

L'épreinte

n°6

Feuille de liaison du Réseau Loutre
du Groupe Mammalogique Breton



ÉDITO

Une année riche pour la Loutre !

Près d'un an et demi après la retour de l'*Épreinte*, voici le sixième numéro ! Malgré une période 2020-2021 particulière du fait du contexte sanitaire, ce ne sont pas moins de 128 données de Loutre (observations d'indices de présence ou d'individus) qui nous ont été remontées et ce, en grande partie grâce à vous. Ainsi malgré la rareté des moments d'échanges et de partage, le réseau breton a su rester actif et dynamique et nous vous en remercions chaleureusement.

Comme annoncé dans le précédent numéro, vous trouverez un article sur l'apport de la génétique pour la connaissance des populations de loutres bretonnes.

Pour ceux qui lisent cette feuille pour la première fois, sachez que vous pouvez retrouver [les numéros précédents en ligne](#). Ils traitent notamment de la situation de la répartition régionale de la Loutre, de la mortalité routière chez l'espèce et de l'utilisation des cadavres que vous pouvez nous signaler (autopsies et études).

Meggane Ramos, coordinatrice du Réseau Loutre Bretagne

Samuel Jouan



Johan Cheneaux

Sommaire

DOSSIER

CE QUE LA GÉNÉTIQUE
NOUS APPREND SUR LA
LOUTRE EN BRETAGNE

LES NOUVELLES DU FRONT...

...DE RECOLONISATION

LOUTRE Y ES-TU ?

POINT...
MORTALITÉ

UICN - LOUTRE

Ce que la génétique nous apprend sur la Loutre en Bretagne

Une étude génétique à l'échelle nationale

Une étude a été développée dans le cadre du « [Plan National d'Action en faveur de la Loutre d'Europe](#) » afin de mieux cerner la **structure génétique** de la Loutre sur l'ensemble de son aire de distribution française mais aussi d'évaluer l'état de « **santé génétique** » des populations refuges et d'identifier d'éventuels flux génétiques existant entre celles-ci (Pigneur *et al.* 2019). L'objectif de ce travail a été également de comprendre le **processus de recolonisation** actuellement en cours. Cette étude a été basée sur une approche non invasive, c'est-à-dire à partir d'épreintes ou de tissus provenant d'animaux trouvés morts.

Une contribution régionale conséquente

Dans le cadre d'une collaboration entre le Groupe Mammalogique Breton (GMB), le Groupe de Recherche et d'Étude pour la Gestion de l'Environnement (GREGE) et le Laboratoire de Génétique de la Conservation (Université de Liège), **106 échantillons** provenant de Bretagne ont été intégrés à cette étude globale. Ils proviennent tous de tissus d'animaux morts (principalement de collisions routières) collectés entre 1988 et 2014 et conservés en éthanol. La Bretagne est la seule région de France pour laquelle un tel échantillonnage de tissus a été analysé. Nous avons utilisé 14 marqueurs génétiques microsatellites* hypervariables développés spécifiquement pour l'étude des loutres (Dallas & Piertney 1998). L'analyse statistique (« clustering bayésien ») des résultats a permis de déterminer s'il existait des groupes génétiquement distincts et d'assigner chaque individu à un groupe à partir de son profil génétique.

Une structuration nationale héritée de la régression de l'espèce

Ainsi, **5 groupes génétiques (clusters)** ont été mis en évidence au sein des populations de la moitié Ouest de la France suivant une structuration géographique marquée.

Ces groupes génétiques s'associent globalement à la Bretagne, au Limousin, à la façade Atlantique, au Sud-Ouest du Massif Central et à la région des Pyrénées. Néanmoins, nos résultats montrent également des mouvements de loutres à longue distance et des contacts entre les différentes populations du Sud-Ouest de la France.

Cette structuration est vraisemblablement liée à la régression de l'espèce suivie d'une **recolonisation** des rivières françaises à partir de différentes régions refuges dont la Bretagne. La population de loutres était probablement, à l'origine, répartie de façon plus homogène sur l'ensemble du territoire puis, au fil de siècles de persécution, cette grande population s'est fragmentée, ce qui a conduit à l'isolement de quelques noyaux qui ont persisté jusqu'au 20^e siècle. L'espèce ayant ensuite été protégée, ce sont ces noyaux qui ont permis la reconquête du territoire.

Une structuration régionale particulière

Nos analyses tendent à montrer une **homogénéité génétique importante au sein des populations de loutres de la Bretagne**. Ces animaux sont majoritairement compris dans **un seul cluster génétique trouvé presque uniquement dans cette région**. Néanmoins, une quinzaine d'échantillons, surtout du côté des Pays de la Loire, appartiennent au groupe génétique qui est particulièrement représenté plus au sud, le long de la façade atlantique. L'examen des probabilités d'appartenance à chaque cluster des individus et de leur localisation par rapport à l'historique de la répartition de l'espèce (voir carte ci-dessous) suggère que cette population spécifique à la Bretagne est issue du principal noyau de population subsistant au cœur des années 1980 dans le centre-Ouest de la région.

Localisation et appartenance à chaque groupe génétique identifié des individus analysés.

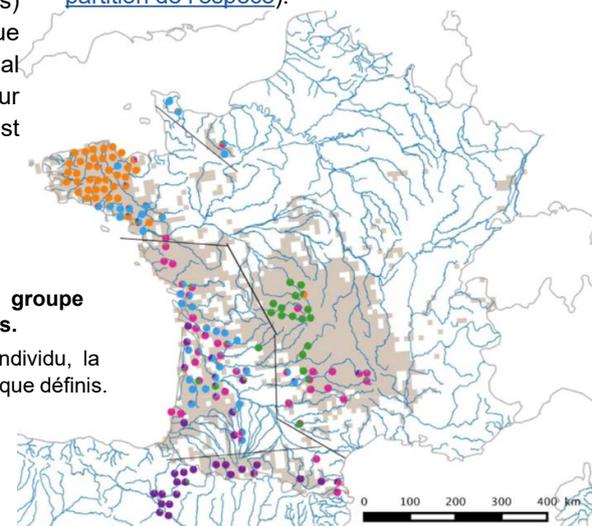
Chaque diagramme représente, pour un individu, la probabilité d'appartenir aux 5 clusters génétiques définis.

Le noyau de population secondaire identifié à l'époque dans les marais littoraux du Sud-Est (du Golfe du Morbihan à la Brière) est quant à lui relié aux populations de la façade atlantique. Ce résultat suggère un **isolement** marqué de la population du centre-Ouest par le passé, bien au-delà de ce que nous imaginions.

Les échanges entre populations n'étaient cependant pas inexistantes, comme en témoigne le profil génétique d'un individu découvert en 1990 à Carnoët (22) et ne présentant que 54 % de chances d'appartenir au cluster breton (et 38 % au cluster Atlantique). À partir des années 2000, quelques individus du centre Bretagne présentent un profil majoritairement atlantique.

Une diversité génétique moindre

L'analyse des flux génétiques entre régions (indice de fixation F_{st}) suggère un **plus grand isolement génétique de la population bretonne** par rapport aux autres populations. De plus, la **diversité génétique**, représentée par la richesse allélique, apparaît légèrement **inférieure** en Bretagne. Cependant la valeur de l'indice de consanguinité F_{is} (0,09) est basse et n'indique donc **pas de signal de consanguinité**. Cela pourrait être le résultat d'un **étranglement génétique** dans cette région après l'isolement de sa population, ou bien, être lié à un **faible nombre d'animaux** à la base de cette population. En effet, au début des années 1980, la population subsistant au centre de la Bretagne était limitée à un petit nombre de rivières localisées dans une zone restreinte (voir [l'historique de la répartition de l'espèce](#)).



Notons cependant que la diversité génétique semble progresser et s'accroître à partir des années 2000 (voir graphique), en particulier pour les individus rattachés au groupe atlantique. A partir de 2005, quelques individus présentent des probabilités d'appartenance aux autres clusters (Massif Central, Limousin, Pyrénées) supérieures à 5 %. À partir de 2008, ces probabilités peuvent dépasser 10 %, en particulier pour le cluster du Massif central (et jusqu'à 41 %). En 2014, un individu trouvé à Saint-Abraham (56) présente une plus forte probabilité d'appartenance au cluster Limousin (36 %).

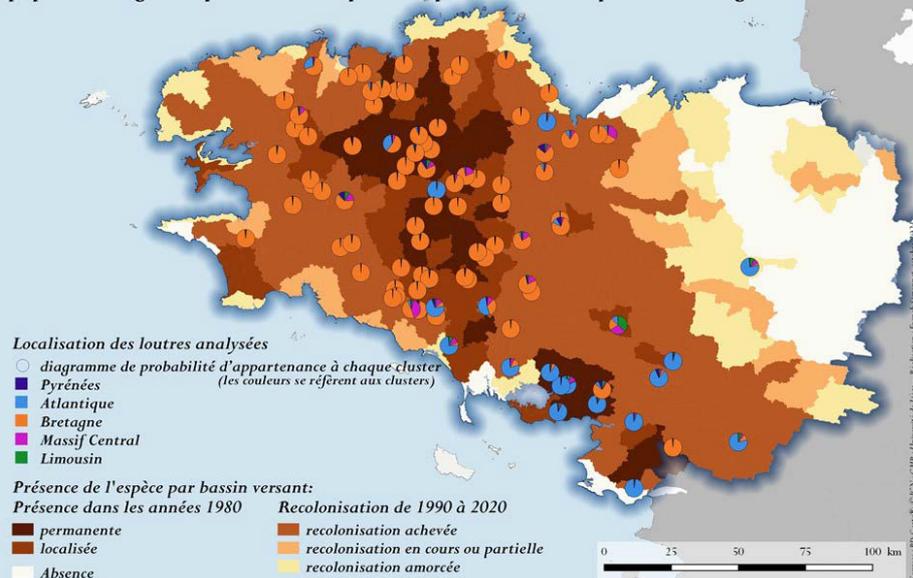
En conclusion

La contribution du réseau d'observateurs breton à la collecte des cadavres de loutres a donc permis, outre d'aider à la compréhension de la structuration génétique de l'espèce en France, d'identifier une population génétiquement distincte issue du principal refuge régional de l'espèce il y a 40 ans dans le centre-Ouest et de mettre en évidence un relatif isolement génétique passé tendant à se réduire.

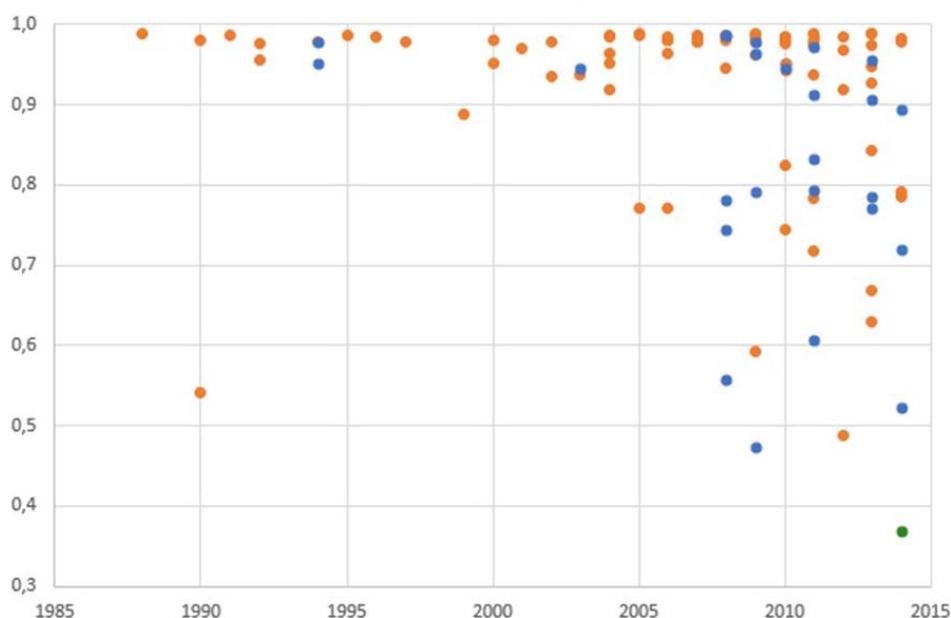
Vu la dynamique actuelle de l'espèce, il est probable que les différents groupes génétiques soient de plus en plus amenés à se rencontrer et se mélanger, ce qui n'est que bénéfique pour l'espèce, via un brassage génétique permettant d'augmenter son potentiel de survie à long terme.

■ Lise-Marie Pigneur et Franck Simonnet

Probabilité d'appartenance de 106 loutres d'Europe aux différentes populations génétiques et historique de répartition de l'espèce en Bretagne



Probabilité d'appartenance au cluster le plus probable en fonction du temps



*Pour mieux comprendre ces questions de génétique

Lors de la fécondation, l'information génétique de l'ovule et du spermatozoïde est combinée au sein d'un œuf contenant un jeu de chromosomes issu de chaque parent et contenu dans le noyau cellulaire (ADN nucléaire). Chaque individu hérite ainsi d'un allèle maternel (transmis par l'ovule) et d'un allèle paternel (transmis par le spermatozoïde) de chaque gène nucléaire. Un **marqueur microsatellite** est un fragment d'ADN caractérisé par un fort taux de mutation, ce qui se traduit par une forte diversité d'allèles au sein de la population et donc une forte probabilité pour que les individus portent des allèles différents. L'amplification de plusieurs marqueurs microsatellites spécifiques à la loutre permet ainsi d'**identifier les individus**.

Pour mieux comprendre l'intérêt et les limites de la génétique pour l'étude globale de l'espèce, voir aussi l'article de [Pigneur et al. \(2018\)](#).

Remerciements

L.-M. Pigneur, J. Michaux, C. Fournier et P. Fournier (GREGE), D. Marc (CREN Midi-Pyrénées), G. Jacob (Univ. Fribourg), et toutes les personnes qui ont contribué à la collecte des échantillons partout en France.

Référence

Dallas J. E., Pieltney S. B. 1998. Microsatellite primers for the Eurasian otter. *Molecular Ecology* 9 : 1248-1251.

Pigneur L.-M., Caublot G., Fournier-Chambrillon C., Fournier P., Giralda-Carrera G., Grémillet X., Le Roux B., Marc D., Simonnet F., Smitz N., Sourp E., Steinmetz J., Urra-Maya F. & Michaux J.-R. 2019. Current genetic admixture between relictual populations might enhance the recovery of an elusive carnivore, the European otter (*Lutra lutra*). *Conservation Genetics* 20 : 1133-1148

LES NOUVELLES DU FRONT... DE RECOLONISATION

Quelques nouvelles de l'Ouest...

En 2020, une prospection collective dans le Léon a permis de noter l'espèce à plusieurs reprises sur le cours principal de La Flèche mais aucune trace du mustélidé n'a été trouvée sur le Quillimadec.

En octobre 2021, la prospection collective de deux affluents de l'Aber Benoît (Le Garo et le Benouic) a permis de constater la présence permanente de l'espèce. En revanche, les ruisseaux côtiers de l'Iroise ne restent qu'occasionnellement explorés.

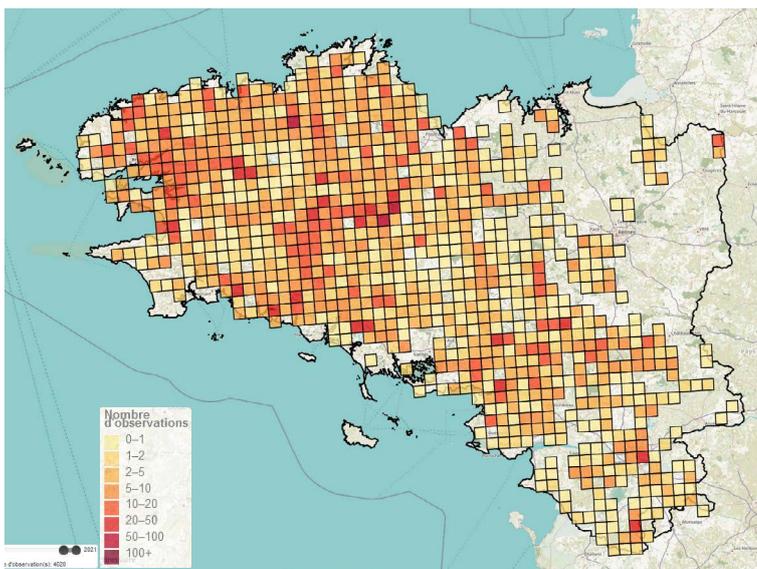
Ça bouge en Haute-Bretagne !

La présence de la Loutre a été confirmée sur le bassin versant de l'Illet début octobre au nord de Rennes, suite à l'observation d'un individu et la découverte d'une épreinte ! Une première depuis 1992 ! La prospection collective organisée le 22 octobre 2021 suite à cette découverte a permis de noter le mustélidé à deux reprises.

Le bassin versant du Couesnon a été prospecté à l'automne 2020 puis 2021, laissant entrevoir une situation assez contrastée selon les secteurs. Afin de suivre au mieux la recolonisation de ce bassin versant par l'espèce, de nouvelles prospections devraient avoir lieu au printemps et à l'automne 2022 en collaboration avec le Groupe Mammalogique Normand. Avis aux amateurs !

LOUTRE Y ES-TU ?

Nouvel outil du GMB, [l'Atlas en ligne des Mammifères terrestres de Bretagne](#) permet de visualiser les mailles où la Loutre a déjà été notée, avec l'année d'observation. [La carte](#) est actualisée régulièrement et peut vous permettre de cibler vos prochaines prospections !



POINT... MORTALITÉ

21 cas de mortalité nous ont été confirmés en 2020 et 15 à ce jour en 2021. Au contraire de l'hiver précédent particulièrement meurtrier et malgré les fortes précipitations de ce début d'année, « seuls » cinq individus ont été victimes de collision routière. Le couvre-feu aura au moins bénéficié aux loutres !

Une session d'autopsie a eu lieu le 3 décembre dernier avec 18 cadavres analysés. Retrouvez le bilan de l'ensemble des autopsies effectuées depuis 2006 dans le dernier numéro de [l'Écho du PNA](#). Un grand merci aux observateurs et organismes ayant transmis toutes ces informations.

UICN - Loutre

Les 26, 27 et 28 février dernier se tenait un webinaire sur la Loutre d'Europe organisé par le Groupe de Spécialistes des Loutres de l'UICN. Évènement qui a rassemblé plus de 250 personnes de tous pays autour des thématiques de conservation, de menaces, de soucis de cohabitation et de techniques d'études innovantes.

Lien vers les posters présentés : [ici](#).

L'édition de cette lettre ainsi que les suivis, la cartographie, les recensements et la synthèse des observations sont financés dans le cadre de l'Observatoire des Mammifères de Bretagne par :

UNION EUROPÉENNE
UNANIEZH EUROPA



L'Europe s'engage
en Bretagne



Avec le Fonds européen
de développement régional



Le réseau Loutre regroupe les observateurs participant à la récolte de données sur la présence de la Loutre d'Europe en Bretagne. Prospecteurs réguliers ou informateurs ponctuels, il s'agit aussi bien d'amateurs bénévoles que de professionnels de terrain.



Contact :

GRUPE MAMMALOGIQUE BRETON
02 98 24 14 00
meggane.ramos@gmb.bzh

L'Épreinte, bulletin édité sur Internet par le Groupe Mammalogique Breton, Maison de la Rivière, 29 450 Sizun - Tel : 02 98 24 14 00 - contact@gmb.bzh - www.gmb.bzh - Rédaction : Meggane Ramos
Conception Franck Simonnet et Catherine Caroff - décembre 2021