

Analyse génétique des populations de sangliers en Région wallonne



M.-C. Flamand(1), M.-C. Eloy(1) et S. Bertouille(2)



marie-christine.flamand@uclouvain.be



S.Bertouille@mrw.wallonie.be

Introduction

Le profil ADN de chaque sanglier analysé est déterminé à l'UCL sur 14 marqueurs microsatellites différents au départ de tout type de matériel biologique (en général oreilles prélevées lors des saisons de chasse).

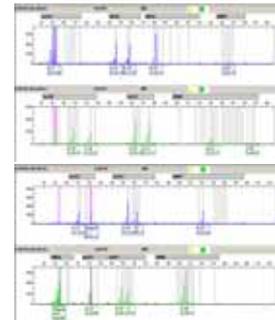
Le but est

- de mettre en évidence la diversité génétique de l'espèce en fonction de sa localisation géographique,
- de voir les cloisonnements induits par les obstacles anthropiques,
- d'identifier les éventuels lâchers d'animaux d'élevage.

Une collaboration est en cours entre l'UCL, le CRNFB et des chercheurs de différents laboratoires,

- du GD de Luxembourg (A. Frantz, Service de la Chasse, Direction des Eaux et Forêts) dont le but est de voir si les grandes infrastructures routières constituent des obstacles à la circulation du Sanglier et donc à la propagation de la peste porcine,
- de la Région flamande (J. Casaer et P. Breyne, INBO) et des Pays-Bas (ALTErra) avec pour objectif principal la mise en évidence de l'origine réelle de nouvelles populations de sangliers (élevage ou sauvage provenant des pays limitrophes ?).

Empreinte génétique

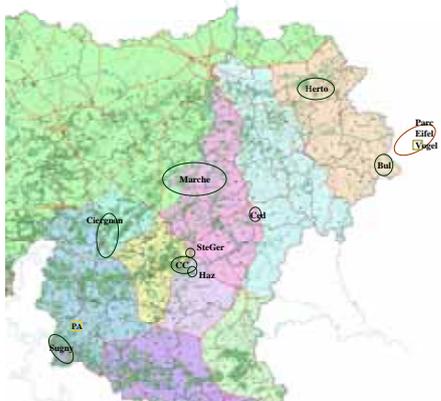


Empreinte génétique ≈ "code barre"



Chaque sanglier a un profil génétique différent

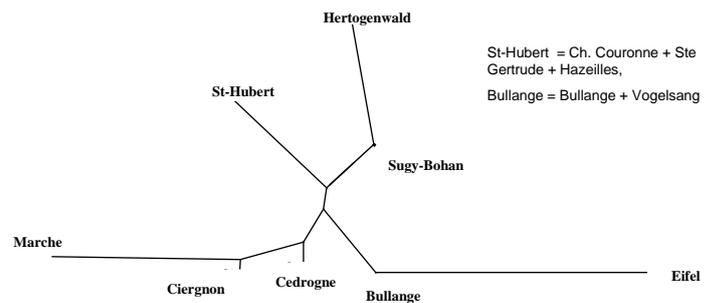
Premiers résultats



Localisation approximative des premières populations de sangliers étudiées.

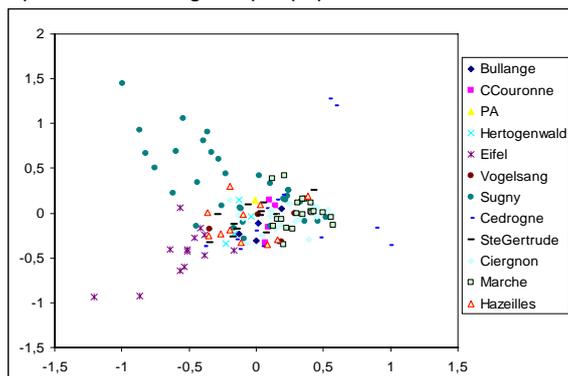
Des analyses ont été effectuées sur les premiers sangliers échantillonnés (oreilles prélevées sur les animaux tirés lors des saisons de chasse 2005 et 2006). Ce premier échantillonnage visait principalement les populations de sangliers sauvages issus de massifs forestiers dans lesquels des pratiques de lâchers sont réputées inexistantes.

2) La variabilité génétique entre les populations est mesurée par le calcul des distances génétiques basé sur la différence de leurs fréquences alléliques. Un dendrogramme (arbre ci-dessous) permet de visualiser les distances génétiques entre les populations.



St-Hubert = Ch. Couronne + Ste Gertrude + Hazeilles,
Bullange = Bullange + Vogelsang

1) Une analyse factorielle de correspondance a été réalisée (n=140). Ces analyses permettent une comparaison des sangliers entre eux sur base unique de leurs différences alléliques et montrent un regroupement des sangliers par population.



Ce travail a été réalisé dans le cadre de la Convention MRW-UCL " Etudes génétiques de la faune en Région wallonne (cervidés, suidés et salmonidés) : outil moléculaire pour mieux comprendre et gérer les différentes populations ".

Conclusions

Le nombre de sangliers analysés jusqu'à maintenant est trop faible pour tirer de véritables conclusions sur l'existence d'une relation entre diversité génétique entre populations et distance spatiale.

Cependant, les premières populations analysées sont bien distinctes et les trois populations de sangliers réputés moins " purs " sont regroupées sur une même branche de l'arbre (Marche, Ciergnon, Cedrogne).

Ces études seront poursuivies cette année sur un nombre d'échantillons plus important récoltés lors de la saison de chasse 2007.

Remerciements

Nous tenons à remercier vivement tous les agents de la Division de la Nature et des Forêts (MRW), pour les prélèvements d'oreille qu'ils ont effectués dans le cadre de cette étude.

