

Synthèse de connaissances : mouflon de Corse, origine, génétique et gestion

Mathieu GAREL

2 août 2010

Table des matières

| | | |
|----------|---|----------|
| 1 | Préambule | 1 |
| 2 | Histoire du mouflon en Corse | 2 |
| 2.1 | Approche paléontologique | 2 |
| 2.2 | Approche génétique | 2 |
| 3 | Statut de conservation et objectifs de gestion | 2 |
| 4 | Structuration génétique des deux noyaux de population | 3 |
| 4.1 | Ce que l'on sait | 3 |
| 4.2 | Analyses en cours et perspectives | 3 |
| 4.3 | Collaborations internationales | 4 |
| 5 | Pertinence d'un renforcement à partir d'individus originaires de l'enclos de Cadarache | 4 |
| 6 | Pertinence d'échanges artificiels entre les deux noyaux insulaires | 4 |
| 7 | Plan de travail | 5 |

1 Préambule

Ce document de travail fait une rapide synthèse des connaissances génétiques/phylogéographiques disponibles sur le mouflon de Corse. Il a pour vocation d'aider à la réflexion autour des questions :

- origine des deux noyaux de populations ;
- ré-introduction d'individus provenant du continent sur l'île pour un renforcement des populations insulaires ;
- échanges d'individus entre les noyaux de Bavella et d'Asco pour un renforcement des populations insulaires ;

2 Histoire du mouflon en Corse

2.1 Approche paléontologique

Des mouflons anatoliens (*Ovis gmelini gmelini*), récemment domestiqués, auraient été introduits en Corse par des nomades aux environs des 5-8^{ème} millénaires avant notre ère (Poplin, 1979; Vigne, 1992). Certains de ces animaux redevinrent sauvages, donnant ainsi naissance aux souches de mouflons qui peuplent aujourd’hui l’île. Cette hypothèse du marronnage émise par Poplin (1979) est maintenant confirmée par les recherches paléontologiques et archéologiques (Poplin and Vigne, 1983; Vigne, 1992). Le même phénomène est à l’origine des populations de Sardaigne et de Chypre. Il est à noter que la comparaison des ossements corses et sardes suggère un processus de domestication plus avancée pour les populations sardes (Poplin, 1979).

2.2 Approche génétique

Trois études ont particulièrement contribué à une meilleure connaissance de l’origine des mouflons présents en Corse : Hiendleder et al. (2001); Chessa et al. (2009); Rezaei et al. (2010); toutes tournent autour de l’origine de la domestication des *Ovis* et confirment les résultats paléontologiques. On peut retenir de ces études que le foyer de domestication des premiers *Ovis* se situerait à la limite entre la Turquie et l’ouest de l’Iran. La domestication aurait débuté dans cette zone, environ 11 000 ans avant notre ère. Les animaux domestiqués ont ensuite “migré” au grès de la colonisation humaine, remontant progressivement l’arc méditerranéen. Il y aurait eu a priori au moins 3 événements de domestication. Les animaux présents sur la Sardaigne et Chypre correspondent au reliquat de la première vague de domestication/migration, ce qui explique leur caractère relativement sauvage (la domestication n’avait pas encore été poussée à l’extrême). Il est fort probable qu’il en soit de même pour les animaux de Corse. De plus, ces animaux issus du marronnage se sont probablement trouvés rapidement isolés des autres flux d’animaux domestiques de part la situation géographique de ces îles et leur retour à l’état sauvage. Génétiquement, ces animaux présentent d’ailleurs des caractéristiques très différentes des souches domestiques que l’on connaît aujourd’hui. Ces populations de mouflons constituent à ce titre, comme le soulignent Chessa et al. (2009), un patrimoine génétique rare qui suffit à justifier les mesures de protection dont elles font l’objet.

3 Statut de conservation et objectifs de gestion

Si l’espèce est classée vulnérable en Corse (Shackleton and Lovari, 1997), les derniers recensements ont fourni une valeur de 879 animaux pour le noyau du Cinto. Dans la mesure où tous les animaux ne sont pas détectés et que le suivi d’abondance a lieu en zone ouverte uniquement, on peut tout à fait imaginer un effectif >1000 individus pour ce noyau. Quant au noyau de Bavella, les derniers suivis exhaustifs rapportent des valeurs >300 individus. Encore une fois, et dans la mesure où le milieu est beaucoup plus fermé qu’au Cinto, on peut proposer sans risque un effectif >400 animaux. Dans ces conditions, la probabilité d’extinction à court terme des deux noyaux est très faible (1 chance sur 100 que la population du Cinto soit <100 animaux sur les 100 prochaines années¹).

D’un point de vue spatiale, il semble par contre relativement évident que la population n’occupe pas l’ensemble de sa niche écologique. Sur de nombreux secteurs favorables, adjacents aux deux

¹En utilisant un modèle densité-indépendant simple.

noyaux de population, aucune présence de mouflon n'est détectée. C'est autour de cette problématique d'expansion géographique qu'il y a à l'heure actuelle une demande de la part des gestionnaires de l'espèce. Une extension de la zone occupée constituera aussi, en soit, un gage de préservation des niveaux d'abondance atteints.

4 Structuration génétique des deux noyaux de population

4.1 Ce que l'on sait

Les premiers prélèvements génétiques ($n=19$) ont été réalisés en 1985, 1986, 1988 (sur 7 femelles capturés) et 1989 sur les deux noyaux de population et ont été utilisés dans l'étude de Montgelard et al. (1994). Cette étude a mis en évidence une proximité génétique persistante entre les populations continentales et la population Corse.

Entre mars 2000 et juillet 2001, 58 et 20 échantillons de fèces ont été collectés, respectivement, sur le Cinto et Bavella. Ces échantillons ont été analysés par Célia Maudet². Les résultats obtenus sont présentés dans Maudet (2001, 2002); Maudet and Dubray (2002).

En résumé, d'un point de vue technique, ces travaux suggèrent de récolter les fèces en hiver, lorsque les animaux ont une alimentation essentiellement ligneuse abrasant plus facilement les cellules épithéliales du système digestif. C'est ces dernières qui contiennent l'ADN présent dans les fèces. Le rendement d'extraction s'est avéré meilleur lorsque les fèces sont conservés dans l'alcool. L'amplification a été réalisée à l'aide de primers développés chez la vache, la chèvre ou le mouton domestique, *i.e.*, des amorces non spécifique de l'ADN du mouflon. Après extraction, amplification, il restait 39 échantillons analysables sur Asco et 17 sur Bavella.

D'un point de vue biologique, (*i*) la variabilité génétique est plus forte à Bavella qu'à Asco, (*ii*) il existe une différenciation génétique relativement importante entre les deux populations suggérant des flux d'individus qui ont cessé depuis longtemps, (*iii*) la population d'Asco a probablement subit récemment (~ 100 dernières années) un goulot d'étranglement (*i.e.*, réduction de la population à quelques dizaines d'individus pendant plusieurs générations), (*iv*) l'analyse d'ADN mitochondrial (région de contrôle, cytochrome b) suggère l'absence de variabilité génétique à ce niveau entre les deux populations (*i.e.*, même origine). Ces résultats sont préliminaires et nécessitent de poursuivre les analyses sur (*i*) des plus gros échantillons et sur (*ii*) la mise au point de primer mieux adaptés à l'amplification de l'ADN mitochondrial (séquençage de cet ADN pour réaliser des primers spécifiques à l'espèce). Dans ce sens des échantillons ont été récoltés entre mars et mai 2001 sur le secteur de Bavella pour compléter les analyses (voir ci-dessous, "Analyses en cours").

4.2 Analyses en cours et perspectives

Au 30 juillet 2010 le LECA est en charge d'analyser les 25 échantillons de Bavella prélevés en 2001 pour compléter les travaux réalisés par (Maudet and Dubray, 2002). Avant de procéder à leur analyse, le LECA devait calibrer son nouveau séquenceur pour assurer la continuité avec les analyses réalisées sur la première série d'échantillons de 2000–2001. Cette étape n'a malheureusement pas fonctionnée et il a donc été proposé de ré-analyser tous les échantillons (ceux de la première série et ceux de la seconde) avec le nouveau séquenceur.

À ce problème de calibrage, s'ajoute un autre problème : les fèces récoltés en 2000–2001 ne l'ont pas été selon un plan d'échantillonnage défini (*e.g.*, échantillonnage stratifié aléatoire). Pour la

²Laboratoire de Biologie des Populations d'Altitude, Grenoble; aujourd'hui Laboratoire d'Écologie Alpine

population de Cinto, par exemple, la plupart des prélèvements ont été effectués sur la RCFS d'Asco (Benedetti, *comm. pers.*). C'est un vrai problème qui peut biaiser les analyses et qui pourrait tout à fait expliquer la faible variabilité génétique sur Asco et la détection d'un goulot d'étranglement. Si l'on veut obtenir des résultats robustes (important vu les pressions politiques) il faudra donc repenser la stratégie d'échantillonnage.

Dans ce contexte, une collaboration scientifique autour des questions génétiques encore en suspens (voir "préambule") pourraient être mise en place avec le LECA, à travers par exemple l'encadrement d'un stagiaire (master, thèse ou post-doc).

4.3 Collaborations internationales

P. Benedetti a été contacté au printemps 2010 par Filippo Barbanera qui travaille au département de biologie de l'université de Pise. Ce chercheur a récemment obtenu un financement pour mener un projet sur la "conservation génétique" de la population de mouflons de Chypre (ministère de l'intérieur, service de la faune sauvage, gouvernement de Chypre). L'objectif est d'utiliser à la fois des marqueurs mitochondriaux et microsatellites pour étudier cette population. Il serait intéressé pour inclure quelques échantillons de Corse et de Sardaigne dans cette analyse, afin de mieux définir la position de la population de Chypre. Après discussion, il pense en outre pouvoir nous apporter un certain nombre d'éléments de réponse quant aux questions que nous nous posons (voir "préambule"). Il est donc prévu de lui envoyer des échantillons d'ici fin 2011 et de collaborer avec son groupe de recherche.

5 Pertinence d'un renforcement à partir d'individus originaires de l'enclos de Cadarache

L'historique de l'enclos de Cadarache a fait l'objet de différents rapports internes (Dubray, 1986, 1988). Ces rapports mettent en évidence la difficulté à définir à la fois l'origine de la création de cette population (a priori 3 mouflons de Bavella introduit en 1935) et les éventuels ré-introductions qu'il y a pu avoir à partir d'animaux d'origine inconnue. Ce qui est par contre relativement certain, c'est que la population a été à plusieurs moments en faible effectif. Tout d'abord lors de sa création ; au vu du nombre d'animaux introduits. Puis en 1967, les agents du parc estimaient à 15 le nombre de mouflons présents. Dans ces conditions, il est fort probable que le patrimoine génétique des individus encore présents dans l'enclos diffère des animaux insulaires. Dans ce contexte, il n'y a aucune raison de réintroduire de tels animaux sur l'île, que ce soit à des fins de renforcement des noyaux existants ou avec l'objectif de créer de nouveaux noyaux.

6 Pertinence d'échanges artificiels entre les deux noyaux insulaires

Au vu des effectifs atteints, et des caractéristiques génétiques et phénotypiques propre à chaque population (voir par exemple Maudet and Dubray 2002), il n'y a aucune raison de favoriser artificiellement le mélange des deux noyaux de population. L'isolement géographique qui est intervenu entre ces deux noyaux a conduit à des histoires différentes fixant un patrimoine génétique spécifique probablement associé à des adaptations locales de chaque noyau. Il semble donc préférable

de suivre le principe de précaution et de ne pas intervenir artificiellement sur ces populations. À contrario, il n’y a pas de raison d’empêcher un rapprochement naturel de ces deux populations.

7 Plan de travail

Les travaux en cours et à venir :

- présentation de principaux éléments de ce rapport à la prochaine réunion du groupe de travail “grands ongulés” (14 septembre 2010) ;
- mise en place d’un poster d’information sur l’histoire du mouflon Corse à partir des principaux éléments scientifiques de ce rapport (fin 2010) ;
- réanalyse complète des échantillons génétiques d’ores et déjà disponibles (échéance : fin 2010) ;
- mise en place d’un protocole d’échantillonnage pour une nouvelle récolte sur le terrain dans le cadre des travaux menés par F. Barbanera (fin 2010) ;
- réunion autour de la question génétique, et mise en place éventuelle d’une collaboration scientifique avec le LECA (mi 2011) ;

Références

- Chessa, B., F. Pereira, F. Arnaud, A. Amorim, F. Goyache, I. Mainland, R. R. Kao, J. M. Pemberton, D. Beraldi, M. J. Stear, A. Alberti, M. Pittau, L. Iannuzzi, M. H. Banabazi, R. R. Kazwala, Y.-p. Zhang, J. J. Arranz, B. A. Ali, Z. Wang, M. Uzun, M. M. Dione, I. Olsaker, L.-E. Holm, U. Saarma, S. Ahmad, N. Marzanov, E. Eythorsdottir, M. J. Holland, P. Ajmone-Marsan, M. W. Bruford, J. Kantanen, T. E. Spencer, and M. Palmairini. 2009. Revealing the History of Sheep Domestication Using Retrovirus Integrations. *Science* **324** :532–536. <http://www.sciencemag.org/cgi/content/abstract/324/5926/532>
- Dubray, D. 1986. Eléments historiques sur la population de mouflons du parc de cadarache. Technical report, ONC.
- Dubray, D. 1988. Origine de la population de mouflons du parc de cadarache (bouche du rhône – 13) : essai de reconstitution. Technical report, ONC.
- Hiendleder, S., B. Kaupe, R. Wassmuth, and A. Janke. 2001. Molecular analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies. *Proceedings of the Royal Society of London B* **269** :893–904.
- Maudet, C. 2001. Bilan du projet : comparaison des structures génétiques des deux sous-populations de mouflon de corse (cinto et bavella). Technical report, Office National de la Chasse et de la Faune Sauvage.
- Maudet, C. 2002. Comparaison des structures génétiques des deux sous-populations de mouflons de corse (cinto et bavella). Technical report, Office National de la Chasse et de la Faune Sauvage.
- Maudet, C., and D. Dubray. 2002. Comparison of the genetic structures of two Corsican mouflon (*Ovis gmelini musimon*) populations (Cinto/Asco and Bavella). Poster. in Iv international mouflon symposium. Nuoro, Sardinia.
- Montgelard, C., T. C. Nguyen, and D. Dubray. 1994. Genetic variability in French populations of the Corsican mouflon (*Ovis ammon musimon*) : analysis of 2 blood proteins and red-cell blood groups. *Genetics Selection Evolution* **26** :303–315.
- Poplin, F. 1979. Origine du mouflon de Corse dans un nouvelle perspective paléontologique, par marronnage. *Annales de génétique et de sélection animale* **11** :133–143.
- Poplin, F., and J.-D. Vigne. 1983. Observations sur l'origine des ovins en Corse. *Congrès Préhistoire de France* **21** :238–245.
- Rezaei, H. R., S. Naderi, I. C. Chintauan-Marquier, P. Taberlet, A. T. Virk, H. R. Naghash, D. Rioux, M. Kaboli, and F. Pompanon. 2010. Evolution and taxonomy of the wild species of the genus *Ovis* (mammalia, artiodactyla, bovidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* **54** :315–326.
- Shackleton, D. M., and S. Lovari. 1997. Conservation of Eurasian wild sheep. An overview. in *Proceedings of the second international symposium on mediterranean mouflon*, pages 20–36 . Cyprus.
- Vigne, J.-D. 1992. Zooarchaeology and the biogeographical history of the mammals of Corsica and Sardinia since the last age. *Mammal Review* **22** :87–96.