

Bilan génétique des populations d'écrevisses autochtones de Haute-Savoie



crédits photo : P. Huchet - FDPPMA74

Ecrevisse des torrents (*Austropotamobius torrentium*)
- R. de Marsin (Haute-Savoie) -



crédits photo : P. Huchet - FDPPMA74

Ecrevisse à pieds blancs (*Austropotamobius italicus meridionalis*)
- R. de Lénard (Haute-Savoie) -



crédits photo : P. Huchet - FDPPMA74

Ecrevisse à pieds blancs (*Austropotamobius pallipes*)
- R. de Neydens (Haute-Savoie) -

Rédaction : Frédéric GRANDJEAN (UNIVERSITE DE POITIERS, Département de Biologie des Organismes et des Populations, Ecologie, Evolution Symbiose UMR 6556) – Décembre 2012

Frédéric GRANDJEAN Professeur -

tel.: +33 (0)5.49.45.42.76 fax.: +33 (0)5.49.45.40.15
e-mail : frederic.grandjean@univ-poitiers.fr
URL : <http://labo.univ-poitiers.fr/umr6556>

Poitiers, lundi 17 décembre 2012

Rapport sur la diversité génétique des populations d'écrevisses à pattes blanches de Haute-Savoie Préambule :

L'écrevisse à pattes blanches forme un complexe d'espèces constitué d'un complexe de deux espèces, *Austropotamobius pallipes* distribuée en France, Irlande, Angleterre et nord de l'Italie et *Austropotamobius italicus*, que l'on trouve en Italie, Balkans, Autriche, Suisse (Grandjean et al, 2000). Basée sur le séquençage de deux gènes mitochondriaux et sur des données morphologiques, une nouvelle classification a été proposée, à l'échelle européenne, reposant sur l'existence de deux espèces *A. pallipes* et *A. italicus* et de quatre sous-espèces, *A. i. carinthiacus*, *A. i. meridionalis*, *A. i. carsicus* et *A. i. italicus*. Des études précédentes ont révélé qu'il existait des transferts fréquents de populations à travers l'Europe. Dans une problématique de conservation d'espèce menacée, il s'avère donc indispensable de procéder à l'identification des entités taxonomiques à sein du complexe d'espèces afin de caractériser l'appartenance des populations à une entité phylogénétique ou taxonomique. De plus la caractérisation de la variabilité génétique au sein des populations permet de désigner les populations les plus diversifiées donc celles devant faire l'objet de statut de protection fort.

I - Détermination du statut de chaque population

Cette étude a permis de préciser le statut taxonomique des individus analysés. 29 populations ont été analysées (voir Tableau ci-dessous).

L'analyse a porté sur le séquençage de deux gènes mitochondriaux codant pour l'ARN 16S et la cytochrome Oxydase I, ce qui correspond à des séquences de l'ordre de 500 nucléotides.

Le gène codant pour ARN16S a permis de préciser le statut taxonomique des individus en comparant les séquences obtenues à celles de la littérature.

	Number of ind.	Haplotypes 16S	Espèce
1 Ruisseau des Tenalles	15	Ht 2 Sav	<i>A. pallipes</i>
2 Les Courbes	15	Ht 13 Sav (5), Ht 16 Sav (8) & Ht 20 Sav (2)	<i>A. italicus meridionalis</i>
3 Vignes	15	Ht 13 Sav (3) & Ht 16 Sav (12)	<i>A. italicus meridionalis</i>
4 Marsin	15	AT Savoie	<i>A. torrentium</i>
5 Cernex	15	Ht 2 Sav	<i>A. pallipes</i>
6 Vergone	15	Ht 2 Sav	<i>A. pallipes</i>
7 Crys	15	Ht 2 Sav	<i>A. pallipes</i>
8 Nant d'hiver	15	Ht 2 Sav	<i>A. pallipes</i>
9 Bois des fous	15	Ht 2 & Ht 14 Sav	<i>A. pallipes</i>
10 Ruisseau de Côte Merle	15	Ht 2 Sav	<i>A. pallipes</i>
11 ruisseau de Biolley	15	Ht 2 Sav	<i>A. pallipes</i>
12 Ruisseau de Vengeur	15	Ht 2 Sav	<i>A. pallipes</i>
13 Ruisseau de La Ravoire	15	Ht 2 Sav	<i>A. pallipes</i>
14 Ruisseau des Chenets	15	Sav2	<i>A. italicus meridionalis</i> & <i>A. pallipes</i>
15 Ramaz	15	Ht 14 Sav	<i>A. pallipes</i>
16 Cheminée longue	15	Ht 14 Sav	<i>A. pallipes</i>
17 Frasses	15	Ht 2 Sav	<i>A. pallipes</i>
18 Bediaire	15	Ht 2 Sav	<i>A. pallipes</i>
19 Neydens	15	Ht 2 Sav	<i>A. pallipes</i>
20 Le Parmand	15	Ht 2 Sav	<i>A. pallipes</i>
21 Belle Fontaine	15	Ht 13 Sav (3), Ht 16 Sav (10) & Ht 2 Sav (2)	<i>A. pallipes</i> & <i>A. i. meridionalis</i>
22 Bonnégûte	15	Ht 16 Sav (9) & Ht 20 Sav (6)	<i>A. italicus meridionalis</i>
23 Lenard	15	Ht 16 Sav (15)	<i>A. italicus meridionalis</i>
24 Poisu	15	Ht 2 Sav	<i>A. pallipes</i>
25 Chamaloup	6	Ht 2 Sav	<i>A. pallipes</i>
26 Bougy	11	Ht 2 Sav	<i>A. pallipes</i>
27 Veise	15	Ht 2 Sav	<i>A. pallipes</i>
28 Trainant	15	Ht 2 Sav	<i>A. pallipes</i>
29 Drainan	15	Ht 2 Sav	<i>A. pallipes</i>

Pour le traitement des données les gaps de séquence ont été conservés. Ainsi pour l'ensemble des individus testés, 6 haplotypes ont été retrouvés (profil génétique pour le gène 16ARN 16 S). Selon l'arbre phylogénétique qui tient compte de l'ensemble des données publiées pour ce gène, 3 espèces sont présentes dans l'échantillonnage : *A. torrentium* avec 1 haplotype, *A. pallipes* avec 2 haplotypes et *A. italicus* sous espèce *meridionalis* avec 3 haplotypes. Les populations des Courbes, Vignes, Chenets, Bonnégûte et Lenard abritent l'espèce *A. italicus meridionalis*. La population de Belle Fontaine et des Chenets sont des populations mixtes avec *A. pallipes* et *A. italicus meridionalis*.

La population du Marsin constitue donc la seconde population d'*A. torrentium* en France ce qui en fait une population remarquable.

Les données concernant le gène de la cytochrome oxydase I montrent que la population des Courbes abrite les trois haplotypes recensés pour l'ensemble des individus *A. i. meridionalis*. Cela pourrait correspondre à la population initialement introduite en Savoie.

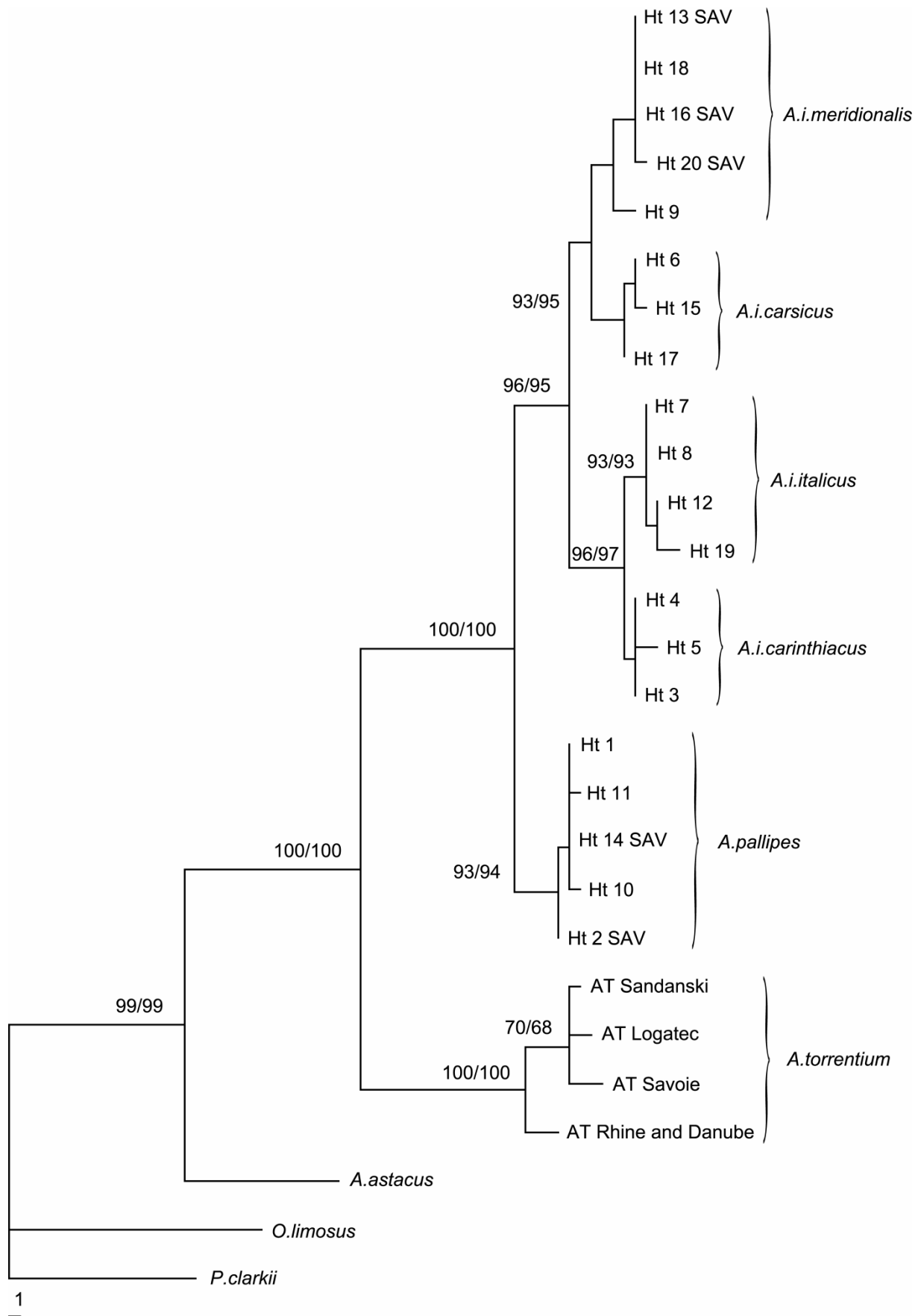


Figure 1 : Arbre phylogénétique construit à partir des séquences obtenues de l'ARN16S. Les haplotypes retrouvés dans cette étude sont codifiés par le sigle SAV.

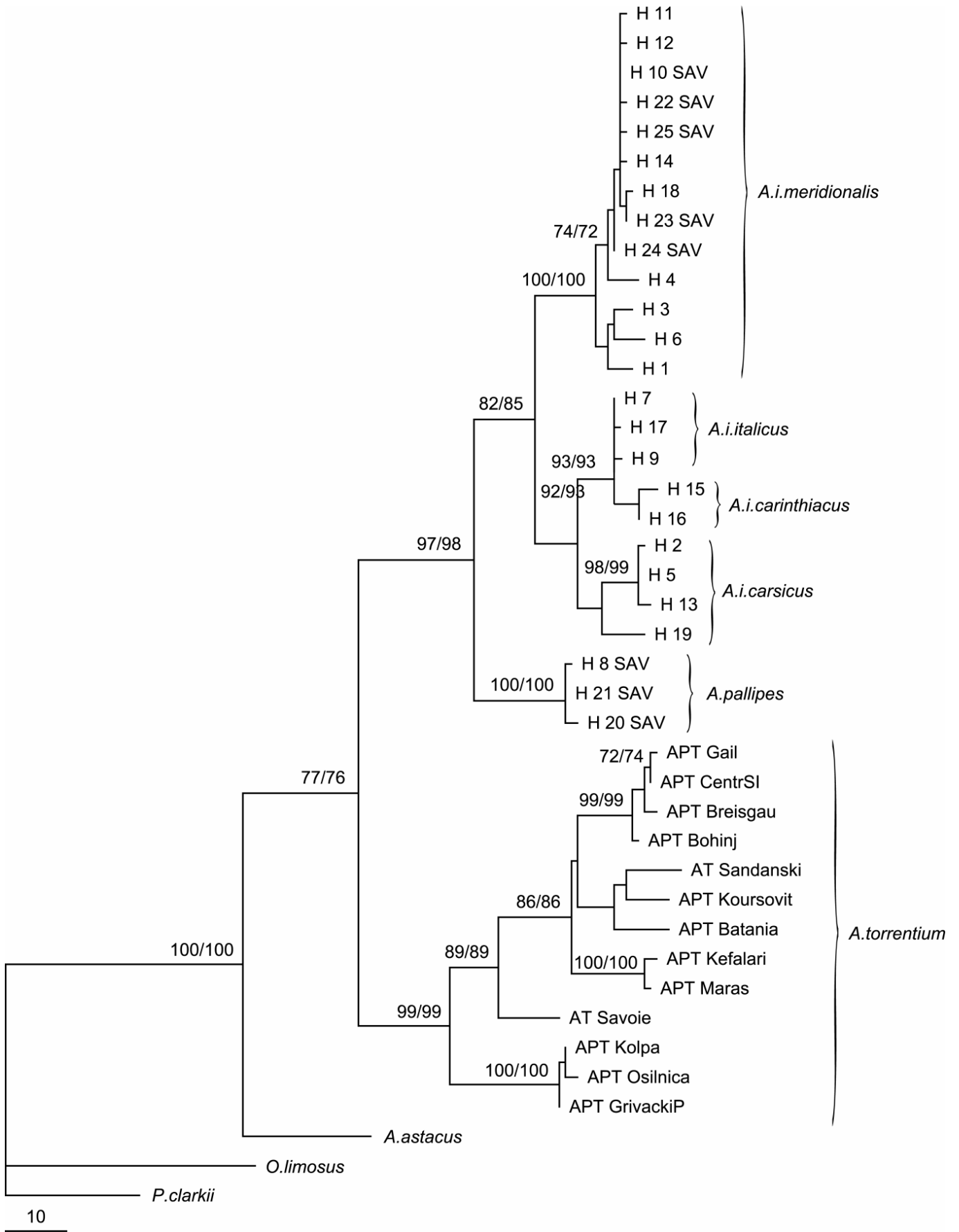
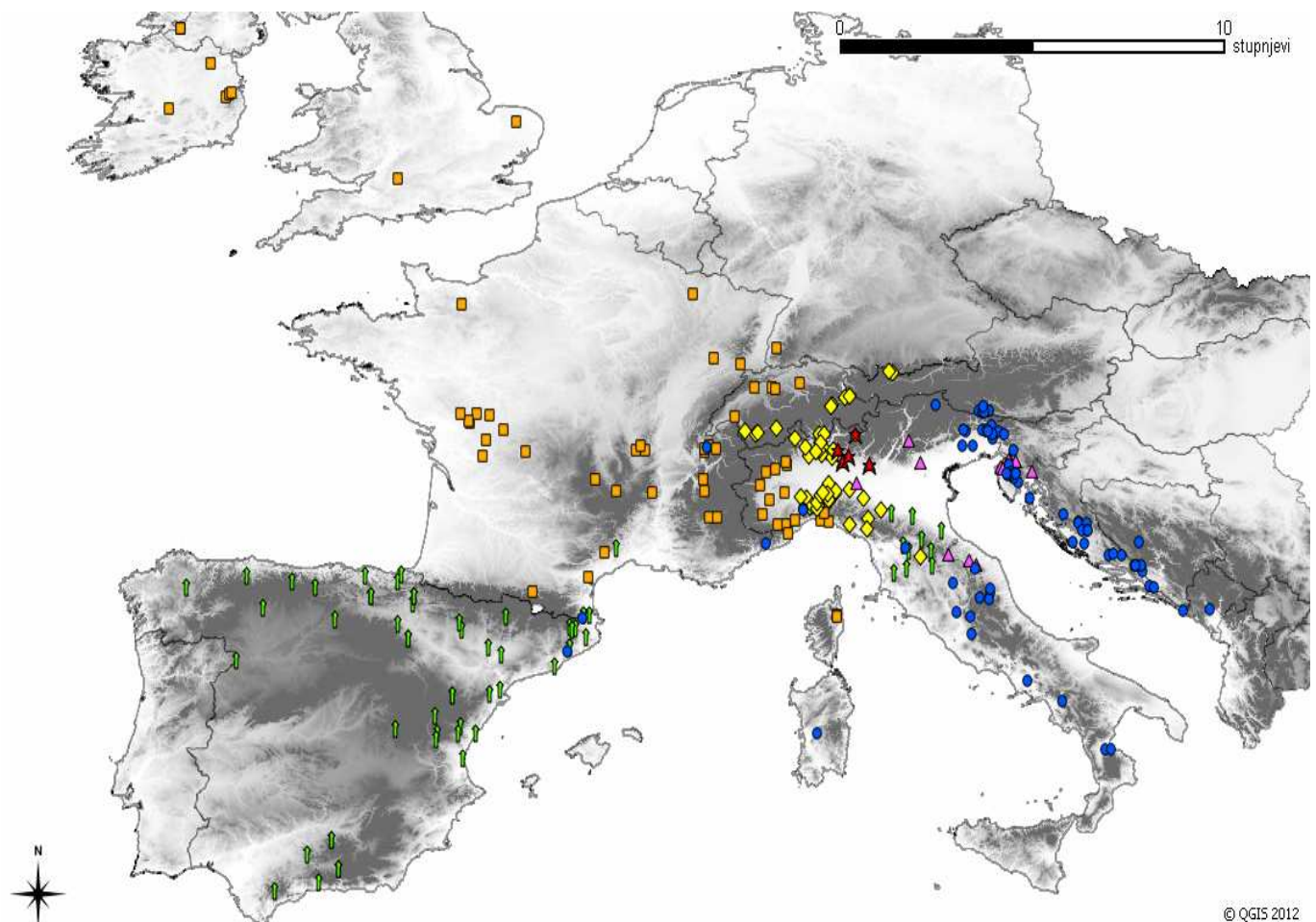


Figure 2 : Arbre phylogénétique construit à partir des séquences obtenues du gène COI. Les haplotypes retrouvés dans cette étude sont codifiés par le sigle SAV.



Légende carrés oranges - *A.pallipes*
 cercles bleus- *A.i.meridionalis*
 triangles roses - *A.i.carsicus*
 carrés jaunes - *A.i.carinthiacus*
 étoiles rouges - *A.i. "carsicus"* (nouveau groupe d'Adda River)
 flèches vertes - *A.i.italicus*
 (carte à ne pas diffuser autre que ce rapport)

Figure 3 : Carte de répartition des groupes du complexe « écrevisses à pattes blanches » définis à partir des données de séquences du gène mitochondrial COI.

Les résultats du COI nous montrent que l' haplotype retrouvé pour *A. torrentium* est un groupe bien différencié de ce qui avait déjà été publié dans la littérature. Cependant, cet haplotype a été récemment trouvé en Croatie (Jelic, com. pers.) (Fig 3). Ainsi, ces résultats montrent une probable introduction à partir d'individu *A. torrentium* de ce pays. Les résultats concernant le COI révèlent que des introductions *A. i. meridionalis* ont également été effectuées en Haute-Savoie à partir d'un nombre important d'individus puisqu'une grande diversité existe avec 5 haplotypes recensés. Cette origine est liée à des transferts en provenance d'Italie du Sud et non de la partie des Balkans où cette sous- espèce est présente. La population des Courbes possède 5 haplotypes COI ce qui lui confère la plus forte diversité. Elle est probablement à l'origine de la présence de cette espèce dans ce département. Les résultats COI vont dans le même sens que les données issues du gène 16 S RNA à savoir que la population des Courbes est la plus diversifiée. Parmi les populations renfermant *A. pallipes*, les données COI révèlent qu'un haplotype (H 8 Sav, fig 2) est majoritaire voir exclusif pour la majeure partie des populations ce qui traduit une

ressemblance génétique entre ces populations. Seule la population de Tenalles abrite deux haplotypes (H 8 Sav & H 20, fig 2). La population du Chenet à majorité constituée d'*A. i. meridionalis*, abrite l'haplotype H 21 Sav.

Cette étude a révélé l'existence de plusieurs espèces dans le département, dont deux proviennent de transfert à l'échelle européenne, *A. torrentium* et *A. italicus*. Il devient donc urgent de mettre en place une gestion concertée de ces populations pour éviter de constituer des cheptels mixtes (en cas de renforcement de populations) car il est possible que les hybrides ne soient pas féconds. Une perspective d'étude des phénomènes d'hybridation au sein des deux populations mixtes pourrait permettre enfin d'éclaircir les liens entre espèces. Cette région possède une biodiversité remarquable tant d'un point de vue espèces que d'un point de vue génétique.