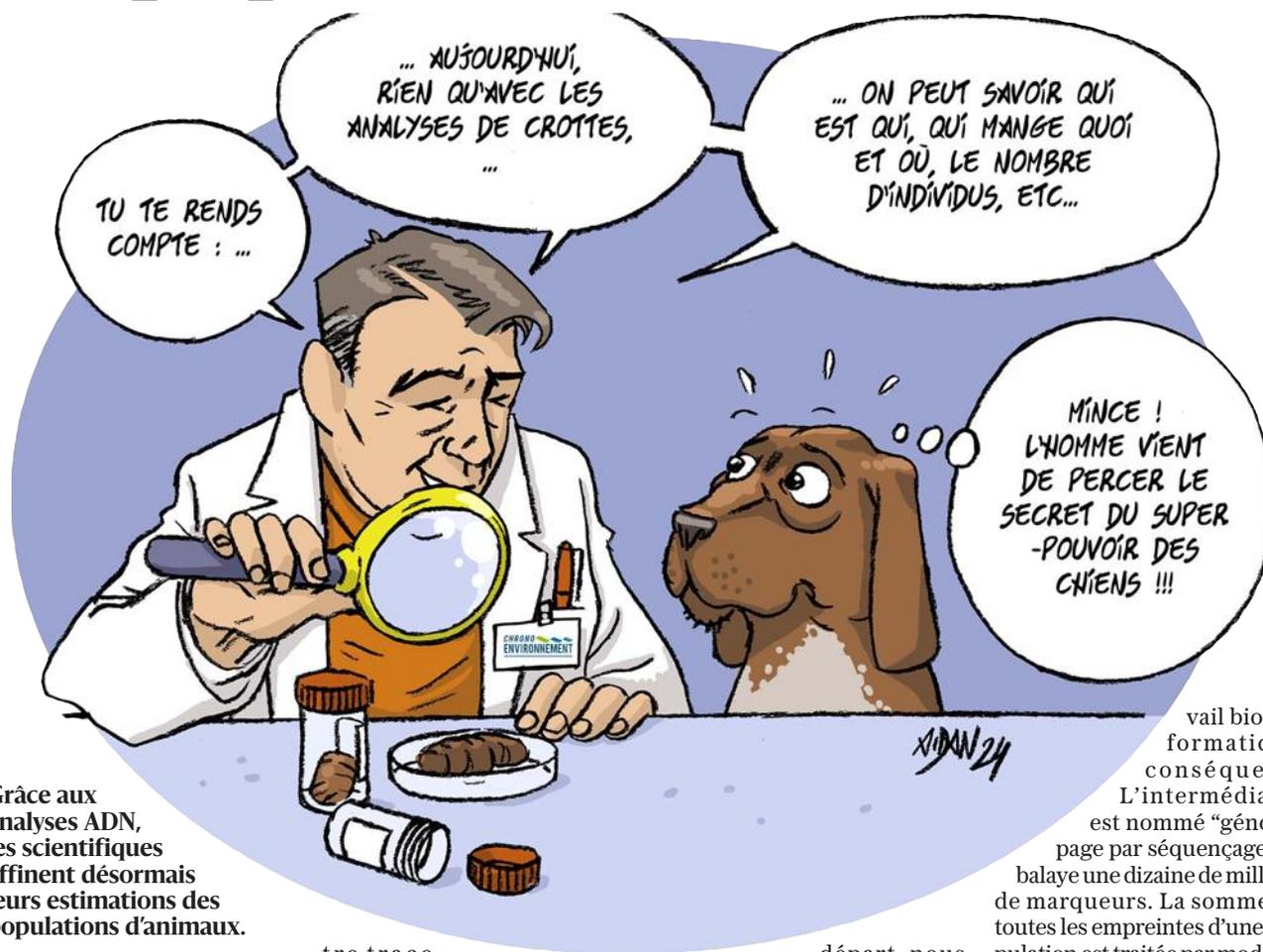


Nature

# L'empreinte génétique aide à estimer les populations de faune sauvage



Grâce aux analyses ADN, les scientifiques affinent désormais leurs estimations des populations d'animaux.

● **Comment obtenir l'empreinte génétique d'un animal pour estimer la taille d'une population ?**

Il suffit d'effectuer un prélèvement de crotte, de poil ou d'urine. Le procédé de collecte dépend de l'espèce. Pour le lynx, des centaines de bénévoles de la SFPEM aident à couvrir une partie de l'aire de distribution française. Pour une population de rongeurs, il s'agira d'échantillonner la sortie des galeries. Pour une colonie de chauves-souris, on posera une bâche au sol. La méthode classique de capture-marquage-recapture implique de capturer une première fois l'animal, de le marquer par une bague ou au-

tre trace indélébile, et de le recapter ultérieurement. Savoir si l'on a affaire au même individu permet d'extrapoler la taille d'une population. Avec la génétique, une seule étape suffit.

● **Comment sont déchiffrées les informations ADN ?**

Le génotypage individuel en laboratoire, possible depuis quelques dizaines d'années, repose sur le fait que chaque être est génétiquement unique. Au

départ, nous ciblons au maximum une petite vingtaine de marqueurs dits "microsatellites" sur l'ADN. L'étude de la combinaison unique des **allèles** sur cette sélection offrait déjà le reflet de l'empreinte génétique d'un individu. Aujourd'hui, le séquençage massif d'ADN livre une vision exhaustive du bagage génétique. Il fournit une importante quantité de données, pas toujours nécessaire selon l'objectif, et qui requiert un tra-

vail bio-informatique conséquent. L'intermédiaire est nommé "génotypage par séquençage" et balaye une dizaine de milliers de marqueurs. La somme de toutes les empreintes d'une population est traitée par modèles mathématiques pour estimer la taille d'une population, à partir de la relation mathématique entre le nombre d'échantillons et le nombre d'individus, pour lesquels on peut avoir collecté plusieurs échantillons.

● **Que dévoile l'empreinte génétique ?**

Elle est bien plus riche en enseignements qu'une simple analyse morphologique, avec une fiabilité supérieure. Elle ga-

Pour en savoir plus ▶



● **Mini-glossaire**  
**Allèle** : variante d'un gène.  
**SFPEM** : Société française pour l'étude et la protection des mammifères.

● **Un hors-série**  
 Retrouvez davantage d'informations sur les animaux sauvages dans le hors-série numéro 14 sur la faune sauvage de Côte-d'Or. Un ouvrage comprenant 900 espèces citées et illustrées. Vous pouvez le commander sur [www.bfcnature.fr](http://www.bfcnature.fr)

rantit la distinction entre des espèces parfois fort ressemblantes. Elle révèle aussi quels sont les individus hybrides. Ainsi, une étude conduite sur les chauves-souris nous a permis de découvrir que le grand murin arrive plus tôt dans ses gîtes d'été par rapport au petit murin avec qui il se mêle et peut s'hybrider, et que ces hybrides ont une écologie proche du petit murin. Suivre la survie d'un individu dans le temps, mesurer les variations saisonnières d'effectifs, connaître la structure d'une population en discernant différents groupes... Les applications sont multiples.

## Paroles d'expert

Employer des méthodes comme la pose de pièges photographiques est plus coûteux et chronophage, ou plus invasif en ce qui concerne les captures. Recourir à des analyses génétiques représente le gros avantage de détecter des espèces d'animaux sauvages d'ordinaire ardues à dénombrer. C'est le cas pour des espèces évoluant sur des territoires extrêmement vastes, comme chez les grands prédateurs, particulièrement difficiles à localiser. C'est également facilitateur pour

des espèces bougeant beaucoup, comme chez les chauves-souris, qui effectuent de nombreux allers-retours entre gîte et zones de chasse. Les captures au sein du gîte ne sont pas envisageables car trop perturbatrices et celles effectuées aux alentours ne permettent pas de dissocier des populations voisines.

● **Ève Afonso-Douablin**  
 Écologue maître de conférences à l'université de Franche-Comté, unité de recherche Chrono-Environnement



▶ **Partenariat**

Cette page est réalisée en partenariat avec l'association fédératrice Bourgogne Franche-Comté Nature, association rassemblant 27 structures ayant trait à la biodiversité. Une coopération nécessaire afin de mieux « transmettre pour préserver ».

▶ **Crédits**

Coordination : Daniel Sirugue, rédacteur en chef de Bourgogne Franche-Comté Nature et directeur de la SHNA-OFAB. Illustration : Daniel Alexandre. Rédaction : Alice Despinoy avec la collaboration d'Ève Afonso-Douablin.