

Diversité génétique du Cerf élaphe en région Centre - Val de Loire



Le programme IBIG CERF est une étude destinée à établir le patrimoine génétique des cerfs de la région Centre - Val de Loire. Cette étude a été réalisée par la Fédération Régionale des Chasseurs de la région Centre - Val de Loire, la Fédération Départementale des Chasseurs de l'Indre et en partenariat avec l'Université de Rennes 1 (CNRS - UMR 6553), l'Université Catholique de Louvain-la-Neuve, le Muséum d'Histoire Naturelle, la Société de Vènerie et la Fondation François Sommer.

LE CONTEXTE LOCAL

Depuis le début du XX^e siècle, des lâchers officiels en provenance du Domaine National de Chambord et de la Réserve Nationale de Chasse et de Faune Sauvage de la Petite Pierre ont renforcé les populations natives et ancestrales de Cerf élaphe en région Centre-Val de Loire. En raison de leur densité et de la présence d'un environnement favorable, ces mêmes populations ont, en outre, considérablement élargi leur aire de répartition dans la région Centre-Val de Loire ces dernières décennies. Mais l'anthropisation croissante des milieux (infrastructures routières, clôtures, développement agricole et urbain) entraîne une fragmentation du paysage constituant potentiellement un frein à cette extension spatiale, en favorisant l'isolement de sous-populations avec un risque d'appauvrissement génétique. Ce constat, au cœur de l'élaboration du Schéma Régional de Cohérence Écologique (SRCE), permet d'identifier en région Centre-Val de Loire 7 grands écopaysages et un réseau routier plutôt dense.



LES ÉCOPAYSAGES DE LA RÉGION CENTRE - VAL DE LOIRE

Gâtine des confins Touraine-Berry
Beauce
Orléanais
Sologne
Région tourangelle
Brenne
Berry
— Autoroute
— Fleuves et rivières principales

Pourquoi mener une telle étude génétique ?

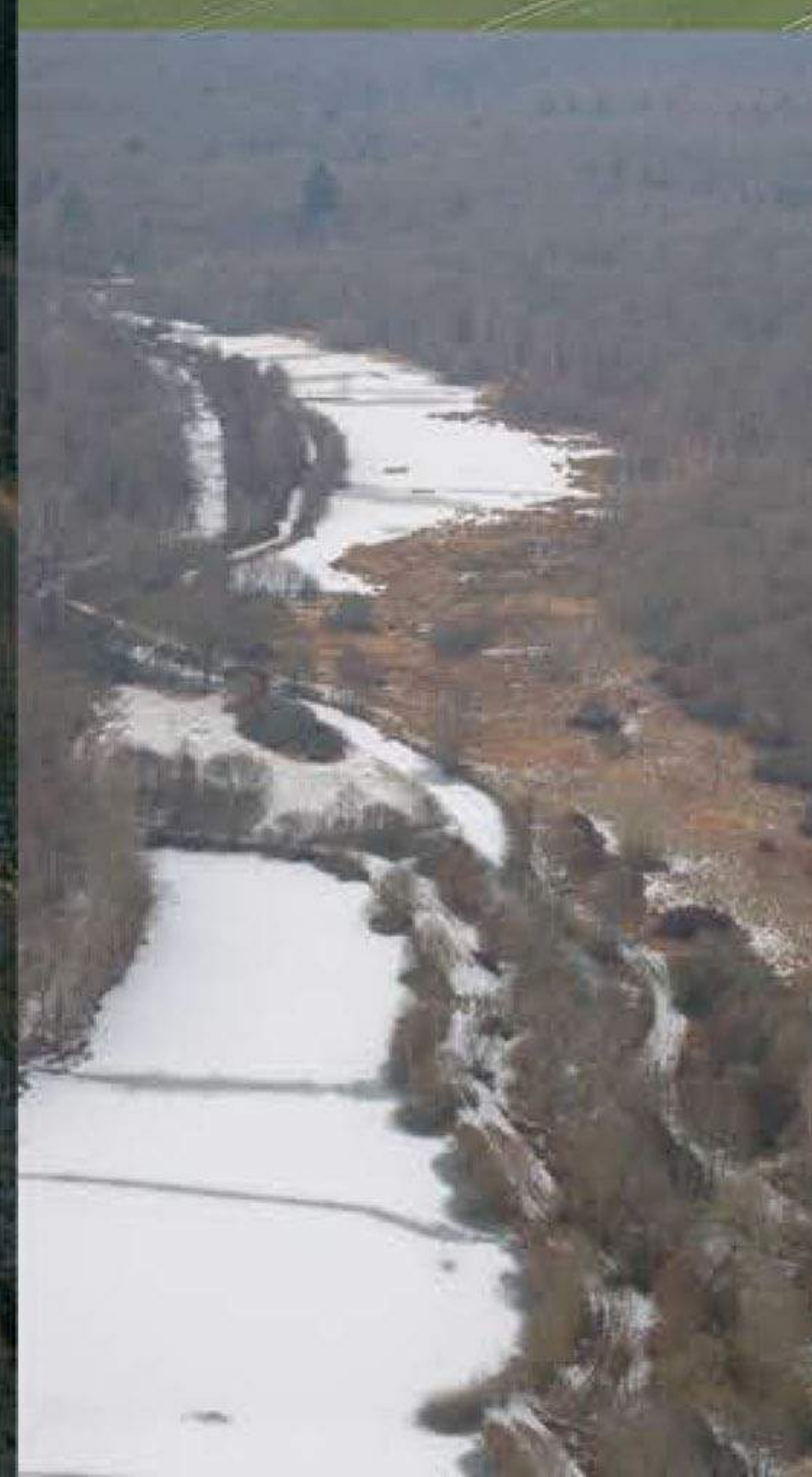
Le programme IBIG CERF (Inventaire de la Biodiversité Génétique des populations de Cerfs dans la Région Centre - Val de Loire), fondé sur la génétique des populations, apporte une réponse sur la fonctionnalité des corridors écologiques. L'enjeu de l'étude consiste à apporter une réponse objective aux questions soulevées par un cloisonnement routier, ferroviaire et fluvial très marqué en région Centre-Val de Loire, en utilisant la méthode dite de « génétique du paysage ».



Qu'est-ce que la génétique du paysage ?

La « génétique du paysage » permet de quantifier le rôle de la configuration des éléments paysagers sur la variabilité génétique des populations en mettant en évidence des flux de dispersion ou au contraire l'identification de barrières physiques aux échanges génétiques.

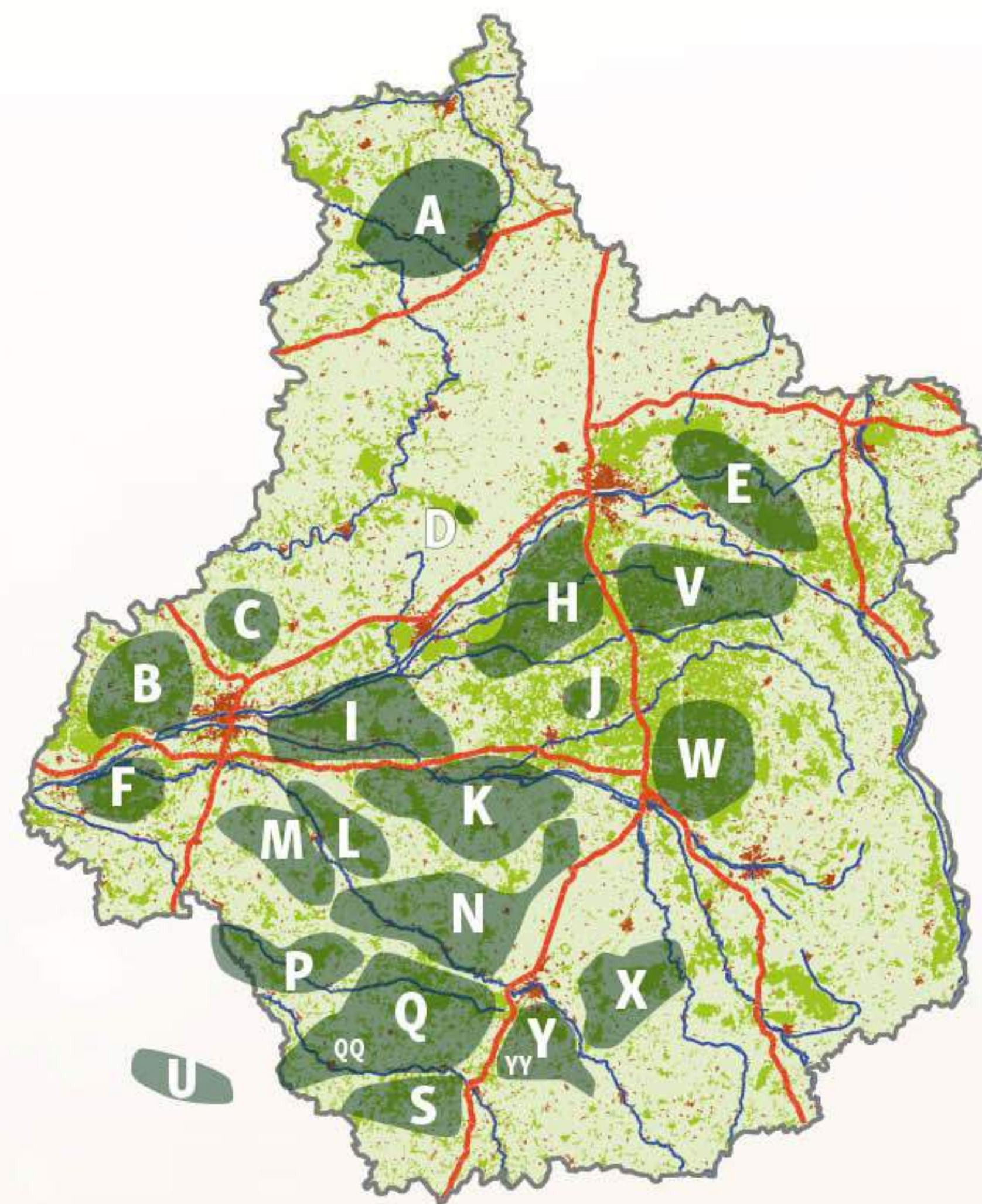
Fondée sur les mouvements d'individus entre populations entraînant un flux de gènes d'autant plus important que la connectivité fonctionnelle est élevée, la génétique du paysage sert à identifier les populations natives et l'impact génétique des animaux lâchés (ou provenant d'élevages divers). De plus, elle fait apparaître, ou non, une relative perméabilité des barrières naturelles.



MÉTHODE DE TRAVAIL

Au cours de 2 saisons de chasse, 1 608 échantillons ont été collectés sous forme de fragments musculaires d'oreilles dont 1 405 échantillons sur des cerfs libres répartis entre 22 massifs forestiers, et 203 provenant de parcs et d'élevages. Ces 1 608 échantillons ont permis d'isoler 937 génotypes de cerfs en espace libre et 189 génotypes de cerfs parqués.

MASSIFS OÙ LES ÉCHANTILLONS
ONT ÉTÉ PRÉLEVÉS



- Zones Urbaines
- Zones forestières
- Autoroutes
- Fleuves et rivières principales

T

- 22 MASSIFS FORESTIERS**
- A - SENONCHES
 - B - AMBILLOU, LA ROUCHOUZE
 - C - BEAUMONT LA RONCE
 - D - MARCHENOIR
 - E - ORLÉANS
 - F - CHINON
 - G - BOULOGNE, LA FÉRTÉ-ST-CYR
 - H - AMBOISE, CHOUSSEY, CHÉMERY
 - I - BRUADAN
 - J - GÂTINE, ST AIGNAN, VALENÇAY, GROS BOIS
 - K - LOCHES, BEAUGERAIS
 - M - MANTHELAN, VERNEUIL
 - N - MITPYEN INDRE-&-LOIR
 - P - AZAY LE FERRON, PREUILLY, BOIS DES COURS
 - Q - LANCOSME
 - QQ - LANCOSME PÉRIPHÉRIE
 - S - PAILLET, LUZERAISE, LA ROMAGÈRE
 - T - CAMP DE COURTINE
 - U - LA VIENNE
 - V - LAMOTTE BEUVRON
 - W - VIERZON, VOUZERON
 - X - BELLEVUE, CHÈURS BOMMIERS
 - Y - CHÂTEAUROUX
 - YY - CHÂTEAUROUX PÉRIPHÉRIE

NB : Pour le Domaine de Chambord, 48 échantillons « contemporains » (depuis 2008) et 34 échantillons « historiques » (de 1850 à 1979)

L'utilisation de 20 marqueurs microsatellites pour extraire l'ADN donne à cette étude un caractère hautement performant en apportant une extrême précision sur l'identité génétique de chaque individu par rapport à une population.

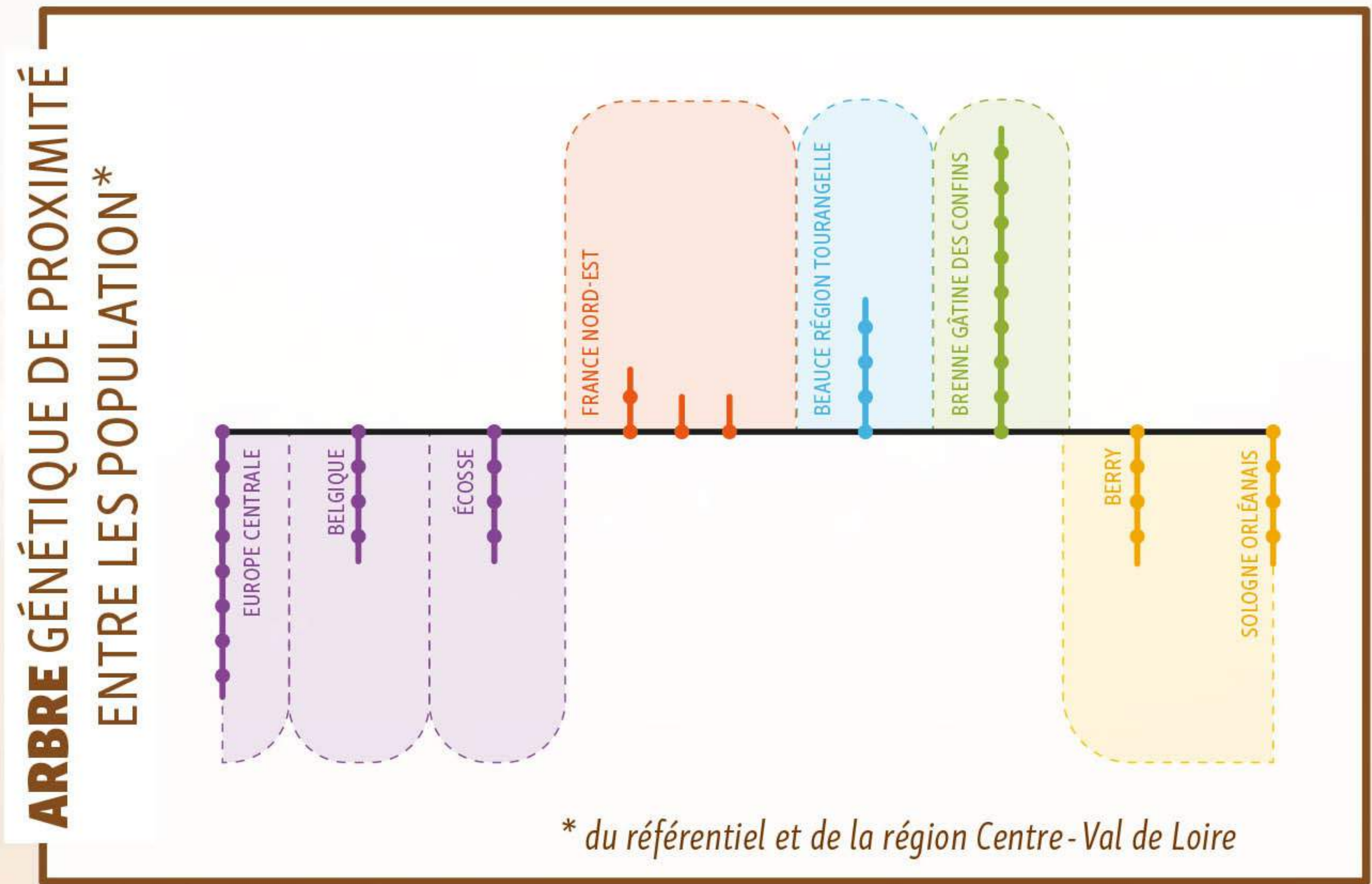
Toutefois, la structuration génétique des cerfs de la région Centre-Val de Loire ne peut s'appréhender que dans un contexte spatial plus large. C'est pourquoi, le laboratoire de l'Université de Louvain-la-Neuve (Belgique) a mis à disposition un référentiel européen comprenant les génotypes de 715 cerfs d'autres provenances (204 de France dont 28 d'élevages, 42 d'Écosse, 131 d'Allemagne, 144 de Belgique, 72 d'Europe de l'Est et 122 des Balkans).

TYPLOGIE DES ÉCHANTILLONS



STRUCTURATION GÉNÉTIQUE À L'ÉCHELLE SUPRARÉGIONALE

La comparaison avec les génotypes du référentiel européen montre que les cerfs de notre région, et plus spécialement ceux du Nord de la Loire (et plus encore ceux du Nord-Est de la France) présentent une plus grande proximité génétique avec les cerfs écossais qu'avec ceux de Belgique ou encore d'Europe centrale.



Par exemple, à l'échelle régionale, la population de Senonches est donc plus proche de celle du Nord-Est de la France. Il serait opportun de disposer d'échantillons génétiques provenant de la région parisienne et des régions normandes pour améliorer les connaissances.



STRUCTURATION GÉNÉTIQUE EN RÉGION CENTRE - VAL DE LOIRE

Les animaux de l'éco-paysage « Sologne », « Orléanais » et Berry » appartiennent au même ensemble.

Les animaux de l'éco-paysage « région tourangelle » sont très mélangés (nombreux apports extérieurs).

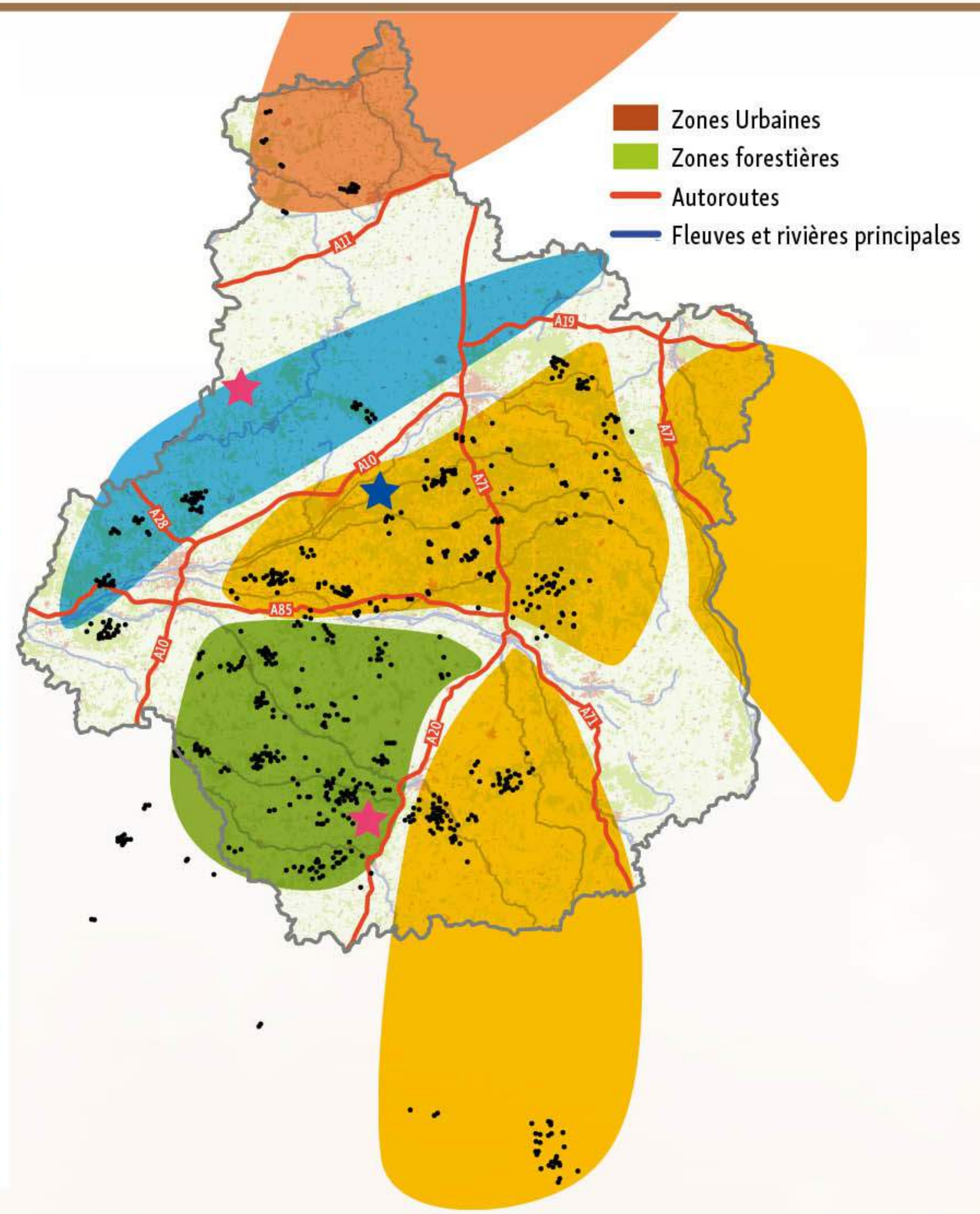
Les cerfs de l'éco-paysage « Beauce » (Senonches) appartiennent à un agrégat différent de ceux des autres éco-paysages (région parisienne, Normandie).

Chambord se différencie sensiblement

Les animaux des 2 éco-paysages « Gâtine » et « Brenne » ont la même origine et correspondent aux populations natives préalablement identifiées.

Ont été identifiés 2 parcs ou élevage d'origine écossaise

STRUCTURATION DES PEULEMENTS



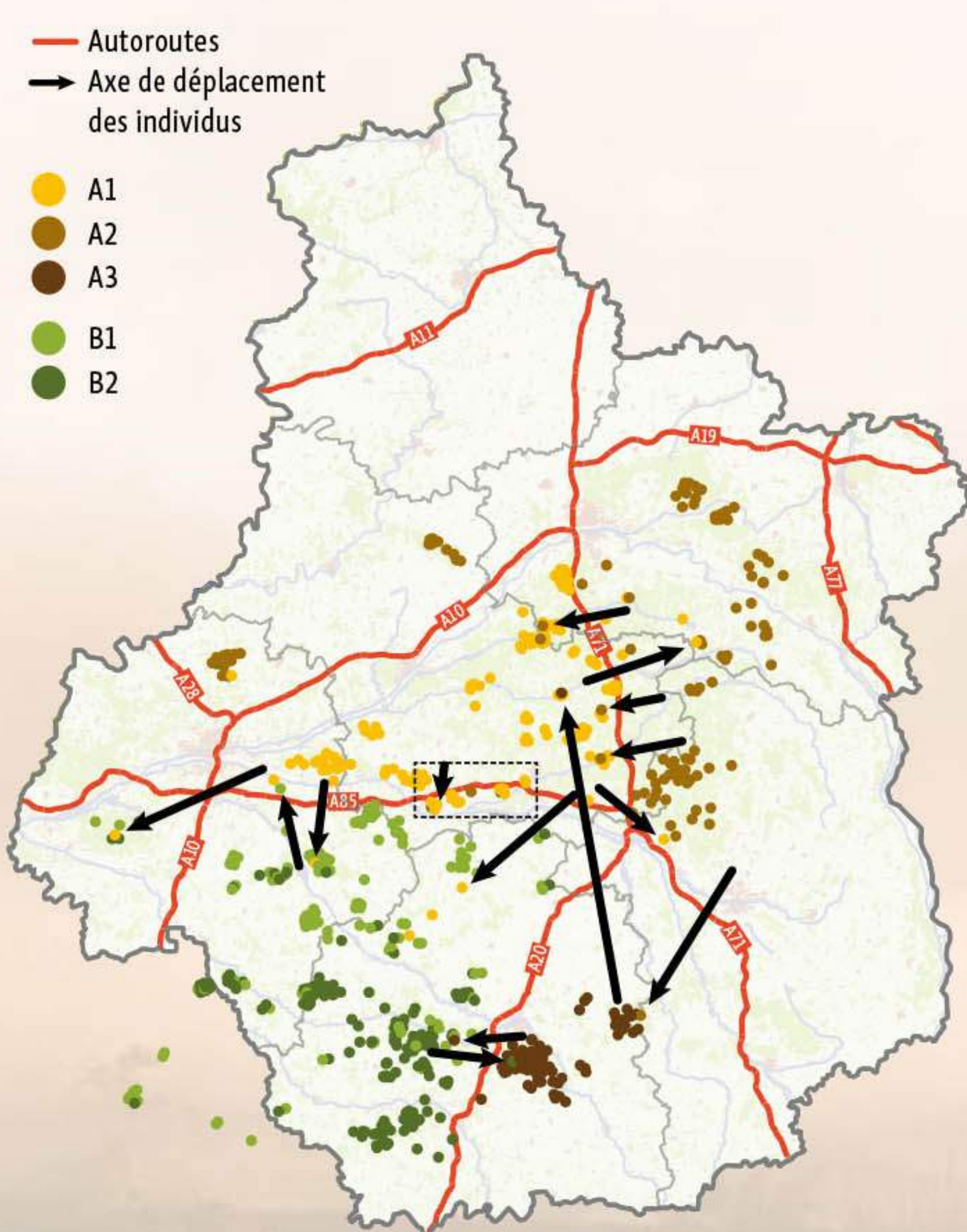
Les limites des 5 grandes entités génétiques identifiées coïncident principalement avec le réseau autoroutier (A10, A20, A71 et A85) et le réseau hydrographique qui constituent des barrières potentielles aux flux de gènes.

Au sein d'une même grande entité génétique, la finesse des analyses effectuées grâce aux 20 microsatellites choisis permet d'identifier des populations homogènes légèrement différentes entre elles comme c'est notamment le cas des 3 éco-paysages « Sologne ».

Le fait de retrouver des individus au patrimoine génétique légèrement distincts, au sein de ces « sous-populations », révèle l'existence d'échanges. Cela démontre une certaine perméabilité des réseaux hydrographique et autoroutier.

La rivière « Le Cher », par exemple, constitue une barrière aux flux de gènes, renforcée par l'autoroute A85 mais des échanges restent malgré tout possibles. Cette hypothèse mériterait des suivis spécifiques sachant que des individus franchissent à la fois le Cher et l'A85 dans les deux sens.

DÉPLACEMENTS DES PEULEMENTS



Concernant l'A20, les deux seuls échanges identifiés de part et d'autre s'expliquent par le faible nombre de passages à faune sur cette autoroute ancienne. *A contrario*, les neuf échanges identifiés de part et d'autre de l'A71 semblent imputables au plus grand nombre de passages à grande faune. Ceci explique la relative proximité génétique entre les populations de Sologne et de l'Orléanais.

D'une manière générale, si la structuration génétique observée s'explique en partie par des barrières aux flux de gènes « historiques » (Loire, Cher) et « contemporains » (A20 et A71 notamment), ces éléments linéaires restent tous franchissables, à des degrés divers.

Le réseau autoroutier a également été détecté comme frein aux flux de gènes, quoique l'impact des autoroutes reste plus marqué chez les femelles que chez les mâles, dont la plus grande mobilité entraîne une probabilité plus importante de rencontre des passages à faune. Le réseau routier secondaire a été identifié comme barrière potentielle aux flux de gènes chez les femelles uniquement.

Enfin, le réseau hydrologique, identifié comme barrière aux flux de gènes uniquement chez les mâles, agit probablement comme effet indirect du tissu urbain, plus dense aux abords de la Loire et de ses affluents.

CONCLUSION & PERSPECTIVES

Avec ce point zéro sur la situation régionale, qui servira de référence à des études ultérieures, le programme IBIG CERF a permis d'identifier des populations natives et hybridées de Cerf élaphe.

Cette étude a aussi mis en évidence une structuration génétique marquée des populations de la région Centre-Val de Loire mais sans constat d'appauvrissement de la diversité génétique.

Les 5 grandes entités identifiées démontrent l'influence nette des activités humaines sur la dispersion, mais ces barrières ne sont pas imperméables aux flux de gènes. Pour compléter cette étude, un suivi régulier de la fonctionnalité des passages à faune serait intéressant.

Un échantillonnage complémentaire au département de l'Eure-et-Loir ainsi qu'en bordure Nord-Ouest de la région Centre-Val de Loire (région parisienne, Normandie) apporterait en outre des compléments utiles.



Cette étude a été financée par :

**la Fondation François Sommer pour la Chasse et la Nature,
la Fédération Régionale des Chasseurs du Centre - Val de Loire,
la Fédération Départementale des Chasseurs de l'Indre
et la Société de Vénérerie.**

Nous remercions :

**les Fédérations Départementales des Chasseurs
de la région Centre - Val de Loire,
la Région Wallonne, Docteur Jérôme G. Prunier
et tous les chasseurs**
qui ont contribué activement à la collecte des échantillons.

BIBLIOGRAPHIE

- Leduc D. & Klein F. 2004. *Origine des populations de cerfs présents en France* - Faune Sauvage n°264 : pp 27-28.
- Dellicour S., Frantz A. C., Colyn M., Chaumont F., Bertouille S. & Flamand M.-C. 2011. *Population structure and genetic diversity of red deer (Cervus elaphus) in forest fragments in north-western France* - Conservation Genetics n°12 : pp 1287-1297.
- Prunier J.-G., Colyn M., Nimon K., Legendre X. & Flamand M.-C. 2015. *Multicollinearity in spatial genetics : Separating the wheat from the chaff using commonality analyses* - Molecular Ecology
- Colyn M., Prunier J.-G., Legendre X., Bouron A., Giquel V. & Flamand M.-C. 2015. *La génétique du paysage : origine et flux de dispersion des populations de cerfs en région Centre*. Faune Sauvage n°307 pp 37-44.
- Legendre X. 2015. *Inventaire de la biodiversité des populations de cerfs dans la région Centre*. Vénérerie n°198. pp 62-66.
- Prunier J. G., Colyn M., Legendre X. & Flamand M.-C. 2017. *Regression commonality analyses on hierarchical genetic distances for an in-depth assessment of landscape connectivity : an example with the red deer in central France*. Ecography. Vol. 40 (1 2) : 1412-1425

