



Extension 2012 Suivi scientifique Tétras lyre
Addendum au rapport final 2007-2011
Recensements et investigation génétique

Convention LIFE-ULg 2007-2011 +2012
Unité de Biologie du Comportement, Prof. P. Poncin

Projet LIFE NATURE « Restauration des landes et tourbières du Plateau
des Hautes-Fagnes » (=LIFE06 NAT/B/000091)

Action F2 : « Suivi scientifique » : réalisation de travaux de recherche consistant
en l'évaluation des aménagements de gestion de l'habitat sur les populations de
tétras lyre en Hautes-Fagnes (Life 2007-2011)

Dr Michèle Loneux et Prof. Pascal Poncin



RESUME

Table des matières

1.	EVOLUTION DEMOGRAPHIQUE DE LA POPULATION.....	3
1.	A. RESULTATS DES RECENSEMENTS PRINTANIER EN 2012	3
1.	B. RESULTATS DES RECENSEMENTS PRINTANIER SUR LA PERIODE DU PROJET LIFE	3
2.	OCCUPATION DES HABITATS DE LA RESERVE PAR LE TETRAS LYRE ET CARTOGRAPHIE.	4
2.	A. LES SOURCES.....	4
2.	B. DISCUSSION DES RESULTATS CARTOGRAPHIQUES	6
3.	INVESTIGATION GENETIQUE A PARTIR DE CROTTES.....	7
4.	REFERENCES	13

Liste des Figures et Tableaux

<i>Figure 1 : Evolution démographique de la population des tétras-lyres mâles en Hautes-Fagnes. Depuis 2010, les arènes encore fréquentées par les coqs sont uniquement dans les Fagnes de l'Ouest.</i>	<i>3</i>
<i>Figure 2 : Carte de situation des observations de tétras lyres encodées sur le site d'encodage volontaire www.observations.be au cours de la période de suivi 2012, du 4 novembre 2011 au 15 novembre 2012.....</i>	<i>5</i>
<i>Figure 3 : : Arbre phylogénétique montrant les liens entre les différents haplotypes publiés par C. Corrales (H1 - > H30), l'haplotype identifié dans la présente étude et des séquences de l'espèce sœur, le Tétràs du Caucase (jh19 et jh20 utilisées comme références externes).</i>	<i>12</i>
<i>Tableau I : Récolte 2012 Hautes-Fagnes, Belgique - Crottes de Tétràs lyre. Liste des échantillons exploitables envoyés pour analyse. Les numéros 42 à 45 sont les échantillons récoltés en automne 2011 et cités dans les résultats génétiques. Initiales récolteur : ML = Michèle Loneux, LN= Lionel Nailis, ED = Elise Dupont, MaL = Maïté Loute, SD = Serge Defays, PG = Pascal Ghiette.....</i>	<i>8</i>
<i>Tableau II : Résumé des résultats du génotypage des échantillons collectés en 2011 et 2012. Les échantillons collectés au Drèlo (N° 46, 47 et 48) n'ont pas donné de résultat exploitable. Les échantillons 49 à 61 proviennent tous de la Fagne Wallonne, Arène de l'Oneux.</i>	<i>11</i>

1. Evolution démographique de la population.

1. A. Résultats des recensements printaniers en 2012

Un total de 14 coqs est l'effectif de ce paramètre démographique pour la population en 2012, concentrés uniquement dans les Fagnes du Nord-Ouest, Fagne Wallonne, Fagnes de la baraque Michel et des Deux Séries. Venant de 21 au printemps précédent, cela représente une perte d'un tiers de la population de coqs en un an.

La saison de reproduction de 2011, affectée par le grand incendie de fin avril, n'a pas donné d'indicateurs de reproduction positifs ni en automne, ni au recensement printanier suivant. La pluviosité élevée pendant la saison de reproduction 2012 et l'absence de grands groupes de tétras vus ensemble jusqu'à présent, malgré une prospection accrue en octobre 2012, n'augurent rien de bon pour 2013.

1. B. Résultats des recensements printaniers sur la période du projet Life

Le nombre de coqs est passé de 15 en 2007 à 13 individus mâles aux arènes en avril 2008 sur l'ensemble des deux zones (Fagnes du Nord-Est et Fagnes du Haut Plateau). En 2009, il ne restait plus qu'un mâle territorial dans les Fagnes du Nord-Est (au Misten) et plus aucun à partir de 2010. De 2007 à 2010, le nombre de mâles recensés au printemps a donc continué à diminuer, passant de 15 à 8-9 oiseaux, et le nombre de sites occupés a aussi diminué puisque l'espèce a disparu des arènes des Fagnes de l'Est. Le sursaut jusque 21 mâles enregistré en 2011 dans les seules fagnes de l'Ouest fut porteur d'espoir, mais la brusque diminution d'un tiers enregistrée ce printemps 2012 ramène la population à la même situation de précarité qu'en 2007.

Appliquer des mesures de gestion qui maximisent le succès reproducteur et qui minimisent les cas de mortalité des adultes est impératif pour amener un accroissement durable de la population, dans un objectif de conservation de l'espèce dans la faune belge.

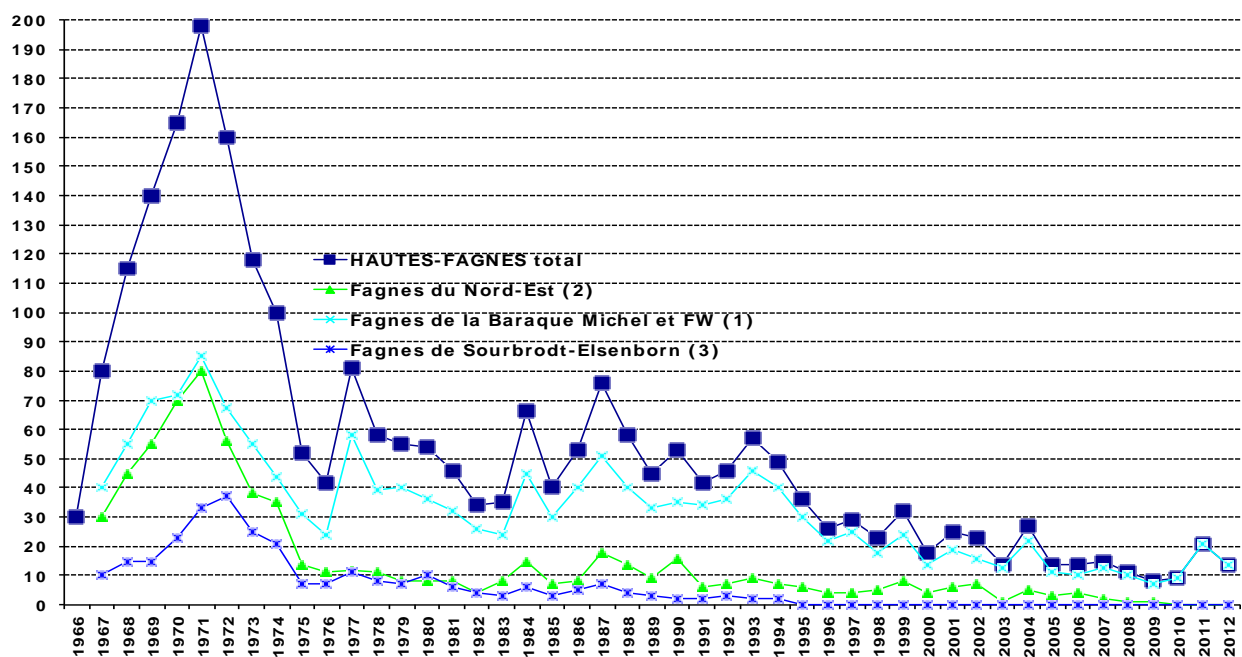


Figure 1 : Evolution démographique de la population des tétras-lyres mâles en Hautes-Fagnes. Depuis 2010, les arènes encore fréquentées par les coqs sont uniquement dans les Fagnes de l'Ouest.

2. Occupation des habitats de la réserve par le tétras lyre et cartographie.

2. A. Les sources

L'importance relative des sources de données de localisation de tétras lyres dans les réserves ou en dehors a changé d'une année à l'autre au cours du projet Life, et encore au cours de cette dernière année.

- ✓ Le système de surveillance de la réserve par des gardes auxiliaires a cessé en 2012, supprimant du même coup la source d'observations venant des rapports de surveillance.
- ✓ Quelques rares rapports de promenades guidées en Zone C, rentrés au bureau DNF du Mont-Rigi, mentionnent une observation de tétras lyre, mais n'apportent pas de nouvelle localisation par rapport aux points de présence bien connus le long des pistes fréquentées.
- ✓ La banque de données gérée par Pascal Ghiette sur base de rapports d'observation volontaires de quelques contributeurs habitués est de moins en moins alimentée depuis 2011. Elle est compensée largement par la percée du site d'encodage en ligne www.observations.be.
- ✓ Le site d'encodage volontaire www.observations.be (initiative d'[Aves-Natagora](#) et de [Stichting Natuurinformatie](#)) est la seule source profuse de données en 2012. Les localisations de tétras lyres sont illustrées sur la carte de la figure 2. L'apport de 2012 couvre la période du 4 novembre 2011 au 15 novembre 2012. Il inclut des observations retardataires encodées en 2012 pour des années passées.

Parmi les observations collectées en plus de nos données, nous recherchons toujours :

- les mentions de poules, spécialement plusieurs vues ensemble au printemps pour avoir une idée du nombre minimum de poules dans la population,
- Les mentions de groupes de tétras lyres vus ensemble en automne, pour avoir une idée du succès de la reproduction,
- les observations de tétras lyres en dehors des zones cœurs bien connues, pour les mettre en relation avec les travaux de restauration et les abattages du projet Life.
- Les localisations aussi précises que possible des tétras lyres lors de leurs comportements de parade, nourrissage, regroupement hivernal, repos...
- Les mentions de tétras lyres en vol et les directions de vol indiquées, particulièrement en bordure des réserves...

Les observations les plus nombreuses sont enregistrées pendant la période des parades (fin février à mi-mai) et pendant la période automne-hiver (octobre, novembre et décembre). D'une part, l'activité des oiseaux aux arènes et l'organisation des recensements printaniers génèrent un pic d'affluence des observateurs à ce moment de l'année. D'autre part, le changement saisonnier de comportement des tétras, qui se rassemblent en bandes et se nourrissent davantage dans les arbres, les rend plus facilement visibles en automne-hiver que pendant les mois d'été, où ils muent et se font plus discrets. Nos propres sorties sur le terrain sont réparties sur les mêmes mois, principalement de février à début mai et en octobre et novembre.

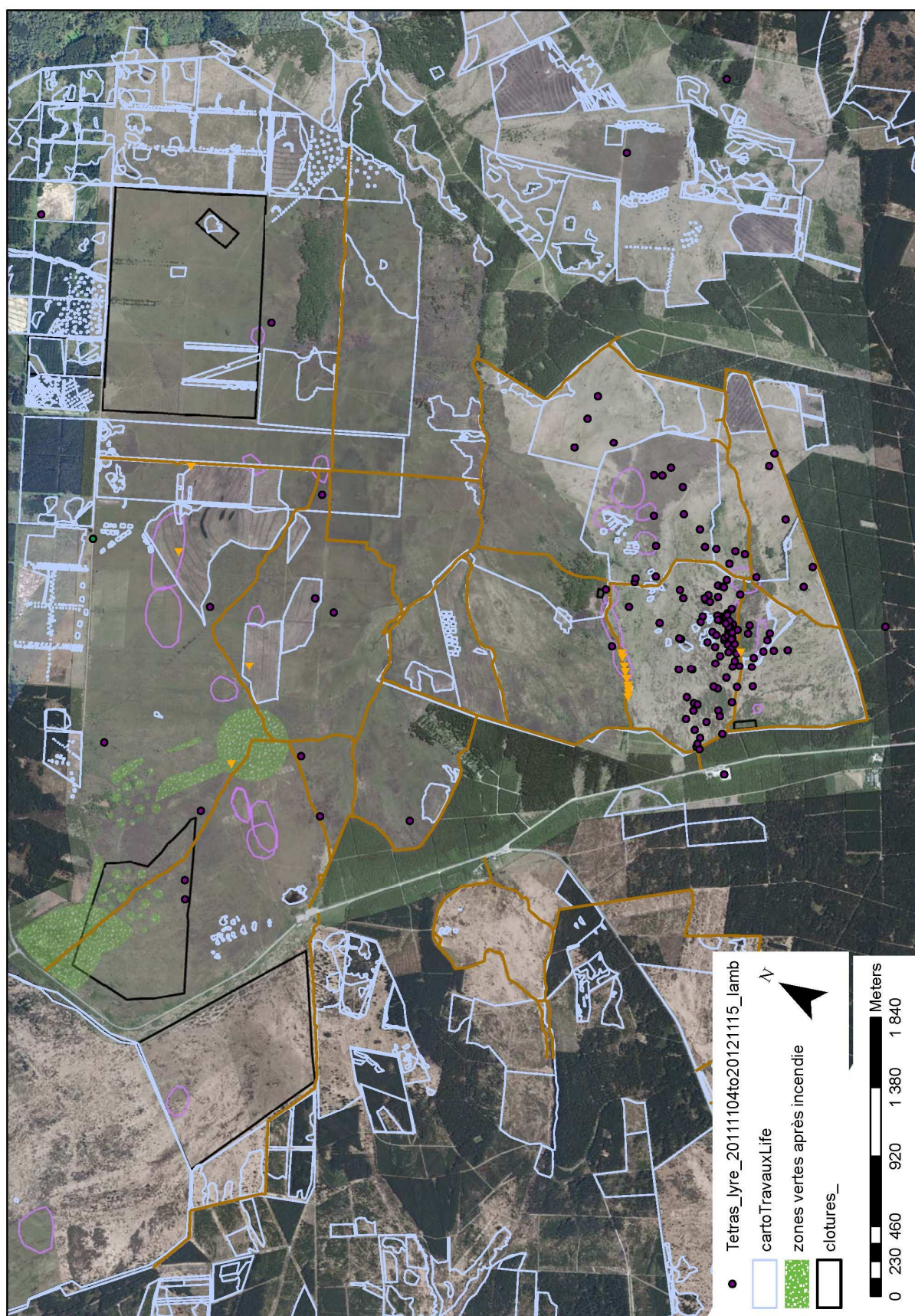


Figure 2 : Carte de situation des observations de tétras lyres encodées sur le site d'encodage volontaire www.observations.be au cours de la période de suivi 2012, du 4 novembre 2011 au 15 novembre 2012.

2. B. Discussion des résultats cartographiques

Créée fin 2008 pour centraliser les observations naturalistes, la banque de données observations.be prend de plus en plus d'ampleur depuis 2009¹. L'apport de cette source est une aide appréciable et inégalable.

Cependant la précision des localisations n'est pas fiable : certains observateurs centrent leur observation dans le périmètre défini du site plutôt que situer exactement l'animal qu'ils ont observé là où il était dans le paysage en utilisant l'outil de cartographie « zoom », et d'autres pointent le lieu où ils sont quand ils font l'observation plutôt que le lieu où se trouve effectivement l'animal dans le paysage. La plate-forme d'observation « podium » semble ainsi être un lieu de perchoir à tétras lyre ! Quelques personnes font des erreurs d'orientation et de localisation manifestes. Il est indispensable de vérifier chaque observation une à une pour une analyse précise. Le système de validation des données mis en place par AVES ne détecte pas ce genre d'erreur.

Les observations encodées n'ont pas encore apporté une preuve d'occupation de territoires nouvellement gérés en dehors des zones de présence bien connues depuis la fin des années soixante. Quelques rares points mentionnent des déplacements de tétras lyres en bordure de la réserve, en peu en dehors du périmètre, ce qui plaide pour un passage de tétras lyres dans des zones nouvellement gérées et confirme l'effet bénéfique des ouvertures de milieu dans le cadre du projet. Mais un doute subsiste toujours quant à l'exactitude du pointage sur carte. Un contact avec les encodeurs concernés est nécessaire pour lever le doute sur la précision de leur donnée.

Il est évident que la cartographie reflète ce qui a été vu à partir des chemins, et surtout à partir du Podium en Fagne Wallonne. L'information apportée par cette cartographie a une valeur fiable à l'échelle de l'ensemble de la zone (1/30000) pour montrer que les tétras lyres sont observés presque exclusivement dans les périmètres des réserves.

¹ Nous remercions ici Jean-Yves Paquet (Responsable d'études Natagora-AVES) qui nous envoie depuis 4 ans le fichier détaillé des données tétras lyres encodées depuis notre demande précédente.

3. Investigation génétique à partir de crottes

Le diagnostic génétique sur base des crottes récoltées en 2011 et en 2012 est l'objectif principal de cette année 2012, un budget étant dédié à cette analyse coûteuse. Le but est de savoir si les individus du printemps sont bien tous apparentés (Hypothèse de forte parenté due à l'isolation géographique de la population), ou s'il y aurait eu des apports extérieurs pour augmenter la population (Hypothèse de faible parenté par apport extérieur). La deuxième hypothèse sous-tend qu'il y aurait eu un lâcher d'oiseaux plutôt qu'une immigration spontanée pour expliquer le formidable accroissement observé en automne 2010 : cela est tout à fait irréaliste vu l'excellent taux de survie au printemps suivant, mais peut être vérifié par comparaison des génotypes des individus, si nous pouvons obtenir des informations génétiques sur un nombre suffisant d'individus.

La première hypothèse confirmerait que cette espèce est bien capable de reconstituer rapidement ses populations à la faveur de circonstances favorables à sa reproduction et sa survie, comme démontré ailleurs en Europe (Loneux et Ruwet 1997). L'excellent succès de reproduction de 2010 fait écarter aussi l'idée d'une dépression génétique de consanguinité, qui se traduirait typiquement par une baisse de la fécondité des poules (Prof. J. Höglund, com. pers. septembre 2007), phénomène apparu dernièrement dans la Rhön et qui a motivé l'action de renforcement de la population actuellement en cours là-bas (Storch et al. 2009).

Résultats de l'analyse préliminaire (extrait du rapport de G. Jacob du 21/12/2011)

« Le nombre d'allèles par locus (= marqueur génétique) est compris entre 1 et 4. Le nombre d'individus est faible et ne permet pas d'obtenir des estimations fiables de la diversité allélique de la population des Hautes Fagnes. La comparaison de la diversité allélique observée avec celle observée dans d'autres populations doit être interprétée avec précaution. On observe une plus faible hétérozygotie dans la population belge ($H_e = 0.49$) par rapport aux populations suisses des Préalpes orientales ($n = 3$, $H_e = 0.60$) et occidentales ($n = 32$, $H_e = 0.72$). L'estimation non biaisée de l'hétérozygotie attendue (qui corrige pour la différence de taille d'échantillon entre les populations) montre une tendance encore plus nette ($B : UH_e = 0.54$, contre $UH_e = 0.72$ pour les deux populations suisses). Höglund et al. (2007) mesurent des valeurs de $H_e = 0.63-0.74$ dans des populations de tétras lyre interconnectées et des valeurs de l'ordre de $H_e = 0.52-0.72$ dans des populations isolées. Les valeurs observées dans cette étude tendraient à indiquer que la population belge a un taux d'hétérozygotie plus faible, qui pourrait résulter de l'isolation génétique de cette population. »

“Parmi les six génotypes exploitables, deux sont identiques (échantillons 42 et 44 du deuxième lot), ce qui indique qu'il pourrait s'agir du même individu. Cependant, le nombre d'échantillons génotypés est trop faible pour estimer la probabilité que deux individus dans la population partagent le même génotype.

D'après ces premiers résultats, on peut conclure qu'au moins cinq individus occupent la zone de récolte. La détermination du sexe de ces individus a pour le moment échoué, mais de nouvelles amplifications seront faites pour répondre à cette question.

Le faible nombre d'individus identifiés ne permet pas de déterminer avec certitude les liens génétiques entre eux. Huit marqueurs sont polymorphes (> 1 allèle observé) et quatre possèdent 1-2 allèles privés, c'est-à-dire qui ne sont trouvés qu'une seule fois. Trois de ces

allèles privés se trouvent chez un seul individu (n°4 du premier lot d'échantillons), deux autres individus portent deux et un allèles privés (n°44 et n°43, respectivement). Dans le cas où la majorité des individus sont connus, ce genre d'information peut permettre d'identifier des migrants potentiels. Augmenter le nombre d'individus analysés permettra peut-être de répondre à cette question.

Les crottes prélevées sont mises en tubes étanches avec *silicagel*, ce qui est plus pratique qu'en alcool pour la récolte sur le terrain et le transport. Les tubes sont stockés au congélateur en attendant d'être envoyés par la poste en Suisse pour analyse.

La prospection sur Clefaye et les Potaies, sites non représentés dans la liste des échantillons de 2011, n'a pas fourni d'échantillons.

Tableau I : Récolte 2012 Hautes-Fagnes, Belgique - Crottes de Tétras lyre. Liste des échantillons exploitables envoyés pour analyse. Les numéros 42 à 45 sont les échantillons récoltés en automne 2011 et cités dans les résultats génétiques. Initiales récolteur : ML = Michèle Loneux, LN= Lionel Nailis, ED = Elise Dupont, MaL = Maïté Loute, SD = Serge Defays, PG = Pascal Ghiette.

Numéro Échantillon	Date	Objet	Lieu	Site	Initiales Récolteur	Note contenant et contenu
42	19/10/2011	Plusieurs crottes vertes d'hiver humides Fagne Deux séries, zone fraisée coordonnées GPS Zone fraisée Durèt ML-LN				
43	19/10/2011	1 crotte brune méconium avec lot 42 Fagne Deux séries, zone fraisée coordonnées GPS Zone fraisée Durèt ML-LN				
44	28/10/2011	3 crottes sèches mises en silicate Fagne Deux séries, Durèt, Zone fraisée coord coordonnées lambert 271444 long137022 lat ED et MaL				
45	29/10/2011	1 crotte sèche mise en silicate Fagne Wallonne Oneux, début bois sur caillebotis ML				
46	10/03/2012	1 crotte sèche mise en silicate n°1, Fagne Wallonne DRELO piste 5, point GPS 241, ML sachet hermétique + silicate n°1				
47	10/03/2012	1 crotte sèche mise en silicate n°2, Fagne Wallonne DRELO piste 5, point GPS 241, ML sachet hermétique + silicate n°2				
48	10/03/2012	1 crotte sèche mise en silicate n°3, Fagne Wallonne DRELO piste 5, point GPS 241, ML sachet hermétique + silicate n°3				
49	10/03/2012	1 grosse crotte sèche mise en silicate Fagne Wallonne ONEUX, point GPS 242, n°4, ML sachet hermétique + silicate n°4				
50	10/03/2012	1 crotte sèche mise en silicate n°8 Fagne Wallonne ONEUX, centre SD, sachet hermétique + silicate n°8				
51	10/03/2012	1 crotte sèche mise en silicate n°9 Fagne Wallonne ONEUX, centre SD, sachet hermétique + silicate n°9				
52	10/03/2012	2 crottes sèches mises en silicate n°5 Fagne Wallonne ONEUX, côté bois SD, sachet hermétique + silicate n°5				
53	10/03/2012	2 crottes sèches mises en silicate n°6 Fagne Wallonne ONEUX, côté bois SD, sachet hermétique + silicate n°6				
54	10/03/2012	1 crotte sèche mise en silicate n°7 Fagne Wallonne ONEUX, côté bois SD, sachet hermétique + silicate n°7				
55	10/03/2012	1 crotte sèche mise en silicate n°10 Fagne Wallonne ONEUX, côté fagne SD, sachet hermétique + silicate n°10				
56	10/03/2012	1 grosse crotte sèche mise en silicate Fagne Wallonne ONEUX, côté fagne, n°11 SD, sachet hermétique + silicate n°11				
57	10/03/2012	1 crotte sèche mise en silicate n°12 Fagne Wallonne ONEUX, côté fagne SD sachet hermétique + silicate n°12				
58	10/03/2012	1 crotte sèche mise en silicate n°13 Fagne Wallonne ONEUX, côté fagne SD sachet hermétique + silicate n°13				
59	10/03/2012	1 crotte sèche mise en silicate n°14 Fagne Wallonne ONEUX, côté fagne SD sachet hermétique + silicate n°14				
60	10/03/2012	1 crotte sèche mise en silicate n°15 Fagne Wallonne ONEUX, côté fagne SD sachet hermétique + silicate n°15				
61, 62, 63	29/03/2012	Fagne Wallonne entre 4 hêtres et front d'exploitation, possible mélange de 2 individus et non 1 (récolteur pas rigoureux pour séparer échantillons). PG				

		congelé à sec dans enveloppe papier, transféré en tube + silicate le 2 juin 2012 après transport et dégel
--	--	---

Rapport d'analyse génétique de la population de tétras lyre des Hautes-Fagnes (Rapport d'activité 2012 Gwenaël Jacob, Fait à Fribourg, le 28/10/2012)

Contexte de l'étude :

La population de tétras lyre dans les Hautes-Fagnes a connu une spectaculaire expansion démographique dans les années 2010–2011, avec des effectifs de mâles comptés sur les places de chant qui sont passés de 9 à 21 mâles. Le but de cette étude était de déterminer si possible le nombre d'individus présents dans la population ainsi que de vérifier que tous les individus sont bien issus de reproduction d'individus de la population belge et non d'actions de renforcement de la population en utilisant des individus d'autres populations ou d'individus d'élevage.

Matériel et méthodes :

Au total 61 échantillons ont été collectés en 2011 et 2012 et stockés pour une partie (n= 41) dans des sacs plastiques étanches remplis avec de l'éthanol et pour une autre partie (n= 20) dans des tubes étanches remplis de gel de silica. Toutes les extractions d'ADN ont été réalisées avec le DNA Stool Kit (Strattec). Pour chaque échantillon, nous avons réalisé 4 amplification de chacun des 10 marqueurs microsatellites (Jacob *et al.* in prep). Un fragment d'ADN mitochondrial a aussi été séquencé, en utilisant la procédure décrite par Corrales (Corrales, Pavlovskaja & Höglund, in press).

Résultats :

Une première série d'extraction a eu lieu en 2011, qui visait à déterminer la possibilité d'utiliser les échantillons conservés dans l'éthanol dans le cadre d'étude génétique. Cette étude a cependant avorté, du fait que l'ADN extrait de la première série d'échantillons était trop dégradé pour permettre l'amplification d'ADN nucléaire. Seuls 6 échantillons ont donné un résultat exploitable (rapport 2011). Les échantillons ont cependant été séchés, puis conservés au congélateur afin de stopper la dégradation de l'ADN et ainsi garder la possibilité d'étudier l'ADN mitochondrial, généralement mieux conservé.

La deuxième série d'analyses a eu lieu en septembre 2012, en se basant sur les échantillons collectés pendant le printemps 2012 et conservés dans du gel de silica. Cette étude s'est révélée fructueuse, puisque 14 des 16 échantillons envoyés ont pu être amplifiés (succès d'amplification de 87.5 %). J'identifie six individus, 5 mâles et une femelle, observés 1 à 6 fois. Aucun des individus identifiés en 2011 n'est retrouvé parmi les échantillons collectés en 2012. Les numéros correspondent aux numéros des échantillons, l'individu Tt_2011_X01 correspond à un échantillon dont le numéro était illisible (numéro effacé sur le sachet plastique):

Le séquençage d'un fragment d'ADN a été effectué pour quatre individus du printemps 2011, les six individus identifiés dans les analyses 2012 et Tt_054. Tous les individus partagent le même haplotype, c'est-à-dire que les 11 séquences obtenues sont identiques. J'ai aussi comparé les séquences obtenues avec celle décrites par Carolina Corrales dans le cadre de sa thèse (Université d'Uppsala, thèse supervisée par Jacob Höglund). Pour cela, j'ai reconstitué un arbre phylogénétique décrivant les liens entre les haplotypes décrits par C. Corrales (Corrales, Pavlovskaja & Höglund, in press) et disponibles sur GenBank (JF440304, JF440311–JF440313, JF440315–JF440333), et l'haplotype identifié dans la présente étude. Les résultats de cette analyse (Figure 1) montrent que l'haplotype identifié dans la population des Hautes-Fagnes est unique, c'est-à-dire qu'il n'a pas été retrouvé dans les populations voisines des Alpes, d'Allemagne ou des Pays-Bas ou dans les populations plus distantes de Grande-Bretagne ou de Scandinavie.

Tableau II : Résumé des résultats du génotypage des échantillons collectés en 2011 et 2012. Les échantillons collectés au Drèlo (N° 46, 47 et 48) n'ont pas donné de résultat exploitable. Les échantillons 49 à 61 proviennent tous de la Fagne Wallonne, Arène de l'Oneux.

Individu	Sexe	#Obs	Echantillon du même ind
Tt_2011_043	(sexe indéterminé)	trouvé 1x	
Tt_2011_044	(sexe indéterminé)	trouvé 2x Fagne Deux séries, Durèt, Zone fraisée	Tt_2011_042 Fagne Deux séries, zone fraisée
Tt_2011_045	(sexe indéterminé)	trouvé 1x Oneux, début du bois, sur le caillebotis	
Tt_2011_X01	(sexe indéterminé)	trouvé 1x	
Tt_2012_049	(femelle)	trouvé 1x Oneux, point GPS ML 242	
Tt_2012_050	(mâle)	trouvé 2x Oneux, centre zone arène	Tt_2012_051
Tt_2012_052	(mâle)	trouvé 1x Oneux, côté bois	
Tt_2012_059	(mâle)	trouvé 1x Oneux côté fagne	
Tt_2012_053	(mâle)	trouvé 6x Oneux, côté fagne	Tt_2012_055, Tt_2012_056 Tt_2012_057 Tt_2012_058 Tt_2012_060 tous Oneux côté fagne
Tt_2012_061	(mâle)	trouvé 3x Oneux Quatre Hêtres	Tt_2012_062, Tt_2012_063
Tt_2012_054	(sexe indéterminé)	Oneux, côté bois	Génotype incomplet, mais échantillon utilisé pour séquençage ADN mitochondrial

Le séquençage d'un fragment d'ADN a été effectué pour quatre individus du printemps 2011, les six individus identifiés dans les analyses 2012 et Tt_054. Tous les individus partagent le même haplotype, c'est-à-dire que les 11 séquences obtenues sont identiques. J'ai aussi comparé les séquences obtenues avec celle décrites par Carolina Corrales dans le cadre de sa thèse (Université d'Uppsala, thèse supervisée par Jacob Höglund). Pour cela, j'ai reconstitué un arbre phylogénétique décrivant les liens entre les haplotypes décrits par C. Corrales (Corrales, Pavlovskaya & Höglund, in press) et disponibles sur GenBank (JF440304, JF440311–JF440313, JF440315–JF440333), et l'haplotype identifié dans la présente étude. Les résultats de cette analyse (Figure 1) montrent que l'haplotype identifié dans la population des Hautes-Fagnes est unique, c'est-à-dire qu'il n'a pas été retrouvé dans les populations voisines des Alpes, d'Allemagne ou des Pays-Bas ou dans les populations plus distantes de Grande-Bretagne ou de Scandinavie.

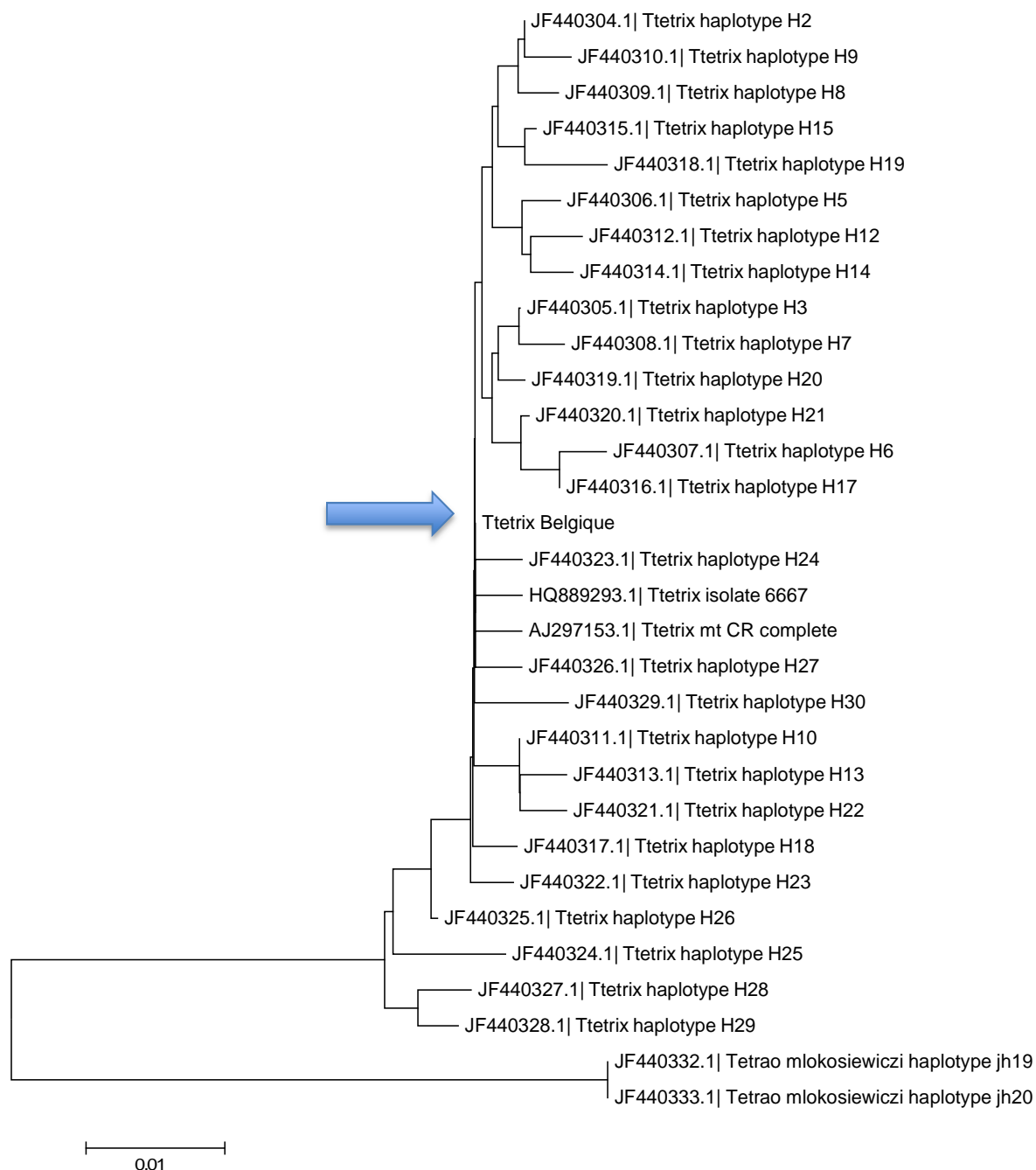


Figure 3 : : Arbre phylogénétique montrant les liens entre les différents haplotypes publiés par C. Corrales (H1 -> H30), l'haplotype identifié dans la présente étude et des séquences de l'espèce sœur, le Tétrás du Caucase (jh19 et jh20 utilisées comme références externes).

Discussion :

D'après les résultats de cette étude, il apparaît que tous les individus identifiés dans la population des Hautes-Fagnes portent le même haplotype et il semble que tous ces individus soient issus de la même population.

Plusieurs conditions sont nécessaires pour pouvoir exclure que des lâchers illégaux aient eu lieu. Tout d'abord, il fut un échantillonnage le plus complet possible de la population, ce qui n'est pas le cas dans cette étude, puisque seuls cinq mâles sur les 21 connus et une seule femelle ont pu être identifiés. Ensuite, dans le cas de lâchers de femelles, ces dernières transmettent leur ADN mitochondrial, ce qui laisse une signature aisément détectable par

analyses génétiques. Dans le cas présent, le fait que tous les individus identifiés partagent le même génotype suggérerait que (i) tous les individus sont issus d'une même population et proviennent tous d'un lâcher illégal, (ii) tous les individus sont issus d'une même population et ont tous immigrés dans la population des Hautes-Fagnes ou (iii) tous les individus proviennent de femelles apparentées issues de lâchers illégaux. Ces trois hypothèses semblent peu vraisemblables et peuvent probablement être exclues. Le dernier cas concerne le lâcher d'individus mâles, pour le quel il est difficile d'obtenir des preuves indirectes. En effet, les individus mâles ne transmettent pas leur ADN mitochondrial, seulement leur ADN nucléaire, ce qui rend la détection de tels événements plus complexe, à moins de capturer l'individu relâché (qui possède le même ADN mitochondrial, signature de sa population d'origine). Dans le cas présent, environ un quart de l'effectif de mâles présents dans la zone prospectée ont été « capturés » et tous possèdent le même haplotype. Pour expliquer un tel scénario, il faudrait, dans l'hypothèse de lâchers illégaux, que les mâles relâchés se soient reproduits et n'aient pas été capturés par la suite. Une telle action n'aurait pu être entreprise qu'au printemps 2010, c'est-à-dire juste avant la forte croissance démographique de la population des Hautes-Fagnes et ne serait certainement pas passée inaperçue (présence d'individus au comportement étrange). Il serait aussi difficilement explicable qu'aucun de ces mâles n'ait été capturé par la suite (échantillonnage sur ou à proximité des arènes de chant).

Malgré l'échantillonnage limité, on peut réfuter l'hypothèse selon laquelle une partie des individus identifiés seraient issus d'opération de lâchers illégaux. Il semble donc que la population belge ait connu une forte expansion démographique, qui pourrait être expliquée par des événements climatiques favorables et du fait des améliorations de l'habitat mises en œuvre dans le cadre du projet LIFE dans les Hautes-Fagnes.

4. Références

- Corrales C., M. Pavloska & J. Höglund (in press) Phylogeography and subspecies status of Black grouse, *Biological Journal of the Linnean Society*
- Höglund J., Larsson J.K., Jansmann H.A., Segelbacher G. (2007) Genetic variability in European black grouse (*Tetrao tetrix*). *Conserv Genet* 8 : 239-243.
- Loneux M. & Ruwet J.C. 1997 : Evolution des populations du tétras lyre *Tetrao tetrix* L. en Europe - un essai de synthèse. *Cahiers d'Ethologie*, 1997, 17 (2-3-4): 287-343.
- Seiler Ch., Angelstam P., Bergmann H.-H. (2000). Conservation release of captive-reared Grouse in Europe. What do we know and what do we need ? Actes du Colloque Tétrás Lyre, Liège 26-29 Septembre 2000. *Cahiers d'Ethologie* 20 (2-3-4): 235-252.
- Storch I. (2000) An overview to Population Status and Conservation of Black Grouse Worldwide. *Cahiers d'Ethologie*, 20 (2-3-4) : 153-164.
- Storch I. (2007) Grouse: Status Survey and Conservation Action Plan 2006-2010 IUCN, Gland, Switzerland and Cambridge, UK and World Pheasant Association, Fordingbridge, UK, 124p.
- Storch I., Ludwig T., Knauer F. (2009). Erfolgsaussichten einer Bestandesstützung für das Birkhuhn in der Rhön. Abschlußbericht für Regierung von Unterfranken, Würzburg. 52p.