

Modèles génétiques de colonisation de deux mammifères semi-aquatiques natif et invasif : la Loutre d'Europe et le Vison d'Amérique

FOURNIER-CHAMBRILLON Christine ¹, PIGNEUR Lise-Marie ^{2,3}, FOURNIER Pascal ¹, MARC Daniel ⁴, STEINMETZ Julien ⁵, BEREZYIAT Thierry ⁶, BONNECAZE Bernard ⁷, CAUBLLOT Gaëlle ⁸, DAL MOLIN Alain ⁹, GIRALDA-CARRERA Gloria ¹⁰, GREMILLET Xavier ¹¹, GRUSON Jean-Philippe ¹², JOUBERT Laurent ⁹, LAOUE Estelle ¹, LESCLAUX Paul ¹³, LE ROUX Bruno ¹⁴, MORELEC Jean-Yves ¹⁵, PAPACOTSIA Andy ¹⁶, RUYS Thomas ¹⁷, SIMONNET Franck ¹¹, SMITZ Nathalie ^{2,18}, SOURP Eric ¹⁹, THION Nicolas ²⁰, URRRA-MAYA Fermin ²¹, MICHAUX Johan ^{2,22}

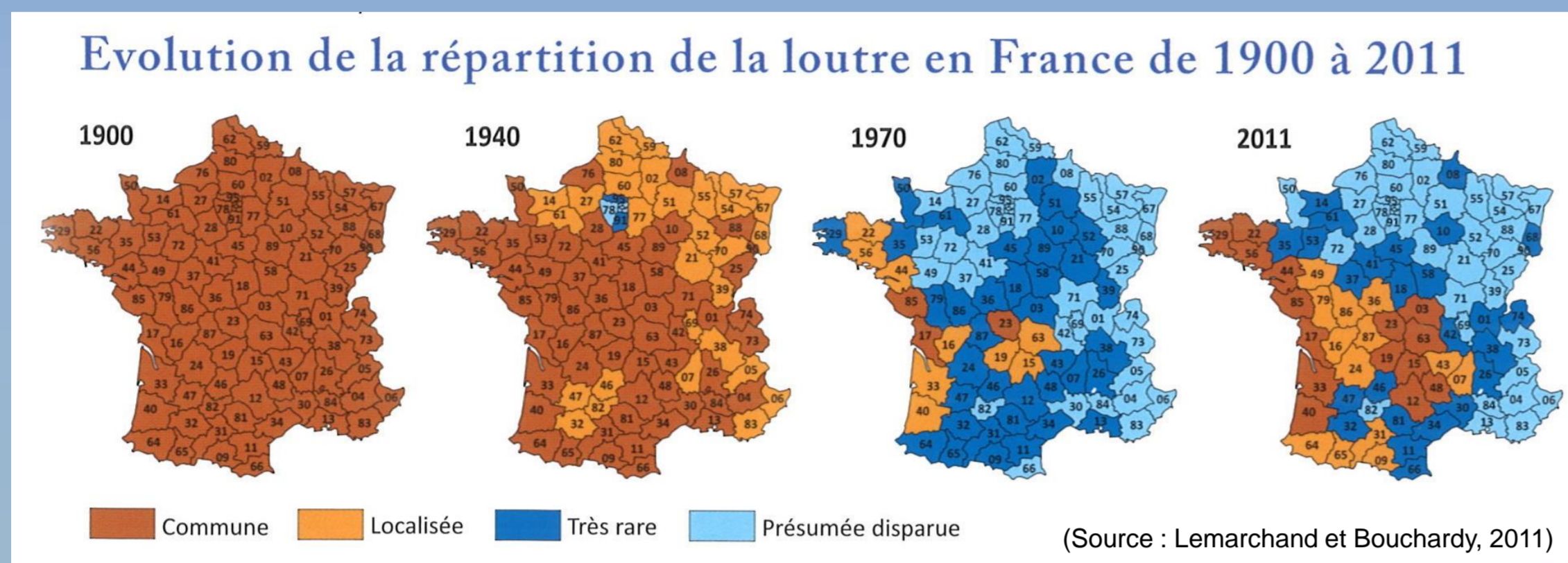
CONTEXTE



La Loutre d'Europe (*Lutra lutra*)

- Forte régression au début du XX^{ème} siècle (Chasse, dégradation des habitats).
- Noyaux relictuels sur la façade Atlantique et dans le Massif central.
- Chasse et destruction interdites en 1972.

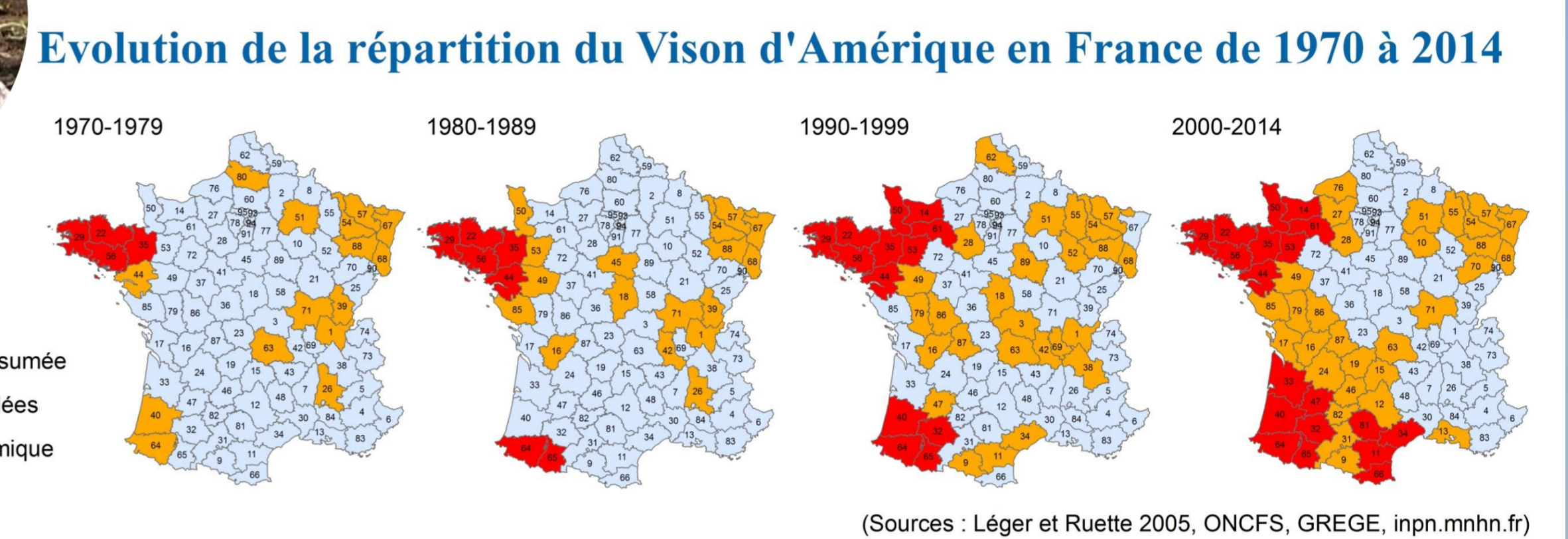
➔ Recolonisation progressive des réseaux depuis les années 1980-90.



Le Vison d'Amérique (*Neovison vison*)

- Premiers élevages dans les années 1930.
- Grandes visonnières et premières évasions en grand nombre dans les années 1950.
- Diminution importante du nombre de visonnières à partir des années 1980.

➔ Implantation de populations férales, avec expansion très rapide depuis les années 1980.



Quels modèles génétiques de colonisation pour comprendre de telles dynamiques?

MÉTHODES

- Loutre : 205 échantillons (tissus ou épreintes), collectés entre 1988 et 2014.
- Vison d'Amérique : 220 échantillons des populations férales (1996-2016) et 131 échantillons de 3 élevages du Sud-Ouest (2005-2015).
- Génotypage à partir respectivement de 14 et 10 marqueurs microsatellites autosomaux hypervariables et hérités de façon biparentale.
- Analyse des données par clustering bayésien et différents indices (F_{IS} coefficient de consanguinité, A_r richesse allélique, F_{ST} indice de fixation).

RÉSULTATS

Loutre

- Cinq lignées génétiques et géographiques (noyaux relictuels).
- Bretagne et Pyrénées les plus isolées.
- Flux de gènes entre toutes les lignées, plus intenses entre Atlantique, Massif central et Limousin.

Vison d'Amérique

- Trois lignées génétiques sans structuration géographique.
- Lien génétique fort entre visons d'élevages et visons sauvages.
- Flux de gènes intenses entre les trois lignées dans les populations férales.

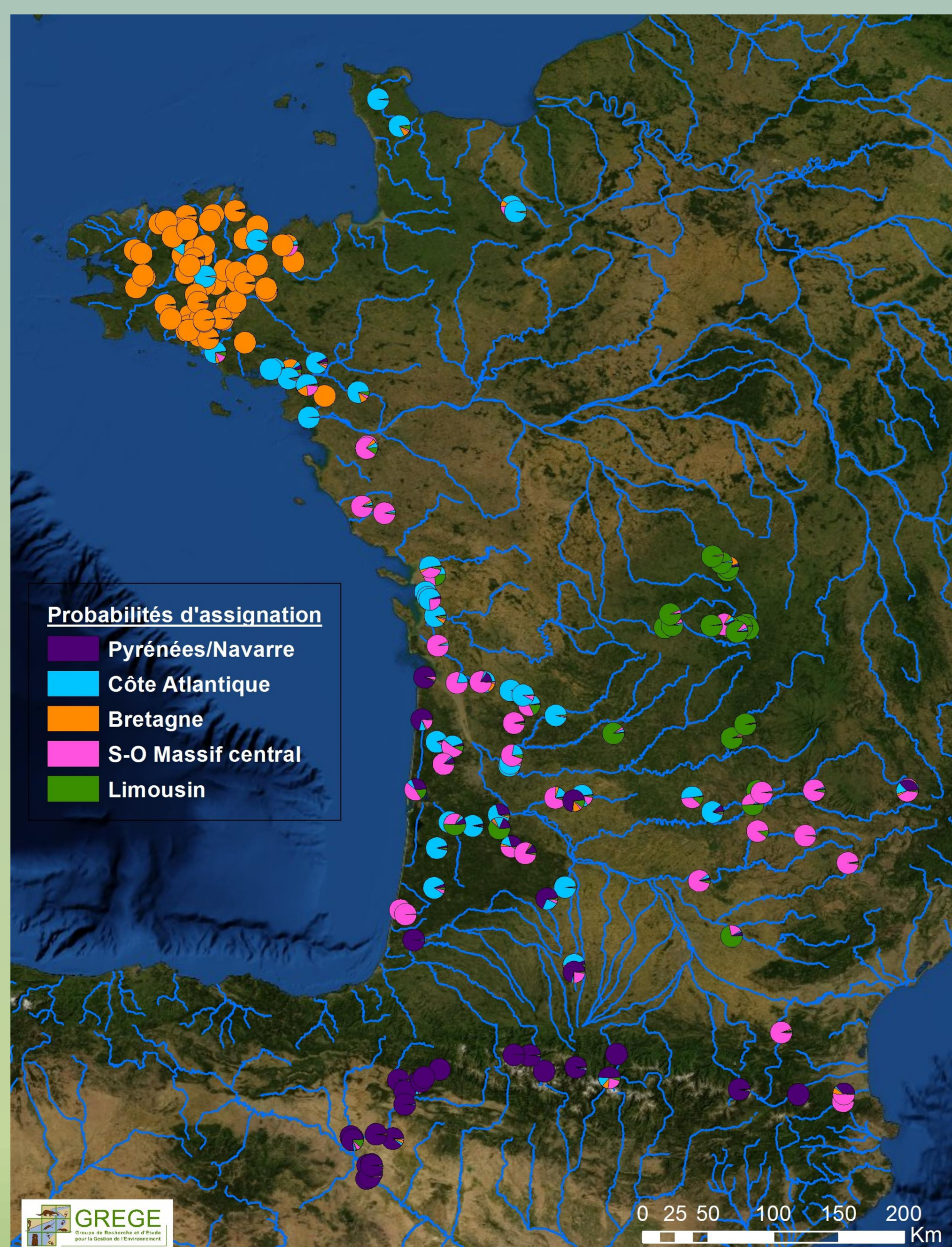


Diversité génétique

Lignées	F_{IS}	A_r
BRET	0,06	2,5
C AT	-0,08	3,2
LIM	-0,07	3,0
SO MC	0,05	3,7
PYR	0,04	3,5

Flux de gènes

F_{ST}	C AT	LIM	SO MC	PYR
BRET	0,23	0,23	0,23	0,30
C AT		0,19	0,14	0,18
LIM			0,12	0,19
SO MC				0,17

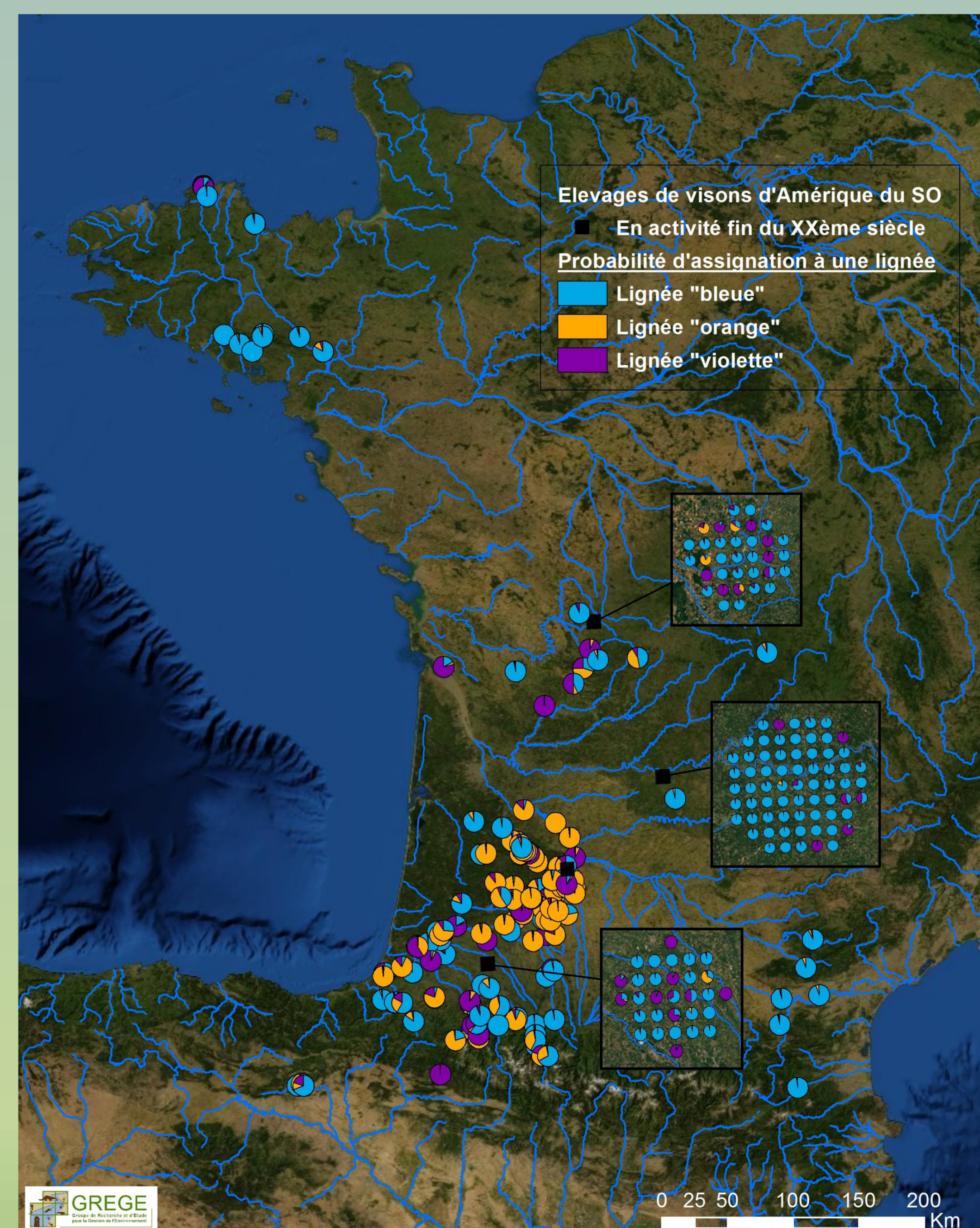


Diversité génétique

Lignées	F_{IS}	A_r
BL	0,16	6,2
OR	0,21	6,8
VIO	0,29	11,3

Flux de gènes

F_{ST}	OR	VIO
BL	0,14	0,11
OR		0,08



CONCLUSIONS

- Deux modèles génétiques de colonisation semblables, avec un mélange progressif de différentes lignées génétiques issues de différentes sources.
- Ces mélanges entre lignées tendent à augmenter leur diversité génétique et pourraient donc augmenter leur fitness et leur capacité de colonisation.
- Résultats très encourageants pour la poursuite de la reconquête de la Loutre d'Europe.
- ... mais particulièrement préoccupants pour l'expansion du Vison d'Amérique, qui représente une menace réelle pour de nombreuses espèces autochtones et en danger, telles le Vison d'Europe (*Mustela lutreola*) ou le Desman des Pyrénées (*Galemys pyrenaicus*).

AUTEURS : ⁽¹⁾ GREGE, France, ⁽²⁾ Unité de génétique de la conservation, Université de Liège, Belgique, ⁽³⁾ Unité de Recherche en Biologie Environnementale et Evolutive, Université de Namur, Belgique, ⁽⁴⁾ Conservatoire d'espaces naturels de Midi-Pyrénées, France, ⁽⁵⁾ ONCFS, Délégation Interrégionale Sud-Ouest, France, ⁽⁶⁾ Fédération départementale des chasseurs des Landes, France, ⁽⁷⁾ Association des Piégeurs Agréés de Charente, France, ⁽⁸⁾ Groupe Mammalogique et Herpétologique du Limousin, France, ⁽⁹⁾ Réserve Naturelle de l'étang de la Mazère, France, ⁽¹⁰⁾ Servicio de Conservación de la Biodiversidad del Gobierno de Navarra, España, ⁽¹¹⁾ Groupe Mammalogique Breton, France, ⁽¹²⁾ Fédération départementale des chasseurs du Morbihan, France, ⁽¹³⁾ Réserve Naturelle du courant d'Huchet, France, ⁽¹⁴⁾ Fédération Aude Claire, France, ⁽¹⁵⁾ Service départemental de Charente, ONCFS, France, ⁽¹⁶⁾ DREAL ALPC, France, ⁽¹⁷⁾ Cistude Nature, France, ⁽¹⁸⁾ JEMU, Central Africa, ⁽¹⁹⁾ Parc National des Pyrénées, France, ⁽²⁰⁾ Fédération départementale des chasseurs des Hautes-Pyrénées, France, ⁽²¹⁾ Equipo de Biodiversidad, Gestión Ambiental de Navarra, España, ⁽²²⁾ CIRAD, France.

BIBLIOGRAPHIE : ♦ LÉGER F. & RUETTE S., 2005. Le Vison d'Amérique, une espèce qui se développe en France. Résultat d'une enquête nationale réalisée en 1999. Faune Sauvage, 266:29-36. ♦ LEMARCHAND C. & BOUCHARDY C., 2011. La Loutre d'Europe - Histoire d'une sauvegarde. Catches Productions. 32p. ♦ BORRELL A., 2012. Statut et lutte contre une espèce exotique envahissante : le Vison d'Amérique, *Neovison vison*, en Midi-Pyrénées. *Sciences agricoles*. 104 pages. ♦ GREGE, 2016. Caractérisation génétique de l'origine des individus de Vison d'Amérique capturés en Poitou-Charentes dans l'aire de présence du Vison d'Europe. DREAL ALPC. 24 pages. ♦ PIGNEUR L-M., CAUBLLOT G., FOURNIER-CHAMBRILLON C., FOURNIER P., GIRALDA-CARRERA G., GRÉMILLET X., LE ROUX B., MARC D., SIMONNET F., SMITZ N., SOURP E., STEINMETZ J., URRRA-MAYA F. & MICHAUX J., Submitted. Current genetic admixture between relictual populations might enhance the recovery of an elusive carnivore, the eurasian Otter (*Lutra lutra*). *Molecular Ecology*. **CREDITS PHOTOGRAPHIQUES :** Stéphane Raimond/Objectifs Loutre, Christine Fournier-Chambrillon, Robert Luquès.