

L'HYBRIDATION ENTRE CHIEN ET LOUP EN FRANCE

Sachant que le loup (*Canis lupus lupus*) peut s'hybrider naturellement avec le chien (*Canis lupus familiaris*), la convention de Berne a édicté, en novembre 2014, une recommandation incitant les Etats concernés à surveiller la présence éventuelle d'hybrides entre ces deux sous-espèces.

Dans le cadre de ses missions de suivi de la population de loup française, l'ONCFS a sollicité le laboratoire ANTAGENE. Ce laboratoire possède une expertise internationale en matière de diagnostic génétique sur les animaux et des compétences dédiées pour l'étude de l'hybridation chez différentes espèces. C'est à ce titre que 228 échantillons ont été confiés à ce laboratoire afin notamment d'évaluer le niveau d'hybridation de la population de loups en France.

Ces échantillons ont été choisis pour représenter un panel national d'animaux morts (52 animaux parmi ceux disponibles sur la période 2010 - 2017), de fèces, de poils ou d'urine, tous issus des collectes réalisées en nature durant la même période.

Deux types d'ADN sont présents dans un génome et chacun permet de renseigner une partie de l'histoire génétique de l'animal. L'ADN dit « mitochondrial » est héritée uniquement de la voie maternelle (transmise par l'ovule). La deuxième molécule d'ADN étudiée est dite « nucléaire » : elle est héritée pour moitié de chacun des deux parents. L'étude détaillée de l'ADN dans les échantillons analysés renseigne sur la carte d'identité individuelle de l'animal et sur une éventuelle hybridation. La plupart des cas identifiés en Europe montre un sens d'hybridation correspondant au cas de chiens s'accouplant avec des louves. Le produit d'un tel croisement aura donc un ADN mitochondrial de type loup, mais un ADN nucléaire mélangé entre les 2 sous-espèces. Dans le cas inverse (croisement chienne x loup), bien plus rarement signalé dans les études dédiées à l'hybridation, l'ADN mitochondrial est de type chien, l'ADN nucléaire étant aussi mélangé.

Le loup et le chien étant apparentés, ils sont très proches sur le plan génétique : ils ont plus de 99% de leur ADN en commun. Il n'est pas possible dans ce cas de disposer de marqueurs génétiques totalement différenciés entre eux, et qui permettraient d'estimer une proportion de génome de chien chez un loup. Une telle approche, qui chercherait à mesurer le % de mélange entre les génomes des deux sous espèces, ne serait donc que peu résolutive sur le plan scientifique.

CONTACT

David GAILLARDON

Responsable communication

david.gaillardon@oncfs.gouv.fr

L'ONCFS est un établissement public sous tutelle des ministères en charge de l'Ecologie et de l'Agriculture

www.oncfs.gouv.fr

Face à ces limites méthodologiques, la seule méthode fiable compare statistiquement la composition génétique de l'échantillon analysé à celle de populations de référence de loup, de chien, et des mélanges possibles issus de l'hybridation des deux. Pour cela, le laboratoire ANTAGENE a constitué une population de référence de chiens et de loups aussi large et hétérogène que possible, incluant des animaux de toutes origines afin d'être représentatifs. Le laboratoire ANTAGENE a mis au point un panel de 22 marqueurs génétiques, dont l'utilisation combinée permet non seulement d'établir des empreintes génétiques individuelles fiables, c'est-à-dire distinguer les différents animaux en présence, mais aussi d'estimer la probabilité qu'un individu soit issu d'une hybridation. Cette méthodologie a été développée spécifiquement pour disposer d'un outil puissant de détection des hybrides dits de 1^{ère} et 2^{ème} génération. En revanche il n'est pas possible, quelle que soit la méthode utilisée, de caractériser de manière fiable et précise les cas d'hybridation plus ancienne qui dateraient de générations précédentes.

La qualité du diagnostic final va dépendre d'abord de la qualité de l'échantillon. Ces échantillons ont été collectés par le réseau Loup-Lynx de l'ONCFS et conditionnés selon des protocoles éprouvés permettant d'en garantir la traçabilité et d'éviter les contaminations génétiques croisées entre eux.

De manière générale, les échantillons collectés en nature (crottes, poils, urine) présentent toujours une faible quantité et qualité d'ADN. La qualité du diagnostic final va donc également dépendre de la qualité de l'empreinte génétique obtenue par les analyses de laboratoire. Les échantillons doivent faire l'objet d'un protocole d'analyse spécifique très rigoureux. Pour être certain d'obtenir des résultats en lesquels avoir vraiment confiance, chaque échantillon a été analysé 4 fois indépendamment.

De plus, une empreinte partiellement renseignée ne permettra pas un diagnostic fiable de l'individu, et encore moins de l'hybridation potentielle. Pour l'analyse de l'hybridation potentielle, n'ont été retenus que les échantillons présentant des empreintes génétiques suffisamment documentées, c'est-à-dire avec au moins 17 marqueurs renseignés sur les 22 analysés. Des études scientifiques ont en effet démontré qu'avec moins de 12 marqueurs on risque de conclure à tort à la présence d'hybrides.

Enfin, des modèles statistiques ont été spécifiquement élaborés à partir de 20 cycles de 100 000 simulations informatiques chacun, pour calculer la probabilité qu'une empreinte génétique observée dans chaque échantillon analysé corresponde à celle d'un loup, d'un chien, ou d'un hybride.

CONTACT

David GAILLARDON

Responsable communication

david.gaillardon@oncfs.gouv.fr

L'ONCFS est un établissement public sous tutelle des ministères en charge de l'Ecologie et de l'Agriculture

www.oncfs.gouv.fr

A partir des 228 échantillons envoyés à ANTAGENE, 130 individus différents ont été identifiés et ont pu faire l'objet d'une analyse d'hybridation (certains excréments provenant en fait du même animal, ou d'autres espèces, dont des chiens, des renards ...etc.)

Parmi les 130 individus restants, les analyses du laboratoire ANTAGENE ont montré que :

- **120 sont des loups, tous de lignée génétique italienne**
- **2 ont des signatures génétiques qui correspondraient à des hybrides de 1ère génération**
- **8 ont des signatures génétiques qui correspondraient à une hybridation plus ancienne**

Ainsi sur la base de ces analyses représentatives de l'ensemble du territoire national, 92,5% des 130 individus analysés sont des loups non hybridés ; l'hybridation récente (de 1ère génération) concerne 1,5% des animaux ; 6% sont concernés par de l'hybridation plus ancienne.

Ces derniers (hybridation plus ancienne) présentent 10 à 20% de chance/risque de provenir d'une hybridation. Bien que faible, ce niveau de risque reste statistiquement compatible avec la signature génétique d'une hybridation plus ancienne de type 2^{ème} ou 3^{ème} génération.

Le taux d'individus avec traces d'hybridation ici mis en évidence ici est similaire aux résultats déjà obtenus dans plusieurs pays d'Europe. Les proportions d'hybrides y sont en général également assez faibles, comprises entre 2 et 10%, sauf rares exceptions.

Le descriptif exhaustif des méthodes utilisées, garant de la fiabilité scientifique des résultats obtenus, et le détail de ces résultats sont consultables dans le rapport du laboratoire sur le site internet de l'ONCFS.

CONTACT

David GAILLARDON

Responsable communication

david.gaillardon@oncfs.gouv.fr

L'ONCFS est un établissement public sous tutelle des ministères en charge de l'Ecologie et de l'Agriculture

www.oncfs.gouv.fr