



Le domaine vital des cerfs peut couvrir 1 100 à 3 000 hectares.

© V. Vignon

GÉNÉTIQUE

L'effet des infrastructures linéaires sur la diversité

L'étude de la diversité génétique des populations de Cerf élaphe en Île-de-France, région fortement anthropisée, montre les effets de la fragmentation des habitats, mais aussi le niveau de réussite des passages à faune.

La perte et la fragmentation de l'habitat sont de plus en plus étudiées en écologie et en génétique des populations. Ces deux phénomènes sont difficilement séparables et sont souvent considérés comme ayant des effets négatifs sur les populations sauvages. Ils peuvent conduire à une diminution de la taille des populations et à une limitation des flux de gènes entre populations, entraînant ainsi une réduction de la diversité génétique de chacune des populations locales et une plus grande différenciation entre elles. À terme, cela diminue la probabilité d'adaptation des populations à de nouvelles conditions environnementales. Toutefois, bien que la fragmentation semble avoir des effets négatifs, on peut limiter ses effets, par exemple

par des passages à faune pour recréer des connectivités entre populations et donc des échanges génétiques. Dans ce contexte, nous avons étudié les effets de la fragmentation des habitats du plus grand herbivore sauvage en France, le Cerf élaphe dans la région Île-de-France (IDF), l'une des plus anthropisées.

Cette région se caractérise par une très forte densité humaine (986 hab/km²) associée à un réseau routier très important (3,13 km/km² contre 1,62 en moyenne dans le reste de la France). Notamment six autoroutes, trois routes nationales à quatre voies, cinq lignes à grande vitesse (LGV) ont été construites en une soixantaine d'années. De plus, certaines autoroutes et

LGV ont été jumelées. Cet ensemble de voies de circulation forme un réseau en étoile tout autour de Paris, qui fragmente les différents types de milieux et notamment les forêts. Dans la région IDF, les voies de transports sont pourvues d'une douzaine de passages, de deux types : inférieurs, tunnel (étroit) ou sous viaduc (à grande ouverture), ainsi que des passages à faune supérieurs (passerelles ou ponts plus larges, et bien intégrés dans le paysage).

Le Cerf élaphe, espèce autochtone en France, est caractérisé par une structure sociale élaborée avec une organisation de type matriarcal et un mode de reproduction polygyne. Que le milieu soit naturel ou anthropisé, les femelles migrent peu, leur domaine

vital variant entre 500 et 2 000 ha. Les mâles adultes quant à eux ont un domaine vital pouvant couvrir de 1 100 à 3 000 ha, ils sont généralement solitaires hormis pendant la période de reproduction ou encore pendant des périodes de stress intensif. Le cerf est considéré comme le gibier le plus noble et fut l'un des animaux les plus représentés à travers les âges et les religions. Il garde une place importante dans l'imaginaire de nombreux peuples en tant que symbole de la forêt et de la nature. Ainsi, il a fait l'objet d'observations en continu depuis les années 1950 permettant de retracer son histoire de façon relativement précise. Toutefois, si les observations naturalistes apportent des informations essentielles, elles ne permettent pas de savoir si les flux de gènes sont maintenus entre les populations. Seule une approche génétique, en utilisant des marqueurs moléculaires (les microsatellites), permet de répondre à cette question.

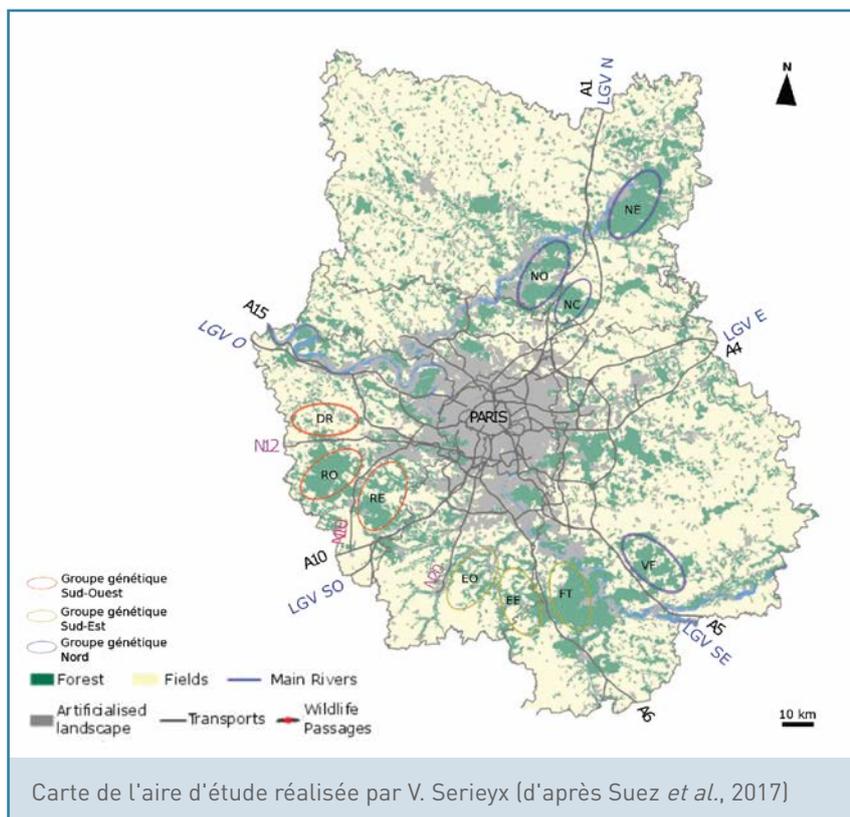
Le Cerf élaphe n'ayant pas de « prédateur naturel » en Île-de-France (le loup en est un prédateur naturel dans les Alpes et les Pyrénées), la « régulation » des populations se fait par la chasse. La collaboration des chasseurs des trois fédérations (FICIF, FDC77 et FDC60) couvrant l'ensemble de la zone d'étude,

ainsi que celle de l'ONF, ont permis d'obtenir au total trois-cent-quarante-cinq échantillons de tissus. L'ADN extrait a permis d'obtenir dix-sept séquences d'ADN présentes à un site spécifique du chromosome pour étudier la structuration génétique, de manière à visualiser l'existence, ou non, de flux de gènes entre les populations et la « distance génétique » entre ces populations. Parallèlement, une approche de génétique du paysage a été utilisée : elle consiste à attribuer un coefficient de perméabilité à chaque composante (forêts, champs, infrastructures de transports, passages à faune) qui a été modélisée, puis d'estimer les chemins de plus forte perméabilité entre les populations. La recherche des coefficients qui maximisent la corrélation entre les distances génétiques et les chemins de forte perméabilité nous permet d'estimer les composantes du paysage qui jouent un rôle important dans la différenciation génétique de nos populations.

Nous avons ainsi pu mettre en évidence la présence de trois groupes génétiques séparés. Le premier groupe rassemble les trois populations géographiques présentes entre le jumelage A15/LGV-O et le jumelage A10/LGV-SO. Le deuxième rassemble les trois populations présentes entre ce dernier

jumelage et le jumelage A5/LGV-E. Le dernier groupe génétique rassemble les quatre autres populations de notre étude (cf. carte ci-dessous). L'étude de génétique du paysage montre que les jumelages (autoroute/LGV) sont des barrières fortes aux flux de gènes pour cette espèce. Une analyse plus fine de la structuration génétique a mis en évidence une sous-structuration génétique au sein de chaque groupe précédemment défini. Là encore, cela montre que les routes nationales à quatre voies, les autoroutes et les LGV limitent le flux de gènes entre les populations de cerf. Enfin, l'étude de l'efficacité des passages à faune montre qu'ils semblent restaurer le flux de gènes entre populations situées de part et d'autre des infrastructures. Cependant, leur efficacité diffère selon leur type : comme on pouvait s'y attendre, les passages à faune fournissant une meilleure visibilité aux cerfs, c'est-à-dire les passages de type supérieur et les viaducs, semblent plus efficaces pour rétablir les continuités écologiques entre les populations que les passages de type tunnel.

Les routes à quatre voies, les autoroutes et les lignes à grande vitesse limitent le flux de gènes.



Toutefois, l'étude est une image à un instant « t » dont il est déduit l'histoire évolutive des populations de cerfs en liaison avec les infrastructures. L'absence d'une vision dynamique dans le temps de la différenciation des populations pourrait entraîner une sous-estimation des effets des barrières que constituent les infrastructures autant que de l'efficacité des passages à faune à permettre les flux de gènes. • **Marie Suez**, Sorbonne Universités, suez@lirmm.fr

EN SAVOIR PLUS

Ce travail de thèse est l'histoire de la rencontre de l'écologue Vincent Vignon (membre de l'Afie), d'un généticien, Dominique Higuët, et d'un autoroutier lors des journées de l'école doctorale « Diversité du Vivant » de l'UPMC.

La question du lien entre observations naturalistes et différenciation génétique a intéressé Cofiroute, le Parc naturel régional de la Haute vallée de Chevreuse, l'UMR7138, l'OGÉ et les fédérations de chasseurs, qui se sont joints au projet.