



## **Auteurs**

Direction de la Recherche et de l'Expertise  
Unité Prédateurs et Animaux déprédateurs (PAD)

*et*

Direction régionale Occitanie - Cellule technique

**Contact :** [upad@oncfs.gouv.fr](mailto:upad@oncfs.gouv.fr)

**Juillet 2018**

**NT/2018/DRE/UPAD/11**

## **Note technique**

### **Complément d'analyse génétique sur loup de lignée non italo-alpine - Lozère**

#### **ECHANTILLONS REÇUS**

Dans le cadre de sa session d'analyse génétique courante de Avril – Juin 2018, les résultats du laboratoire prestataire ANTAGENE faisaient état de deux échantillons présentant une lignée génétique (ADN mitochondrial) différente de la lignée Italo-Alpine jusqu'ici exclusivement observée en France. Les deux échantillons référencés U4817001 et P4817001 proviennent de la Lozère (48), secteur de la Margeride.

#### **TYPE D'ANALYSE EFFECTUEE**

La première analyse donnait des séquences ADN de bonne qualité pour identifier la lignée d'appartenance, mais cependant trop partielles pour identifier l'empreinte génétique individuelle de ces échantillons. Une analyse complémentaire des séquences ADN mitochondriales (lignée et ses variants) et nucléaires par microsatellites (individu) a donc été réalisée par le laboratoire ANTAGENE. Une confrontation avec les données de terrain du Réseau Loup/Lynx a ensuite été réalisée par l'ONCFS.

## RESULTATS

### Confirmation de la lignée génétique

Le rapport d'expertise réalisé par ANTAGENE confirme la lignée non Italo-Alpine et identifie un haplotype w1 (nomenclature de Pilot et al, 2010) habituellement observé dans les pays baltes, Biélorussie, Ukraine, Russie, l'Est de la Pologne jusqu'en Scandinavie (cf figure 1). Les détails de la méthode et les séquences sont présentés dans l'expertise ANTAGENE jointe à ce rapport.

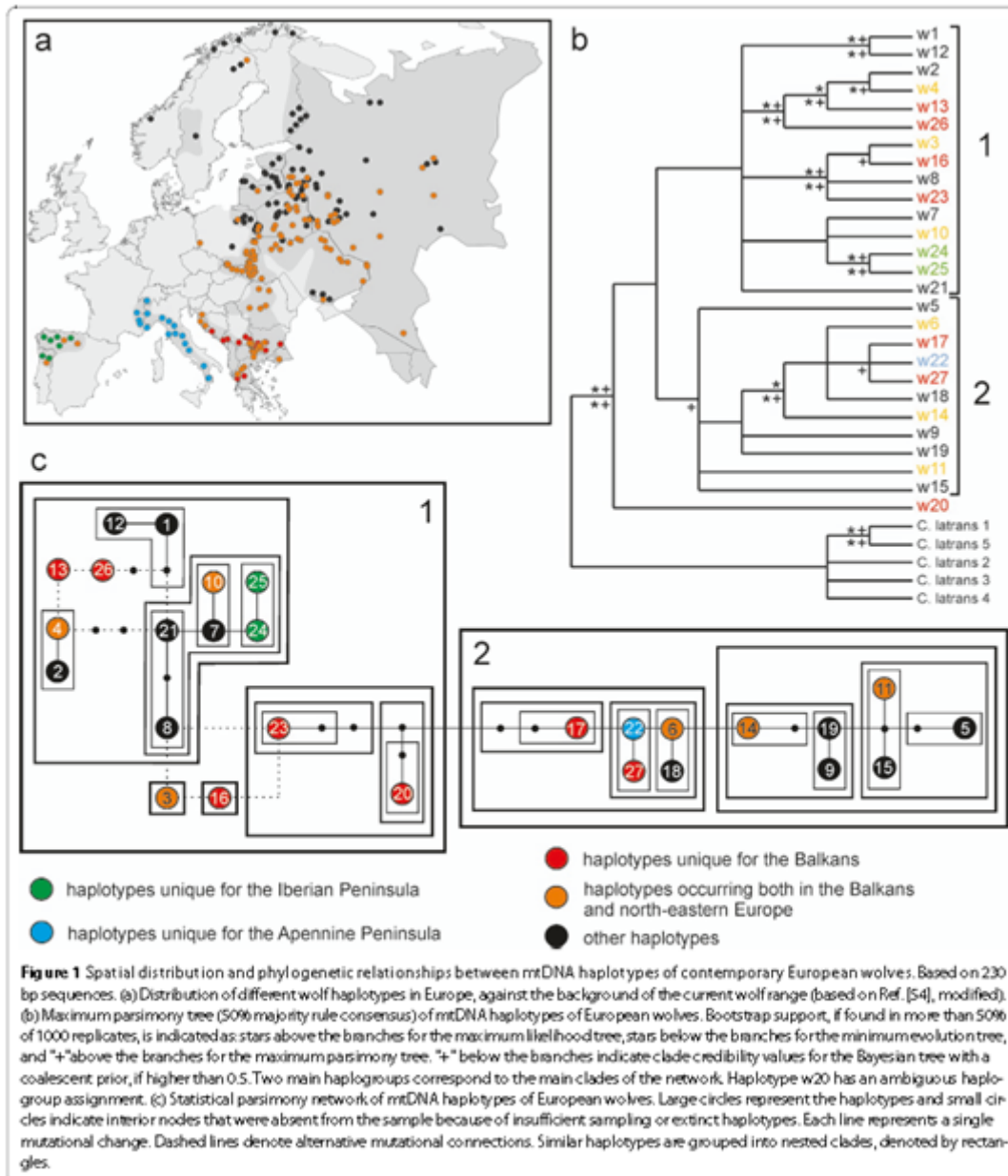


Fig 1 : Identification des lignées génétiques populationnelles de loups en Europe. Les deux échantillons identifiés en Lozère appartiennent au type « w1 » (en noir). D'après Pilot et al, 2010 : *Phylogeographic history of grey wolves in Europe. Evolutionary Biology* 2010, 10:104.

## **Empreintes génétiques individuelles**

Les deux échantillons, respectivement un poil et une urine, présentent une empreinte individuelle complète pour le premier, et à l'inverse, très partielle pour le second. Les investigations complémentaires n'ont pas permis d'améliorer ce profilage rendant caduque toute possibilité de comparaison fiable des profils.

ANTAGENE a cependant exploité une autre caractéristique spécifique de cette lignée « Europe de l'Est » à savoir qu'il existe des « variants mitochondriaux » présentant des points de mutations ponctuelles détectables (qui n'aurait pas été possible sur la lignée Italo-alpine qui reste unique et spécifique).

Cette analyse a permis de montrer que l'échantillon d'urine possède 3 points de mutations sur son ADNm par rapport à l'échantillon de poil, signifiant que les deux échantillons appartiennent à 2 individus (un mâle et l'autre indéterminé) qui n'ont pas la même mère.

La caractérisation de l'hybridation éventuelle ne pourra être réalisée que lorsque la population originelle de ces animaux (captive ou naturelle) sera déterminée de façon à réaliser les assignations aux bonnes populations de référence (celle où les animaux sont nés).

## **Confrontation avec les données de terrain**

Les deux échantillons proviennent d'une collecte réalisée sur la commune d'ESTABLES (48) par le Réseau Loup-Lynx dans le cadre des activités de suivi de l'espèce. Ces derniers ont été collectés le même jour (08/02/2017) par un agent ONCFS du service départemental 48, lors d'une prospection associée à un relevé de traces qui ne mettait en évidence qu'un seul animal. Le relevé de poils, collecté sur un barbelé, a donc vraisemblablement été fait sur la voie précédemment suivie par le premier individu.

Deux excréments référencés F4817002 et F4817004 ont par ailleurs été relevés les 08/02/2017 et 19/02/2017 dans le même secteur de la Margeride respectivement à ESTABLES (48) et ARZENC DE RANDON (48). Analysés en octobre 2017, leur identification de lignée restait impossible. Leur profil individuel présente cependant une correspondance avec le profil d'un des animaux « Baltes » ici identifié.

Un récent relevé de traces révélant 2 individus ensemble en date du 12/04/2018 vient d'être validé par le Réseau Loup-Lynx, au regard de ses caractéristiques techniques, sur la commune de LA VILLEDIEU (48). Aucun autre élément génétique récent ne permet de savoir si ces deux animaux fréquentent toujours actuellement ce secteur, ni si ce sont les deux loups d'origine balte.

La localisation de ces indices conduit donc à identifier un périmètre de recherche prioritaire (le cas échéant assorti d'une zone tampon) sur ces 2 communes (fig 2), afin de rechercher la présence de ces deux animaux. La présence d'autres loups de lignée italo-alpine en déplacement ou dispersion reste tout à fait possible sur cette localité située sur le front de colonisation naturelle de l'espèce.

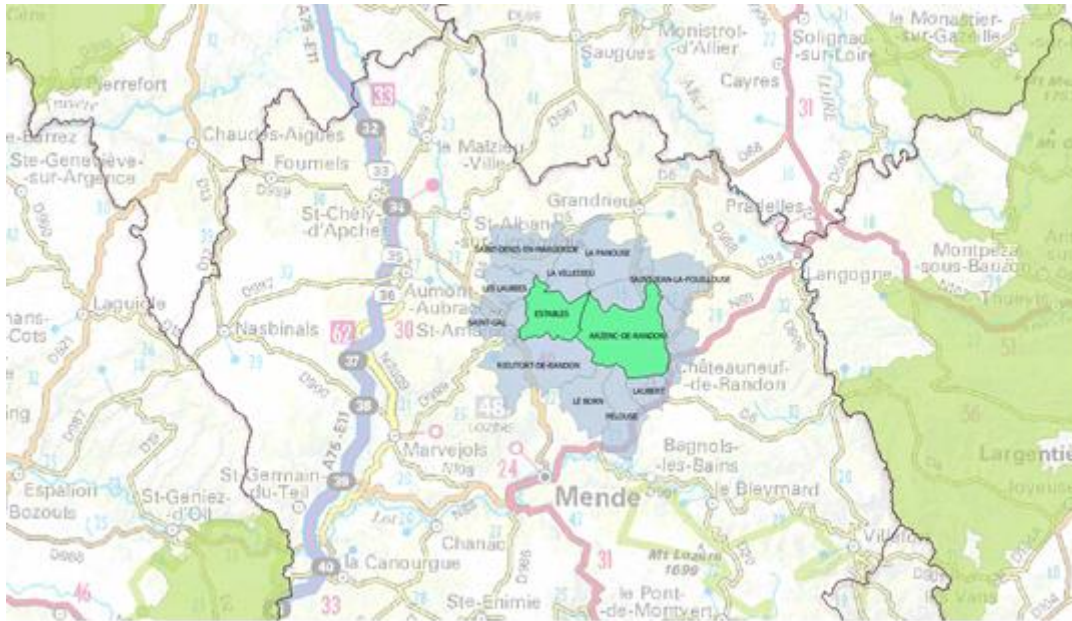


Fig 2 : localisation des communes sur lesquelles l'haplotype w1 « Europe de l'est » a été détecté (vert) et zone tampon d'intérêt sur les communes alentour (bleu).