

De l'utilisation d'un outil pointu à l'interprétation des données...

Il est difficilement envisageable de publier des données brutes, sans une phase de validation

L'outil moléculaire non invasif, tel qu'il est utilisé pour le suivi de la population de loups, permet d'accéder à l'identification individuelle des animaux, ce que ne permet pas les autres techniques de suivi indirect. Cependant, chaque outil, aussi pointu soit-il sur le plan technologique, nécessite une part d'interprétation pour « faire parler les données brutes ». Ainsi, l'idée qu'un échantillon soit déposé dans une machine, capable de faire apparaître en sortie sur un écran le nom de l'animal, est bien sûr un peu optimiste

Lorsque la première étape d'amplification de l'ADN donne un résultat exploitable, la lecture d'un profil individuel se fait de façon relative en comparaison avec d'autres profils déjà identifiés auparavant. L'approche dite « multitube » (cf article précédent) permet d'assurer une répétitivité du résultat assorti d'un indice de qualité. Lorsque cet indice qualité est égal à 1, le résultat est au maximum de sa fiabilité (100 % de répétitivité). En revanche, lorsque celui-ci est moyen, il peut indiquer soit que l'échantillon était de qualité moindre pour permettre une bonne répétitivité mais que le résultat est cependant juste, soit que

l'absence de répétitivité du résultat suggère un typage erroné.

Dans ce cas, il faut alors recourir à une forme de validation croisée avec une autre source d'information indépendante du résultat génétique, cette source de donnée est la base indice du réseau GC. Cette confrontation permet ainsi de compléter le typage génétique pour interpréter un signal faible, un allèle rare, un locus particulier qui n'a pas marché.... Cette validation croisée est réalisée une fois par an entre l'ONCFS et le LECA pour le dernier jeu de données disponible.

C'est la raison pour laquelle il est difficilement envisageable de publier des résultats bruts, sans passer d'abord par cette phase de validation nécessaire à l'obtention de résultats fiables et interprétables sur le plan biologique.

C.D., Y.L., E.M., P.M.

Des Apennins vers les Alpes : étude de la colonisation des loups

En 2001, les premières collaborations ont été initiées entre la France, l'Italie et la Suisse afin de mettre au point un système de standardisation génétique entre les différents pays pour suivre les loups avec les mêmes outils. En 2005, un travail de thèse de doctorat a débouché sur une publication dans la revue *Molecular Ecology* (Fabbri *et al*, 2007) concernant l'analyse du processus de colonisation des loups au travers des flux géniques entre les Apennins, les Alpes italiennes, françaises et suisses. L'ADN de 3068 tissus et ou fèces collectés dans les trois pays ont été génotypés à l'aide de 12 locis *µsatellites* pour mesurer :

- l'importance du goulet d'étranglement et les effets fondateurs qu'a subi la population italienne de loups au début de la colonisation,
- les intensités des flux de gènes entre les différentes entités géographiques,
- le nombre minimum d'individus colonisateurs, dont dérive en partie aujourd'hui la variabilité génétique observée dans les Alpes.

Au total, 435 loups différents ont été identifiés dans les trois entités géographiques (I, CH, F) au cours de toute la période d'étude. Les loups présents dans les Alpes ont une diversité génétique beaucoup plus faible que les loups présents dans les Apennins. Les analyses montrent également que les deux entités alpines et apennines sont génétiquement discernables. Le nombre estimé d'immigrants de première génération montre un flux quasi-unidirectionnel (avec plus de mâles que de femelles) des Apennins vers les Alpes.

Ces recherches, menées en collaboration entre les équipes italiennes, françaises et suisses, concluent donc, par la voie du suivi moléculaire indirect, que les Alpes ont été colonisées par quelques individus en dispersion depuis le nord des Apennins. Malgré un flux de gène assez modéré (de l'ordre de 2 animaux nouveaux par génération), il est estimé que 8 à 16 animaux fondateurs permettent d'expliquer la diversité génétique observée actuellement dans les Alpes.

Elena Fabbri, Christian Miquel, Vittorio Lucchini, Alberto Santini, Romolo Caniglia, Christophe Duchamp, Jean-Marc Weber, Benoît Lequette, Francesca Marucco, Luigi Boitani, Luca Fumagalli, Pierre Taberlet and Ettore Randi (2007) : **From the Apennines to the Alps : Colonization genetics of the naturally expanding Italian wolf (*Canis lupus*) population. *Molecular Ecology* 16, 1661-1671**