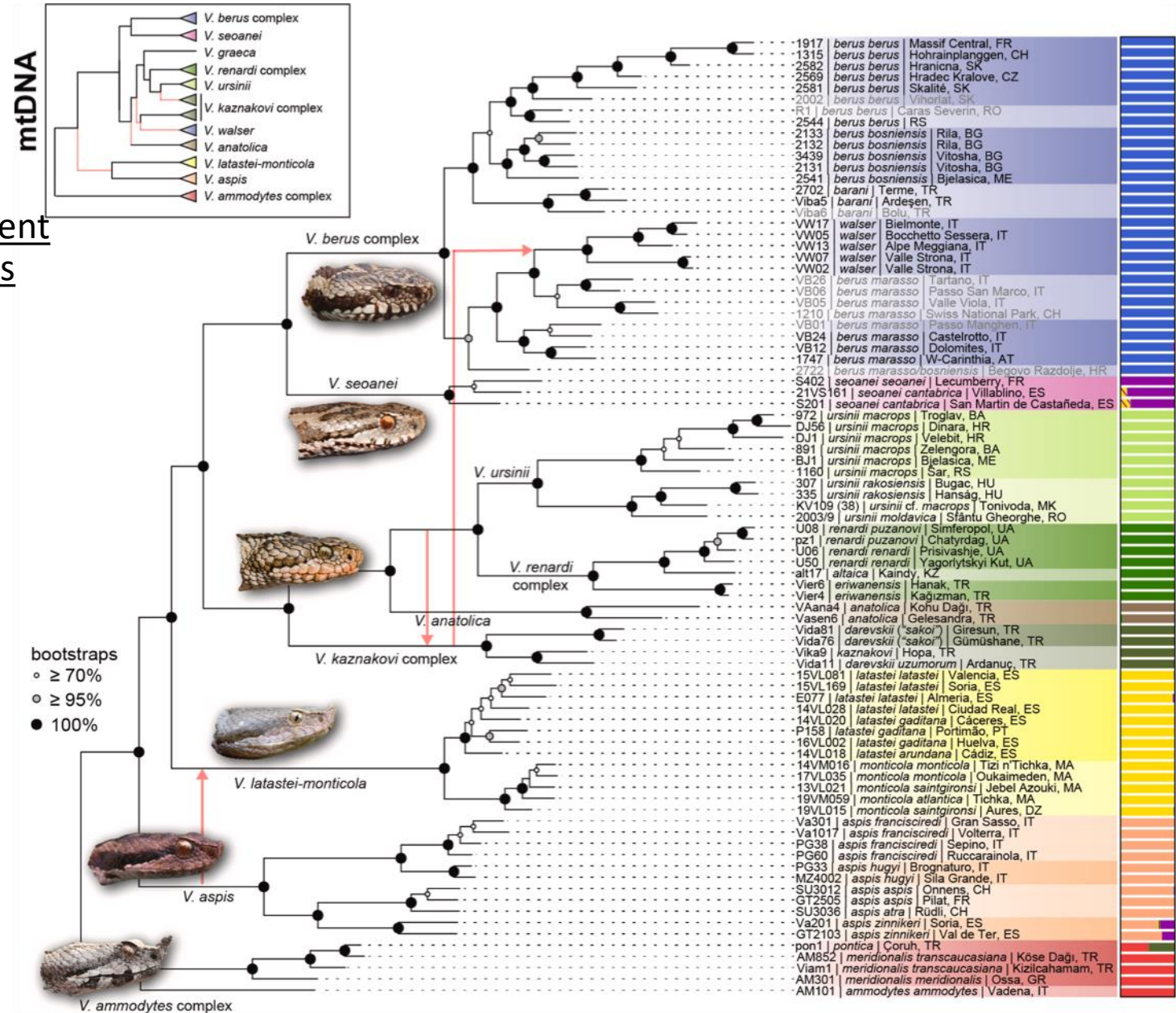
- 1) *V. walser* est groupée dans le complexe *V. berus*, en tant que lignée-sœur de *V. berus marasso*
V. walser lignée-sœur du complexe *V. kaznakovi* avec l'ADNmt.
- 2) *V. aspis* et *V. latastei-monticola* sont polyphylétiques
 clades liés avec l'ADNmt.
- 3) position phylogénétique du complexe *V. kaznakovi* et *V. anatolica* différent entre les analyses ddRAD-seq et ADNmt



Résultats

Plusieurs espèces et sous-espèces actuellement reconnues semblent faiblement différenciées

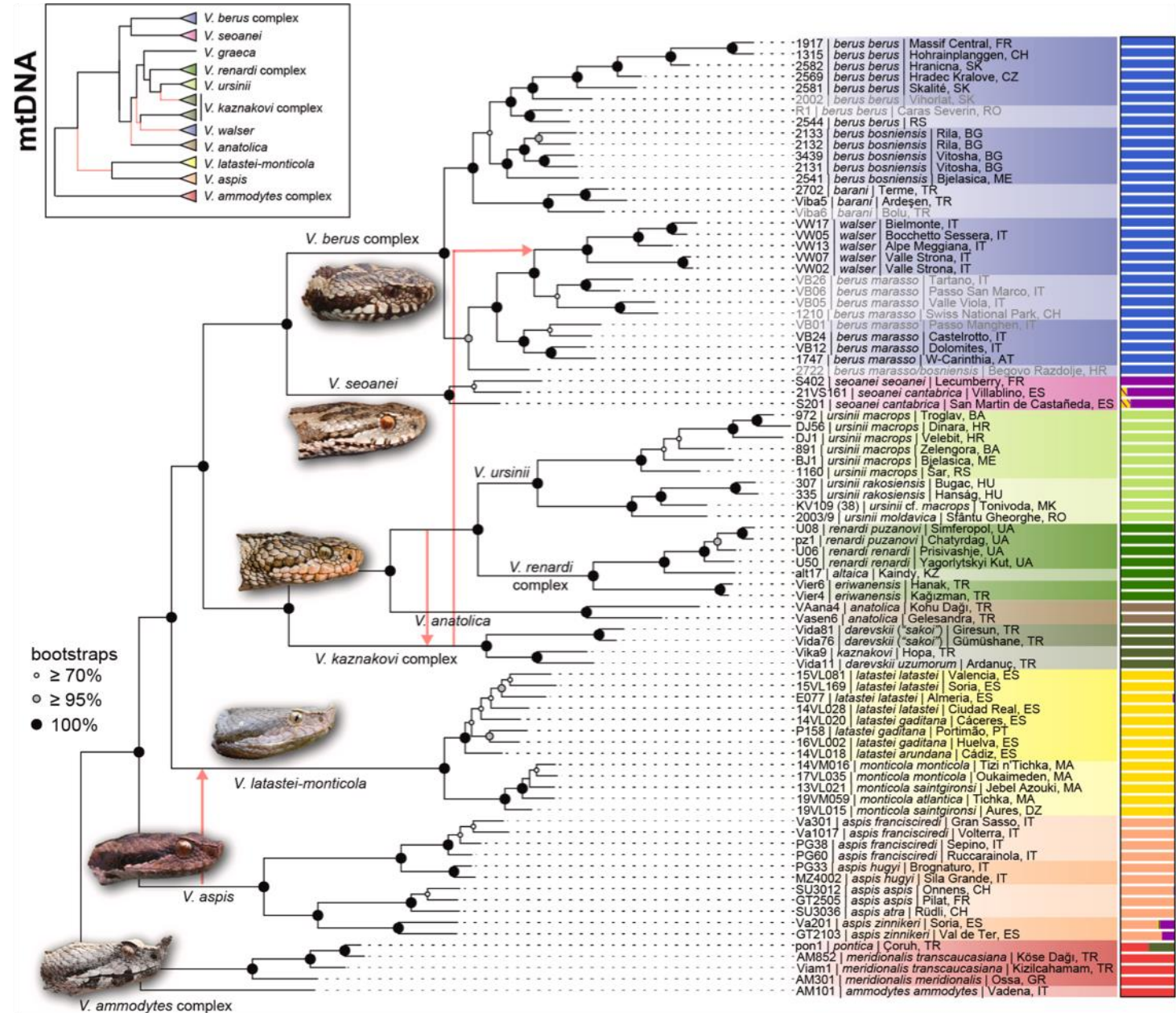
- 1) *V. walser*
- 2) *V. barani*
- 3) *V. seoanei cantabrica*
- 4) *V. ursinii macrops* des Montagnes Bistra (ouest de Macédoine du Nord)
- 5) *V. darevskii uzumorum*
- 6) *V. latastei gaditana*
- 7) *V. monticola saintgironsi*
- 8) *V. monticola atlantica*
- 9) *V. pontica*



Résultats

Quelques échantillons avec des signes d'hybridation ancienne:

- *V. seoanei cantabrica* : part du génome lié au cluster *V. latastei/monticola*
- *V. aspis zinnikeri* : part du génome lié au cluster *V. seoanei*
- échantillon de *V. pontica*: mélange entre les complexes de *V. ammodytes* et *V. kaznakovi*.



Résultats - *Vipera berus* sensus lato

7 groupes

- (1–3) *V. b. berus* de l'ouest et du nord-est de l'Europe, et des Carpates
- (4) *V. berus bosniensis* des Balkans
- (5) *V. berus marasso* de l'est des Alpes
- (6) *V. walser* des Alpes centrales
- (7) *V. barani* d'Anatolie

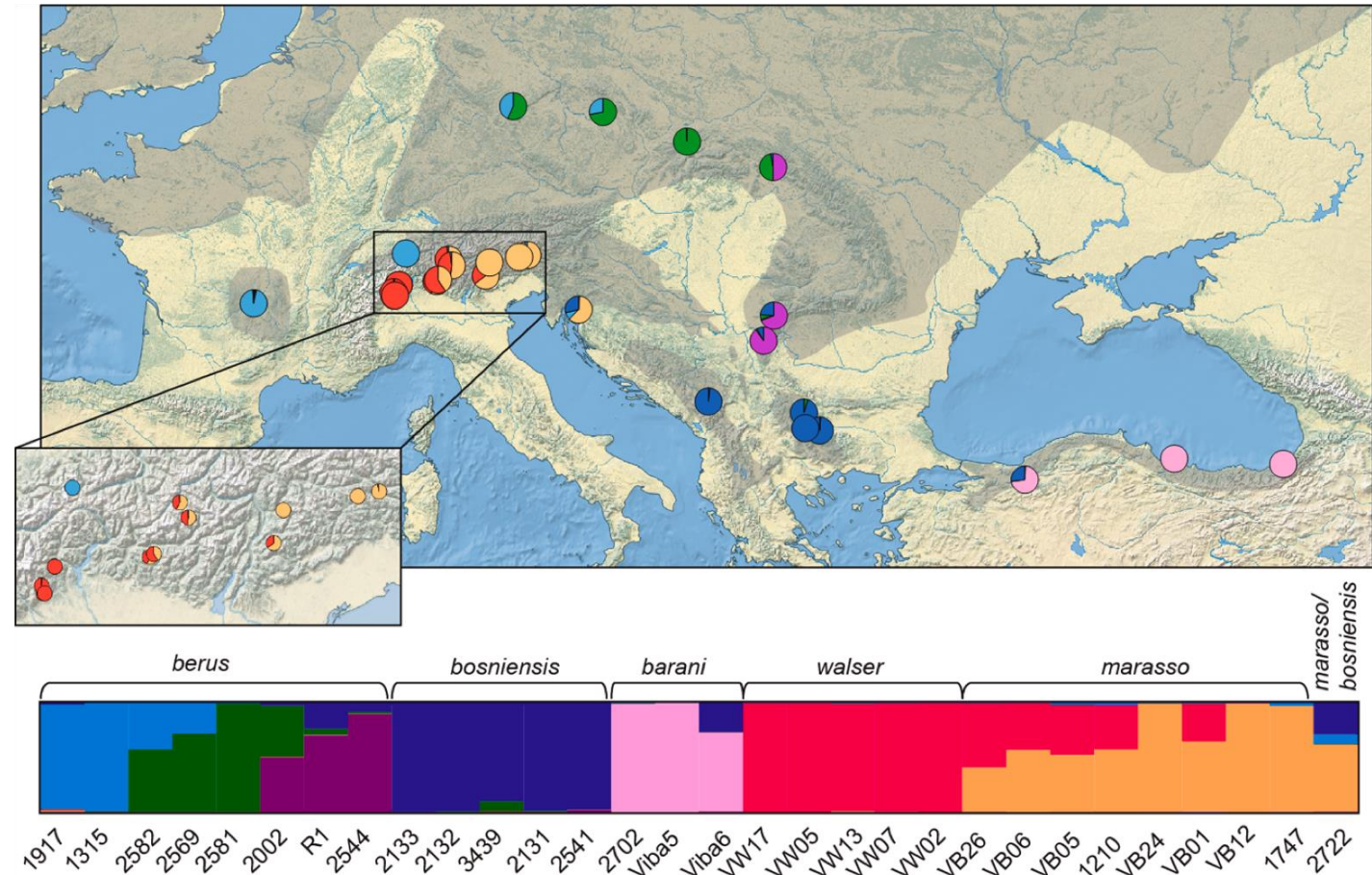


Fig. 2. Genetic structure in the *V. berus* complex, based on 30 samples genotyped for 415 (presumably unlinked) SNPs, as investigated by clustering analyses (left) and a PCA on allele frequency (right). Barplots and pie charts show individual ancestry to the seven groups recovered by Bayesian clustering. Photo: *V. berus bosniensis* (DJa).

Résultats - *Vipera berus* sensus lato

Structure génétique: gradients géographiques

Hybridation trouvée au sein des différents clusters, même à longue distance

Échantillons «hybrides»: positions intermédiaires

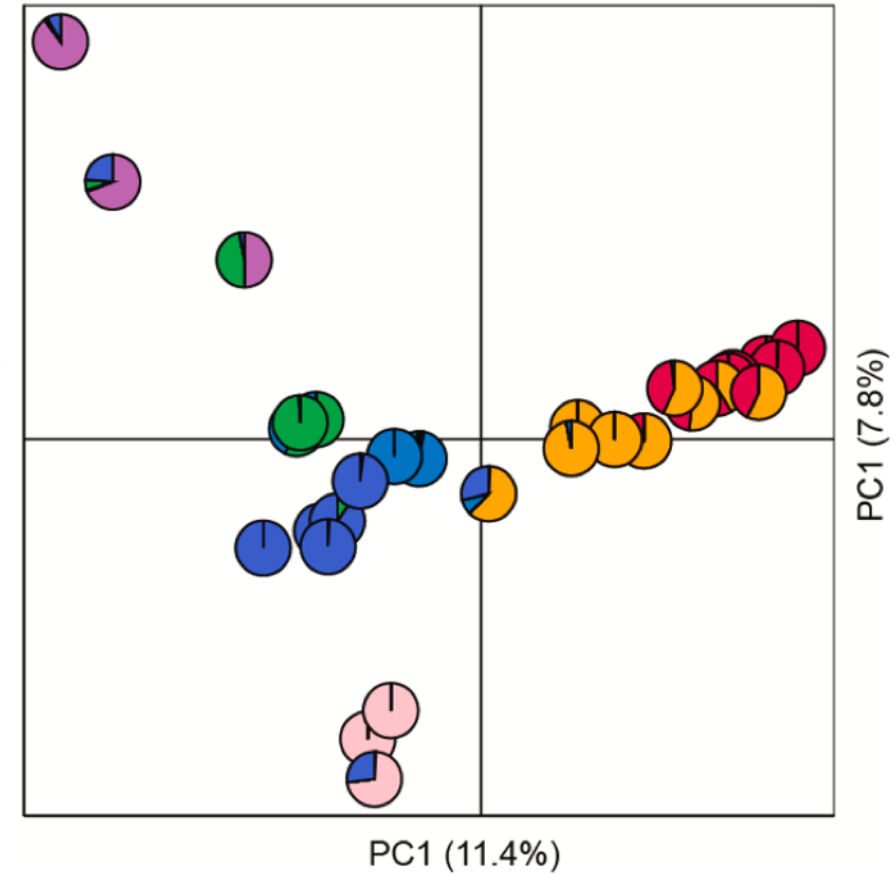
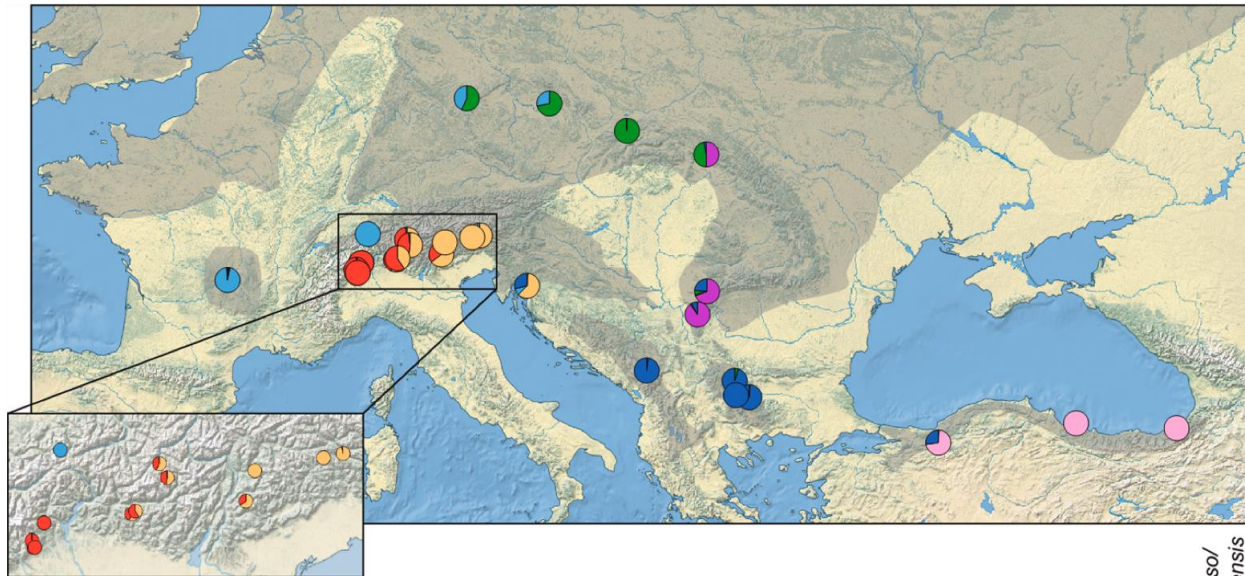


Fig. 2. Genetic structure in the *V. berus* complex, based on 30 samples genotyped for 415 (presumably unlinked) SNPs, as investigated by clustering analyses (left) and a PCA on allele frequency (right). Barplots and pie charts show individual ancestry to the seven groups recovered by Bayesian clustering. Photo: *V. berus bosniensis* (DJa).

Discussion

Peu de divergences entre les arbres nucléaires et mitochondriaux, sauf

entre *V. ursinii/renardi/kaznakovi*

entre *V. aspis/latastei*

V. "walser" -> *V. berus*

Structuration importante au sein de *V. berus* sensus lato (incluant *V. barani* et *V. walser*)

Flux génique entre certaines espèces (*V. seoanei/V. aspis*)

Origine hybride de *V. pontica* (*V. a. transcaucasiana* et *V. kaznakovi*)

Complexité au sein de *V. kaznakovi* sensus lato

Discussion

Les Vipères paléarctiques conservent la capacité de s'hybrider entre différentes espèces séparées depuis longtemps (l'origine de *Vipera* a été datée à ~ 15 Mya), ce qui offre des perspectives fascinantes pour étudier le rôle de l'hybridation comme moteur de leur diversification rapide ainsi que pour étudier leur remarquable variabilité de motifs colorés (par exemple Martínez-Freiría et al., 2020b).

What's next: place aux analyses phylogéographiques des différents complexes!!

Plus d'informations: <https://doi.org/10.1016/j.ympcv.2024.108095>



Remerciements

Echantillons:

University of Bucharest, Romania (05107.01.2021)

Romanian Academy – Council of Nature Monuments, Romania (2146/ 26.03 2008)

Danube Delta Biosphere Reserve Administration, Romania (29/26.05.2010, 33/13.08.2010, 11/ 19.05.2014)

National Inspectorate for Environment and Nature, Hungary (14/6574-5/2009)

Croatian Ministry of Culture, Croatia (UP/I-612-07/07-33/587, URBROJ: 532-08-01-01/3-07-02)

Junta de Castilla y León, Spain (AUES/CYL/54/2021)

Haut Commissariat aux Eaux et Forêts, Morocco (HCEFLCD/DLCPDN/DPRN/CFE N°20/ 2013, 19/2015, 35/2018)

General Directorate of Nature Conservation and National Parks, Ministry of Agriculture and Forestry, Turkey (20210, 229742, 14592, 124662, 51946, 183897, 101792)

Ege University Animal Ethics Committee, Turkey (2010/43, 2013/050)

Veterinary service of Vaud, Switzerland (1372, 1468)

Veterinary service of Graubünden, Switzerland (4/2001)

Italian Ministry of the Environment, Land and Sea, Italy (0063426.14 14-06-2021).

Export of *V. ursinii* samples was authorized by a CITES export permit number (UP/I-612-07/10-50/0096, 2011).

Support financier:

Taxon-Omics priority program (SPP1991) of the Deutsche Forschungsgemeinschaft

(N° VE247/19-1 to CD)

MESTD Republic of Serbia (N°451-03-47/2023-01/200124 and N°451-03-47/2023-01/200007 to JCI)

Foundation for Science and Technology of Portugal (FCT contract N°DL57/2016/CP1440/CT0010 to FMF,

EU LIFE-Fund (N°HUNVIPHABLIFE18 NAT/HU/000799 to BH; sample collection and lab work in Hungary)

the KDP-2021 program of the Ministry of Innovation and Technology from the source of the National Research, Development and Innovation Fund (N°KDP_2021_ELTE_C1791523 to BH)

the Scientific and Technical Research Council of Turkey (TÜBITAK) (N°111T338 to NI)

Ege University Scientific Research Commission (N°15-FEN-004 to MK)

Mohamed bin Zayed Species Conservation Fund (N°13057971, 150510677, 160513040, 12254979 to KM, NI and MK; field work in Turkey)

EU EURIZON program (grant N°871072to OZ)

OZ was protected by AFU.

Merci pour votre attention

Contact

Sylvain Ursenbacher

info fauna – karch (Neuchâtel, Suisse)

sylvain.ursenbacher@infofauna.ch / sylvain.ursenbacher@bluewin.ch

Événement organisé par :



Avec le soutien technique et financier de :

