

## PROGRAMME EMERGENCE 2012-2015

---

**IN SITU** : Analyse fonctionnelle des corridors écologiques (Trame Verte et Bleue) pour la conservation de la faune sauvage en Champagne-Ardenne

---

### RESUME DES VOLETS « GENETIQUE » ET « GPS »

JUIN 2015

NOTA : Ce rapport résumé les résultats obtenus dans les volets « Génétique des populations et du paysage » et « Sélection de l'habitat » du programme IN SITU. Le rapport final, qui présente les résultats détaillés de ces volets et des volets « Parasites : Marqueurs et traceurs des déplacements de populations » et « Mise en œuvre de la Trame Verte et Bleue à l'échelle communale », est à disposition sur simple demande.

## REMERCIEMENTS

Nous tenons à remercier toutes les personnes qui ont permis la réalisation de ce travail, et les structures qui l'ont soutenu financièrement directement ou indirectement :

- Le Conseil Régional de Champagne-Ardenne
- La Commission Européenne
- Le Réseau de transport d'Electricité (RTE)
- Le Parc Naturel Régional de l'Avesnois (PNR59)
- La Société des autoroutes du Nord et de l'Est de la France (SANEF)
- La Fédération Régionale des chasseurs de Champagne-Ardenne.

Ce programme n'a pu être réalisé qu'avec l'aide des organismes et personnes qui ont participé à la collecte des échantillons :

- Les Présidents de chasse et les chasseurs des Fédérations Départementales des Chasseurs des Ardennes, de la Marne, de l'Aube, de la Haute-Marne, du Nord et de la Meuse. Avec des remerciements particuliers aux techniciens des fédérations (Messieurs Baudet(FdC08), Georgeon (FdC08), Breton (FdC52) et Leclercq (FdC10)) qui ont assuré la gestion des collectes et une attention spéciale pour Monsieur Talarico, du service technique de la Fédération Départementale des Chasseurs de la Marne, pour son aide inestimable dans la prise en charge de cinq des seize sites à lui seul.
- Les piégeurs, les lieutenants de louveterie et les déterreurs de chaque site d'étude.
- Les agents de l'Office National des Forêts (ONF) des départements concernés par l'étude.
- Les agents de l'Office National de la Chasse et de la Faune Sauvage (ONCFS), en particulier du secteur d'Hargnies (M. Dapvril), de Trois Fontaines (M. Delorme) et du PNR de l'Avesnois.
- Les gardes-chasse particuliers, notamment dans le Parc Naturel Régional de de la Montagne de Reims (PNR51).
- Les intervenants du Groupement d'Intérêt public de Préfiguration du projet de Parc National entre Champagne et Bourgogne (GIP-PNCB).
- Les intervenants des Parcs Naturels Régionaux.
- Les laboratoires Départementaux des Ardennes, de l'Aube et de la Haute-Marne.
- Les associations naturalistes.
- Les militaires participants des camps de Mailly et Mourmelon-Suippes.
- Tous les bénévoles particuliers.

Nous remercions aussi grandement pour leur soutien technique :

- Les Laboratoires Vétérinaires des Pyrénées (Lagor)
- Le Centre de Biologie et Gestion des Populations (Montpellier) et notamment M. Galan.

Nous remercions enfin les propriétaires de bois/terrains privés et l'ONF qui nous ont donné l'autorisation de parcourir leur propriété, voire de piéger et de suivre les animaux équipés sur leurs terrains, ainsi que les commerces qui nous ont mis à disposition des appâts carnés pendant deux années consécutives (magasins Leclerc, Carrefour et M. Rachel Cauchon, boucher à Vouziers).

# SOMMAIRE

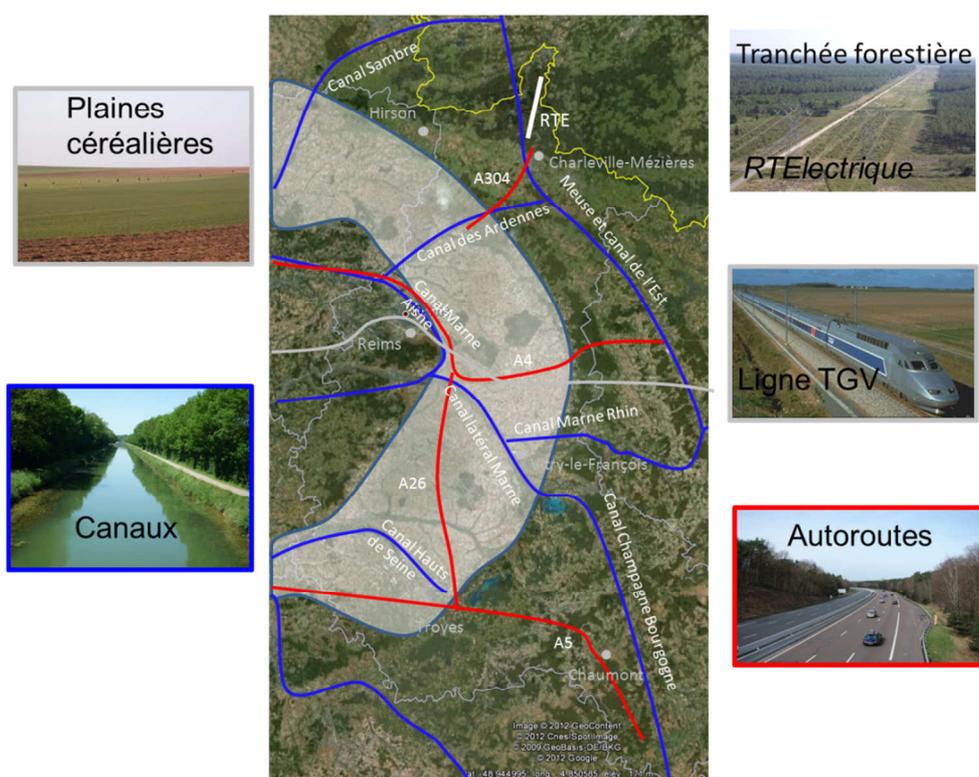
REMERCIEMENTS .....	1
SOMMAIRE .....	2
PROBLEMATIQUE .....	3
OBJECTIFS DE L'ETUDE .....	4
VOLET SELECTION DE L'HABITAT .....	4
<b>Objectifs et méthodes</b> .....	4
<b>Résultats</b> .....	4
<b>Conclusion</b> .....	6
VOLET GENETIQUE DES POPULATIONS ET DU PAYSAGE.....	7
<b>Objectifs</b> .....	7
<b>Méthodes</b> .....	7
<b>Résultats et interprétations</b> .....	9
Le Hérisson .....	9
Le Renard .....	11
La Martre.....	14
Le Chevreuil.....	17
Le Campagnol roussâtre.....	21
<b>Conclusion du volet génétique</b> .....	22
PERSPECTIVES.....	<b>Erreur ! Signet non défini.</b>
ANNEXES : SCHEMATISATION DES METHODES D'ANALYSE GENETIQUE .....	27
<b>Profil génétique</b> .....	27
<b>Isolement par la distance</b> .....	28
<b>Analyse Discriminante en Composantes Principales</b> .....	29
<b>Analyses Geneland et Structure</b> .....	30

## PROBLEMATIQUE

Le brassage génétique des populations, c'est-à-dire l'échange d'individus entre ces populations, soutient le maintien de la variabilité génétique. Ce brassage est un mécanisme clé pour le maintien et l'évolution des populations animales en assurant une certaine capacité d'adaptation aux individus. Le paysage d'accueil de ces populations doit donc leur permettre d'échanger des individus afin d'assurer le flux génétique entre elles. Chez les mammifères terrestres, cet échange est surtout basé sur le déplacement des jeunes qui quittent leur territoire natal pour aller s'établir dans un nouveau site (dispersion). Il est donc attendu ici que le brassage génétique entre les diverses populations d'une zone géographique donnée se fait de proche en proche. Deux paramètres sont alors à prendre en compte pour évaluer le déplacement d'un animal : intrinsèques (selon les caractéristiques morphologiques et comportementales de l'espèce) et extrinsèques (selon les caractéristiques structurelles du paysage dans lequel il doit se déplacer). Par exemple, la taille de l'animal va conditionner ses possibilités de franchir les mailles des grillages d'autoroute ; son éventuelle spécificité à l'habitat forestier va orienter ses déplacements en évitant les milieux ouverts.

Une des grandes problématiques environnementales actuelles vise à s'assurer que les paysages permettent ce brassage génétique pour toutes les espèces. Pour ce faire, il est donc nécessaire d'identifier les zones de conflit (les barrières) et les zones de passage à conserver ou à restaurer (les corridors).

La région Champagne-Ardenne présente des caractéristiques particulières en termes de connectivité forestière. Elle contient en son centre une large bande de culture céréalière qui sépare les formations forestières de son flanc est (massif de l'Argonne) de celles de son flanc ouest (massif de la Montagne de Reims). De plus, elle est parcourue par un grand nombre de structures linéaires de transport (autoroutes, ligne ferroviaire à grande vitesse, canaux de navigation et fleuves) qui peuvent potentiellement jouer un rôle de barrière vis-à-vis des déplacements des animaux.



## OBJECTIFS DE L'ETUDE

Le travail de recherche présenté ici vise à évaluer l'état de la connectivité forestière de la région Champagne-Ardenne pour plusieurs espèces de mammifères, principalement en identifiant les zones problématiques, et l'effet « barrière » potentiel des infrastructures en place. Il est basé sur 4 volets : le suivi par collier GPS, la génétique du paysage, la parasitologie et les sciences humaines. Seuls les deux premiers volets seront présentés dans ce résumé.

### VOLET SELECTION DE L'HABITAT

#### Objectifs et méthodes

Notre sujet d'étude étant la connectivité forestière, l'objectif du volet GPS vise à identifier le degré d'utilisation des structures boisées et les capacités de franchissement du milieu ouvert chez 4 espèces animales : le Renard, le Blaireau, le Chat forestier et la Martre. Ce travail consiste donc à identifier les habitats susceptibles de servir de corridor de déplacement et à évaluer l'impact du milieu ouvert en qualité de barrière aux déplacements.

Pour mener cette étude, nous avons suivis les déplacements d'individus de plusieurs espèces équipés de collier GPS. Nous nous sommes associés à une entreprise locale (société Nexxtep de Reims) pour le développement de colliers GPS miniatures pouvant équiper des animaux de petite taille comme la Martre. Pour cette première étude, nous avons sélectionné deux sites particuliers, un site très boisé (le PNR des Ardennes) et un site bocager (Boult-aux-Bois). Seuls les résultats du site bocager seront présentés dans ce rapport.

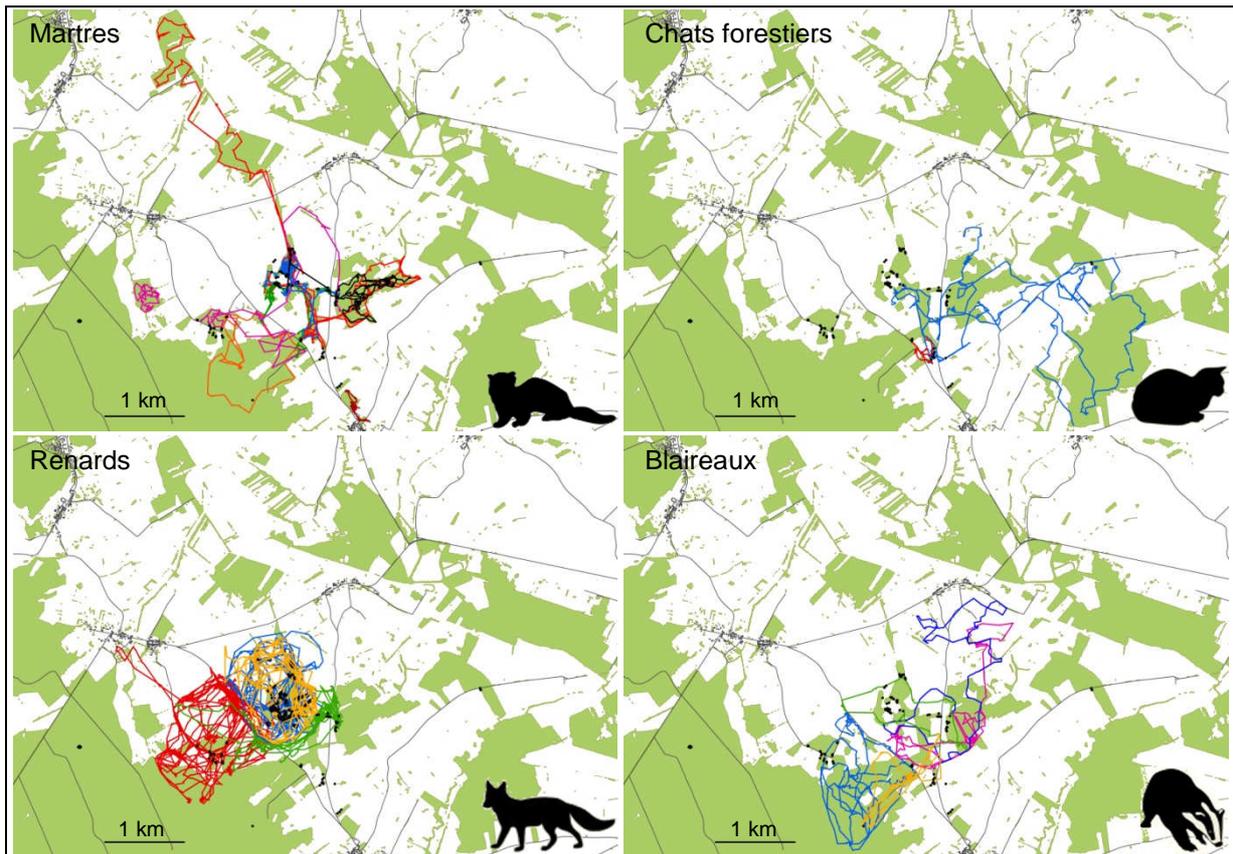
#### Résultats

Trente-trois animaux ont été équipés sur le site d'étude de Boult-aux-Bois. Suite à des problèmes de fiabilité du matériel liés à son développement, un bon nombre d'individus a dû être rééquipé. Au total, nous avons téléchargé 70 trajets de 24 heures, après avoir posé 46 colliers (Tableau 1, Figure 1).

**Tableau 1.** Récapitulatif des nombres d'individus adultes capturés et équipés, de colliers GPS posés et de trajets obtenus selon les espèces.

Espèce	Individus capturés	Individus suivis* / équipés	Colliers posés	Trajets de 24h obtenus
Blaireau	11	7 / 10	10	16
Chat	2	2 / 2	2	5
Martre	16	7 / 11	28	16
Renard	4	4 / 4	6	33
Total	33	20 / 27	46	70

\* individus pour lesquels nous disposons d'au moins un trajet de 24h.



**Figure 1.** Cartes des trajets obtenus sur les espèces suivies.

Tous les trajets d'un même individu sont d'une même couleur. Martres : 3 mâles en rouge, orange et brun et 3 femelles en bleu, vert et rose ; Chats forestiers : 2 mâles ; Renards : 1 mâle en orange et 3 femelles ; Blaireaux : 1 mâle en orange et 3 femelles. En vert le milieu forestier, en blanc le milieu ouvert, en gris les routes et bâtiments, les points noirs sont les pièges.

De ces trajets ont été extraits différentes informations comme : le kilométrage moyen parcouru par un individu pendant 24 heures, le type d'habitat utilisé pendant son déplacement et la distance maximale à laquelle il s'est éloigné de l'habitat forestier le plus proche (Tableau 2). Cette distance, multipliée par deux, correspond alors à la distance théoriquement franchissable en milieu ouvert. Les individus pour lesquels nous ne disposons que d'un seul trajet de 24h ont été écartés des analyses.

**Tableau 2.** Distances parcourues en 24h, pourcentage moyen de distance parcourue en milieu forestier et estimation de la distance potentiellement franchissable en milieu ouvert, selon les espèces et le sexe.

Espèce		Distances parcourues en 24 h (en km)			% de distance parcourue en milieu fermé	Distance franchissable* en milieu ouvert
		Moyenne	Min	Max		
Blaireau	Males	5,2	2,8	7,2	66,6 %	600 m
	Femelles	4,3	1,2	6,2		
Chat	Male	8,2	5,3	11,1	50,9 %	600 m
Martre	Males	9,9	3,9	14	94,1 %	150 m
	Femelles	5,6	3,4	11,2		
Renard	Males	13,3	8,6	20,1	22,7 %	1400 m
	Femelles	13,1	4,1	30,8		

\* : ces données ne sont valables que dans le paysage étudié, les espèces étant sans doute capables de franchir des distances plus grandes. C'est bien la distance par rapport aux autres espèces qui importe ici.

Comme attendu, le Renard et le Blaireau exploitent fortement les espaces ouverts et sont capables de s'éloigner largement de tout habitat forestier. En revanche, nous nous attendions à un comportement de déplacement beaucoup plus forestier de la part du Chat dit forestier. Par ailleurs, on constate que les capacités de déplacements des animaux (entre 5 et 14 km / 24 h avec des maxima pouvant atteindre 30 km) laissent à penser que les distances théoriques de dispersion peuvent être très importantes. Enfin, il apparaît que la martre est l'espèce la plus sensible à l'espace ouvert par rapport aux autres espèces testées.

## **Conclusion**

### **Au plan technique**

De nombreux défauts de fiabilité des colliers GPS ont grandement limité l'obtention de résultats statistiques. Néanmoins, les derniers colliers posés ont montré une bonne évolution de leur durée de vie. Par ailleurs, les tests de fiabilité des localisations recueillies dans différents types d'habitats ont montré une supériorité du matériel vis-à-vis des matériels concurrents. Nous comptons donc poursuivre le développement et l'utilisation de ce matériel pour les prochaines études.

### **Au plan biologique**

Il s'agit ici d'une première approche des capacités de franchissement du milieu ouvert des animaux suivis sur un site particulier. Les martres sont sans doute capables de franchir des distances plus grandes que 150 m en milieu non forestier, notamment lorsque celui-ci est couvert de céréales ou de maïs (observation déjà réalisée), mais elles évitent largement le milieu ouvert. Il a aussi été montré que cette espèce surexploite les bois et les haies au cours de ses déplacements. En conclusion, il apparaît donc que la Martre constitue l'espèce la plus sensible à l'ouverture du milieu et la plus concernée par le maintien de corridors forestiers. Nous devrions donc retrouver cette caractéristique dans l'étude génétique.

### **Au plan appliqué**

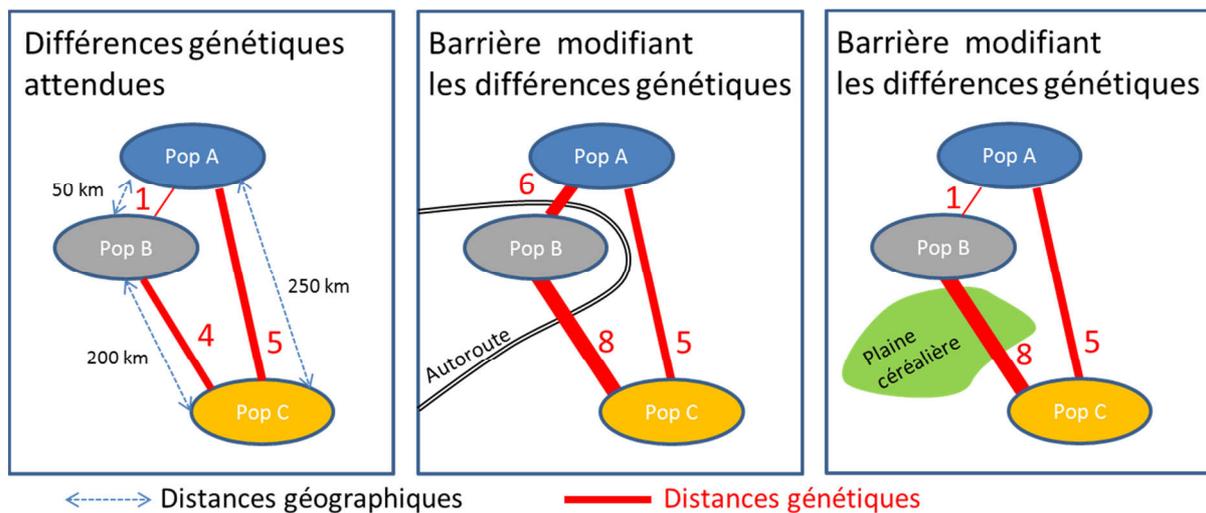
A la vue des résultats, la martre, contrairement au chat forestier très souvent inscrit comme « espèce déterminante Trame Verte », pourrait être le modèle idéal pour l'étude de la connectivité forestière. Nous espérons pouvoir suivre à nouveau des individus de cette espèce dans un troisième type d'habitat, la plaine céréalière. Si les résultats se confirment, le suivi de la martre pourrait alors permettre d'identifier les corridors à préserver dans les grandes plaines de cultures.

# VOLET GENETIQUE DES POPULATIONS ET DU PAYSAGE

## Objectifs

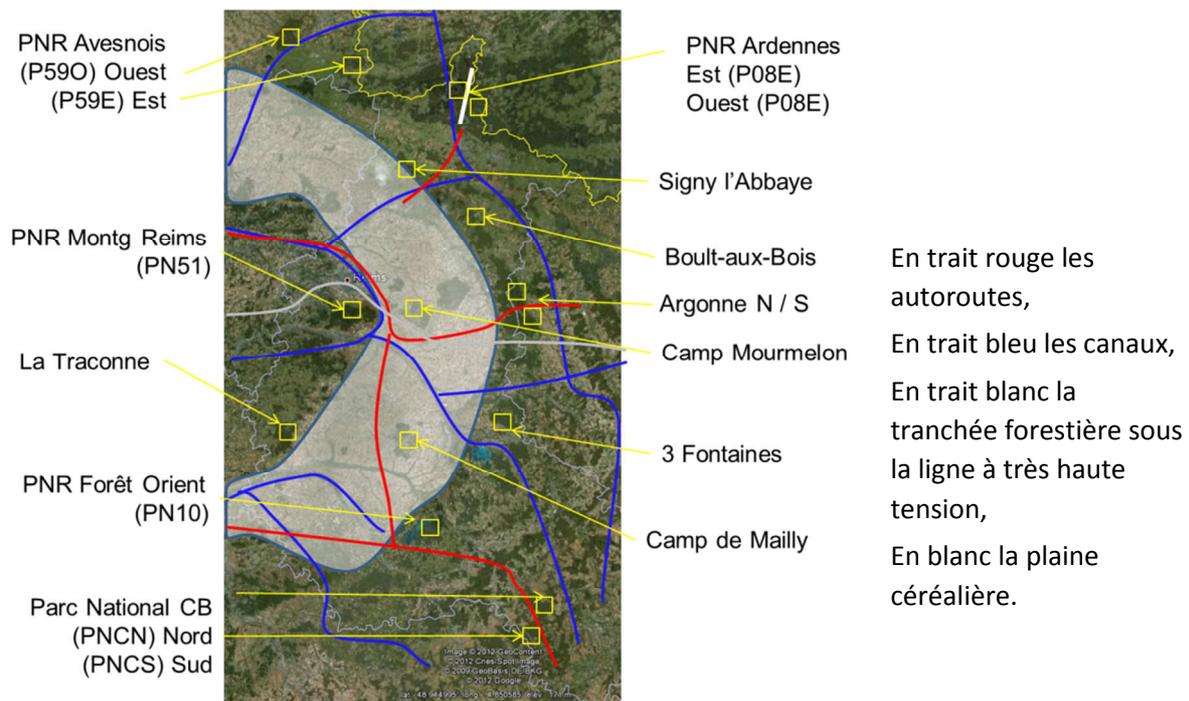
L'objectif de ce volet est d'évaluer l'effet des infrastructures linéaires de transport et de la plaine céréalière sur les flux génétiques entre les populations de différentes espèces de mammifères en Champagne-Ardenne.

La méthodologie générale consiste à déterminer les ressemblances et les différences génétiques entre les individus ou les groupes d'individus. Le principe de base pour l'interprétation des résultats est que, dans un milieu homogène sans barrière, sous l'effet d'une reproduction de proche en proche, on observe une corrélation entre la distance génétique et la distance géographique. C'est-à-dire que, dans un milieu neutre, plus les groupes sont éloignés géographiquement, plus ils sont différents génétiquement. Donc, si les individus ou les groupes d'individus sont génétiquement **plus différents** qu'attendu par rapport à la distance géographique qui les sépare, c'est qu'il existe une barrière dans le paysage qui limite les échanges génétiques. L'ensemble des méthodes est schématisée en annexe.



## Méthodes

Pour mener à bien ces comparaisons, nous avons échantillonné treize à seize populations en fonction des espèces, réparties de façon relativement uniforme sur notre territoire d'étude (Champagne-Ardenne et PNR de l'Avesnois).



Dans l'idéal, nous aurions aimé travailler sur un très large éventail d'espèces (huit au total) afin de balayer les différentes caractéristiques comportementales des mammifères. L'effort de récolte a permis de collecter un nombre suffisant d'échantillons sur chaque site pour cinq espèces : le Chevreuil, le Renard, la Martre, le Hérisson et le Campagnol roussâtre. Ce n'est pas le cas du Chat forestier, du Blaireau ni du Murin de Bechstein, que l'on a donc exclu de cette étude mais dont nous exploiterons les résultats sous une autre forme. Néanmoins, il est à noter que cette collecte constitue déjà une base de donnée très importante et très rare dans les études scientifiques, et ce grâce à tous les bénévoles.

**Tableau 3.** Nombre final de profils génétiques individuels obtenus après extraction et amplification des échantillons collectés, tissus et fèces confondus, pour chaque espèce et dans chacun des sites d'étude.

Site	Campagnol	Chevreuil	Martre	Renard	Hérisson	Chat	Blaireau	Total
P08E	34	27	21	12	10	2	1	<b>107</b>
P08O	45	21	16	6	2	2	1	<b>93</b>
SIGN	31	31	30	49	34	4	8	<b>187</b>
BAB8	35	35	34	34	35	12	51	<b>238</b>
PN51	35	34	20	34	30	3	8	<b>164</b>
MOUR	34	33	16	30	32	4	3	<b>152</b>
TRAC	34	34	17	28	30	0	2	<b>145</b>
MAIL	36	29	11	37	32	3	3	<b>151</b>
3FON	33	28	31	11	37	0	6	<b>146</b>
PN10	26	31	15	33	31	6	11	<b>153</b>
PNCN	-	34	19	9		1	8	<b>71</b>
PNCS	34	33	18	26	24	5	19	<b>159</b>
P59E	-	34	25	34	37	2	-	<b>132</b>
P59O	-	32	25	27	31	4	-	<b>119</b>
ARGC	-	27	-	-	-	-	-	<b>27</b>
ARGN	-	32	-	-	-	-	-	<b>32</b>
<b>Total</b>	<b>377</b>	<b>495</b>	<b>298</b>	<b>370</b>	<b>367</b>	<b>48</b>	<b>121</b>	<b>2076</b>

## Résultats et interprétations

Les paragraphes ci-dessous présentent le résumé des résultats obtenus et leur interprétation pour successivement le Hérisson, le Renard, la Martre et le Chevreuil. Du fait de ses caractéristiques démographiques et éco-éthologiques, les résultats obtenus sur le Campagnol roussâtre montrent que cette espèce, n'est pas un modèle adapté pour l'étude de la connectivité sur échantillonnage populationnel à l'échelle régionale. Seuls seront présentés les résultats et interprétation de la variabilité génétique des populations de ces campagnols en fonction de la surface forestière.

Les analyses moléculaires de ces échantillons ont porté sur huit à quinze microsatellites en fonction des espèces. La première série d'analyses porte sur la description génétique des populations. Elle comprend une évaluation de la différenciation génétique de l'ensemble des populations d'une espèce donnée et une estimation de la richesse génétique (nombre moyen d'allèles par locus) pour chaque population. La deuxième série d'analyses permet de comparer les individus ou les populations entre eux. Elle comprend une analyse des  $F_{ST}$  individuelles et populationnelles, des analyses d'autocorrélation spatiale, des analyses discriminantes en composantes principales (DAPC) et des analyses individuelles bayésiennes avec localisation (Geneland) et sans localisation (Structure) des individus. Vous trouverez en annexe des schémas expliquant la démarche de chacune de ces analyses. Dans un souci de clarté, nous ne présenterons qu'une partie des résultats dont l'ensemble reste à votre disposition.

### Le Hérisson

#### Analyses descriptives

La population de hérissons sur l'ensemble de la zone étudiée présente un niveau de différenciation génétique assez faible, environ 3.5% (Tableau 4). La richesse allélique des populations de hérissons varie entre 5.7 et 6.4 par locus (Tableau 5), elle est donc assez homogène à travers la zone d'étude. Néanmoins on note que les hérissons des deux sites du PNR Avesnois présentent la plus faible variabilité génétique par rapport aux autres populations testées.

**Tableau 4.** Indice de fixation  $F_{ST}$  de Wright quantifiant la structure génétique inter-populations.

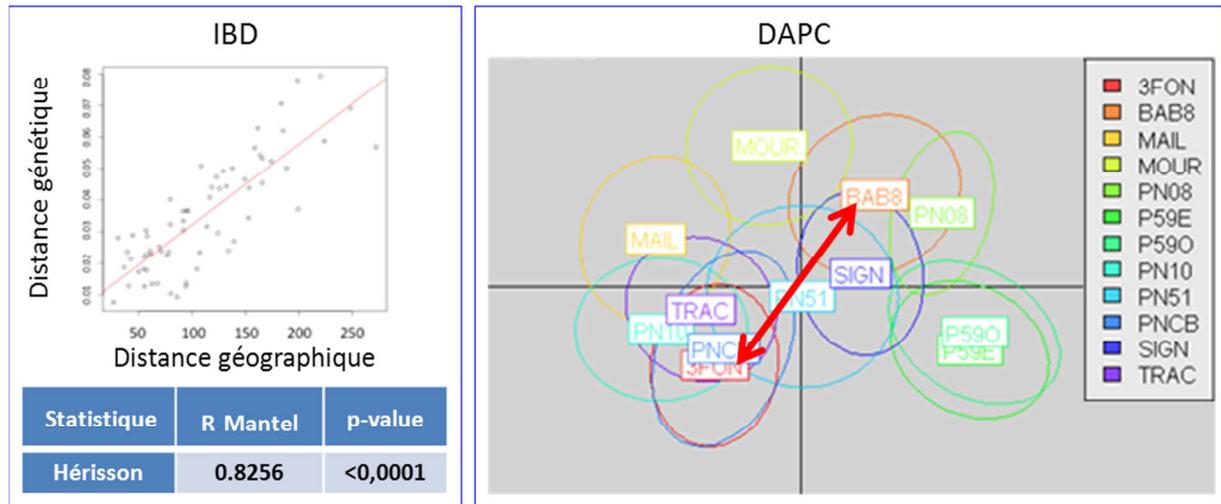
Indices de fixation $F_{ST}$	Intervalle de confiance
0.034	(0.028 - 0.042)

**Tableau 5.** Effectif (N) de hérissons et Richesse allélique (Ar) des sites échantillonnés.

	PN08	SIGN	BAB8	PN51	MOUR	TRAC	MAIL	3FON	PN10	PNCB	P59E	P59O
N	13	34	37	29	32	30	32	37	31	24	36	31
Ar	6.4	5.9	5.7	6.3	6.1	6.1	6.2	5.8	6.1	6.1	5.4	5.6

### Analyses comparatives

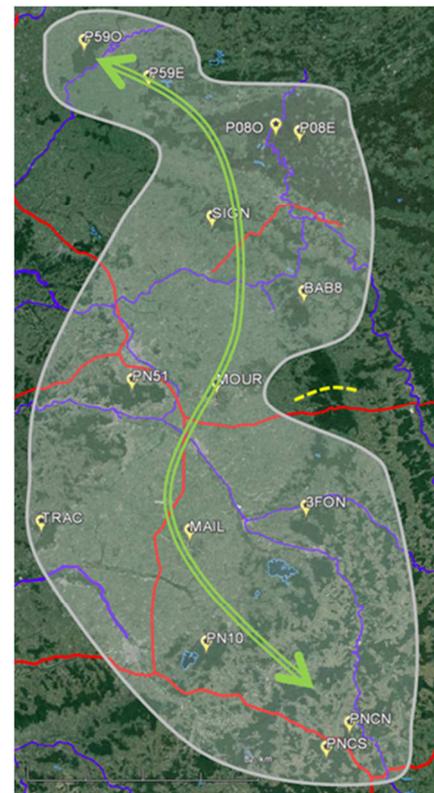
Les résultats de l'analyse de l'isolement par la distance (IBD) montrent une très forte corrélation entre les distance géographique et génétique qui séparent les populations de hérissons (Figure 2 A,  $r$  de Mantel = 0.852). Ils sont confirmés par l'analyse DAPC dont la représentation graphique montre un alignement génétique des populations en fonction de leur localisation sur le terrain d'étude (Figure 2 B). On notera simplement une légère différence entre BAB8 et 3FON. A ce stade de notre connaissance du paysage, nous ne pouvons associer à ce résultat aucune barrière physique particulière.



**Figure 2.** A) Graphique de corrélation entre la distance génétique ( $F_{ST}/(1-F_{ST})$ ) et la distance géographique (en km) des paires de populations de hérissons. La ligne rouge représente la corrélation moyenne entre les deux variables. B) Représentation graphique des résultats de l'analyse DAPC basée sur les deux premières composantes principales. La flèche rouge signale la séparation plus grande qu'attendue entre BAB8 et 3FON. (nota : PNCB = PNCS)

### Interprétation Hérisson

L'ensemble des résultats obtenus montre que les populations de hérissons ne se différencient pas plus qu'attendu par rapport à la distance géographique qui les sépare. Il apparait donc que le flux génétique entre les différentes populations de hérissons est réalisé de proche en proche, ce à quoi on peut s'attendre de la part d'une espèce dont la distribution des individus est continue dans un paysage homogène. Les hérissons ne rencontrent donc pas ou peu de barrières à travers la Région Champagne-Ardenne.



## Le Renard

### Analyses descriptives

A l'échelle régionale, l'ensemble des renards en Champagne-Ardenne présente un niveau global de différenciation génétique faible, environ 2.2 % (Tableau 6). Chez le Renard, les populations sont relativement homogènes en termes de richesse allélique puisque celle-ci varie entre 6.6 et 7.7 allèles par locus (Tableau 7). Encore une fois, on note pourtant que les renards du site PNR Avesnois Ouest présentent la plus faible variabilité génétique de la zone d'étude.

**Tableau 6.** Indice de fixation  $F_{ST}$  de Wright quantifiant la structure génétique inter-population.

Indices de fixation $F_{ST}$	Intervalle de confiance
0.022	(0.018 - 0.027)

**Tableau 7.** Effectif (N) de renards et richesse allélique (Ar) des sites échantillonnés.

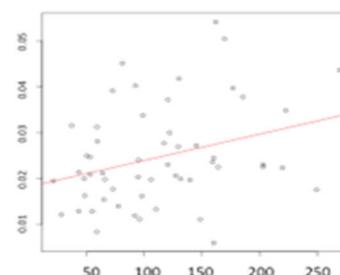
	PN8O	PN8E	SIGN	BAB8	PN51	MOUR	TRAC	MAIL	3FON	PN10	PNCS	PNCN	P59E	P59O
N	6	12	49	34	34	30	28	37	11	33	9	26	34	27
Ar			7.5	7.2	7.4	7.6	7.1	7.4		7.7		7.2	7.1	6.6

### Analyses comparatives

Les résultats de l'analyse de l'isolement par la distance (IBD) montrent une corrélation faible mais significative entre les distances géographique et génétique (Tableau 8,  $r$  de Mantel = 0.313). La dispersion des données autour de la corrélation moyenne suggère que les distances génétiques entre paires des populations sont probablement régies par d'autres paramètres que la distance géographique qui les sépare.

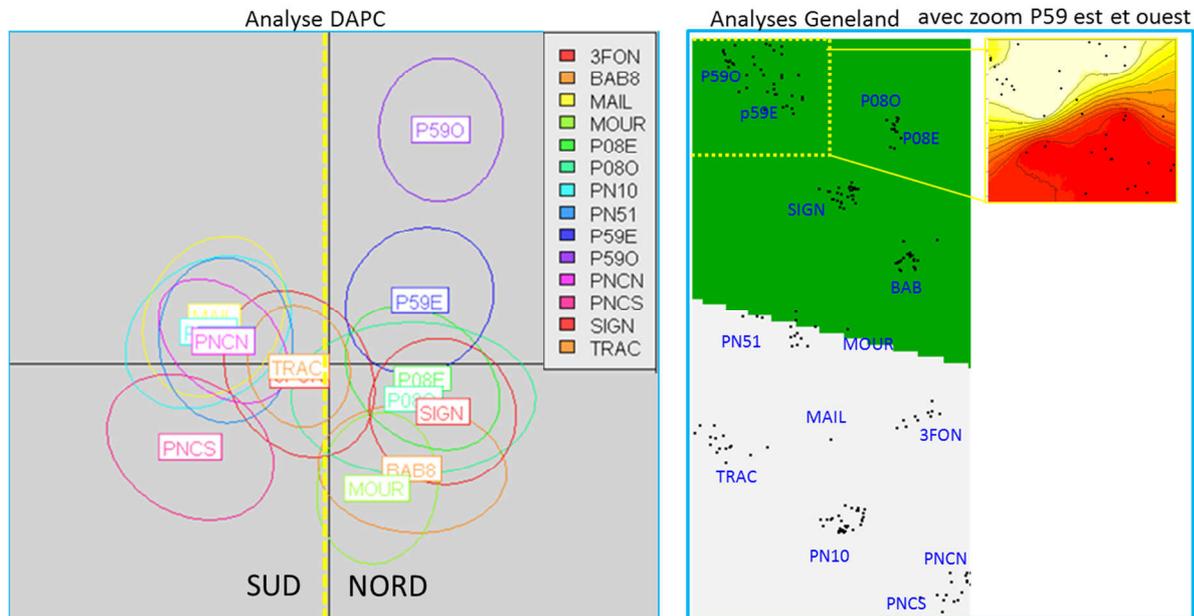
**Tableau 8.** Statistique de Mantel  $r$  et  $p$ -value associée évaluant la présence d'un patron d'isolement par la distance chez le Renard

	Statistique $r$ Mantel	$p$ -value
Renard	0.313	0.026

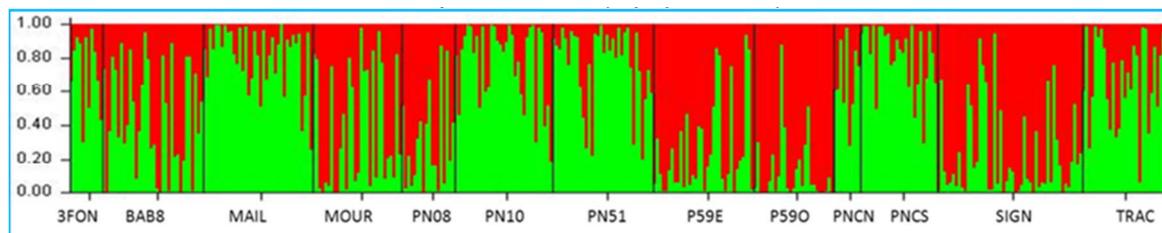


En effet, l'analyse DAPC (Figure 3 A) montre qu'il existe deux grands groupes génétiques, indiquant une nette séparation des populations au nord de celles au sud avec les populations TRAC et 3FON en position intermédiaire entre ces deux groupes. Par ailleurs, la population P59O se distingue des autres populations. L'analyse Structure (Figure 4) aboutit également à la présence de deux groupes

mais n'isole pas la population de P59O. Enfin, les résultats de Geneland (Figure 3 B) confirment les deux groupes nord / sud sur une analyse globale de la zone d'étude, ainsi que la séparation de P59O et de P59E sur un zoom effectué au niveau du territoire de l'Avesnois (Figure 3 B à droite).



**Figure 3.** A) à gauche, DAPC. B) à droite, représentation cartographique des groupes génétiques proposés par Geneland selon le modèle non corrélé et selon la probabilité d'appartenance des individus aux différents groupes, et zoom sur la population P59O et P59E.

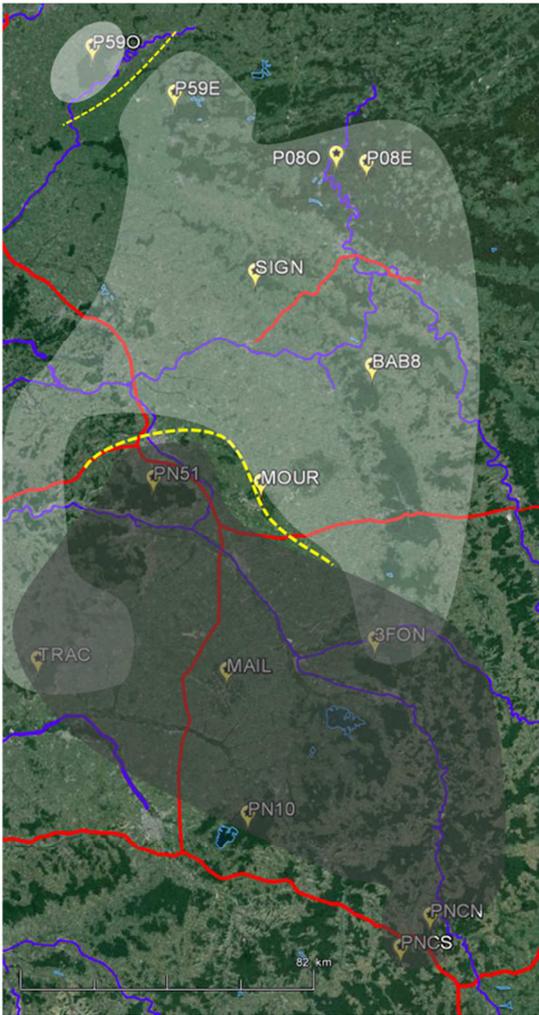


**Figure 4.** Analyse Structure avec deux populations sur le Renard

### Interprétation Renard

En résumé, l'ensemble des analyses converge vers une structuration génétique des renards en deux groupes nord / sud avec une sous-structuration au niveau du territoire de l'Avesnois révélant un léger isolement de la population de l'ouest. Cette structuration montre une rupture marquée entre MOUR et PN51/MAIL. On notera aussi que les populations TRAC et 3FON présentent des caractéristiques génétiques à la fois des groupes Nord et Sud, ce qui suggère une connectivité via les flancs est et ouest de la zone d'étude, de chaque côté donc de la rupture centrale.

Nous concluons donc à un impact fort du cumul d'infrastructures (autoroute A4, LGV, canal) sur la zone étroite séparant le PNR de la montagne de Reims de la plaine céréalière dans laquelle se trouve le camp militaire de Mourmelon. Cette rupture se poursuit le long de l'autoroute A4, de la LGV et/ou du canal Latéral à la Marne (dans sa portion qui relie Reims et Vitry le Francois) en plaine céréalière en séparant les populations de renards présents dans les deux camps militaires de Mourmelon et Mailly. Notre échantillonnage ne nous permet cependant pas de séparer l'impact respectif des



infrastructures impliquées. En revanche, plus au nord, le canal de la Sambre semble le seul responsable de la différenciation génétique des populations au sein du PNR de l'Avesnois.

## La Martre

### Analyses descriptives

A l'échelle de la Région, la différenciation génétique des populations de martres est significative mais faible, environ 3.5% (Tableau 9). Chez la Martre, on observe une richesse allélique relativement homogène sur l'ensemble des populations de la Région, variant entre 4.4 et 5.2 allèles par locus (Tableau 10). On note une fois encore que la population P59O présente la moyenne la plus faible bien que très proche de celles des autres populations.

**Tableau 9.** Indice de fixation  $F_{ST}$  de Wright quantifiant la structure génétique inter-populations

Indices de fixation $F_{ST}$	Intervalle de confiance
0.035	(0.026 - 0.043)

**Tableau 10.** Effectif (N) de martres et richesse allélique ( $A_r$ ) des sites échantillonnés.

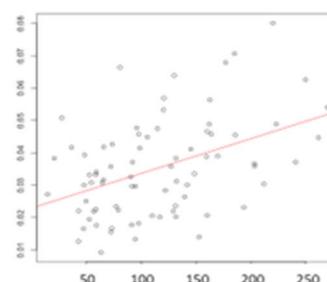
	PN08	SIGN	BAB8	PN51	MOUR	TRAC	MAIL	3FON	PN10	PNCS	PNCN	P59E	P59O
N	33	30	34	19	16	17	11	31	15	18	19	25	25
$A_r$	5.2	4.8	4.8	5.1	4.6	4.5	4.8	5.0	4.6	4.5	4.6	4.5	4.4

### Analyses comparatives

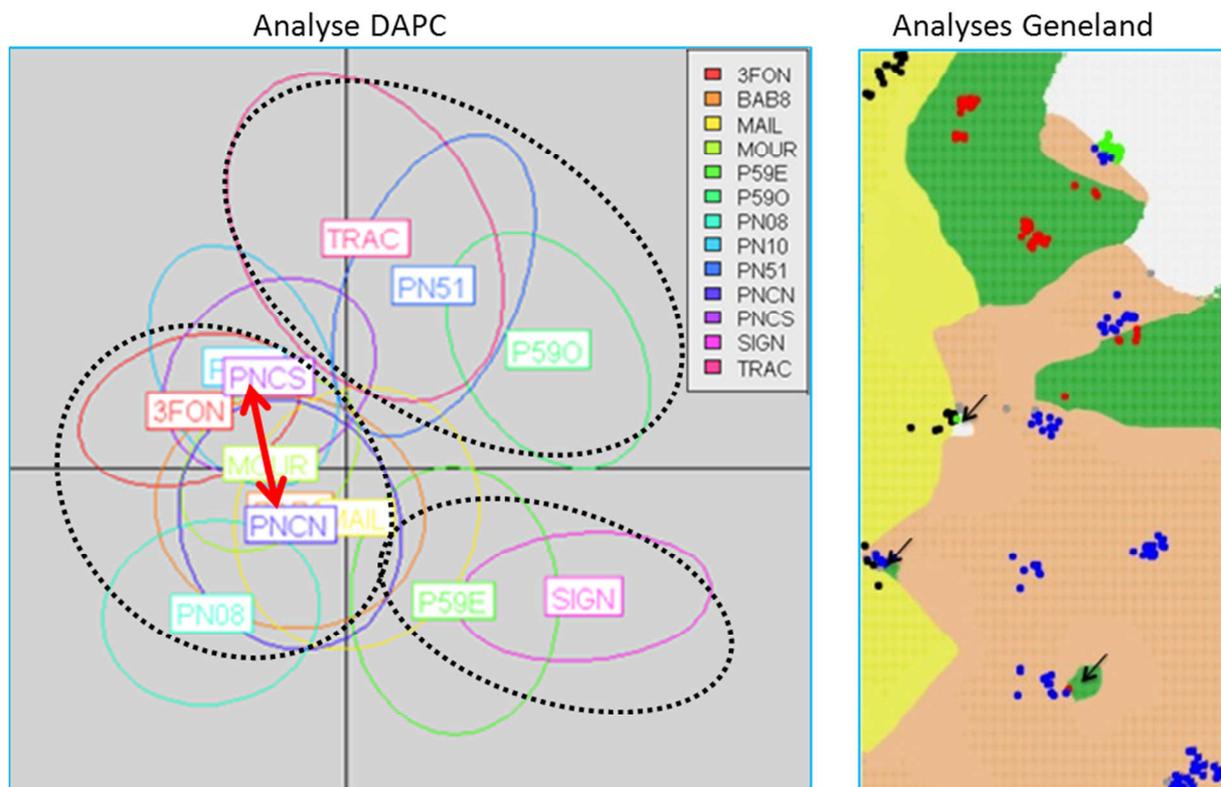
Les résultats de l'analyse de l'isolement par la distance (IBD) montrent, comme chez le Renard, une corrélation faible mais significative entre les distances géographique et génétique (Tableau 11,  $r$  de Mantel = 0.433).

**Tableau 11.** Statistique de Mantel  $r$  et  $p$ -value associée évaluant la présence d'un patron d'isolement par la distance chez la Martre

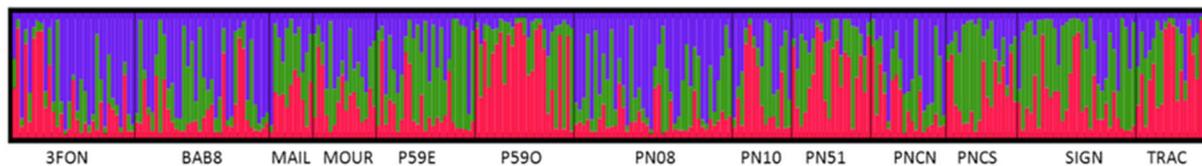
	Statistique $r$ Mantel	$p$ -value
Martre	0.4335	<0.0001



La distance géographique qui sépare les sites d'étude n'explique qu'en partie leur différenciation génétique. En effet, les analyses DAPC (Figure 5 A), Geneland (Figure 5 B) et Structure (Figure 6, Tableau 12) s'accordent sur la présence de trois grands groupes génétiques : P59O, PN51 et TRAC pour le groupe Ouest ; P59E et SIGN pour le groupe Centre-Nord et PN08, BAB8, 3FON et PNCN pour le groupe Est. Les populations MOUR, MAIL, PN10 et PNCS sont en moyenne non assignées car les génomes de leurs individus présentent des proportions d'appartenance aux différents groupes génétiques relativement équivalentes (Tableau 12).



**Figure 5.** A) à gauche, DAPC. B) à droite, représentation cartographique des groupes génétiques proposés par Geneland selon le modèle non corrélé et selon la probabilité d'appartenance des individus aux différents groupes.



**Figure 6.** Analyse Structure avec trois populations sur la Martre

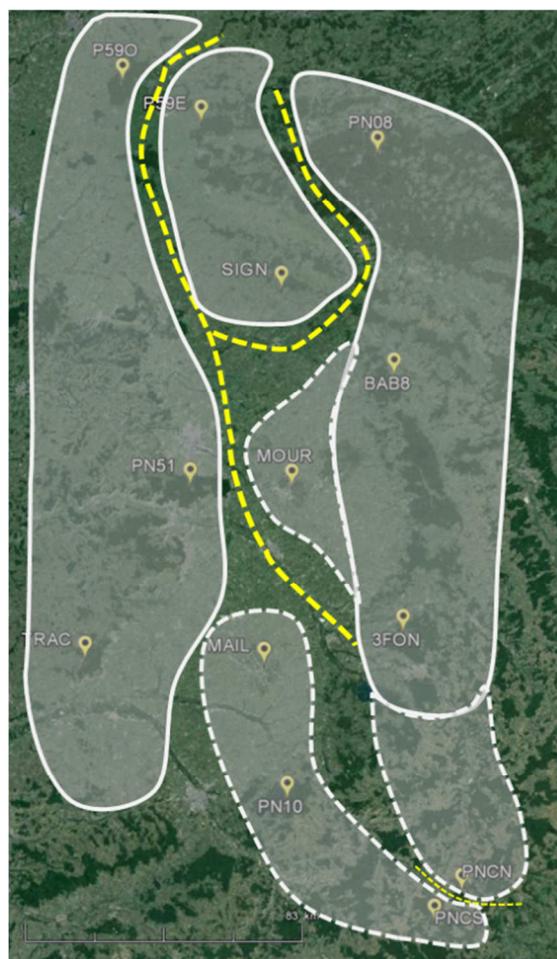
**Tableau 12.** Pourcentages d'individus des différentes populations assignés aux trois groupes génétiques. Cellules colorées : % supérieur à 50%. Cellules grisées : taux maximal obtenu pour la population concernée lorsque la répartition n'atteint pas 50% d'un des trois clusters génétiques.

Cluster	PN08	SIGN	BAB8	PN51	MOUR	TRAC	MAIL	3FON	PN10	PNCN	PNCS	P59E	P590
CENTRE	0.32	0.50	0.29	0.32	0.34	0.28	0.40	0.18	0.31	0.30	0.44	0.50	0.28
EST	0.53	0.21	0.51	0.18	0.36	0.18	0.27	0.54	0.36	0.45	0.20	0.28	0.11
OUEST	0.15	0.29	0.20	0.50	0.29	0.54	0.33	0.28	0.33	0.25	0.36	0.22	0.61

Par ailleurs, on peut noter que bien que géographiquement très proches l'une de l'autre, les populations PNCS et PNCN se classent dans des clusters différents pour l'ensemble des analyses sauf dans le cas de Geneland. Le site PNCN se rattache principalement au groupe Est alors que, selon une partie des analyses, PNCS se rattacherait plutôt aux deux groupes Centre et Ouest à l'image de MAIL. Enfin, les populations PN10 et MOUR sont bien moins différenciées et difficiles à assigner à un groupe particulier.

### Interprétation Martre

Au final, les trois grands groupes génétiques distingués à travers la région étudiée soulignent la présence d'une barrière d'est en ouest. On suppose ici que la plaine céréalière est responsable de cette structuration génétique, avec des populations en plaine qui semblent très mélangées et dont l'identité est difficile à mettre en évidence. Aucune des analyses n'a permis de ranger ces populations soit dans un groupe génétique particulier, soit dans l'un des groupes précédemment identifiés (ouest ou est). De plus, encore une fois, le canal de la Sambre apparaît comme limitant le flux génétique au nord. De même, on constate comme chez le Renard, un effet cumulé des trois éléments structurants : autoroute, LGV et canal. Par ailleurs, les populations P59E et SIGN forment un groupe à elles seules. Elles semblent isolées au nord-ouest par le Canal de la Sambre, au nord-est par la Meuse et ses canaux et au sud par le canal des Ardennes. Le canal latéral à la Marne et la plaine céréalière séparent aussi les populations de Trois-Fontaines et de Mailly. On notera enfin une limitation de flux entre les populations réparties de chaque côté de l'autoroute A5 dans la zone de Chaumont (PNCN/PNCS) au sud de notre territoire d'étude.



## Le Chevreuil

### Analyses descriptives

Le chevreuil présente la plus forte différenciation génétique des cinq espèces testées tout en restant modérée, avec un  $F_{ST}$  global de 4.6% sur l'ensemble de la zone d'étude (Tableau 13). Ici aussi, les populations de chevreuils ne présentent qu'une faible variation de richesse allélique, c'est-à-dire entre 4.8 et 5.8 allèles par locus (Tableau 14). Et ici encore, la situation de P59O se distingue par un niveau de diversité génétique le plus bas de la région.

**Tableau 13.** Indices de fixation  $F_{ST}$  de Wright quantifiant la structure inter-population.

Indices de fixation $F_{ST}$	Intervalle de confiance
0.046	(0.003 - 0.089)

**Tableau 14.** Effectif (N) de chevreuils et richesse allélique (Ar) des sites échantillonnés.

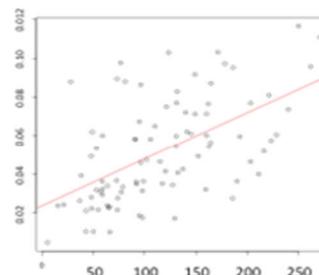
	P08E	P08O	SIGN	BAB8	PN51	MOUR	TRAC	MAIL	3FON	PN10	PNCN	PNCS	P59E	P59O	ARGC	ARGN
N	27	21	31	35	34	33	34	29	28	31	34	33	34	32	27	32
Ar	5	5	5.3	5.7	5.4	5.2	5.3	5.5	5.5	5.5	5.2	5.3	5.1	4.8	5.1	5.8

### Analyses comparatives

L'ensemble des analyses génétiques montrent des résultats robustes et cohérents pour l'ensemble des populations testées. La corrélation entre les distances génétiques et géographiques entre les paires de sites est meilleure que pour le Renard et la Martre ( $r$  de Mantel = 0.549, Tableau 15), néanmoins d'autres facteurs semblent entrer en jeu pour expliquer la différenciation génétique des populations sur l'ensemble de la zone.

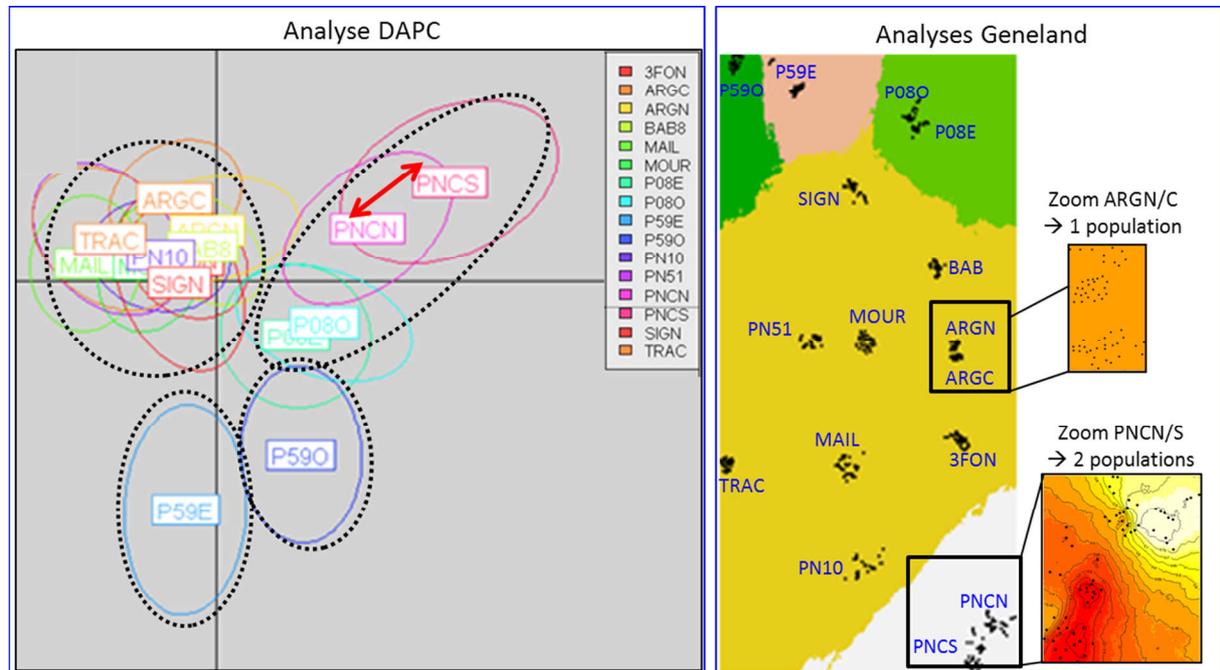
**Tableau 15.** Statistique de Mantel  $r$  et  $p$ -value associée évaluant la présence d'un patron d'isolement par la distance chez le Chevreuil.

	Statistique $r$ Mantel	$p$ -value
Chevreuil	0.5485	<0.0001

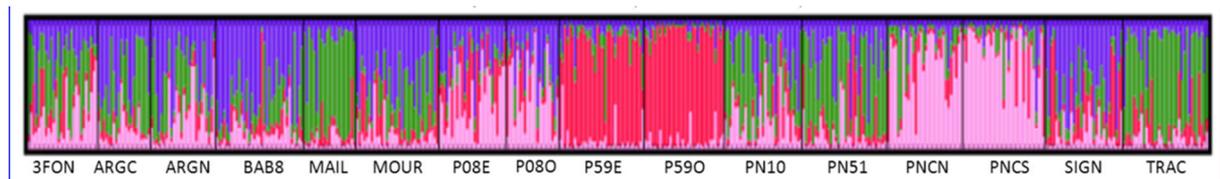


D'après les analyses de groupement, on constate la présence de quatre à cinq grands groupes ou continuum (Figure 7 à gauche, Figure 8). Ainsi, P59O forme un groupe génétique à lui seul, P59E également ; un groupe réunit l'ensemble des populations centrales (SIGN, BAB, PN51, MOUR, TRAC,

MAIL, 3FON, PN10, ARGN et ARGC). On remarquera que les ARGN et ARGC appartiennent au même groupe génétique alors qu'elles sont séparées par l'autoroute A4 (Figure 7 à droite). Enfin, on constate un étonnant continuum qui réunit PN08 et les deux sites PNCN et PNCS (Figure 7 à gauche). On remarque toutefois, comme chez la Martre, une sous-structuration génétique entre les populations PNCN et PNCS, pourtant très proches géographiquement (Figure 7 à droite).



**Figure 7.** A) à gauche, DAPC. B) à droite, représentation cartographique des groupes génétiques proposés par Geneland et zooms sur les paires de populations ARGN / ARGC et PNCN / PNCS.

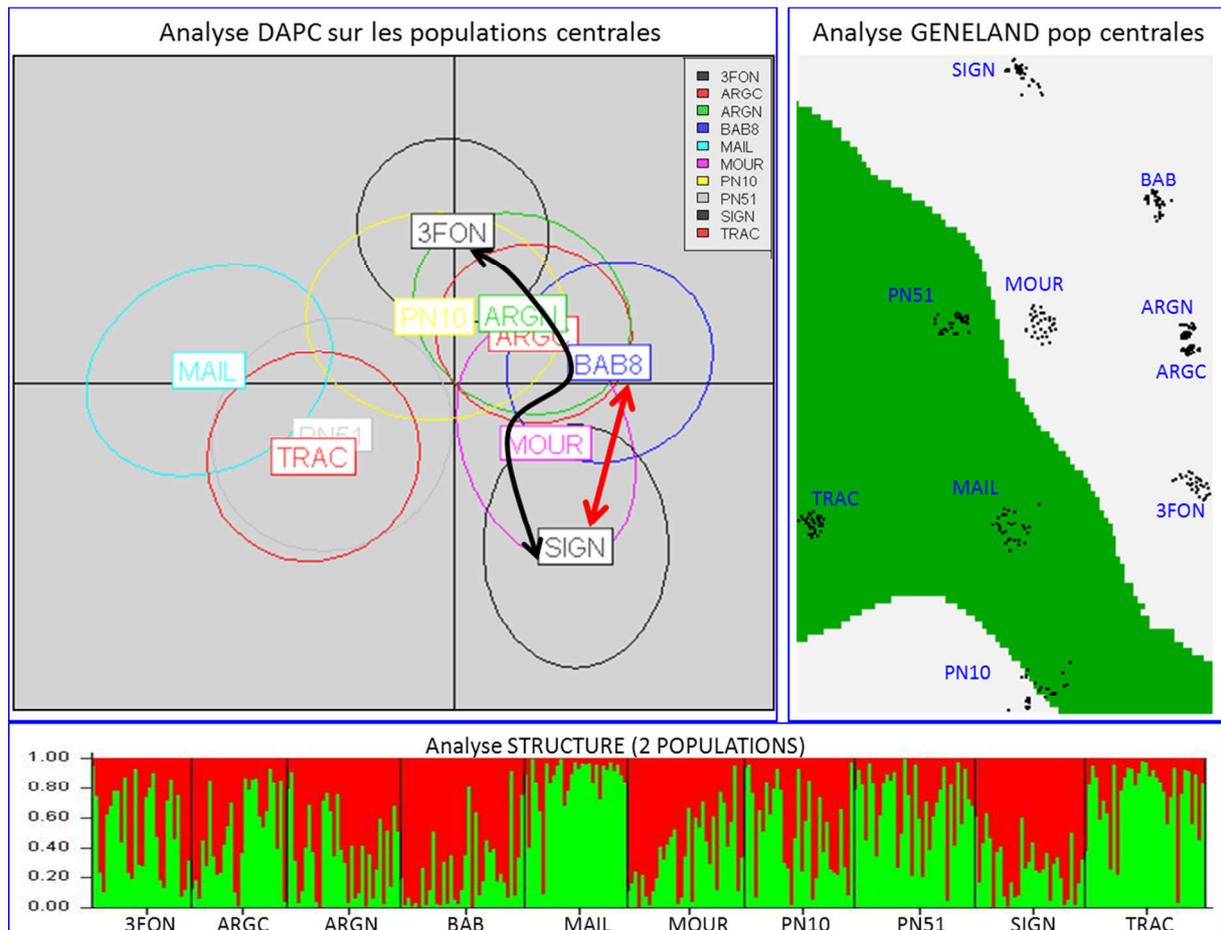


**Figure 8.** Analyse Structure avec quatre populations sur le Chevreuil

### Zoom sur les populations centrales

Les séparations très marquées des groupes extérieurs de notre site d'étude pouvant masquer des différenciations génétiques plus fines, nous avons poursuivi l'analyse en zoomant sur le groupe central des populations de chevreuils (Figure 9).

Au sein de ces populations centrales, on observe deux groupes reliés par le PN10 avec d'un côté un groupe constitué de PN51, TRAC et MAIL et de l'autre côté, un continuum formé par les populations SIGN, BAB8, MOUR, 3FON, ARGN et ARGC. Par ailleurs, au sein de continuum, on note une situation particulière avec SIGN plus proche de MOUR que de BAB8, contrairement aux distances géographiques qui les séparent.



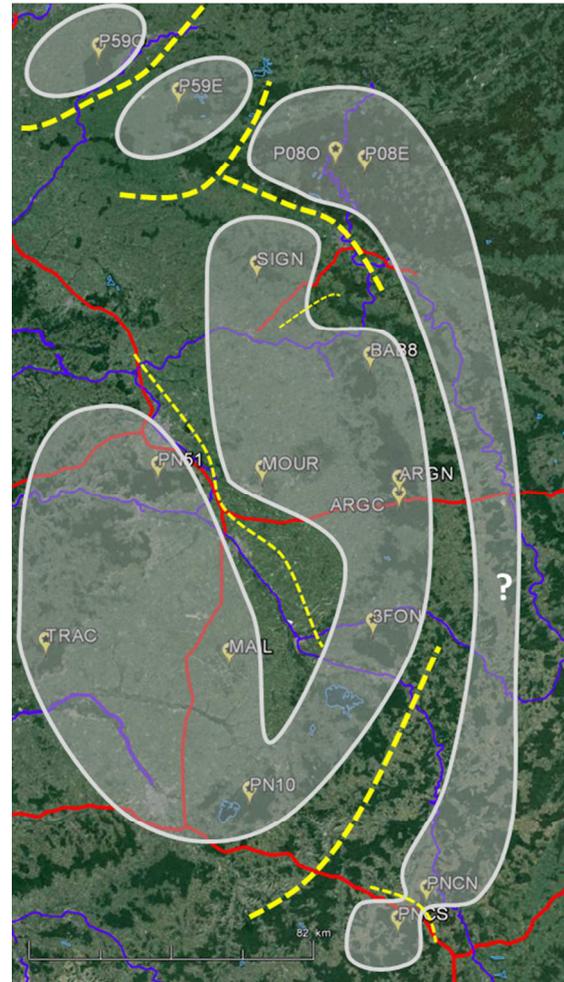
**Figure 9.** Analyses comparatives sur les populations centrales de chevreuils.

### Interprétation Chevreuil

En termes d'éléments de rupture, et comme observé chez la Martre, les canaux semblent fortement marquer les populations de chevreuils. Le Canal de la Sambre est en effet ici une fois de plus identifié comme une barrière forte. Il en est de même pour la Meuse et les canaux qui la flanquent, dans le nord de notre zone d'étude. On soupçonne aussi un effet du canal des Ardennes associé à l'autoroute A304 entre Reithel et Charleville-Mézières sur le flux génétique entre les populations de SIGN et de BAB8. A ces éléments structurants s'ajoutent, mais de façon un peu moins distincte par rapport aux canaux, les trois infrastructures (autoroute, LGV et/ou canal) entre PN51 et MOUR qui limitent les flux entre ces deux sites. Cette séparation se poursuit au centre du terrain d'étude par un effet de l'autoroute A4 en plaine céréalière, de la LGV et/ou du canal latéral à la Marne – ce canal pouvant apparaître comme responsable de la rupture de flux entre MAIL et 3FON bien qu'il existe une nationale à quatre voies très fréquentée sur cette zone (RN4). On notera que l'autoroute A4 dans la zone du massif de l'Argonne n'engendre aucune rupture de flux. A l'inverse, l'autoroute A5 semble limiter le flux génétique des chevreuils entre PNCN et PNCS à l'image des résultats obtenus sur la Martre. Notons enfin que, comme pour P59E et SIGN, les deux populations des sites PN10 et PNCN sont franchement séparées par des barrières dont la nature est difficile à identifier.

Par ailleurs, l'étonnante proximité génétique des chevreuils de la population du PN08 avec ceux des populations de PNCN et PNCS donne à penser qu'il existe un corridor le long de la côte de Meuse aux dépens de la côte d'Argonne. Une enquête auprès des chasseurs nous a permis d'éliminer la

possibilité d'éventuelles réintroductions de chevreuils entre ces sites qui aurait pu générer ce schéma. L'hypothèse de corridor reste toutefois à vérifier dans une étude ultérieure en échantillonnant des populations intermédiaires.



## Le Campagnol roussâtre

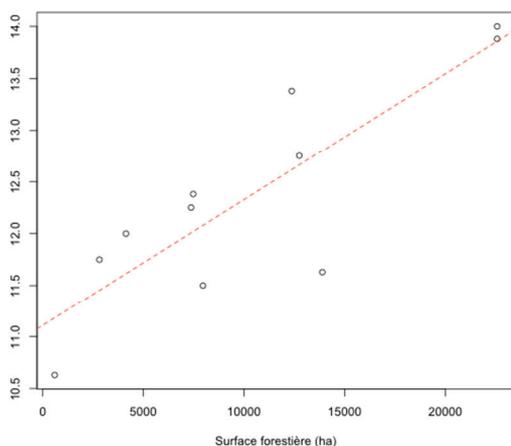
Seuls sont présentés ici les résultats concernant les analyses descriptives des populations de campagnols roussâtres. Il est à noter que cette espèce ne faisait pas partie du programme du PNR de l'Avesnois et qu'elle n'y a donc pas été collectée.

Sur la population globale de campagnols roussâtres, on observe une différenciation génétique très faible ( $F_{ST} = 0.025$ ). En revanche, la richesse allélique est particulièrement forte avec environ douze allèles en moyenne par locus contre les cinq à sept allèles pour les autres espèces testées (Tableau Cam1). Sur cette espèce, on note une forte variation de la richesse allélique, de 10.4 à 13.7.

**Tableau 16.** Effectif (N) de campagnols roussâtres et richesse allélique (Ar) des sites échantillonnés.

	P08E	P08O	SIGN	BAB8	PN51	MOUR	TRAC	MAIL	3FON	PN10	PNCB
N	34	45	31	35	35	34	34	36	33	34	34
Ar	13.7	13	11.8	12.1	11.4	11.8	12	11.2	13.1	10.4	12.5

Cette espèce étant particulièrement forestière, nous avons cherché à savoir si cette diversité génétique était liée à la surface forestière dans laquelle les populations évoluent.



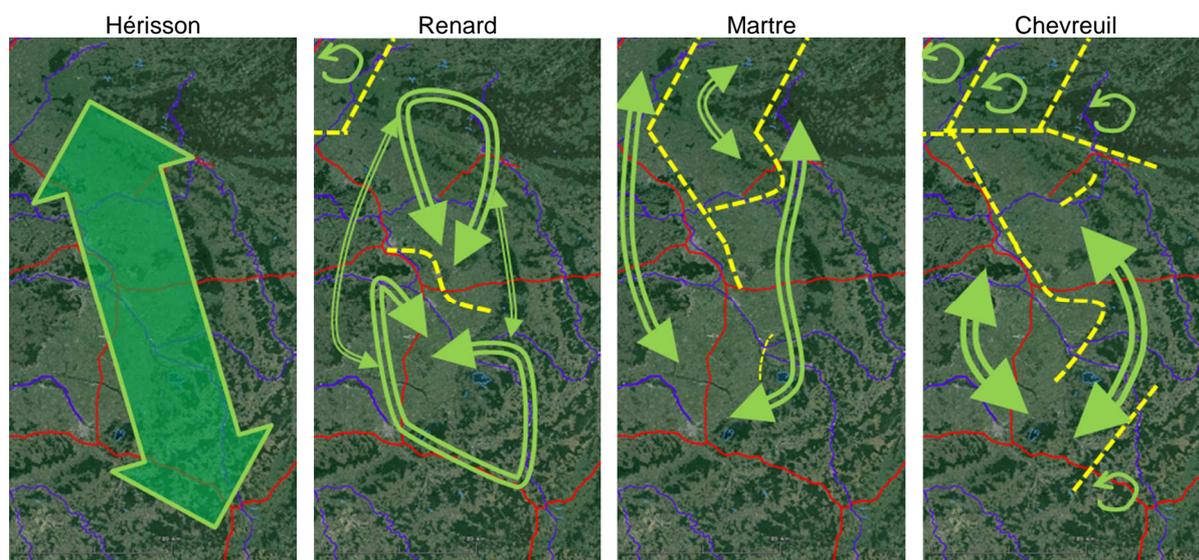
**Figure 10.** Corrélation entre le polymorphisme allélique d'une population de Campagnol roussâtre et la surface forestière dans laquelle cette dernière a été échantillonnée.

En effet, on constate que le polymorphisme allélique observé est significativement corrélé à la surface forestière dans laquelle les populations ont été échantillonnées ( $F=23.36$  ;  $P(>F)=0.0009$ ). Plus la surface de forêt accueillant la population est grande et plus les individus sont polymorphes.

En conclusion, il semble que la très forte densité de leurs populations en forêt permette aux campagnols roussâtres de conserver une diversité génétique importante et dissimule les effets de la dispersion sur cette variabilité. L'impact des barrières potentielles sur les mouvements de dispersion de cette espèce est donc difficile à mettre en évidence (résultats non présentés). Cette espèce n'est pas un modèle adapté à l'étude de la connectivité du paysage à l'échelle régionale. En revanche, elle met en exergue que, outre la connectivité, une large surface d'habitat favorable participe à la diversité génétique au sein des populations.

## Conclusion du volet génétique

En premier lieu, les résultats montrent que, pour chaque espèce, l'ensemble des individus présente une différenciation génétique de faible à moyenne. Sur le territoire étudié, aucune des populations testées n'est donc complètement isolée ni tout à fait panmictique. Toutefois, nous observons que la région Champagne-Ardenne présente des barrières au flux génétique plus ou moins marquées en fonction des sites et des espèces :

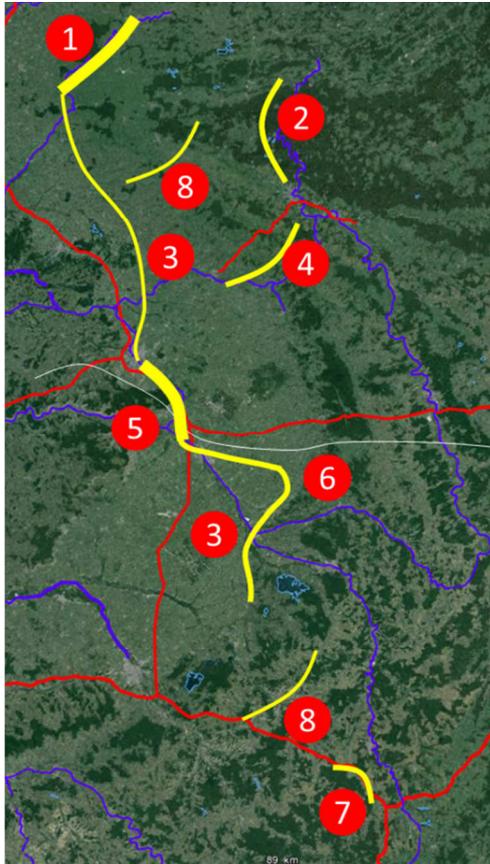


En regroupant les résultats, nous obtenons la carte régionale des zones de conflit (ci-dessous). Nous avons ainsi identifié deux zones de conflit importantes entravant les flux génétiques dans la région. Il s'agit du Canal de la Sambre dans le PNR de l'Avesnois et de l'ensemble des structures situées entre le PNR de la Montagne de Reims et le camp militaire de Mourmelon. Il est à noter que notre échantillonnage ne nous permet pas de distinguer les effets entre autoroute, canal et LGV. Nous pensons toutefois que cette rupture est principalement due à l'autoroute et à l'ouverture du milieu. En effet, la ligne LGV paraît trop récente pour marquer fortement les populations au niveau génétique et le canal est enterré sur deux kilomètres sur cette zone, laissant un passage à faune potentiel. En revanche, une enquête réalisée par un bureau d'étude sur le passage à faune de l'autoroute A4 dans la zone du Mont de Billy montre une inefficacité du système. Les autres zones à problèmes semblent désigner plus précisément les éléments barrières : soit des canaux (canal des Ardennes, canaux de la Meuse, canal latéral à la Marne), soit une autoroute (A5 dans la forêt de Arc en Barrois) soit encore la plaine céréalière pour la martre uniquement.

Nos résultats montrent par ailleurs qu'un même type d'infrastructure peut être plus ou moins transparent. Pour ce qui concerne les autoroutes, ces différences tiennent sans doute au nombre de passages à faune (spécifiques ou associés aux passages des ruisseaux ou de la circulation routière) qui leurs sont associées. Notre questionnement touche plutôt les canaux, dont la mise en évidence de l'impact constitue l'un de nos résultats les plus remarquables. Nous avons en effet montré qu'ils pouvaient constituer une barrière très forte (La Sambre par exemple). Et pourtant, d'autres canaux, comme le canal latéral de la Marne dans sa portion qui sépare les sites PN51 et TRAC (ouest de notre terrain d'étude), ne semblent pas avoir d'impact, même sur une espèce très sensible comme la martre. Nous supposons que cette différence est due à la nature des berges permettant ou non la

remontée des animaux tombés dans le canal. Malheureusement, les données concernant la nature des berges des canaux (palplanches, pierre ou berges naturelles, degré d'inclinaison, etc.) sont encore indisponibles.

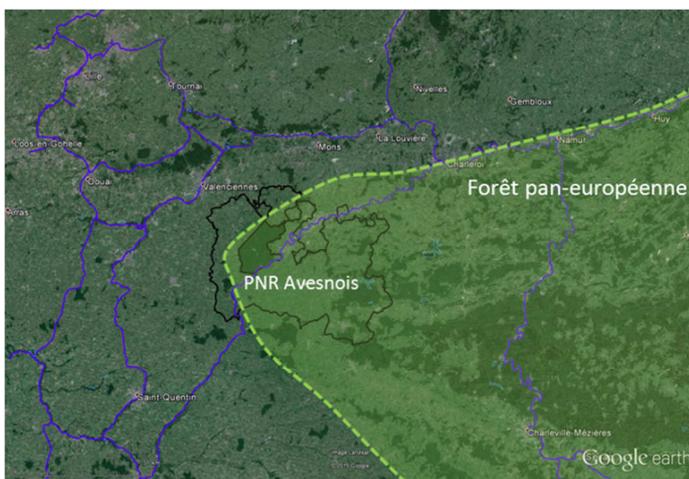
### Carte régionale des zones de conflit toutes espèces confondues



- ① : un effet barrière fort du canal de Sambre sur les chevreuils, les martres et les renards.
- ② : un effet barrière de la Meuse et ses canaux sur chevreuils et martres.
- ③ : un effet barrière de la plaine sur les martres.
- ④ : un effet barrière du canal des Ardennes et/ou de l'autoroute A304 sur la martre (avec un effet léger sur le chevreuil).
- ⑤ : un effet barrière très fort du complexe autoroute A4 / Canal / ligne LGV sur chevreuils, renards et martres
- ⑥ : un effet barrière fort de l'une ou de plusieurs structures du centre de la zone (A4, LGV, canal, plaine) sur chevreuils, renards et martres.
- ⑦ : un effet barrière de l'autoroute A5 sur martres et chevreuils
- ⑧ : barrières de nature inconnue (chevreuils)

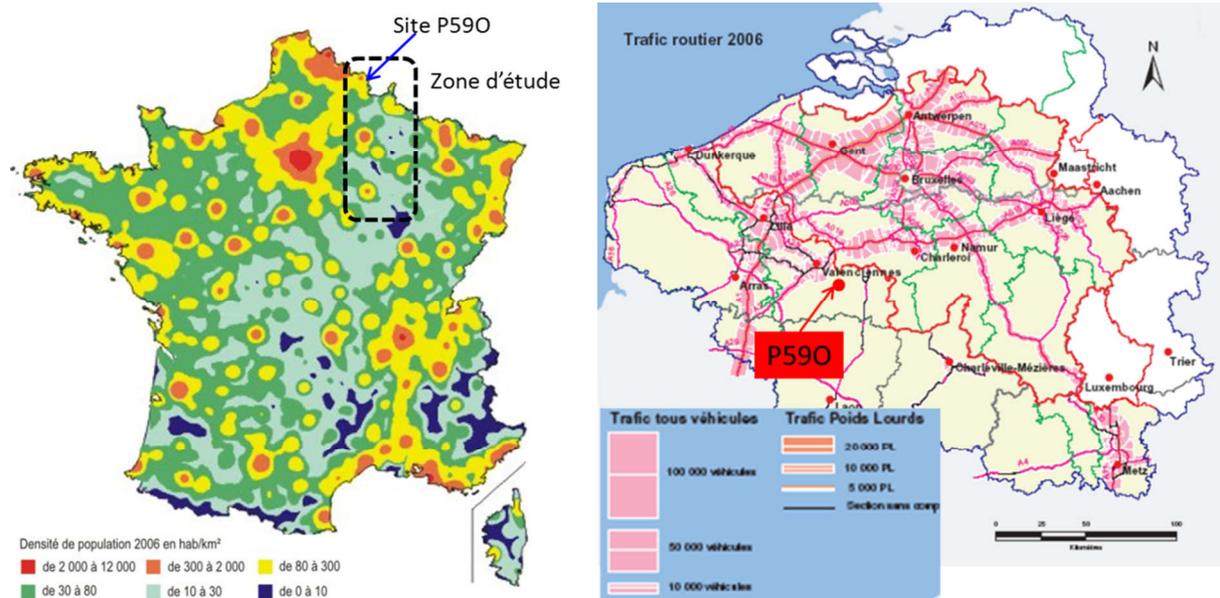
Trait jaune = barrière, épaisseur du trait en fonction du nombre d'espèces touchées

Enfin, nous avons noté que le PNR de l'Avesnois, et plus particulièrement le côté ouest de ce parc, présentait le taux de variabilité génétique le plus faible (ou parmi les faibles) pour chacune des quatre espèces testées. L'une des hypothèses que l'on peut retenir pour expliquer ce phénomène est qu'en plus des effets barrières des canaux très nombreux dans la région, ce relatif appauvrissement de la richesse allélique est dû à sa position excentrée par rapport à la forêt pan-européenne.



Position du PNR de l'Avesnois à l'ouest de la forêt pan-européenne.

Mais si cette hypothèse peut être suffisante pour les espèces fortement forestières comme la martre, pour lesquelles le PNR de l'Avesnois représente la limite de répartition vers l'ouest, nous devons sans doute faire appel à d'autres causes pour expliquer cette réduction de la richesse allélique pour les autres espèces dont la répartition recouvre l'ensemble du territoire français. Dans ce cadre, outre la réduction de la surface forestière de la zone nord-ouest de notre terrain d'étude, nous observons une forte augmentation de la densité de la population humaine notamment au nord (Belgique 364 hab/km<sup>2</sup> contre 112 en France) et à l'ouest (respectivement 329 hab/km<sup>2</sup> et 100 hab/km<sup>2</sup> en régions Nord-Pas-de-Calais et Picardie contre 54 hab/km<sup>2</sup> en Champagne-Ardenne).



Cette densité est associée à une forte urbanisation, à un maillage important des infrastructures de transport et de leur utilisation (carte trafic routier). L'ensemble de ces facteurs pourraient donc à la fois réduire les capacités d'accueil des espèces sauvages et limiter fortement la connectivité de cette zone. Il serait donc très intéressant de poursuivre les analyses à l'ouest de notre zone d'étude afin de vérifier ces hypothèses.

## CONCLUSIONS ET PERSPECTIVES

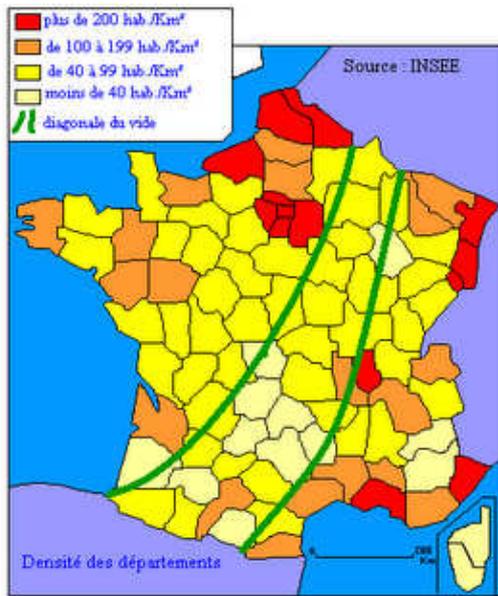
Pour conclure, nous avons montré que notre approche dite « fonctionnelle » de l'étude de la connectivité propose une méthode alternative et complémentaire aux études dites « structurelles ». Le volet « Génétique » de l'étude nous a ainsi permis de mettre en évidence, sur la région Champagne-Ardenne et Avesnois, l'existence de barrières qui limitent les flux génétiques de certaines espèces animales, et tout particulièrement les martres et les chevreuils. Cette technique a aussi montré que les canaux de navigation peuvent jouer un rôle important dans la limitation des échanges entre les populations - nous posons l'hypothèse que cet effet pourrait être lié à la nature de leurs berges puisque tous les canaux n'ont pas le même effet. Nous insistons donc sur l'efficacité de ce type d'approche dans l'identification des barrières et l'importance de la prise en compte de différences espèces dans l'élaboration du SRCE.

Par ailleurs, les premiers résultats obtenus par les suivis GPS se sont révélés prometteurs. Les outils que nous avons développés avec la société NEXXTEP pourraient ainsi permettre l'identification des corridors, notamment en plaine agricole. Nos résultats montrent que la Martre, contrairement au Chat forestier, semble constituer le modèle d'étude idéal pour la sous-trame forestière. C'est sur cette espèce que nous comptons poursuivre nos études.

En termes de perspectives, différents travaux de recherche sont d'ores et déjà en cours de réflexion pour la poursuite de cette étude :

- Le premier projet fait directement suite à nos résultats mettant en évidence les zones problématiques pour la connectivité en Champagne-Ardenne. Sur la base de suivi GPS de martres et de renards, il viserait à identifier les corridors en plaine céréalière, et la connectivité longitudinale et transversale le long du canal des Ardennes et le long de l'autoroute A4 entre Reims et Mourmelon.
- Le deuxième projet s'appuie sur les résultats du PNR de l'Avesnois dans lequel on observe un impact très important du canal de la Sambre et une réduction de la richesse allélique des populations animales testées. Il viserait donc à comprendre ces résultats par la conduite d'études génétiques en échantillonnage continu sur le PNR Avesnois, et en élargissant l'échantillonnage aux territoires des deux autres PNR (Scarpe-Escaut et Marais d'Opale) de la région Nord-Pas de Calais.
- Enfin, le troisième projet a pour objectif d'identifier les barrières à la connexion forestière sur le territoire du Parc National des Pyrénées (PNP) et de la Réserve Naturelle Régionale du Pibeste (RNRP). Ce travail, en cours de validation, serait conduit sur la base d'analyses génétiques des martres et des chevreuils sur échantillonnage continu.

Enfin, une autre piste de réflexion pourrait être envisagée. En effet, notre territoire d'étude se situe dans ce que les géographes dénomment la « Diagonale du vide », en référence à la faible densité de population humaine de cette zone. Or il apparaît que les infrastructures mais peut-être aussi l'urbanisation, jouent un rôle important dans la limitation des déplacements des animaux. Il est donc légitime de se demander si la diagonale dite « du vide » ne constituerait pas la principale voie de connexion de la faune sauvage à travers le territoire métropolitain français ?



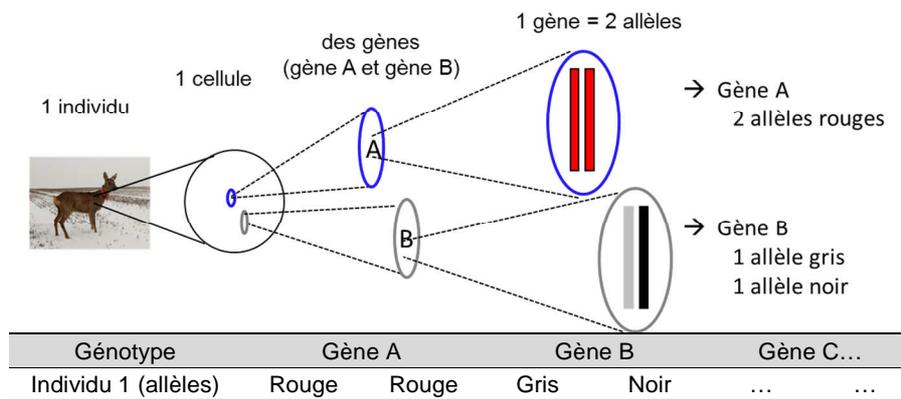
<http://laquetedugraamme.com>

L'étude consisterait alors à échantillonner dans et hors diagonale pour tester l'impact de la densité humaine. Cette étude reste évidemment du domaine de l'hypothétique à la vue de la quantité de travail à réaliser !

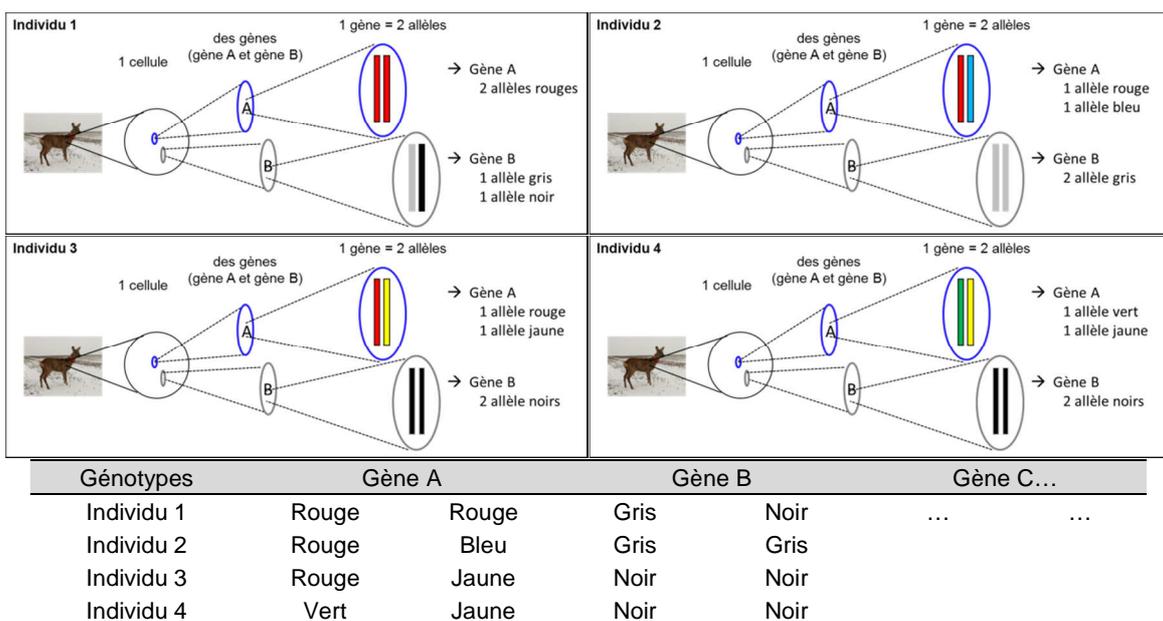
# ANNEXES : SCHEMATISATION DES METHODES D'ANALYSE GENETIQUE

## Profil génétique

Les profils génétiques (ou génotypes) constituent la base de toutes les analyses. Sur l'exemple ci-dessous, le profil génétique porte sur deux gènes (deux microsatellites).



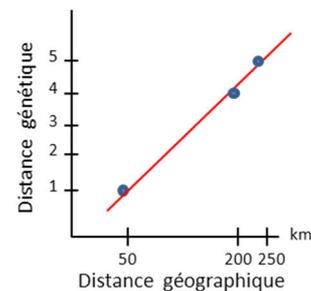
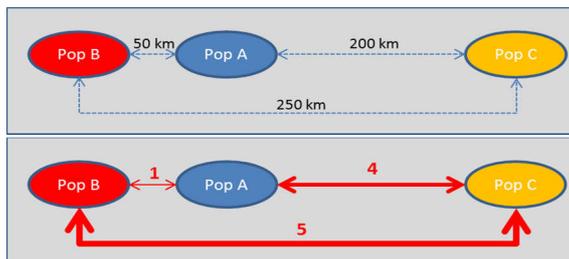
Ils permettent de connaître, par exemple, la diversité génétique d'une population. Cette richesse est basée sur le nombre moyen d'allèles par gène (ici, cette diversité s'élève à quatre allèles (rouge, bleu, jaune et vert) pour le gène A, deux allèles (noir et gris) pour le gène B soit un nombre moyen d'allèles de  $((4+2)/2)= 3$ ). Ce chiffre sera alors comparé aux autres populations de cette étude ou d'autres études.



## Isolement par la distance

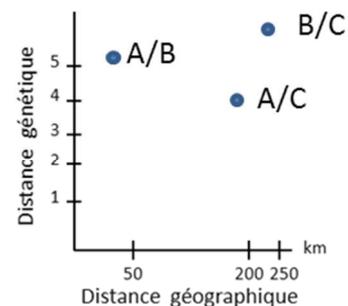
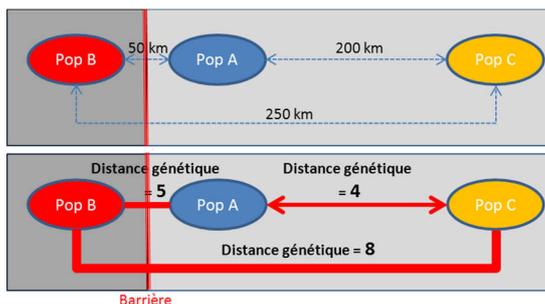
### *Paysage uniforme*

Soit trois populations (A, B et C) dans un paysage uniforme, espacées de 50 km (A/B), 200 km (A/C) et 250 km (B/C). Les distances génétiques qui séparent les différentes populations sont proportionnelles. En cumulant les données de distances géographiques / distances génétiques entre chaque paire de populations, nous obtenons un graphe de corrélation. Dans cette situation, les populations se différencient donc principalement en fonction de la distance géographique qui les sépare.



### *Paysage non uniforme*

Si une barrière prend place entre la population A et la population B (paysage non uniforme), alors, si les individus sont sensibles à cette barrière, les distances génétiques ne sont plus corrélées aux distances géographiques. Dans cette situation, on ne retrouve pas de corrélation entre les distances génétiques et géographiques.



## Analyse Discriminante en Composantes Principales

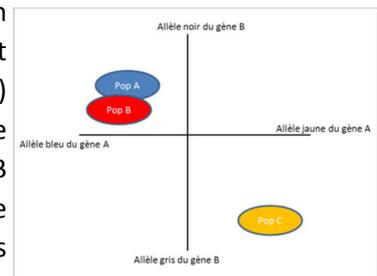
### Etape 1

L'analyse Discriminante en Composantes Principales (DAPC) crée un espace sur la base des profils génétiques des individus. L'espace créé sépare horizontalement les individus porteurs de l'allèle JAUNE du gène A de ceux qui portent l'allèle BLEU. Une deuxième différenciation, verticale, sépare les allèles NOIR et GRIS du gène B.



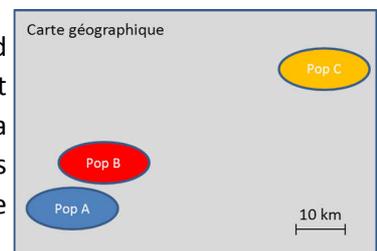
### Etape 2

Chaque population est placée dans l'espace de la DAPC selon son profil génétique. Ici, les individus des populations A et B présentent plus souvent l'allèle bleu sur le gène A (horizontalement à gauche) alors que la population C présente plutôt l'allèle jaune (à droite). De même, la population A présente plutôt l'allèle noir sur le gène B (verticalement en haut) alors que la population C montre principalement l'allèle gris du gène B (en bas). Les localisations des populations dans l'espace créé montrent que la population A est plus proche génétiquement de la population B que de la population C.

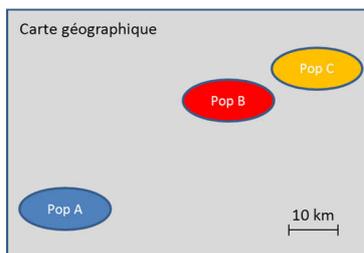


### Etape 3

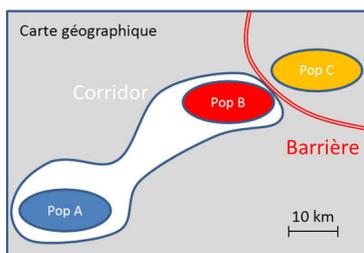
En plaçant les populations sur une carte géographique, on s'attend donc à ce que les populations A et B soient géographiquement proches et qu'elles soient éloignées de la population C. Dans ce cas, la différenciation génétique des populations s'explique par les distances géographiques qui les séparent. Aucune barrière ou aucun corridor ne participe à la différenciation génétique.



Mais on pourrait trouver une situation géographique différente.



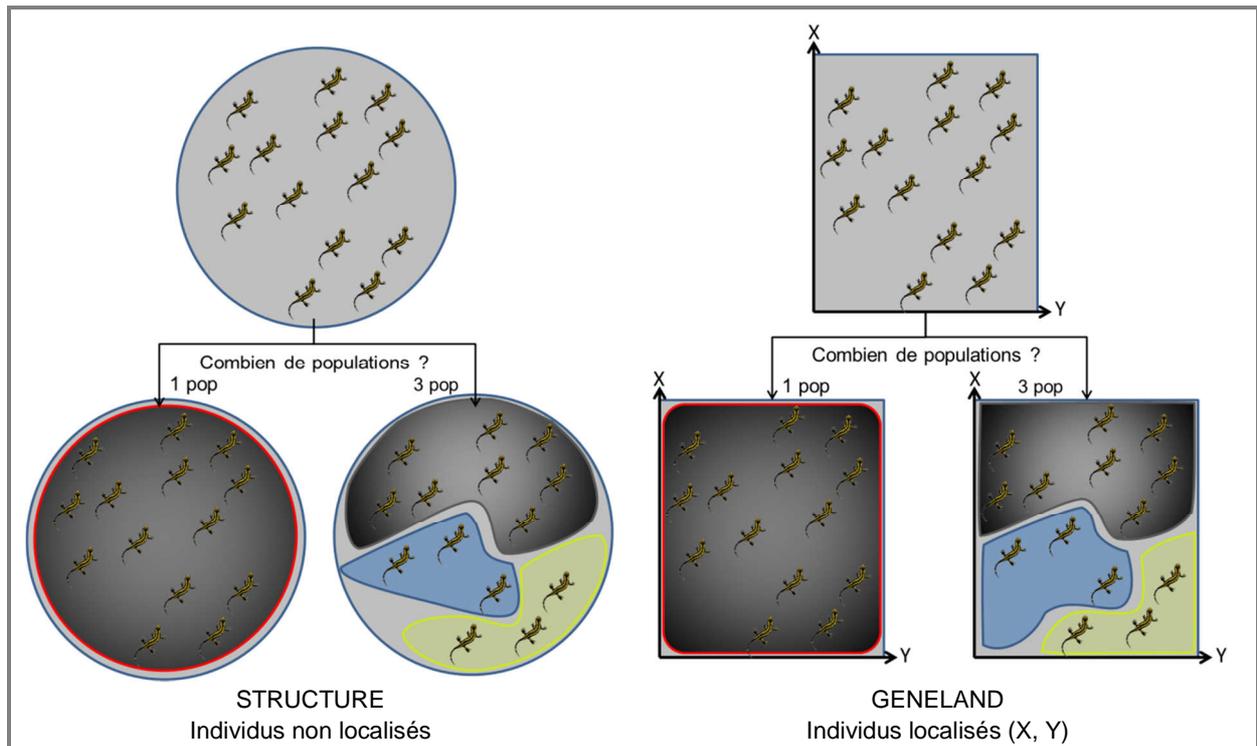
Ici, les distances géographiques entre populations ne correspondent pas à l'analyse DAPC.



Il faut alors analyser le paysage sous-jacent pour en extraire d'éventuelles informations de type barrières ou corridors. La DAPC tend surtout à montrer la présence de barrières.

## Analyses Geneland et Structure

Les analyses Geneland et Structure ne portent pas sur les populations mais prennent en compte le profil génétique de chaque individu. Elles visent toutes les deux à déterminer combien l'ensemble des individus étudiés forme de populations génétiquement différentes. Geneland prend aussi en compte la localisation des individus (X, Y).



En plaçant ces résultats sur une carte du paysage, nous pouvons ensuite évaluer les formations paysagères et les infrastructures favorables ou défavorables aux déplacements des animaux.

Ici, les analyses déterminent trois populations et on identifie l'impact d'un canal et d'une autoroute sur les flux de gènes.

