



2

Les objectifs génétiques et démographiques pour obtenir une population viable dans le cas d'une réintroduction

Marco Andrello

*PhD, généticien des populations,
Laboratoire d'écologie alpine de Grenoble*

Le but de cette approche est de décrire les facteurs génétiques et démographiques qui peuvent déterminer le succès ou l'échec d'une réintroduction. Dans un premier temps on s'intéresse aux facteurs d'extinction puis aux critères à prendre en compte pour minimiser ces risques dans le cas des réintroductions.

marco.andrello@gmail.com



AGIR pour la
BIODIVERSITÉ
RHÔNE-ALPES

Colloque à Lyon les 10 et 11 février 2012

LES RÉINTRODUCTIONS Un atout pour restaurer les écosystèmes ?

Processus stochastiques d'extinction d'une population.

Il est nécessaire de distinguer les facteurs déterministes d'extinction (la chasse, la pollution...) qui sont des pressions systématiques connues comme pouvant causer le décès d'individus et les perturbations stochastiques qui sont caractérisées par leur imprévisibilité (Shaffer 1981).

Plusieurs facteurs stochastiques d'extinction rentrent en jeu :

- La stochasticité environnementale
- Les catastrophes naturelles
- La stochasticité démographique
- La stochasticité génétique

La stochasticité environnementale représente toutes les perturbations qui sont liées aux événements climatiques, aux changements des habitats ou globalement aux changements de l'environnement où se trouve l'espèce d'intérêt. Cela prend également en compte les éléments biotiques tels que les prédateurs et les compétiteurs.

Les catastrophes naturelles sont un type extrême de stochasticité environnementale. Ce sont des événements qui ont une probabilité d'occurrence très faible mais auxquels sont associés des risques de mortalité très importants tels que les incendies.

La stochasticité démographique est liée à des événements aléatoires à l'échelle de l'individu qui ont une conséquence au niveau de la population, tels que la mortalité ou la reproduction. Le lien entre le niveau individuel et le niveau populationnel est un lien probabiliste. Par exemple, si le taux de mortalité d'un individu est de 0,8 alors, avec une loi de probabilité, on peut calculer la probabilité d'extinction théorique d'une population en fonction de son effectif. Ainsi, une population extrêmement petite de seulement deux individus a une probabilité d'extinction très forte de $0,8 \times 0,8 = 0,64$. Avec cette théorie on peut tracer la courbe d'extinction d'une population en fonction du nombre d'individus composant son effectif (Figure 1). Le processus de stochasticité démographique est donc un risque seulement pour des populations qui sont extrêmement petites.

Des études théoriques ont calculé le seuil minimal au-dessus duquel on peut se considérer à l'abri de ce risque. Il semble falloir, en théorie, un minimum de 50 individus pour avoir une population en sécurité au niveau de la stochasticité démographique (Allendorf & Luikart 2007).

La stochasticité génétique quant à elle se présente sous plusieurs formes (Gaggiotti 2003, Frankham 2005).

La dépression de consanguinité est importante dans la première phase d'une réintroduction sur le court terme. Elle commence à apparaître par des phénomènes de consanguinité lorsque l'animal considéré provient de l'accouplement de deux individus qui sont apparentés (ont un ancêtre commun). Typiquement, dans le cas d'une réintroduction, la consanguinité peut être engendrée par la taille de la population. Si la population est très petite, au fil des générations, les animaux ont de moins en moins de chance de trouver un partenaire non apparenté et rapidement les individus se reproduisent entre eux.

La dépression de consanguinité est donc la réduction de la fitness que l'on observe chez des individus consanguins ou homozygotes par rapport à des individus hybrides ou hétérozygotes. Il y a deux facteurs biologiques qui provoquent une réduction de la fitness chez des individus homozygotes. Le premier, appelé hétérosis, est l'augmentation des capacités et de la vigueur des hybrides par rapport aux homozygotes. Les individus hybrides sont souvent plus forts et plus adaptés que des individus homozygotes. Le second facteur considéré comme plus important est l'effet des allèles récessifs, létaux ou désavantageux. Ces allèles, s'exprimant seulement chez des individus homozygotes, engendreront une réduction de fitness des individus et donc de fitness moyenne de la population s'ils s'avèrent être désavantageux.

La perte de diversité génétique quant à elle peut avoir des effets sur le long terme, il est donc nécessaire de prendre en compte ce processus dans une optique de restauration des écosystèmes sur le long terme. La diversité génétique est représentée par le nombre d'allèles différents présents au sein d'une population. Une faible diversité génétique est souvent associée à un faible potentiel adaptatif car, si il y a moins de variantes génétiques au sein d'une population elle a moins de possibilités de s'adapter à un changement des conditions environnementales. Ce processus se déroule vraiment sur le long terme, il est donc difficile de récolter des preuves empiriques de cette théorie (Reed & Frankham 2003).

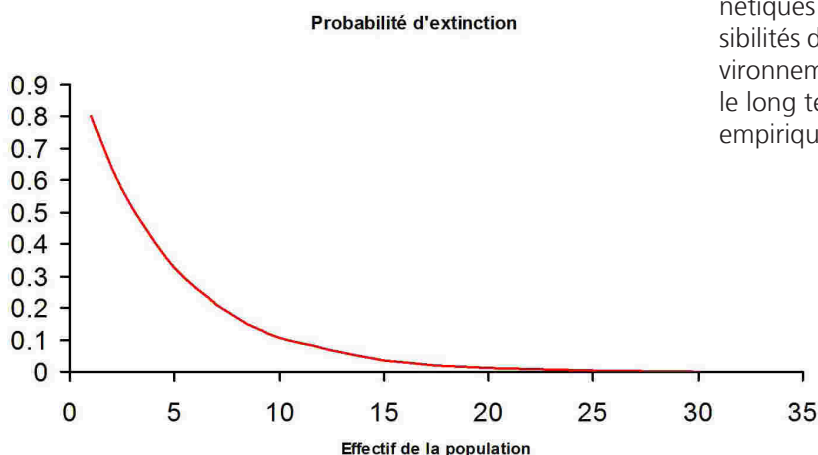


Figure 1
Exemple de stochasticité démographique.

Néanmoins, la diversité génétique d'une population demeure un équilibre entre des gains très lents de diversité par mutations et des pertes plus rapides (surtout dans les petites populations) de diversité par dérive génétique. En termes de génétique des populations, la dérive gé-

tique comprend tous les événements aléatoires menant à la perte d'allèles dans une population (morts, manque de reproduction...). Par exemple, si un allèle très rare est présent uniquement chez un individu qui meurt avant de se reproduire alors l'allèle est perdu pour la population.

Minimisation des risques dans le cas d'une réintroduction

La stochasticité environnementale et les catastrophes naturelles ne sont bien évidemment pas modulables, en revanche certains critères sont à choisir avec précaution préalablement aux réintroductions afin de réduire au maximum voire de supprimer les risques d'extinction de populations réintroduites (Allendorf & Luikart 2007).

Caractéristiques des populations sources

Les populations sources ont un grand intérêt à être d'une forte diversité génétique afin d'éviter la stochasticité génétique. De plus, l'idéal est de trouver des populations provenant d'un habitat proche de celui de réintroduction. Les individus auront davantage de chances de s'adapter correctement à leur nouveau milieu. S'il n'est pas possible de trouver de populations possédant ces caractéristiques alors il est possible de réintroduire plusieurs populations. En regroupant plusieurs individus de populations différentes on obtiendra une population de fondateurs d'une diversité génétique enrichie.

alors qu'à l'inverse, très peu de mâles peut conduire à de la consanguinité. Ces caractéristiques très théoriques varieront en fonction de la biologie de l'espèce d'intérêt mais en général afin de mettre toutes les chances de son côté, il vaut mieux démarrer un programme de réintroduction avec des individus de belle taille et des grosses femelles productives.

Nombre de populations

Afin de doter une population source d'un maximum de chance de survie, il est même préférable d'introduire différentes populations. En effet, non seulement cela augmentera sa diversité génétique et donc ses capacités adaptatives, mais cela permet aussi d'augmenter la chance qu'au moins une population survive. Les chances de succès sont d'autant plus augmentées s'il y a indépendance des dynamiques démographique, géographique ou environnementale des populations. Ainsi dans le cas de l'occurrence d'une épidémie dans une population, l'absence de liens entre les populations permettrait d'éviter sa propagation.

Nombre de fondateurs

En théorie, selon les modèles statistiques, un seuil minimal de 50 individus fondateurs est nécessaire pour éviter la stochasticité démographique. Lorsqu'il s'agit d'éviter la dépression de consanguinité, il faudrait introduire 500 individus et pour palier à la perte de diversité génétique, 5000 individus. Depuis les années 80 dans le monde scientifique, beaucoup d'estimations de modèles différents ont été proposées, mais il paraît évident qu'introduire 5000 ou même 500 individus n'est pas réalisable. Etant donné qu'il y a beaucoup d'autres facteurs entrant en jeu dans le maintien d'une population, on estime qu'il faut un minimum de 50 individus afin d'éviter la stochasticité démographique.

Sexe et âge des fondateurs

Théoriquement, surtout chez les mammifères, la population de fondateurs devrait comprendre plus de femelles que de mâles ainsi que davantage de jeunes individus que d'individus âgés. Cependant la présence de vieux individus peut s'avérer importante pour des espèces à structure sociale. La présence de beaucoup de mâles peut conduire à des conflits trop fréquents et peu utiles

Ces chiffres sont critiquables et souvent très difficiles à atteindre. En tout cas, et surtout quand le nombre de fondateur est petit à cause de contraintes pratiques ou économiques, il est important d'effectuer un suivi génétique et démographique à la suite d'une réintroduction afin de connaître l'évolution correcte ou non de la population (De Barba et al. 2010). Le suivi génétique permet de déterminer les génotypes des individus et les données démographiques d'obtenir des courbes de croissance et des estimations de mortalité. Ces informations permettent de lancer des études mathématiques et des modélisations pouvant prédire, avec des marges d'incertitudes acceptables, s'il y a danger d'extinction ou non au moins sur le court terme.

BIBLIOGRAPHIE

- » Allendorf FW, Luikart G (2007) Conservation and the genetics of populations. Blackwell, Malden, Mass. ; Oxford
- » De Barba M, Waits LP, Garton EO, Genovesi P, Randi E, Mustoni A, Groff C (2010) The power of genetic monitoring for studying demography, ecology and genetics of a reintroduced brown bear population. *Molecular Ecology* 19:3938-3951
- » Frankham R (2005) Genetics and extinction. *Biol Conserv* 126:131-140
- » Gaggiotti OE (2003) Genetic threats to population persistence. *Ann Zool Fenn* 40:155-168
- » Reed DH, Frankham R (2003) Correlation between Fitness and Genetic Diversity
- » Correlación entre Adaptabilidad y Diversidad Genética. *Conservation Biology* 17:230-237
- » Shaffer ML (1981) Minimum Population Sizes for Species Conservation. *Bioscience* 31:131-134

