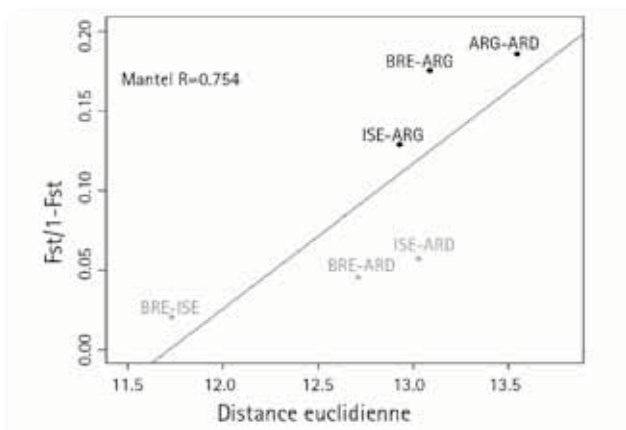


## Pas de perte de la diversité génétique dans quatre populations de martres en France

La fragmentation de l'habitat est une menace pour la persistance des populations naturelles qui, isolées, sont plus sensibles tant d'un point de vue démographique que génétique. Bien que longtemps considérée comme typiquement forestière, la martre européenne semble pouvoir s'adapter aux paysages fragmentés. Mais la fragmentation de l'habitat forestier constitue-t-elle une menace à long terme pour la conservation de l'espèce ? Pour répondre à cette question, une étude génétique par génotypage à l'aide de 8 microsatellites non spécifiques a été réalisée afin de mesurer la structure et la diversité génétique de quatre populations de martres\*. Au total 378 prélèvements de tissus ou poils ont été collectés dans les Ardennes, la Bresse, les pré-Alpes (Isère) et les premiers contreforts pyrénéens (Ariège). Ces quatre régions françaises présentent des indices de fragmentation forestière et des taux de boisement différents (respectivement 26, 17, 38 et plus de 50 %).

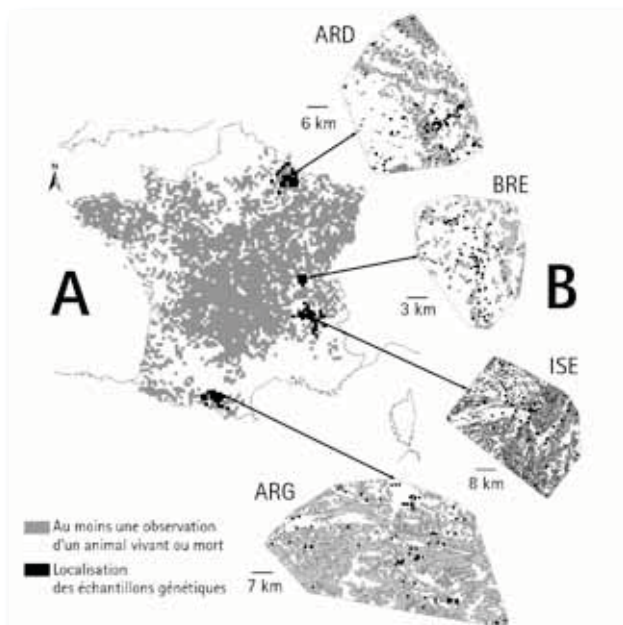
Pour ces quatre populations, le niveau de diversité génétique est modéré (Hétérozygotie observée = 0,51 – 0,59 ; richesse allélique = 2,78 – 3,50) mais aucun goulot d'étranglement ni déficit en hétérozygotie ne sont mis en évidence. Cette diversité génétique semble comparable à celle mesurée dans d'autres populations présentes sur le continent européen et est en accord avec l'hypothèse communément admise chez de nombreux mammifères de perte globale de diversité génétique après la dernière glaciation. Aucune association évidente n'est trouvée entre la diversité génétique observée au sein de ces populations et les caractéristiques de l'habitat étudiées, en particulier les taux de boisement et la fragmentation de cet habitat boisé.

En revanche, une différenciation génétique entre les populations est mise en évidence au niveau national (global  $F_{st} = 0,088$  et  $F_{st}$  deux à deux = 0,044 – 0,1157). Elle s'explique par un modèle d'isolement par les distances (figure 1) sauf dans le cas des populations de l'Isère et de Bresse qui apparaissent très proches génétiquement. La présence d'un habitat forestier discontinu entre ces deux régions distantes de 120 km n'est donc pas un obstacle au flux de gènes.



▲ Figure 1. Graphique de la distance génétique ( $F_{st}/(1-F_{st})$ ) en fonction de la distance euclidienne calculée par paire entre les différentes populations.

La structure génétique de la population de martre en Ariège apparaît particulière. Elle présente la diversité génétique la plus faible, malgré le taux de boisement le plus fort, et une différenciation marquée par rapport aux autres populations qui ne s'explique pas uniquement par un modèle d'isolement par la distance. L'isolement génétique de la population de l'Ariège pourrait être la conséquence d'un isolement géographique liée à une discontinuité de son habitat potentiel à une vaste échelle géographique plus qu'à des spécificités locales de l'habitat. En effet, la distribution de la martre en France (figure 2) montre une présence de l'espèce vraisemblablement discontinue sur le pourtour méditerranéen, augmentant la distance écologique entre populations. Cependant, pour savoir si cette différenciation génétique est récente, une approche phylogéographique utilisant des marqueurs mitochondriaux serait nécessaire.



▲ Figure 2. A) Carte de répartition de la martre en France d'après les observations communales collectées ( $n = 11\,482$ ) par les agents de l'ONCFS entre 2001 et 2010 et reportées sur la grille 10 x 10 km de l'Agence européenne de l'environnement. B) Localisation des prélèvements sur les sites d'étude.

Du point de vue de l'état de conservation de l'espèce, ces résultats montrent qu'il n'y a pas de perte globale de la diversité génétique dans quatre régions éloignées de France. C'est un point favorable. De nombreuses nouvelles pistes de recherche mériteraient d'être explorées, en particulier l'utilisation de microsatellites spécifiques récemment mis au point, l'analyse par une approche de génétique du paysage au niveau local. Il serait également intéressant d'étendre les investigations à d'autres régions voire pays d'Europe, en particulier dans le massif pyrénéen.

\* Cette étude a été réalisée en collaboration avec le ZCZA-CERFE (Université de Reims), le Conseil général de l'Isère, la Fédération départementale des chasseurs de l'Ariège, le laboratoire Antagène et le laboratoire de biométrie et biologie évolutive de l'Université de Lyon (UMR CNRS 5558).