

Caen, le jeudi 24 septembre 2026



ÉVOLUTION

LES CHAUVES-SOURIS SONT APPARUES EN EUROPE IL Y A 65 MILLIONS D'ANNÉES

La plus grande étude jamais réalisée sur les génomes et les fossiles de chauves-souris révèle que celles-ci sont originaires d'Europe et réécrit l'arbre évolutif des chauves-souris

Une [étude majeure, publiée le 23 septembre 2026 dans *Nature*](#) –la plus vaste jamais menée combinant génomes et fossiles de chauves-souris–, révèle que ces mammifères sont très probablement apparus en Europe il y a environ 65 millions d'années, avant de se répandre dans le monde.

Ce travail, auquel le laboratoire Dynamicure de l'université de Caen Normandie a participé, montre également que l'écholocation, tout comme le vol, s'est développée très tôt dans l'évolution des chauves-souris. Il pose aussi les bases pour des recherches sur les fondements génétiques de leur longévité exceptionnelle et de leur résistance aux maladies, avec des implications potentielles pour la santé humaine.

FAITS MARQUANTS DE CETTE ÉTUDE

- Échelle : la plus grande étude jamais menée sur les génomes et les fossiles de chauves-souris (103 génomes, 44 fossiles), réalisée et analysée par 137 chercheurs issus de 64 pays.
- Origine : les chauves-souris sont très probablement apparues en Europe il y a environ 65 millions d'années, et non en Asie, en Afrique ou en Amérique du Nord, comme on l'a longtemps supposé.
- Écholocation et vol : ces capacités se sont développées très tôt dans l'évolution des chauves-souris.
- Arbre phylogénétique : celui des chauves-souris a été redessiné, résolvant des débats qui intriguaient les scientifiques depuis des décennies.
- Première reconstruction : celle du génome de l'ancêtre commun à toutes les chauves-souris actuelles.

CONTACT PRESSE

UNIVERSITÉ DE CAEN NORMANDIE
Direction de la communication
02 31 56 53 71 · contact-presse@unicaen.fr

- Nouvelle base : pour la recherche sur la résistance aux maladies et la longévité des chauves-souris, avec des implications potentielles pour la recherche sur le vieillissement et les maladies humaines.

Une équipe internationale de 137 chercheurs issus de 64 pays, travaillant ensemble au sein du consortium Bat1K, a combiné des preuves génomiques et fossiles pour montrer que les chauves-souris – et donc le vol chez les mammifères – sont très probablement apparues en Europe il y a environ 65 millions d'années.

« La méthode que nous avons utilisée pour modéliser ensemble l'évolution des espèces fossiles et vivantes permet de faire ce que d'autres méthodes ne peuvent pas : identifier le plus ancien groupe de chauves-souris fossiles tout en intégrant les données génomiques, et révéler quand et où les chauves-souris sont apparues », explique la professeure Liliana M. Dávalos de l'Université Stony Brook, auteure principale.

Ces résultats remettent en cause les hypothèses précédentes qui suggéraient une origine asiatique, africaine ou nord-américaine. Leurs premiers descendants se sont ensuite dispersés en Afrique, établissant un foyer Europe-Afrique à partir duquel les chauves-souris se sont étendues vers l'Asie, les Amériques et l'Australie.

L'équipe a assemblé la plus grande collection de génomes de chauves-souris de haute qualité à ce jour, couvrant 103 espèces et représentant chacune des 21 familles actuellement reconnues. *« Nous avons combiné des méthodes de séquençage ADN de pointe et des approches computationnelles pour générer et comparer ces génomes et identifier les gènes qu'ils contiennent »,* précise le professeur Michael Hiller de l'Institut de recherche Senckenberg à Francfort, auteur principal. Ils les ont combinés avec 44 fossiles de chauves-souris du monde entier pour reconstituer l'histoire évolutive des seuls mammifères volant.

Les chauves-souris figurent parmi les mammifères les plus extraordinaires de la planète. Elles sont les seuls mammifères capables de voler activement. La plupart s'orientent et chassent dans l'obscurité totale en utilisant uniquement le son. Avec plus de 1 500 espèces réparties dans le monde, elles représentent un cinquième de tous les mammifères vivants et jouent un rôle essentiel dans le maintien d'écosystèmes sains, en pollinisant les plantes, en dispersant les graines et en consommant d'énormes quantités d'insectes nuisibles.

« Les chauves-souris ne cessent de nous surprendre. Elles sont l'une des plus grandes expériences de l'évolution. Cette ressource génomique exceptionnelle, fruit de années de coopération internationale au sein de Bat1K, nous permet enfin de comprendre comment leur biologie remarquable a évolué », déclare la professeure Sonja Vernes de l'Université de St Andrews, cofondatrice et directrice de Bat1K, et auteure principale.

De plus, de nombreuses espèces de chauves-souris présentent une résistance remarquable aux maladies et une longévité exceptionnelle pour leur taille. La ressource génomique développée pour cette étude offre aux scientifiques le premier cadre évolutif robuste pour étudier les gènes à l'origine de ces traits. Ces travaux pourraient éventuellement éclairer les recherches humaines sur le vieillissement, l'immunité et la résistance aux maladies.

Pourtant, malgré leur biologie extraordinaire et leur importance écologique, les scientifiques ont lutté pendant des décennies pour répondre à certaines des questions les plus fondamentales sur l'évolution des chauves-souris : d'où viennent-elles ? Comment les familles de chauves-souris sont-elles apparentées ? Quand le vol et l'écholocation sont-ils apparus ? Et comment les chauves-souris ont-elles développé les traits inhabituels qui les distinguent des autres mammifères ?

Cette étude apporte des réponses à nombre de ces questions de longue date. L'équipe a analysé ces génomes et fossiles à l'aide de méthodes novatrices et a révisé l'arbre évolutif des chauves-souris, résolvant ainsi plusieurs débats de longue date sur les liens entre les grands groupes.

« C'est extraordinaire, après des décennies de recherches et de résultats contradictoires, d'avoir enfin un arbre phylogénétique robuste que nous pouvons utiliser pour comprendre correctement comment les traits uniques des chauves-souris ont évolué. Nous disposons également des génomes pour découvrir les bases

CONTACT PRESSE

UNIVERSITÉ DE CAEN NORMANDIE

Direction de la communication

02 31 56 53 71 · contact-presse@unicaen.fr

moléculaires de ces adaptations spectaculaires et savons où se situent les chauves-souris fossiles dans cet arbre », conclut la professeure Emma Teeling de l'University College Dublin, cofondatrice et directrice de Bat1K, et auteure principale.

Des chauves-souris bourdons aux chauves-souris à ventouses

Cette étude représente la plus grande analyse combinée de génomes et de fossiles de chauves-souris jamais entreprise. La constitution de ce jeu de données a nécessité des échantillons collectés sur plusieurs décennies, provenant de chauves-souris du monde entier, y compris des représentants de certaines des familles les plus rares et les plus insolites, trouvées dans les régions les plus reculées.

Parmi elles figurent :

- les chauves-souris bourdons de Thaïlande et du Myanmar, largement considérées comme les plus petits mammifères de la Terre,
- les chauves-souris à ventouses de Madagascar, dotées de ventouses sur leurs poignets et leurs chevilles, qu'elles utilisent pour s'accrocher à des feuilles lisses,
- ainsi que l'une des rares espèces de mammifères natives de Nouvelle-Zélande, la chauve-souris à queue courte, qui « marche » sur le sol de la forêt en utilisant ses ailes pliées comme des membres antérieurs.

Le vol et l'écholocation sont apparus tôt chez les chauves-souris

Les preuves fossiles apportent également des indices importants sur un autre mystère de longue date : l'époque à laquelle les chauves-souris ont développé l'écholocation pour la première fois.

La position de la chauve-souris fossile *Vielasia* au sein de la branche la plus ancienne de l'arbre généalogique des chauves-souris indique que l'écholocation précède la diversification des chauves-souris modernes. Cette découverte suggère que deux des caractéristiques fondamentales de la biologie des chauves-souris — l'écholocation et le vol actif — se sont établies dès l'origine du groupe, contribuant à expliquer leur succès évolutif exceptionnel au cours des 65 millions d'années suivantes.

L'équipe a également reconstruit le génome de l'ancêtre commun des chauves-souris, révélant à quoi aurait pu ressembler le premier génome d'un mammifère capable de voler.

« Cette ressource offre à la communauté scientifique la possibilité d'étudier les différents types de variations génomiques, allant de simples modifications de bases à des centaines, voire des milliers de bases manquantes dans une lignée mais présentes dans une autre. Ces variations ont donné naissance à la grande diversité des chauves-souris avec lesquelles nous partageons la planète, ainsi qu'à l'origine de leurs caractéristiques uniques », explique le Professeur David Ray de l'Université Texas Tech, auteur principal.

Cette avancée fournit désormais aux scientifiques une carte génomique expliquant comment une lignée de mammifères a évolué pour développer le vol actif, un biosonar avancé, une longévité exceptionnelle et une résistance inhabituelle aux maladies. Ces travaux constituent une base pour retracer les fondements génétiques de ces traits, avec des implications bien au-delà des chauves-souris.

À propos du laboratoire Dynamicure UMR 1311 Inserm Université Caen Normandie

Ces résultats s'inscrivent dans les thématiques de recherche de l'axe One Health du [laboratoire Dynamicure](#) de l'université de Caen Normandie et de l'université de Rouen Normandie, qui étudie l'évolution génomique des coronavirus chez les populations de chauve-souris Rhinolophe et leurs mécanismes d'émergence ainsi que l'adaptation du système immunitaires des chauves-souris par des approches de séquençage ARN en cellule unique.

À propos de Bat1K

Le [consortium Bat1K](#) est une initiative internationale visant à générer et analyser des assemblages génomiques de référence de haute qualité pour toutes les espèces de chauves-souris vivantes. Cette étude représente la Phase 1 du projet.

À propos de la publication

Reference genomes and fossils revise bat family phylogeny and biogeography

Journal : Nature

DOI : [10.1038/s41586-026-11007-3](https://doi.org/10.1038/s41586-026-11007-3)

Disponibilité des données : Les données sont librement accessibles sur Dryad (DOI : 10.5061/dryad.1rn8pk187). Les numéros d'accès des génomes et les identifiants des projets BioProject sont listés dans le Tableau supplémentaire 1.1.

Photo : *Rhinolophus ferrumequinum* ©Daniel Whitby