



Groupe
Mammalogique et
Herpétologique du
Limousin



Génétique de la conservation de la loutre européenne (*Lutra lutra*) en France

Pigneur L.-M., Caublôt G., Fournier-Chambrillon C., Fournier P., Giralda-Carrera G., Grémillet X., Marc D., Simonnet F., Sourp E., Steinmetz J., Urra-Maya F., Michaux J.



Photo: R. Kühn

La loutre en France au début du 20^{ème} siècle

1900-1930

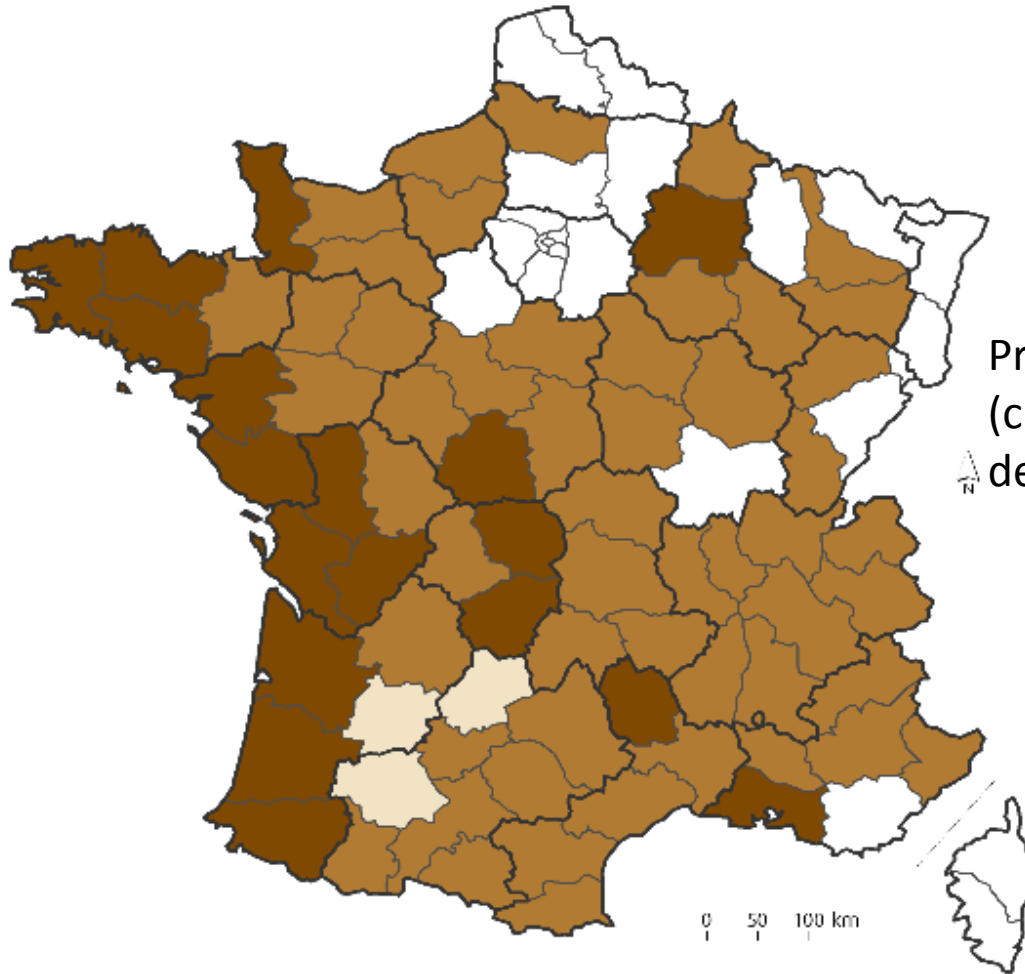


J. Michaux

Source : Bourchardy Ch. Groupe loutre SFEPM/SPN-MNHN

La loutre en France courant du 20^{ième} siècle

1950-1970



Niveau de présence (nombre de départements)

- Espèce présente sur la majorité du département (18)
- Populations clairsemées (52)
- Individus isolés ou rares (3)
- Espèce absente (23)

Source : Ch. Bouchardy/ SPN-IEGB-MNHN.



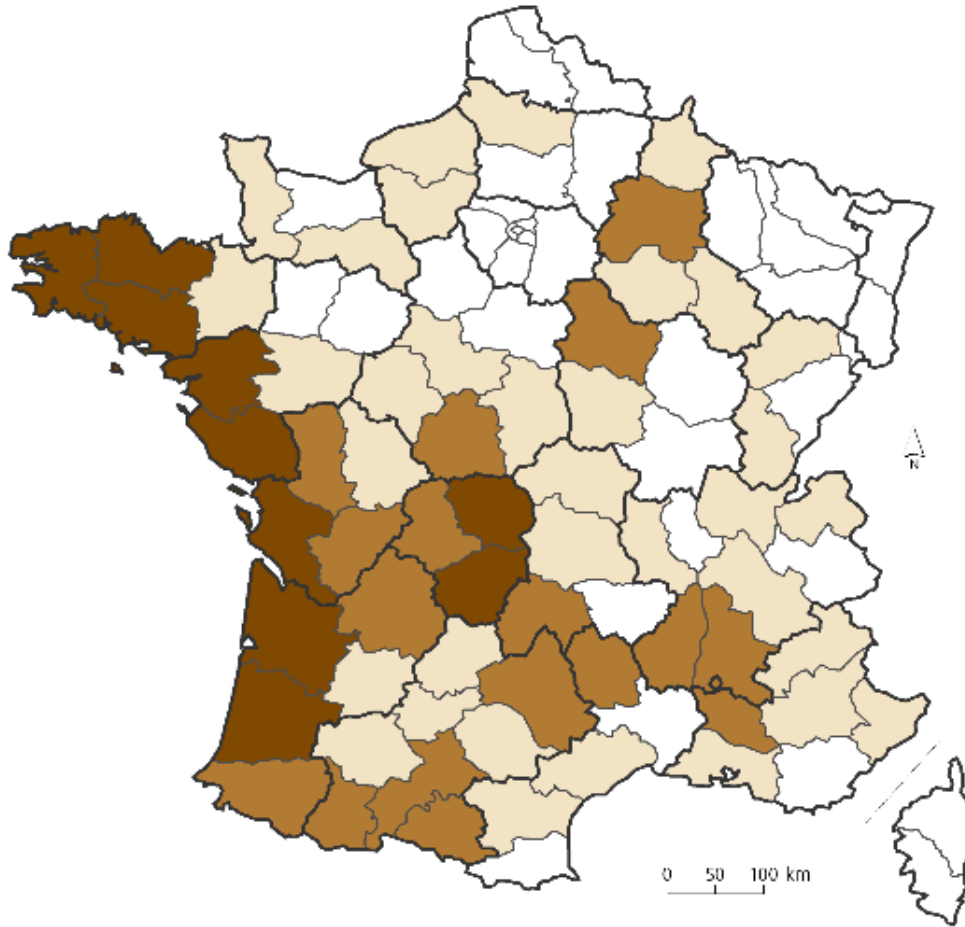
Presque exterminée, durant le 20^{ième} siècle
(chasse, persécutions, perte d'habitats et
de proies, pollution...)



icem-freinet.net

La loutre en France courant du 20^{ième} siècle

1970-1980



1972: Protection légale
Derniers refuges supposés : Massif Central, Côte Atlantique, Bretagne..)

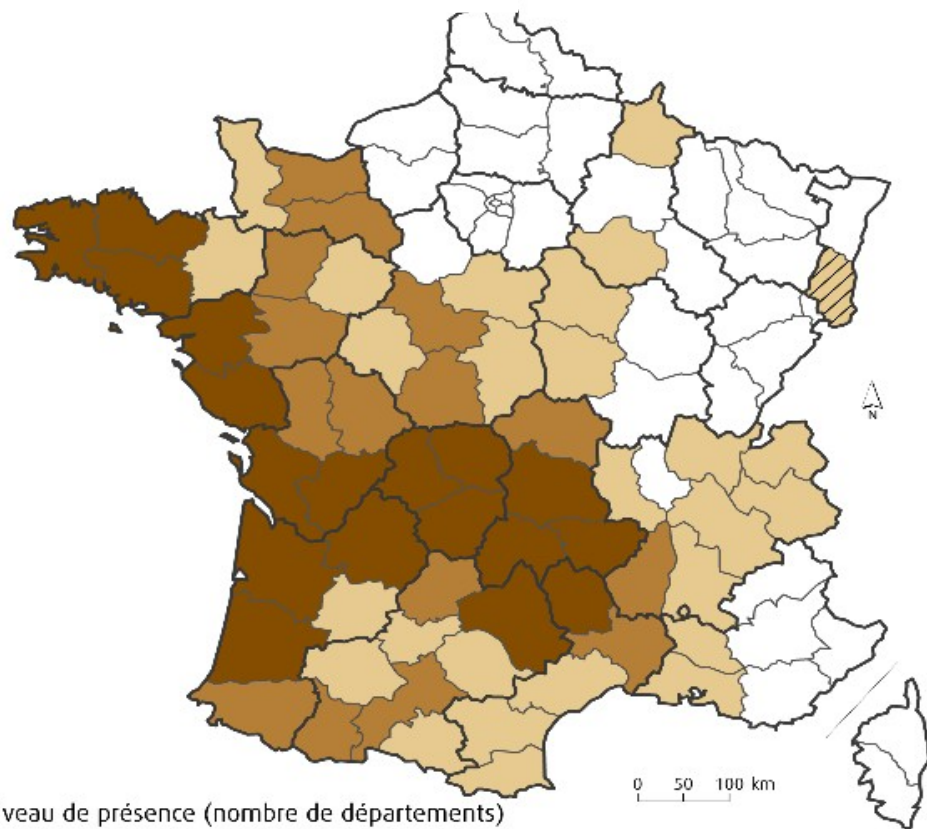
Niveau de présence (nombre de départements)

■ Espèce présente sur la majorité du territoire	(10)
■ Populations clairsemées	(17)
■ Individus isolés ou rares	(34)
□ Espèce absente	(35)

Source : Ch. Bouchardy/ SPN-IEGB-MNHN.

Une recolonisation naturelle depuis 20-30 ans

Distribution de la loutre en 2012



Niveau de présence (nombre de départements)

■ Espèce présente sur la majorité du département	(18)
■ Populations clairsemées	(15)
■ Individus isolés ou rares	(27)
□ Espèces absentes	(36)
▨ Population réintroduite	

Source : Plan National d'Action 2010-2015, SFEPM, SPN-IEGB-MNHN, et contributeurs.
Traitement SOeS, 2012.

Nouvelles questions :

- A partir de combien de refuges cette recolonisation a-t-elle eu lieu?
- Quelles sont les voies de recolonisation à partir de ces refuges?
- Peut-on observer des mélanges reproductifs entre animaux venant de refuges différents?
- Quel est le niveau de diversité génétique des populations actuelles?

2007-2012

Source: INPN/MNHN, SFEPM et contributeurs
<http://inpn.mnhn.fr/site/natura2000/espece/60630>

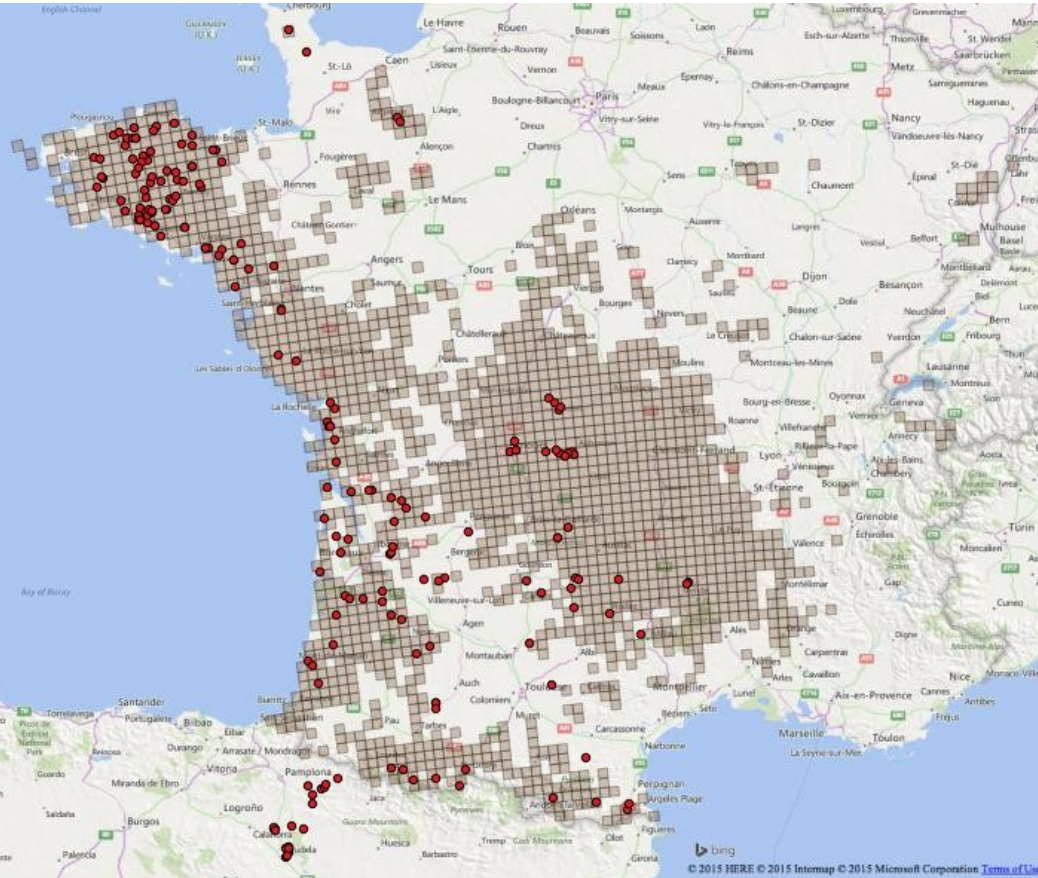
Objectifs de l'étude

Mieux comprendre le phénomène de recolonisation actuel de la loutre en France afin de contribuer à proposer les meilleures mesures de conservation pour celle-ci.

Etude de :

- la structure génétique des populations françaises;
- la diversité génétique de ces populations;
- des relations génétiques entre populations.

Echantillonnage/Méthodes



Echantillonnage non invasif

- Tissus / poils (animaux morts; N=144).
- Fèces (N=180).

Isolement de l'ADN

- Amplification de **14 microsatellites**.
- Genotypage.

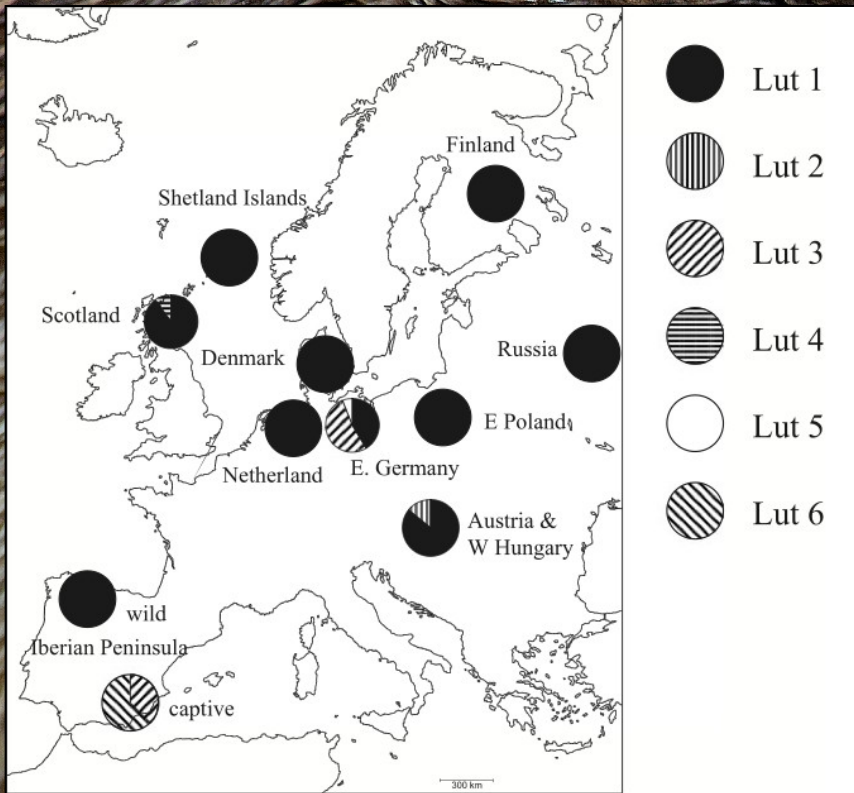
Analyses statistiques

- Structure génétique / diversité.
- Approches démographiques.

Total: 284 échantillons valides analysés

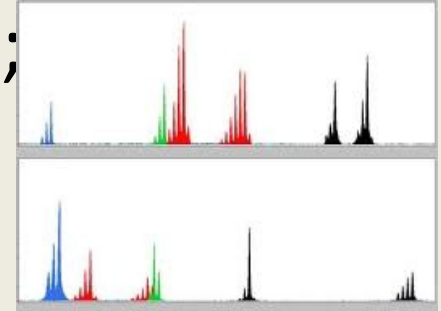
Premières études génétiques à l'échelle européenne

- Grande homogénéité génétique au niveau des marqueurs mitochondriaux à l'échelle européenne : un haplotype dominant



Microsatellites

- Petites séquences répétées d'ADN;
- Hypervariables;
- Héritage bi parental;
- Identification au niveau individuel.



Un des meilleurs marqueurs actuellement pour les études de génétique des populations et la génétique de la conservation.

Résultats sur base de marqueurs microsatellites

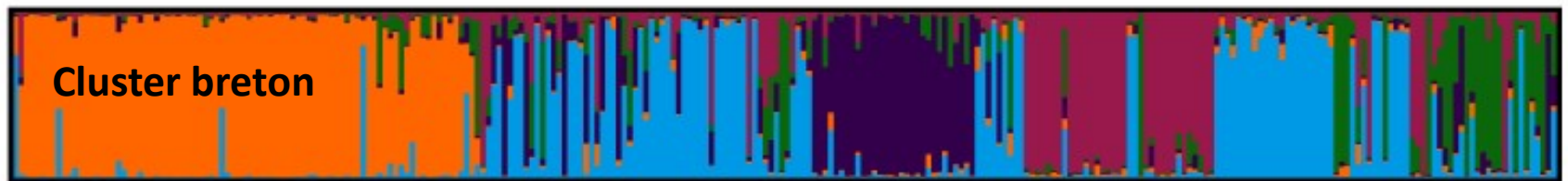
K=2 Structure génétique



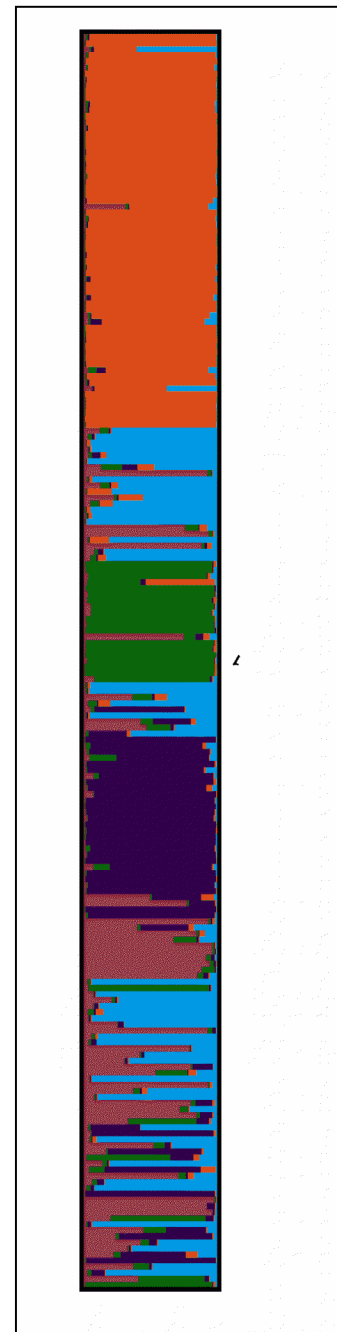
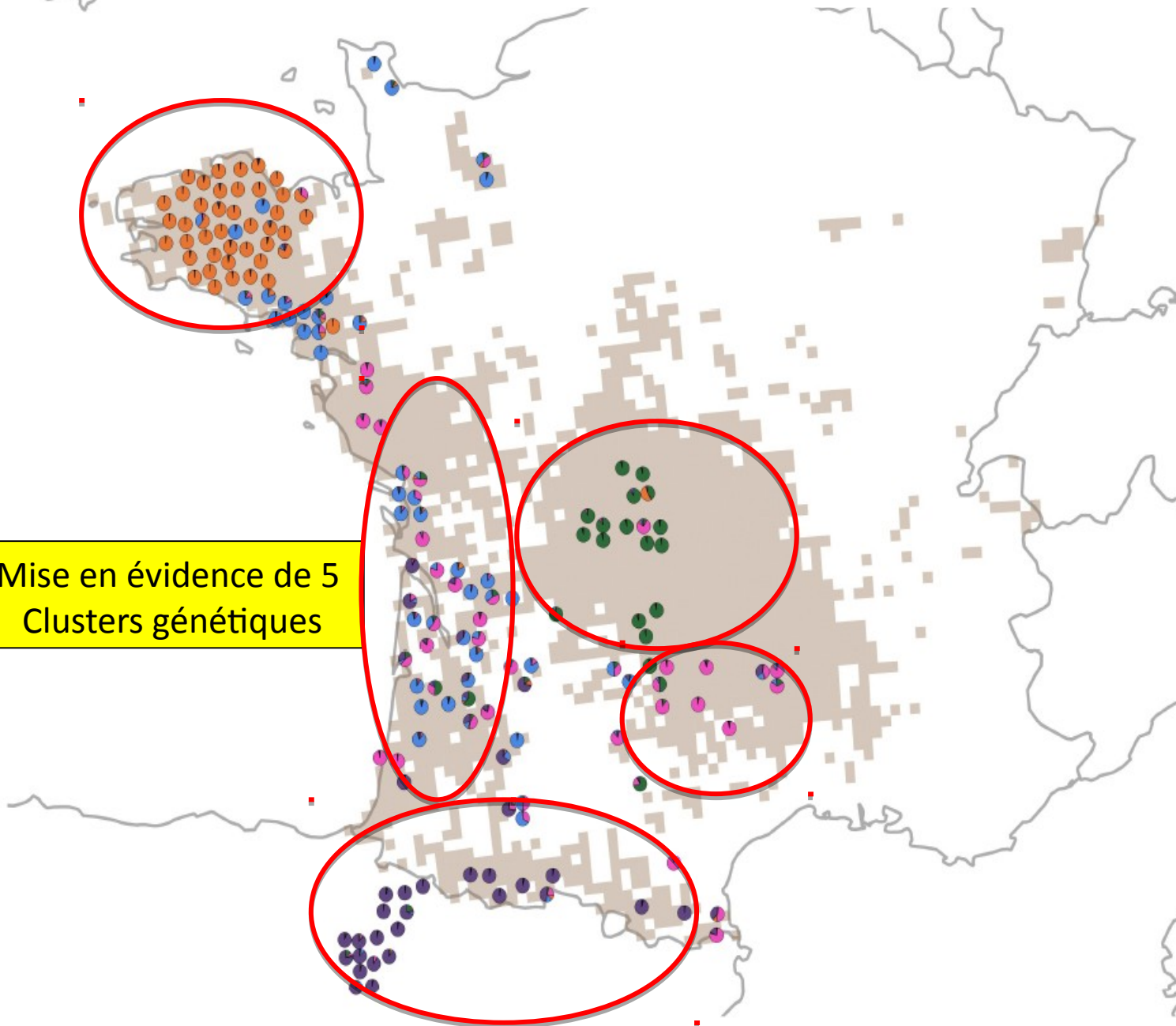
K=5

Cluster Imousin

Cluster du Massif central



Structure génétique de la loutre en France



Diversité génétique et relations entre les populations

Indice de fixation (F_{ST})

De 0 à 1 (0 = pas de structure entre populations; 1 = isolement complet)

		F_{ST}				
		Pyrenees	Massif Central	Limousin	Bretagne	Atlantique
D_{Jost}	Pyrenees		0.1658	0.1951	0.3009	0.1818
	Massif Central	0.1661		0.1233	0.2327	0.1408
	Limousin	0.1827	0.0982		0.2318	0.1940
	Bretagne	0.2913	0.2217	0.1828		0.2335
	Atlantique	0.1501	0.1455	0.1439	0.1821	

- La Bretagne apparaît comme le cluster le plus différencié (particulièrement en comparaison avec les Pyrénées !).
- Flux géniques plus intenses entre les populations du Limousin et du Massif Central et entre le Limousin et la côte Atlantique.

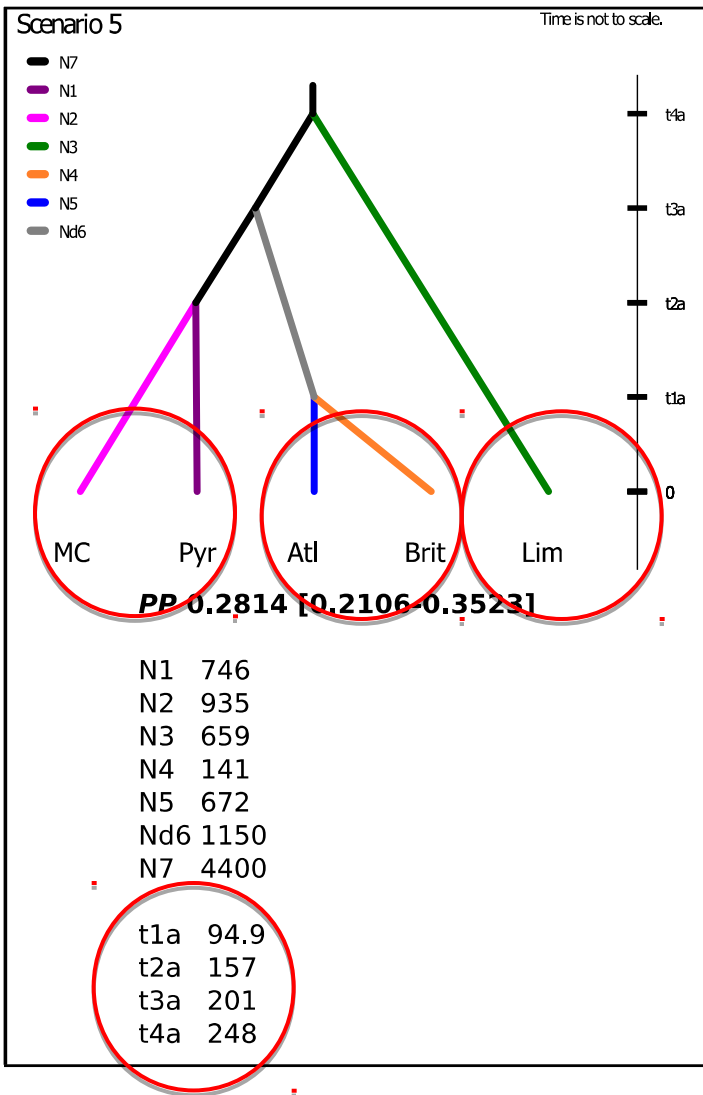
Diversité génétique au sein de chaque population

Coefficient de consanguinité (F_{IS})/ richesse allélique moyenne (A_r) avec intervalles de confiance (CI)
Ho : Heterozygotie observée / He : Heterozygotie espérée.

Cluster	F_{IS} [CI]	A_r [CI]	Ho / He
Pyrenees	0.0451 [-0.05-0.1385]	3.54 [1.95-4.88]	0.52 / 0.55
Massif Central	0.0500 [0.1375-0.2111]	3.70 [2.65-4.85]	0.59 / 0.62
Limousin	-0.0683 [-0.1784-0.1324]	3.01 [1.49-4.42]	0.54 / 0.5
Bretagne	0.0600 [-0.0098-0.1324]	2.47 [1.97-4.25]	0.45 / 0.48
Atlantique	-0.0835 [-0.1764-0.003]	3.16 [2.00-4.44]	0.56 / 0.52

Approche démographique

10 scénarios testés selon une analyse de type « ABC » (Approximate Bayesian Computation)



Probabilité postérieure la plus importante pour Le scénario 5.

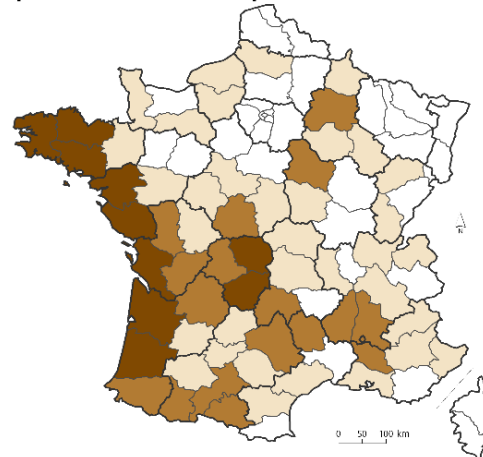
Conclusions

Répartition de la loutre sur la période 1900-1930



➤ *1st moitié du 20^{ième} siècle :*
Probablement **présence d'une population panmictique de loutre en Europe de l'Ouest (ADN mt)** et en France.

Répartition de la loutre sur la période 1970-1980



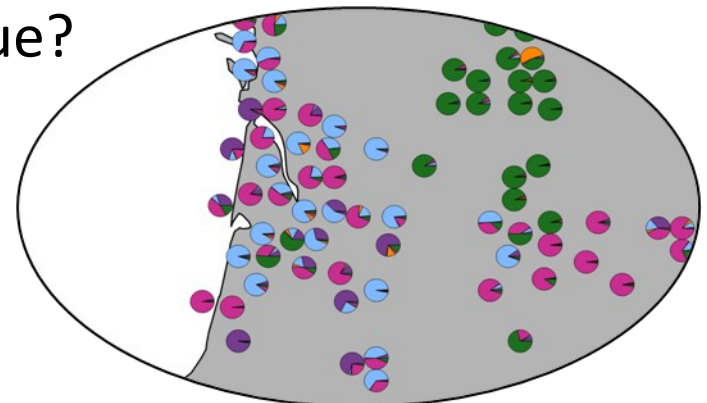
➤ *Seconde moitié du 20^{ième} siècle :*
Persécutions ont conduit au déclin massif des populations mais les loutres ont survécus dans quelques refuges isolés.

Conclusions

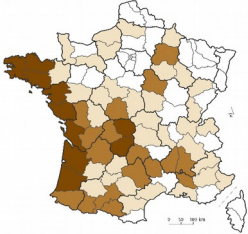
➤ Depuis 20-30 ans: recolonisation naturelle.

➤ Evidence de 5 clusters génétiques correspondant à 5 populations refuges.

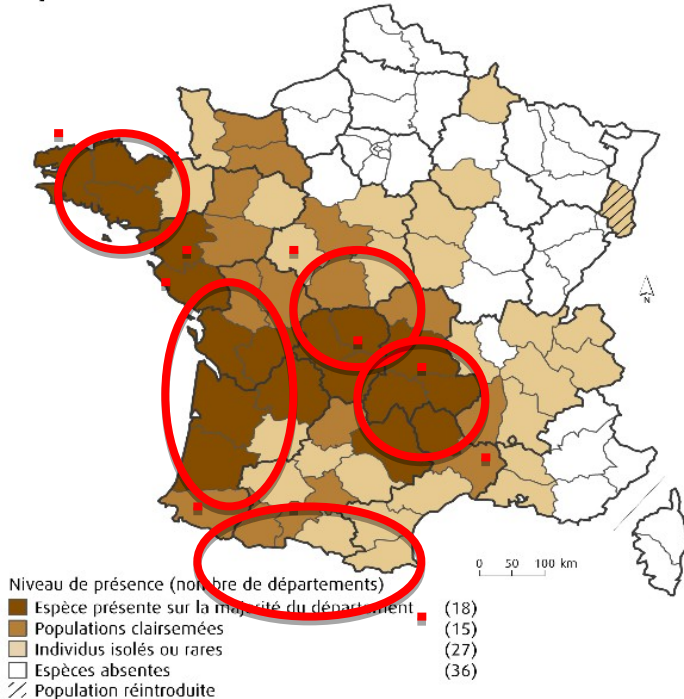
➤ Vers une homogénéisation génétique?



Répartition de la loutre sur la période 1970-1980



Répartition de la loutre en 2012



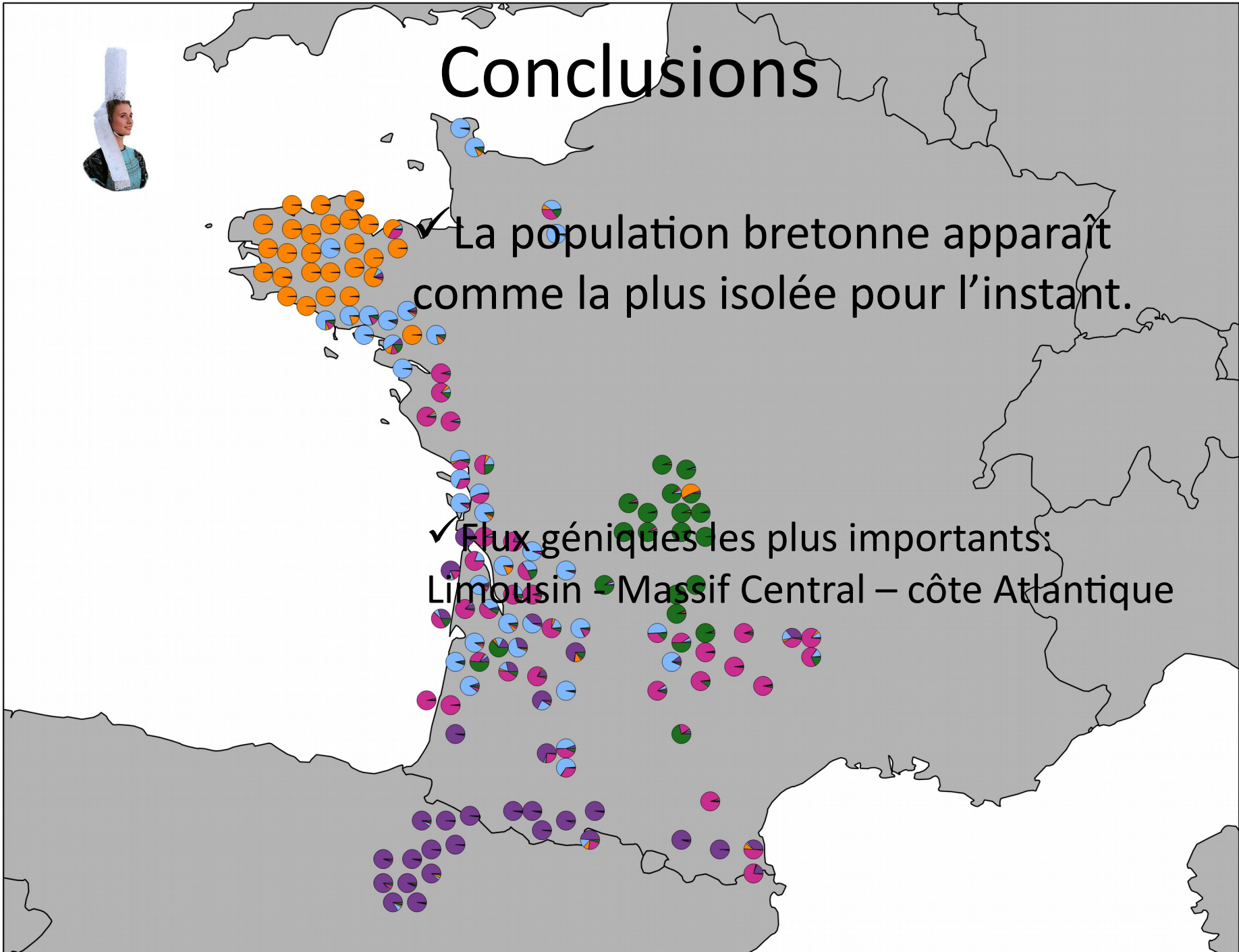
Source : Plan National d'Action 2010-2015, SFEPM, SPN-IEGB-MNHN, et contributeurs. Traitement SOeS, 2012.

Conclusions



✓ La population bretonne apparaît comme la plus isolée pour l'instant.

✓ Flux génétiques les plus importants:
Limousin - Massif Central - côte Atlantique





Implications pour la conservation

- Evidence d'une grande mobilité de la loutre et pouvoir de dispersion très important. Suggère une recolonisation rapide de nombreux autres territoires dans le futur.
- Mélange génétique progressif observé entre les populations refuges très probablement hautement bénéfique pour la survie à long terme de l'espèce, en augmentant la diversité génétique de ces populations.
- Etant donné important flux génétique entre les populations, elles ne devraient pas être considérées comme des unités de gestion séparées mais plutôt comme des populations proches, séparées et fragmentées récemment.
- Cette recolonisation naturelle sera favorisée par la continuité hydrologique de la France, l'existence de corridors écologiques et une bonne qualité des écosystèmes aquatiques.

Perspectives



- Elargissement de l'étude à l'ensemble du territoire français et des régions limitrophes (Belgique, Suisse, Luxembourg..)
- Etude de l'impact des pathogènes transportés par le vison d'Amérique sur la loutre et les autres mustélidés semi aquatiques.
- Etude de l'impact de prédation de la loutre sur le vison d'Amérique et évaluation de son rôle de régulateur naturel;
- Relation avec d'autres espèces semi aquatiques menacées (Ex. Le Desman des Pyrénées);
- Etude à des échelles plus locales dans l'objectif d'évaluer la vitesse de colonisation de la loutre (Ex. Languedoc-Roussillon).



Un immense merci à tous nos collaborateurs, collecteurs et collègues!!

S. Gautier (ONCFS), L. Fleury, CEN, Cistude Nature, GREGE, ONCFS (a.o. Délégation Interrégionale Nord Ouest & Cellule Technique Sud Ouest), GMB, GMHL, Museum d'Histoire Naturelle de Toulouse, Parc National des Pyrénées, Fédération Aude Clair, Government of Navarra, GANASA, Plan National d'Actions Loutre,...

N. Smitz, F. Gillet, A. Mouton, A. Latinne, V. Gennotte ...

L-M Pigneur a bénéficié d'un FSR-FNRS grant « Chargée de Recherches ». J. Michaux bénéficie d'un mandat FSR-FNRS « directeur de recherches ».





Merci...

Photo: R. Kuhn