

## L'isolement géographique et la diversité génétique des populations pyrénéennes de lagopède alpin

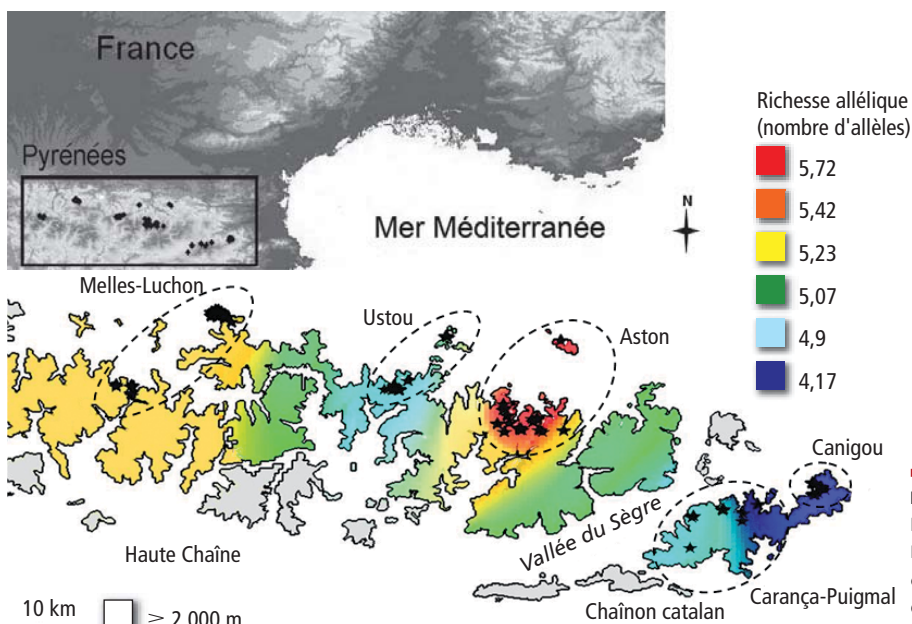
Les changements climatiques, notamment l'élévation des températures, sont aujourd'hui de plus en plus prégnants et les espèces adaptées au froid se voient contraintes de migrer vers des latitudes plus nordiques ou de trouver refuge toujours plus haut en altitude, seuls milieux répondant à leurs exigences écologiques. Dans les montagnes du sud de l'Europe, ce réchauffement a pour conséquence directe un relèvement altitudinal de l'étage montagnard, ce qui entraîne la réduction et la fragmentation des espaces ouverts d'altitude. Ces espaces refuges deviennent ainsi des îles biogéographiques appelées *sky island*. Ces îles, résultant de la fragmentation des paysages, influencent très fortement les flux géniques et favorisent la différenciation génétique au sein d'un « archipel d'altitude ». Aussi, l'étude de la structuration génétique des espèces d'altitude apparaît comme fondamentale dans une optique de conservation.

Relique de l'ère glaciaire, le lagopède alpin illustre bien le patron de distribution directement lié au dernier réchauffement post-glaciaire. On retrouve cette espèce à la fois dans des zones arctiques situées au-dessus du 60° parallèle et dans des isolats montagnards situés au-dessus de 2 000 mètres, comme dans les Alpes et les Pyrénées. Une étude récente menée à l'échelle européenne montre que les populations pyrénéennes de lagopède alpins (*Lagopus muta pyrenaica*) présentent des indices de diversité plus faibles que leurs homologues alpins (*Lagopus muta helvetica*) et norvégiennes (*Lagopus muta muta*). Pour compléter ces résultats, une étude menée en partenariat par l'université de Perpignan et l'ONCFS a permis de décrire la structuration génétique du lagopède alpin à l'échelle des Pyrénées, mieux appropriée dans une optique de conservation.

L'étude de la structuration génétique des populations pyrénéennes de lagopède alpin a été appréhendée à l'aide de marqueurs moléculaires microsatellites et mitochondriaux. La zone d'étude s'étend sur

140 kilomètres et comprend cinq sites d'échantillonnage (Melles-Luchon, Ustou, Aston, Carança-Puigmal et Canigou ; *figure 1*). Fondées sur les données mitochondriales, les premières analyses confirment l'appauvrissement génétique des populations pyrénéennes par rapport aux populations alpines (diversité haplotypique des Pyrénées :  $H = 0,432 \pm 0,047$ , des Alpes :  $H = 0,680 \pm 0,012$ ). De plus, les marqueurs microsatellites apportent du nouveau dans l'organisation spatiale des populations de lagopède alpin des Pyrénées. En effet, les premiers résultats révèlent des différenciations génétiques significatives entre toutes les populations échantillonnées (Fst moyen de 5 %). Ces différenciations génétiques sont corrélées avec les distances géographiques, ce qui induit une structuration dite en isolement par la distance (test de Mantel :  $r = 0,61$ ;  $p = 0,05$ ). Un autre résultat montre une différenciation génétique particulièrement élevée entre les populations situées sur la haute chaîne des Pyrénées et les populations situées à l'extrémité orientale (chaînon catalan). Ces dernières seraient donc aujourd'hui isolées de celles de la haute chaîne par la vallée du Sègre dont la largeur importante (environ 20 kilomètres) et l'altitude peu élevée constituent une barrière à la dispersion difficilement franchissable. Cet isolement, non encore précisément daté, se traduit, pour les populations orientales, par des indices de diversité génétique plus faibles que ceux observés sur la haute chaîne. Cet appauvrissement génétique est encore plus marqué sur le massif du Canigou (*figure 1*).

Pour tenter de corriger cette érosion de la diversité génétique, le transfert de jeunes individus depuis la haute chaîne vers le chaînon oriental a été proposé de façon à forcer, en quelque sorte, leur dispersion post-natale au-delà de la vallée du Sègre. Un programme européen de coopération transfrontalière (*Projet Poctefa Gallipyr*) permet de concrétiser ce projet qui entre aujourd'hui dans sa phase opérationnelle.



**Figure 1.** Structuration génétique des populations pyrénéennes de lagopèdes alpins. Emplacement des 5 sites d'échantillonnage : chaque étoile représente un oiseau. Les contours en noir correspondent à l'habitat potentiel du lagopède alpin (*Lagopus muta pyrenaica*) (altitude  $\geq 2 000$  mètres). Les couleurs représentent la distribution de la variabilité génétique (richesse allélique).

**Référence** – Bech. N., Boissier. J., Drovetski. S., & C. Novoa. 2009. Population genetic structure of rock ptarmigan in the 'sky islands' of French Pyrénées: implications for conservation. *Animal Conservation*, 12: 138-146.