

# Génétique des populations du Grand rhinolophe (*Rhinolophus ferrumequinum*)



Orianne Tournayre

Co-directrices de thèse: N. Charbonnel (CBGP-INRA) & D. Pontier (LBBE-ECOFACT)

Partenaire : Poitou-Charentes Nature

# Le Grand rhinolophe (*Rhinolophus ferrumequinum*)



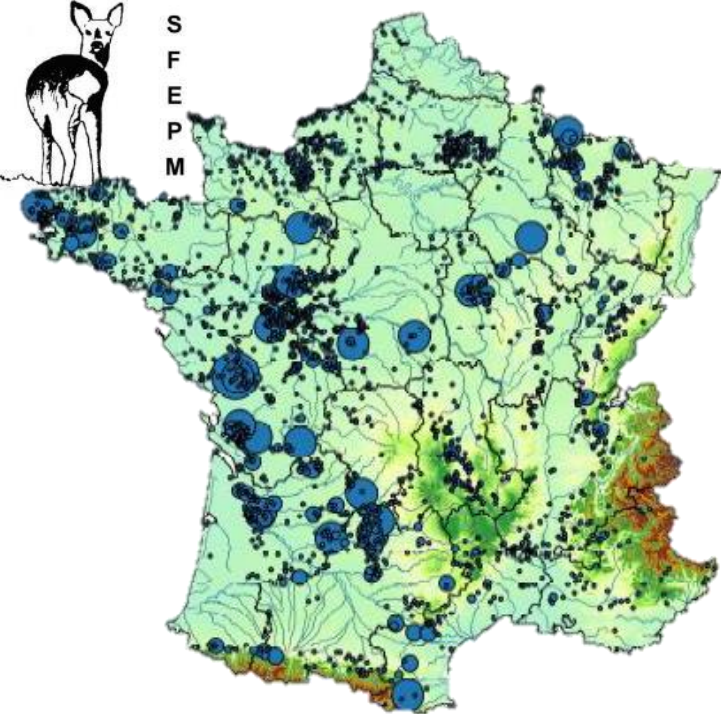
Distribution actuelle du Grand rhinolophe ( ■ )



➔ Fort déclin en Europe au XXème siècle

→ Surtout au Nord de son aire de répartition : Belgique, Luxembourg,...

(Stebbing & Griffith 1986)

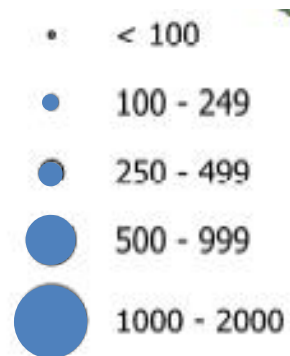


Situation en France

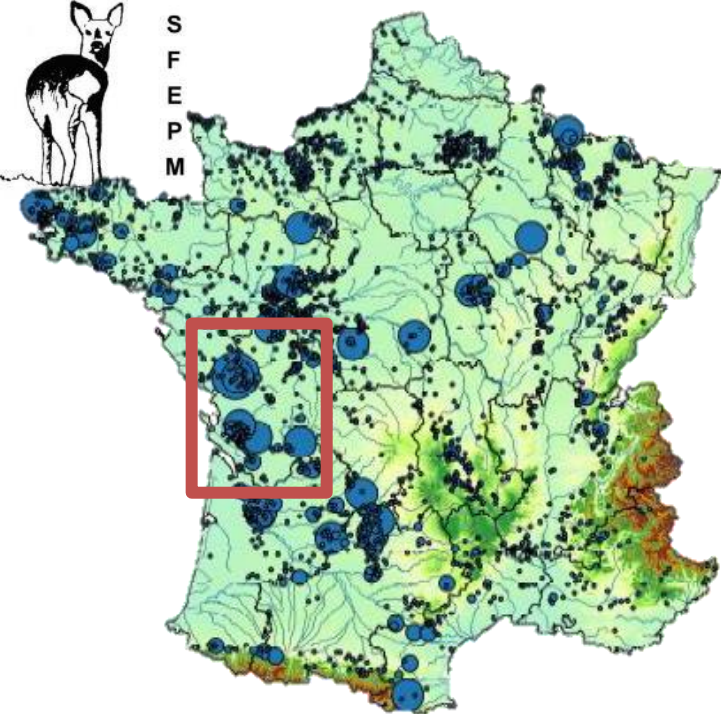
Distribution hétérogène des effectifs



Effectifs des sites d'hibernation (2014)



Concentration des effectifs le long de la façade Ouest



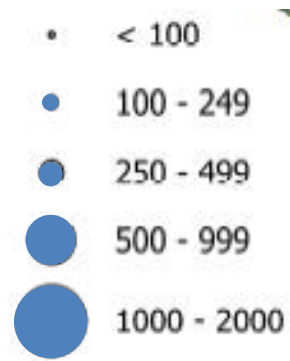
Situation en Poitou-Charentes

4ème population hibernante de France

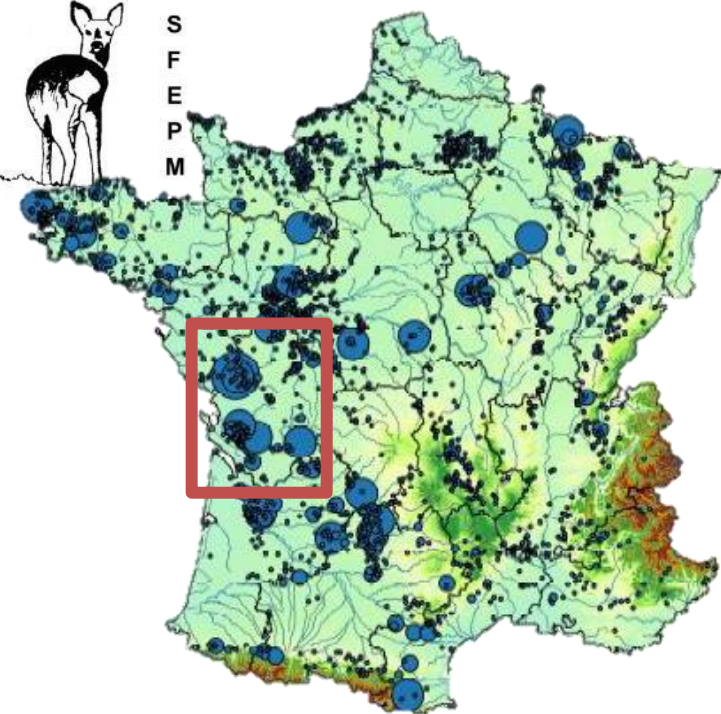


Comptages: déclin de 30% ces 15 dernières années

Effectifs des sites d'hibernation (2014)



# Le Grand rhinolophe (*Rhinolophus ferrumequinum*)



Situation en Poitou-Charentes

4ème population hibernante de France

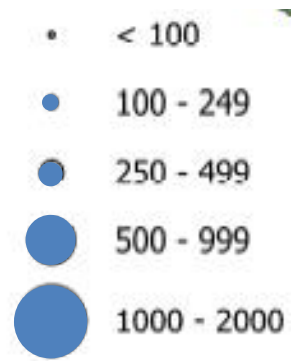


Comptages: déclin de 30% ces 15 dernières années



Fort enjeu de conservation

Effectifs des sites d'hibernation (2014)





Causes principalement anthropiques

- Rénovation des bâtiments, condamnation des accès aux gîtes ...  
**Disparition ou altération des gîtes**

## Le Grand rhinolophe (*Rhinolophus ferrumequinum*)



Causes principalement anthropiques

- Rénovation des bâtiments, condamnation des accès aux gîtes ...  
Disparition ou altération des gîtes
- Traitement des charpentes, traitements antiparasitaires, pesticides  
Contamination directe et indirecte, diminution de proies



Causes principalement anthropiques

- Rénovation des bâtiments, condamnation des accès aux gîtes ...  
Disparition ou altération des gîtes
- Traitement des charpentes, traitements antiparasitaires, pesticides  
Contamination directe et indirecte, diminution de proies
- Pratiques agricoles et infrastructures de transport  
Modifications du paysage : barrière à la dispersion, ...



## Le Grand rhinolophe (*Rhinolophus ferrumequinum*)



Distance courte d'écholocation  $\approx 10\text{m}$  (Ortega et al. 2016)



Nécessite paysage structuré

(Le Roux et al. 2017, Froidevaux et al. 2017)

## Le Grand rhinolophe (*Rhinolophus ferrumequinum*)



→ Distance courte d'écholocation  $\approx 10\text{m}$  (Ortega et al. 2016)



Nécessite paysage structuré

(Le Roux et al. 2017, Froidevaux et al. 2017)



Ne franchit pas trouée d'haie  $> 50\text{m}$

(Pinaud et al. 2018)



Plaine agricole sans repère = potentielle barrière à sa dispersion

## Le Grand rhinolophe (*Rhinolophus ferrumequinum*)



→ Distance courte d'écholocation  $\approx 10\text{m}$  (Ortega et al. 2016)



Nécessite paysage structuré

(Le Roux et al. 2017, Froidevaux et al. 2017)



Ne franchit pas trouée d'haie  $> 50\text{m}$

(Pinaud et al. 2018)



Plaine agricole sans repère = potentielle barrière à sa dispersion



Isolement des populations, perte de variation génétique : risque d'extinction locale

(Franckham, 2005)



Modèle biologique nocturne, volant, cycle de vie particulier, ...



Approches traditionnelles de suivi peu applicables (O'shea et al. 2003)



Inférences indirectes via la génétique des populations



Risque génétique d'extinction locale ?

Diversité génétique des colonies

Echelle de dispersion? Barrières à la dispersion?

Différentiation génétique entre colonies

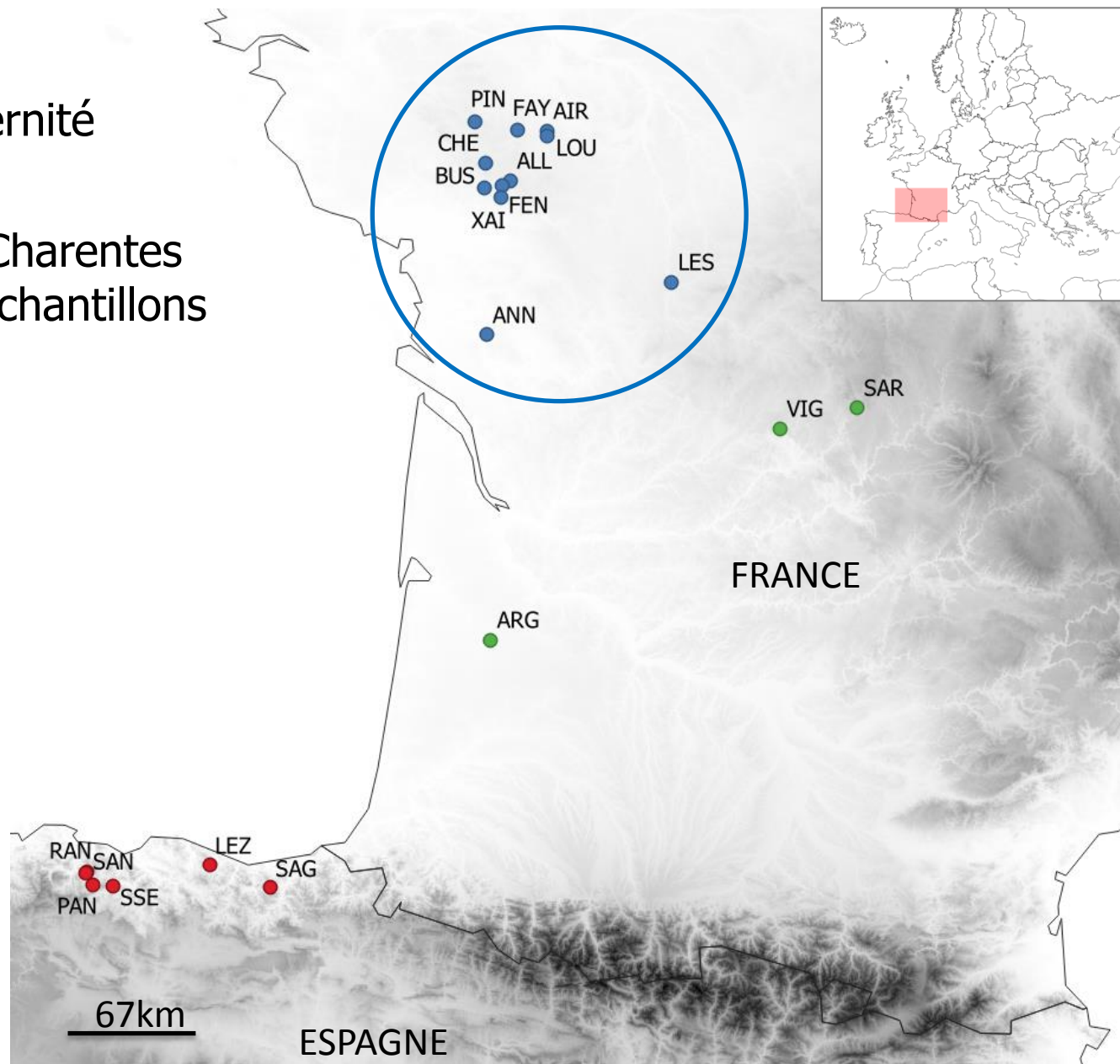
Déclin des populations?

Signaux démographiques de réduction d'effectifs

Inférences indirectes via la génétique des populations

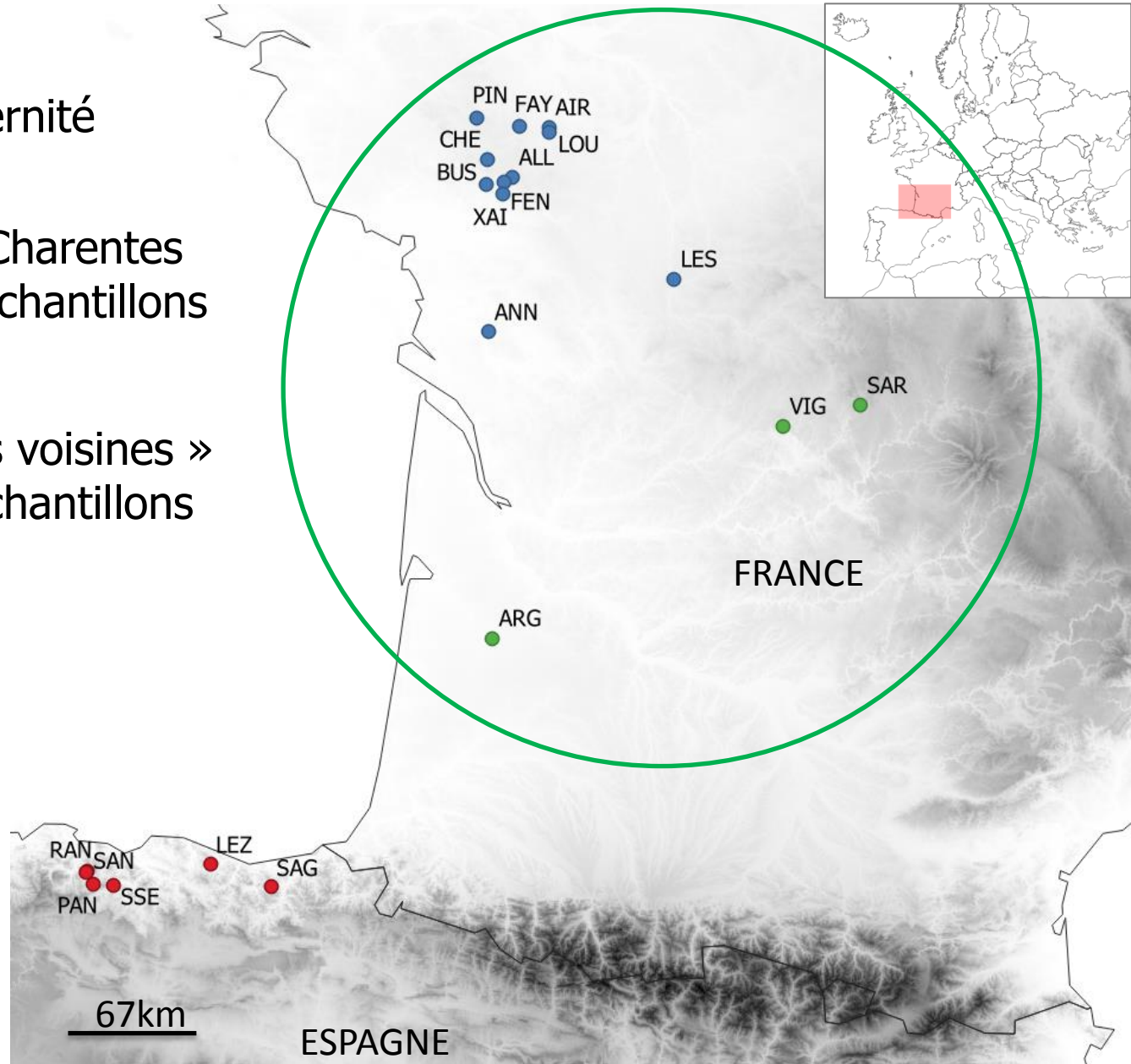
Colonies de maternité

- 14 sites Poitou-Charentes = 524 échantillons



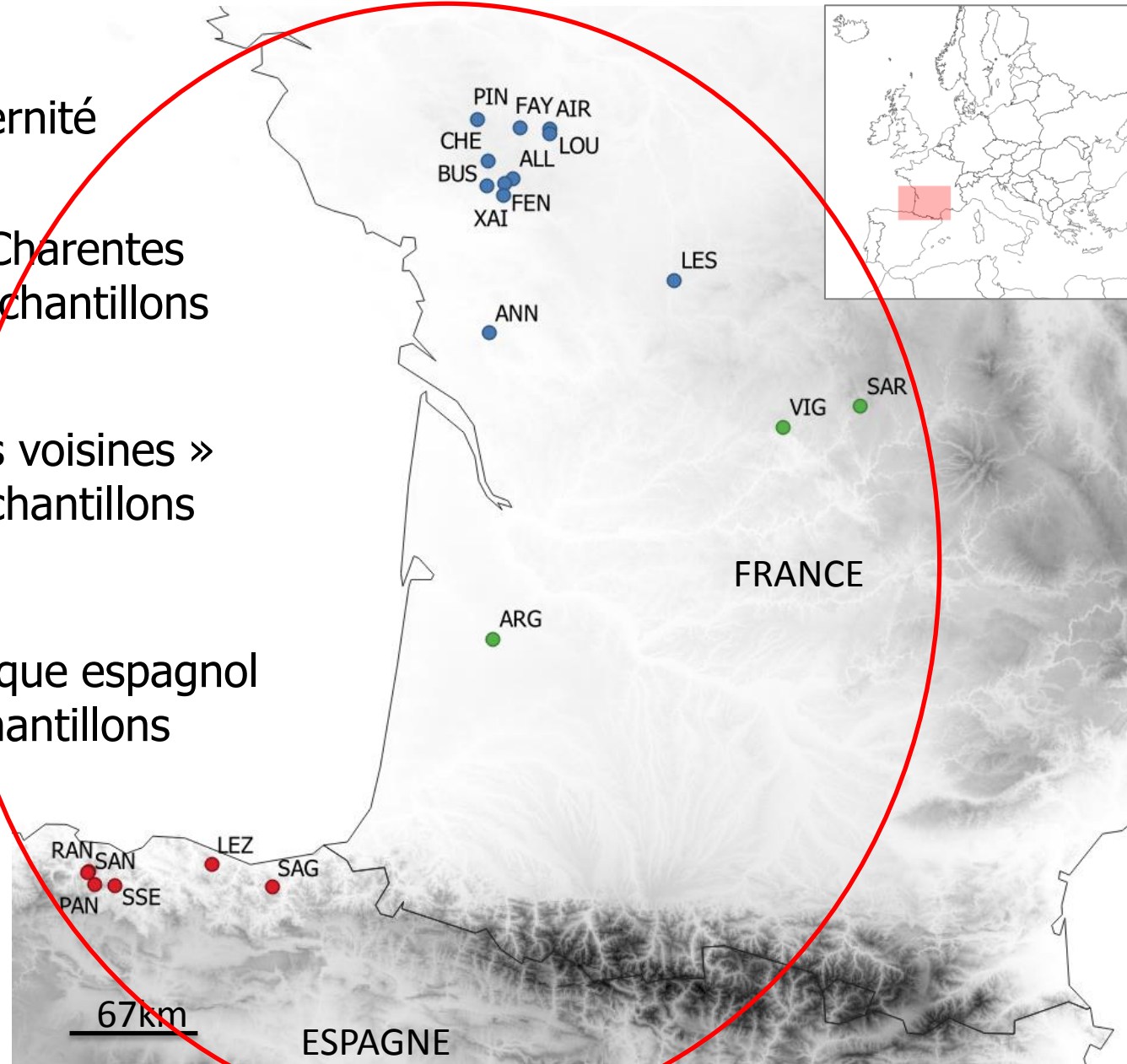
## Colonies de maternité

- 14 sites Poitou-Charentes = 524 échantillons
- 3 sites « régions voisines » = 145 échantillons



## Colonies de maternité

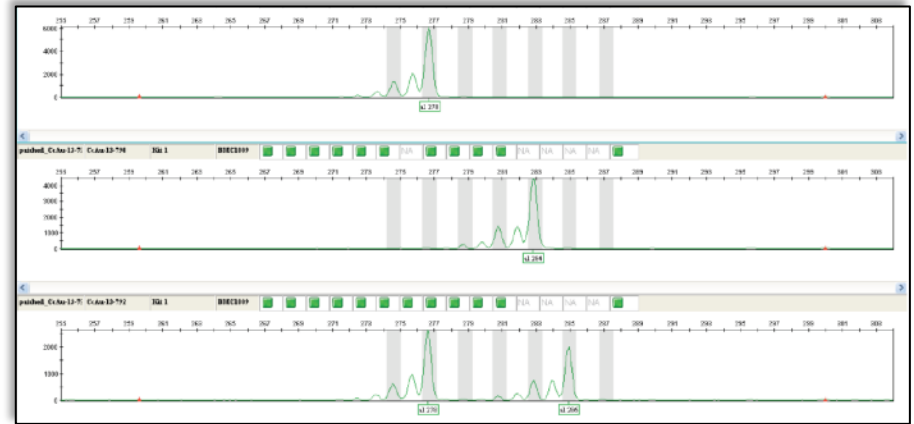
- 14 sites Poitou-Charentes = 524 échantillons
- 3 sites « régions voisines » = 145 échantillons
- 6 sites Pays Basque espagnol = 59 échantillons







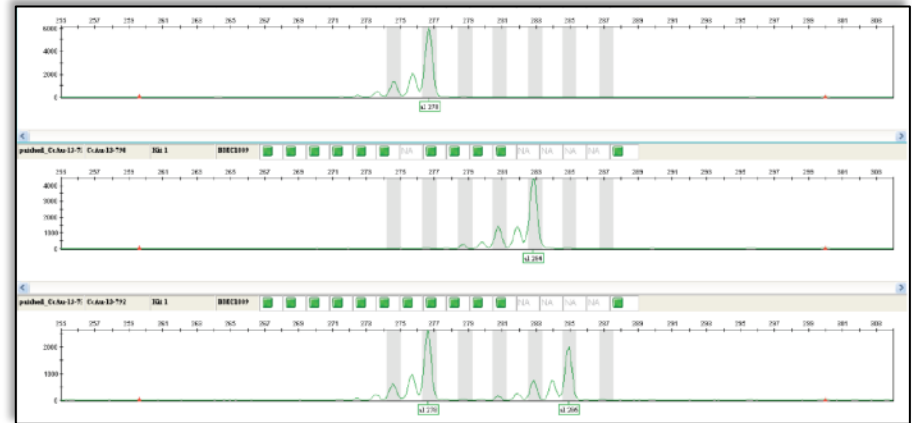
727 individus échantillonnés



Génotypage  
14 marqueurs microsatellites



727 individus échantillonnés



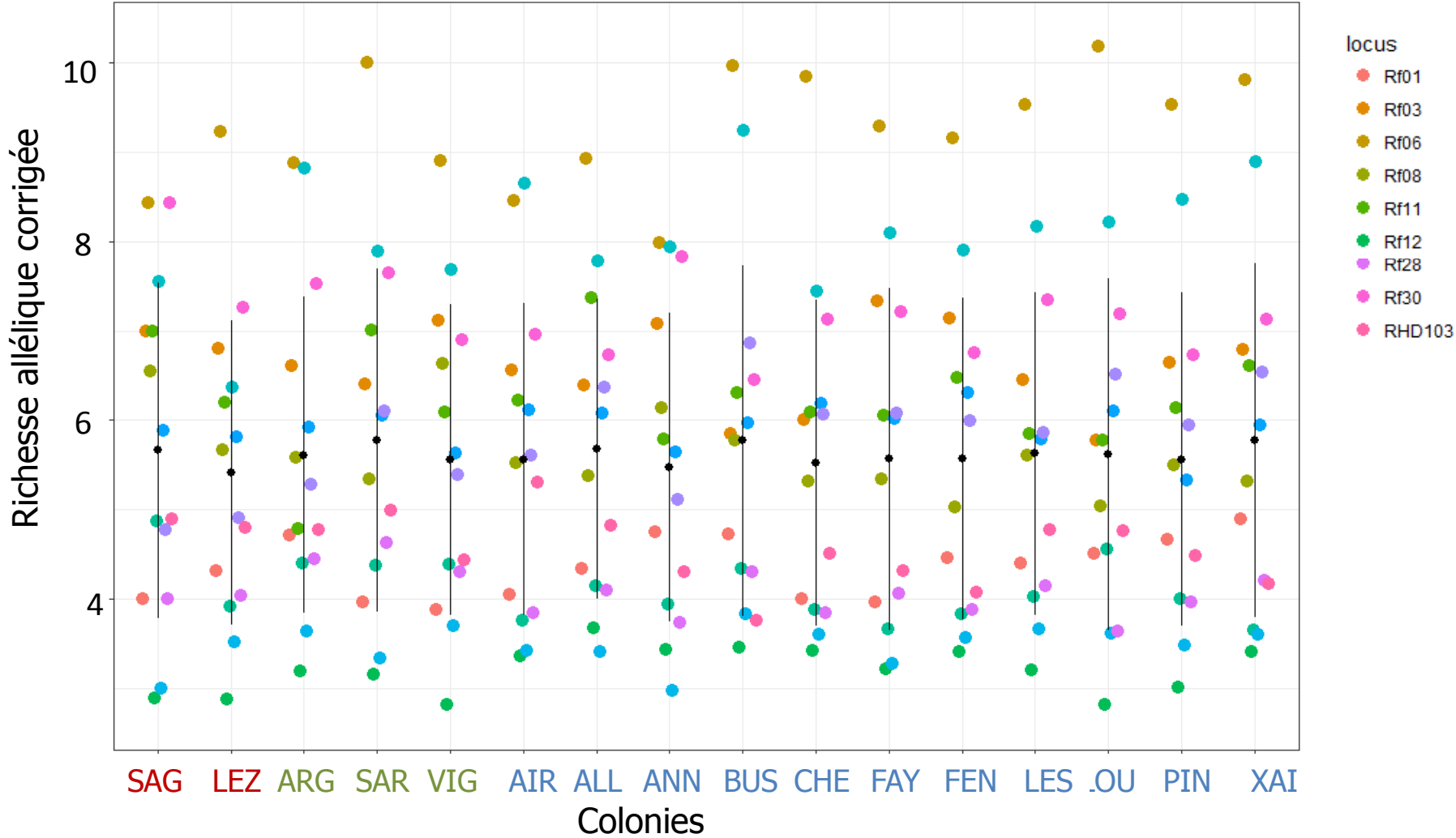
Génotypage  
14 marqueurs microsatellites



Diversité génétique au sein des colonies

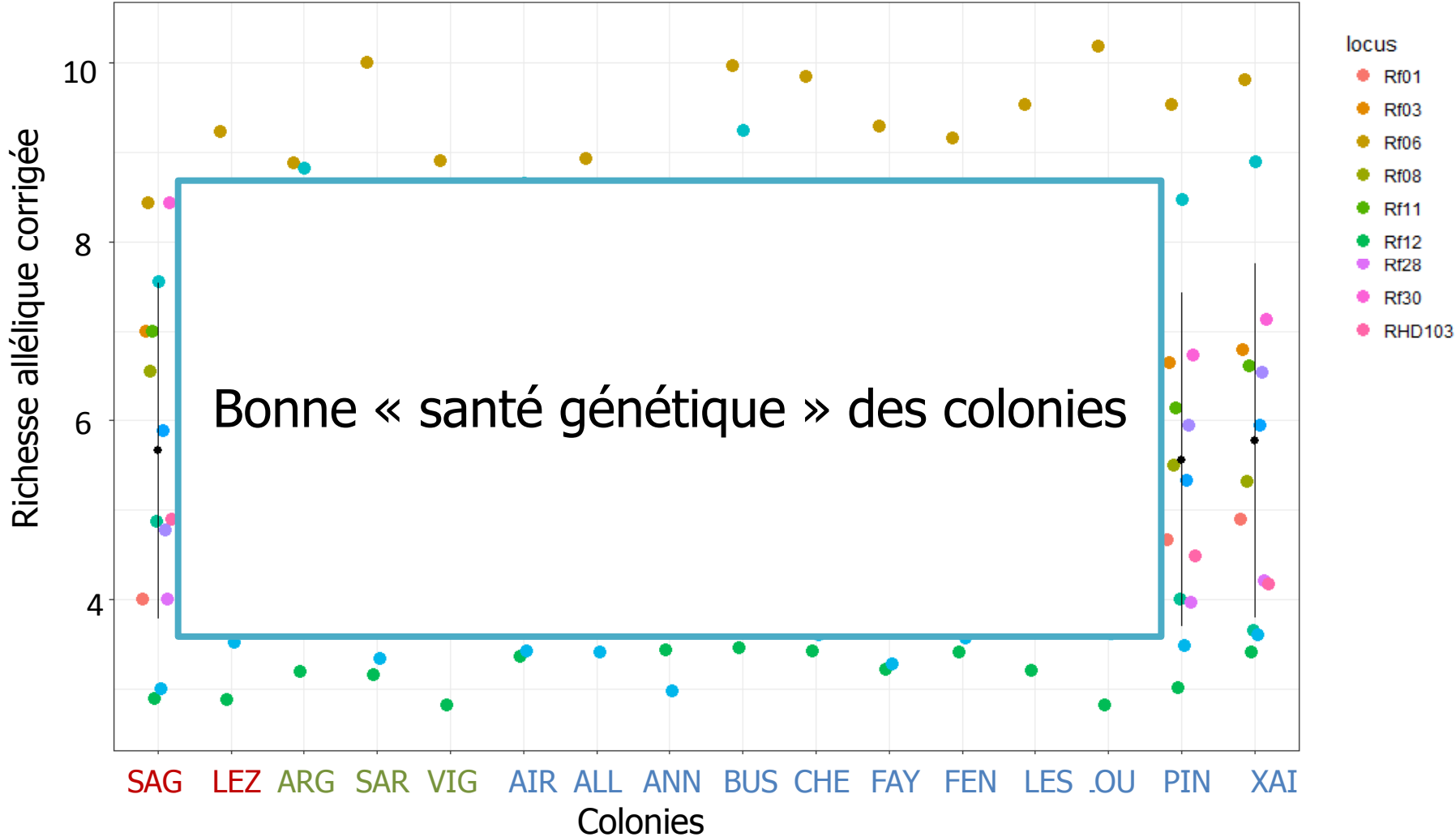
Différentiation génétique entre colonies

Signaux démographiques de réduction d'effectifs passés



➡ Richesse allélique moyenne élevée

➡ Homogène entre colonies et entre zones (Wilcoxon,  $p > 0.8$ )



➡ Richesse allélique moyenne élevée

➡ Homogène entre colonies et entre zones (Wilcoxon,  $p > 0.8$ )

# Génétique des populations : Différenciation génétique entre colonies

## → Groupes génétiques

→ Logiciel STRUCTURE avec le LOCPRIOR (Pritchard et al., 2000 ; Hubisz et al., 2009)

→ K=1 à K=21

# Génétique des populations : Différenciation génétique entre colonies

## → Groupes génétiques

→ Logiciel STRUCTURE avec le LOCPRIOR (Pritchard et al., 2000 ; Hubisz et al., 2009)

→ K=1 à K=21

■ Groupe 1  
■ Groupe 2



Pays  
Basque  
esp.

'Régions voisines'

Poitou-Charentes

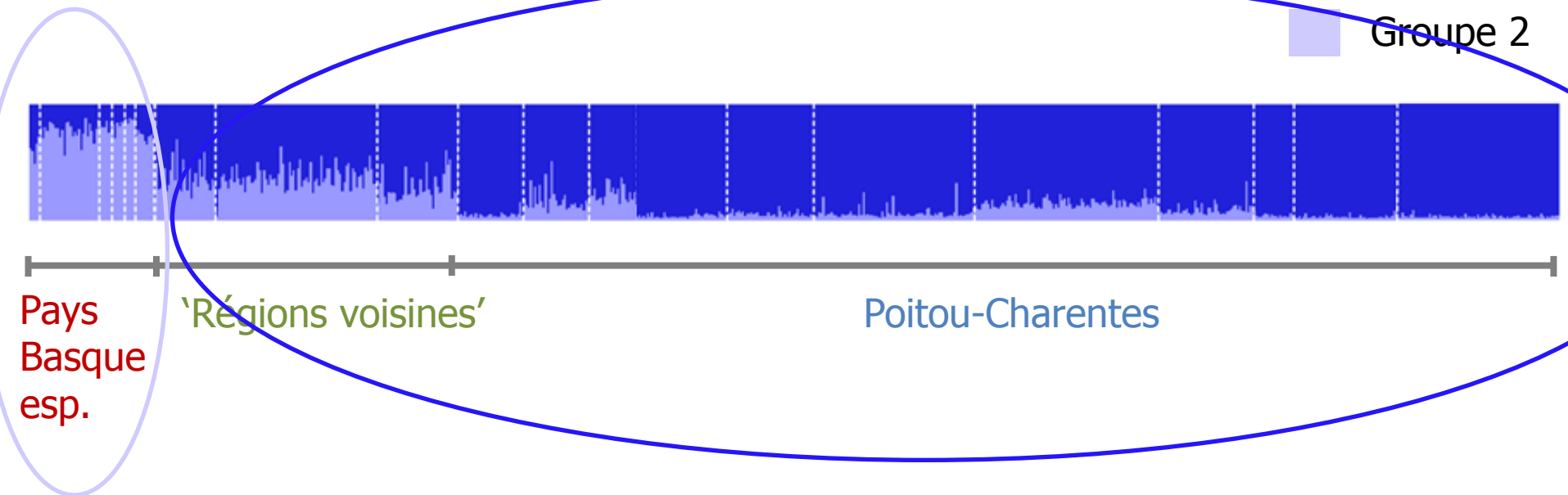
# Génétique des populations : Différenciation génétique entre colonies

## → Groupes génétiques

→ Logiciel STRUCTURE avec le LOCPRIOR (Pritchard et al., 2000 ; Hubisz et al., 2009)

→ K=1 à K=21

■ Groupe 1  
■ Groupe 2



- Deux groupes génétiques : France – Pays-Basque espagnol
- Admixture dans les régions voisines (Limousin, Aquitaine)

## Génétique des populations : Différenciation génétique entre colonies

- Groupes génétiques
- Indices de différenciation ( $F_{st}$ ) très faibles

### Régions voisines

$F_{st} < 0.26\%$  , G-tests NS

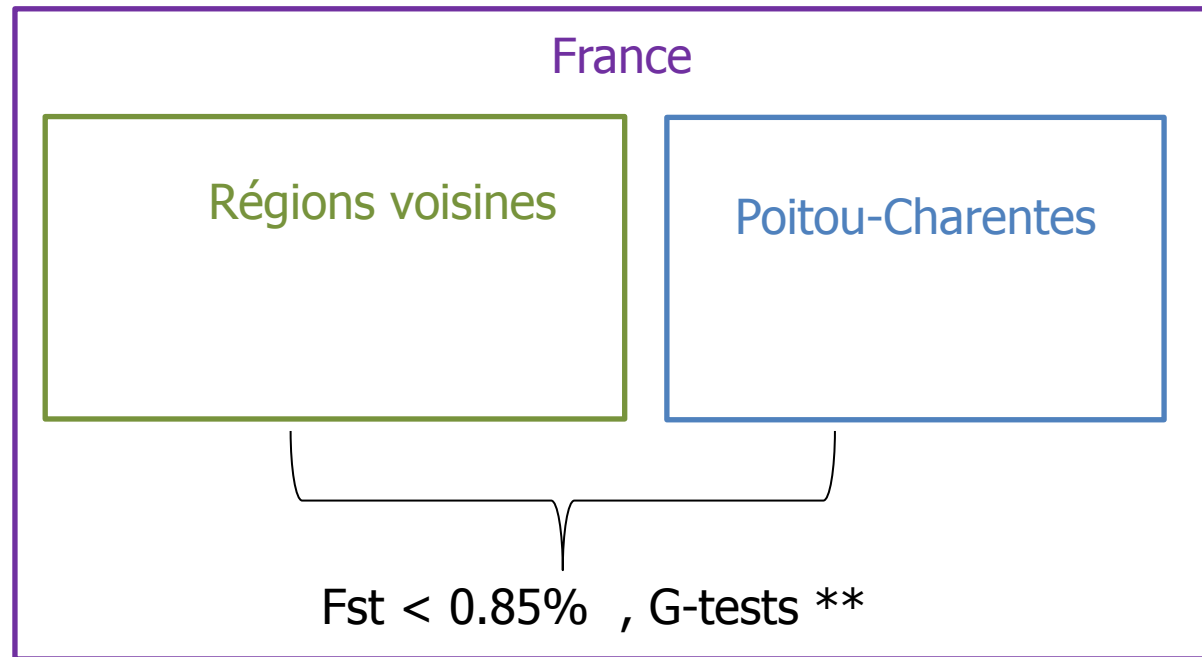
### Poitou-Charentes

$F_{st} < 1\%$  , G-tests \*\*



# Génétique des populations : Différenciation génétique entre colonies

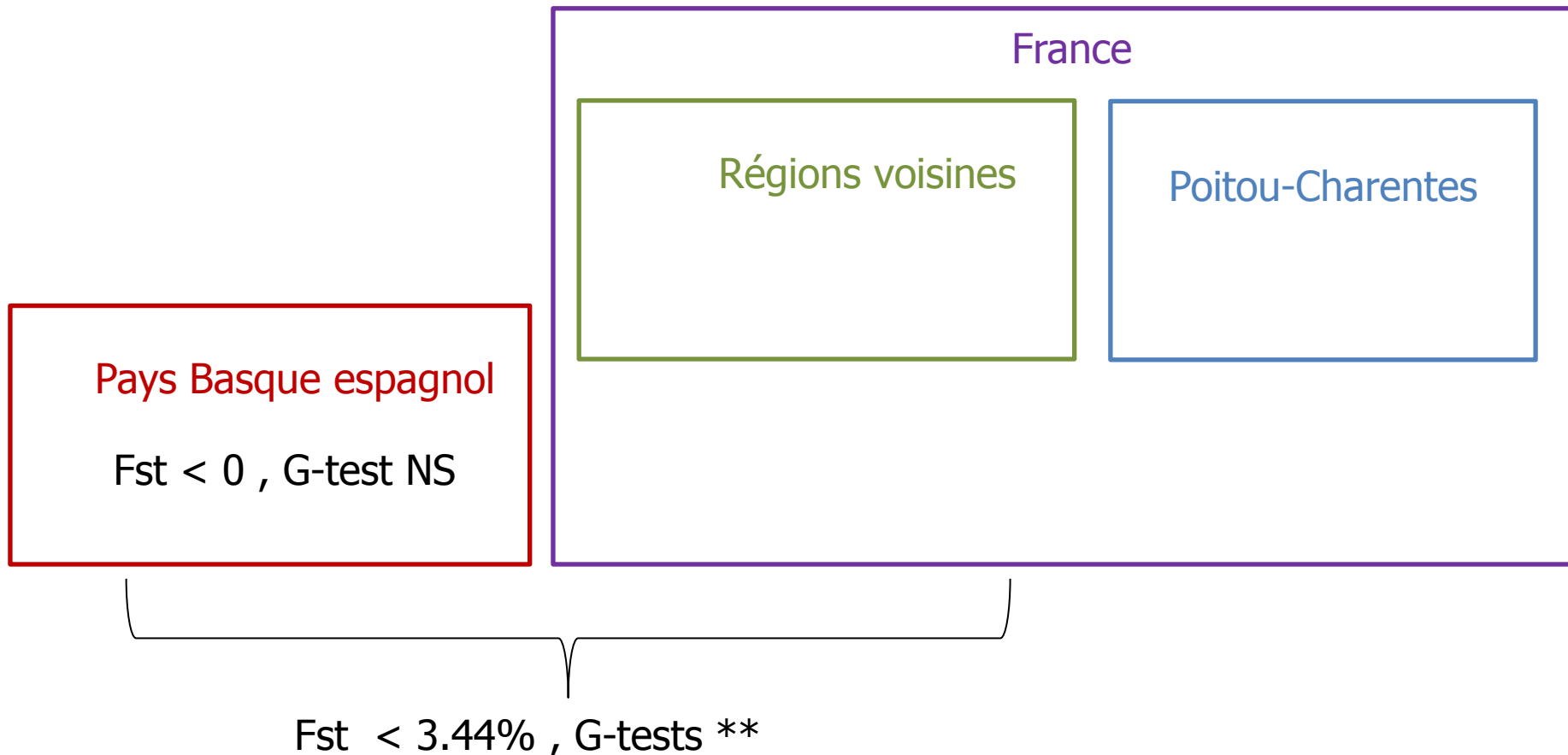
- Groupes génétiques
- Indices de différenciation ( $F_{st}$ ) très faibles



# Génétique des populations : Différenciation génétique entre colonies

→ Groupes génétiques

→ Indices de différenciation (Fst) très faibles



→ Groupes génétiques

F<sub>ST</sub> en accord avec le patron de STRUCTURE

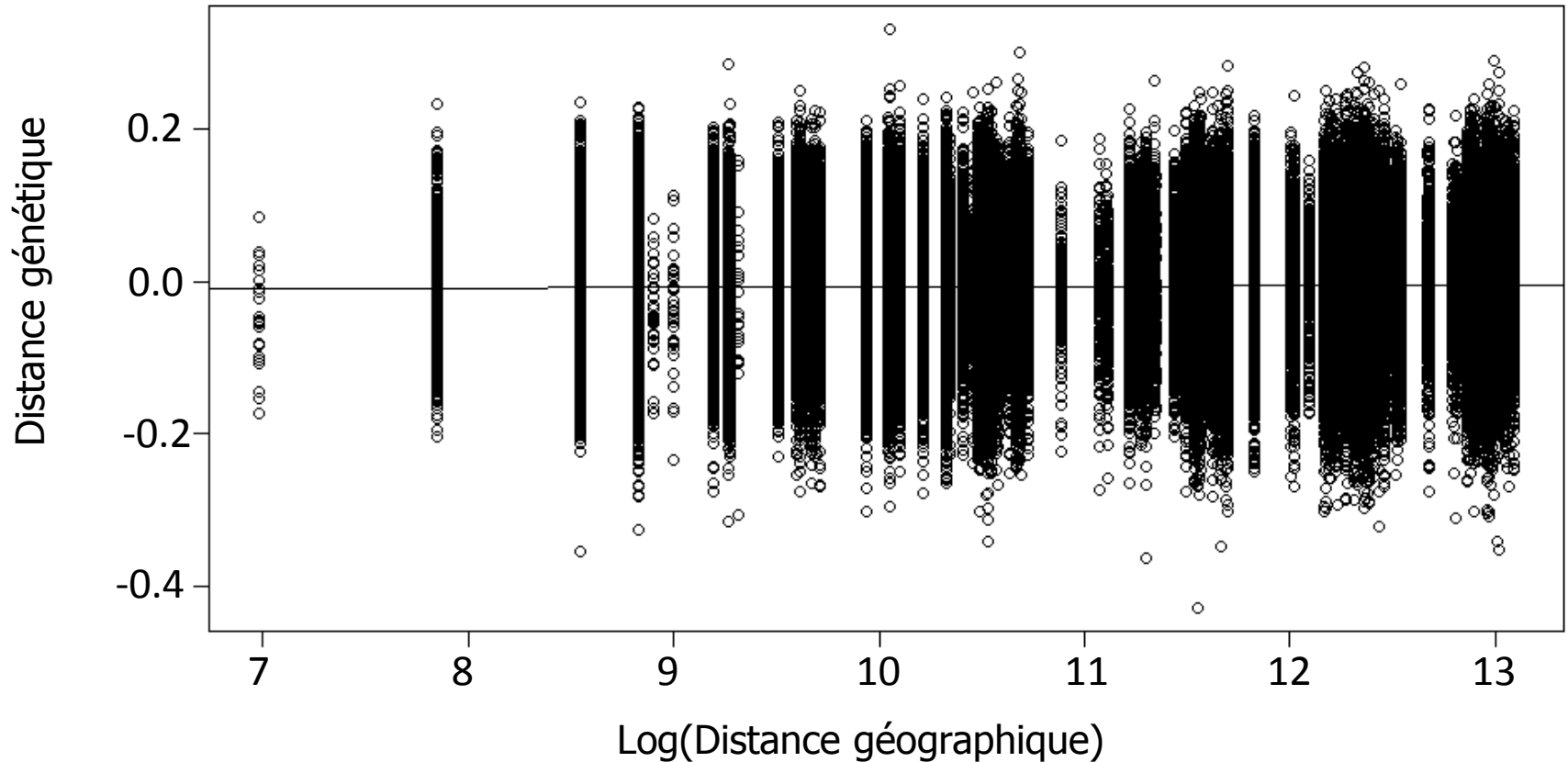
⇒ Structuration faible mais significative

F<sub>ST</sub> < 3.44% , G-tests \*\*

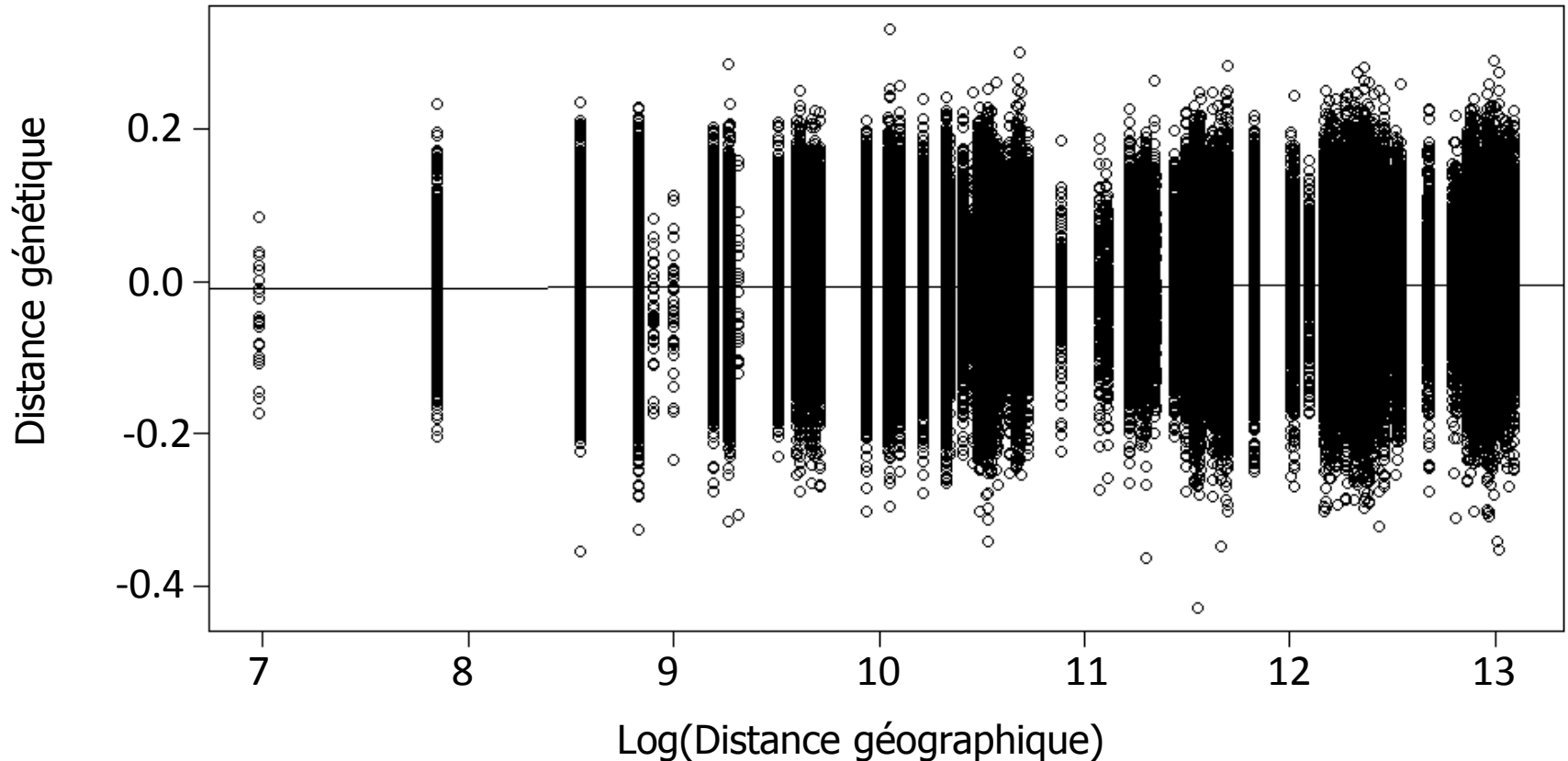
# **Génétique des populations : Différenciation génétique entre colonies**

→ Liens entre distance géographique et distance génétique

➔ Liens entre distance géographique et distance génétique



→ Liens entre distance géographique et distance génétique

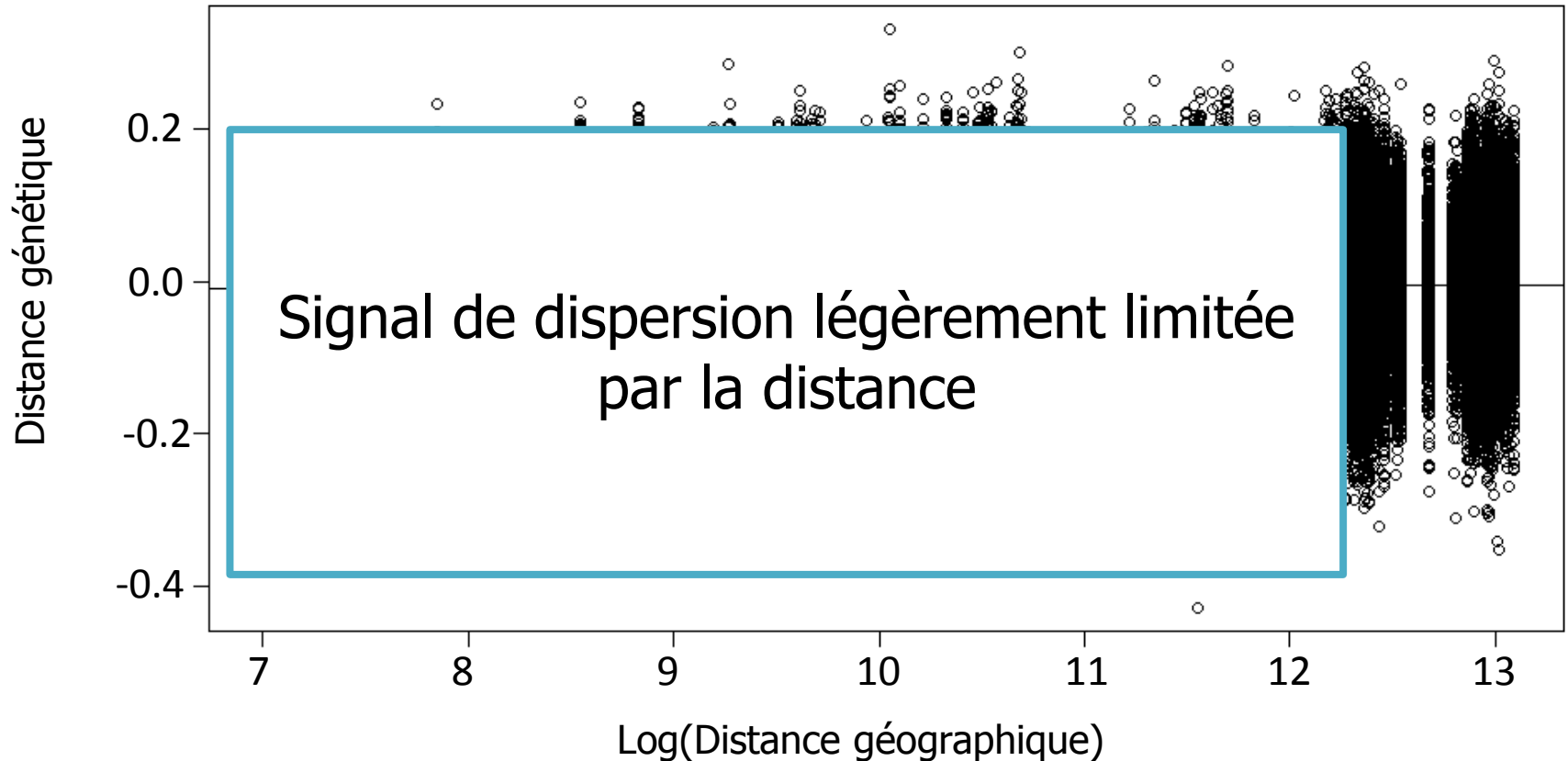


→ Pente très faible mais significative  $b = 0.0006$  \*\*

→ Test de Mantel significatif \*\*\*

\*\*\*  $p < 0.001$ , \*\*  $p < 0.01$ , \*  $p < 0.05$ , NS  $p > 0.05$

→ Liens entre distance géographique et distance génétique



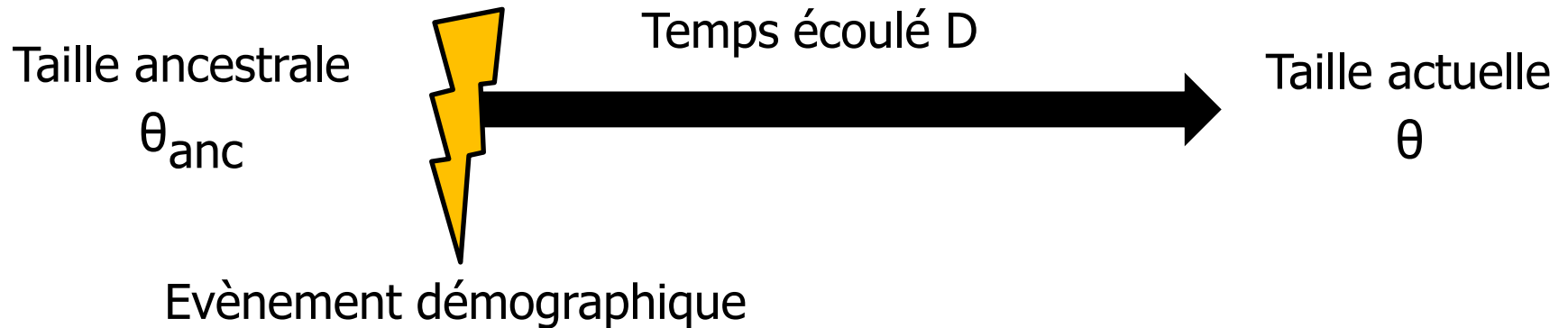
→ Pente très faible mais significative  $b = 0.0006$  \*\*

→ Test de Mantel significatif \*\*\*

\*\*\*  $p < 0.001$ , \*\*  $p < 0.01$ , \*  $p < 0.05$ , NS  $p > 0.05$

➔ Recherche de signatures de goulot démographique

Logiciel `MIGRAINE` : Modèle 'OnePopOneVar' (Leblois et al. 2014)

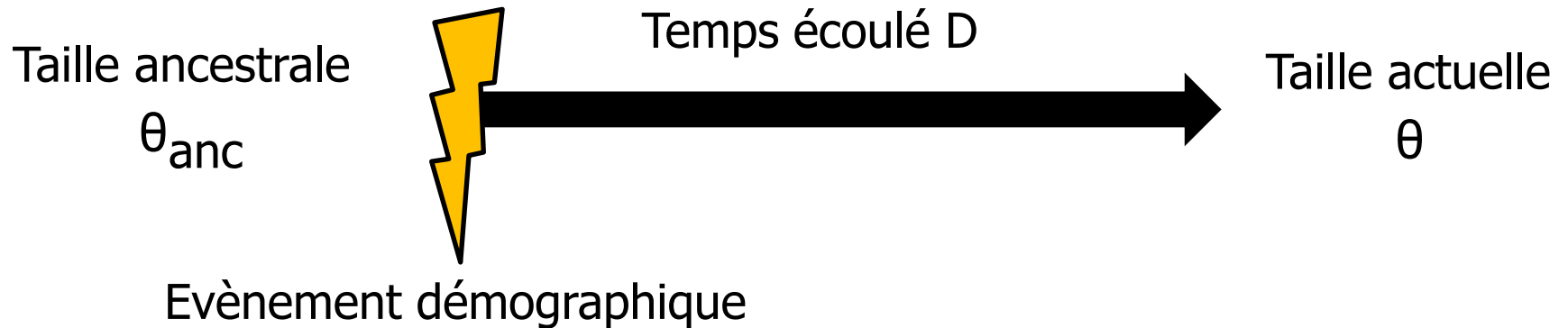


Ratio  $\theta/\theta_{anc}$  < 1 : diminution des effectifs  
> 1 : augmentation des effectifs  
 $\approx 1$  : stabilité des effectifs



➔ Recherche de signatures de goulot démographique

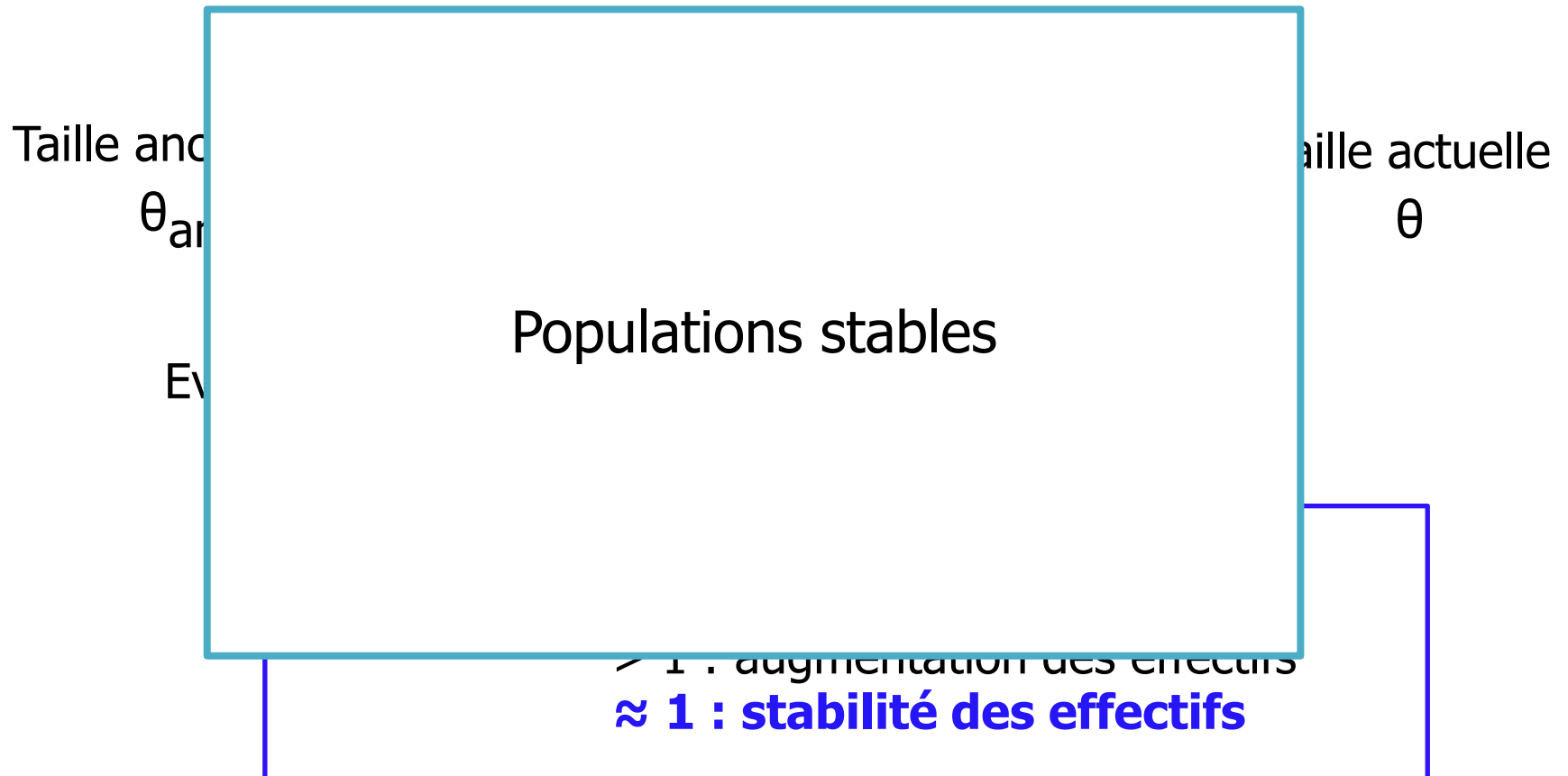
Logiciel `MIGRAINE` : Modèle 'OnePopOneVar' (Leblois et al. 2014)

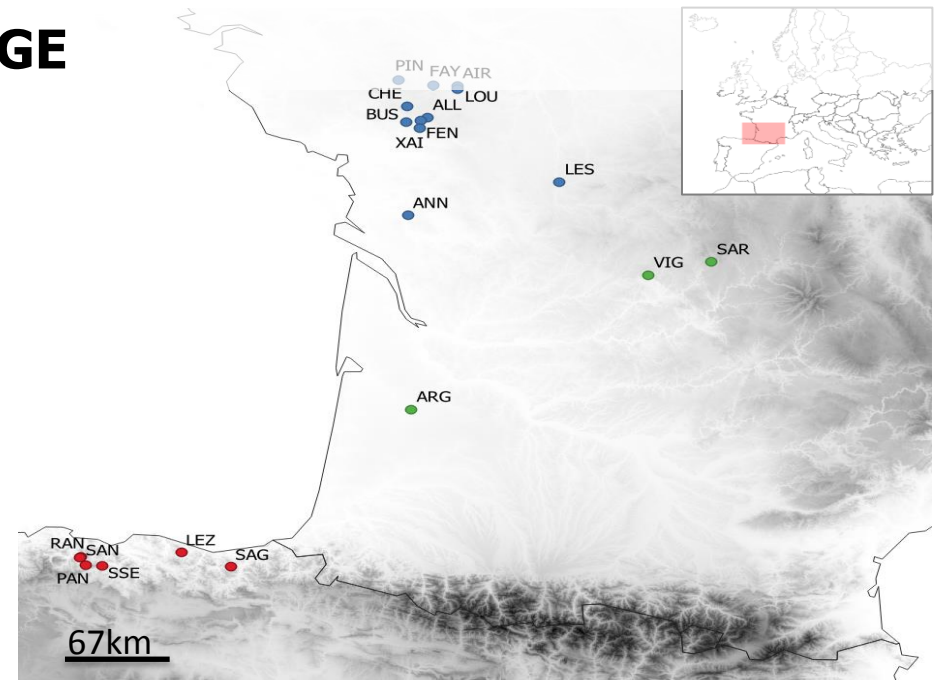


Ratio  $\theta/\theta_{anc}$  < 1 : diminution des effectifs  
> 1 : augmentation des effectifs  
 **$\approx 1$  : stabilité des effectifs**

➔ Recherche de signatures de goulot démographique

Logiciel MIGRAINE : Modèle 'OnePopOneVar' (Leblois et al. 2014)

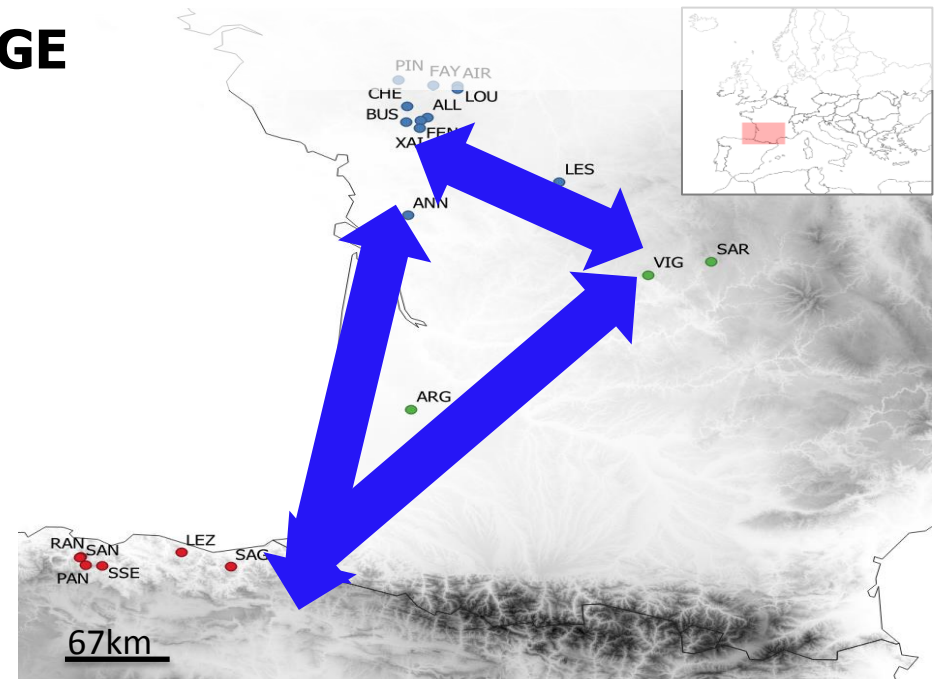




>> Forte diversité génétique homogène entre colonies ET entre zones  
Pas de risque d'extinction locale par effet génétique



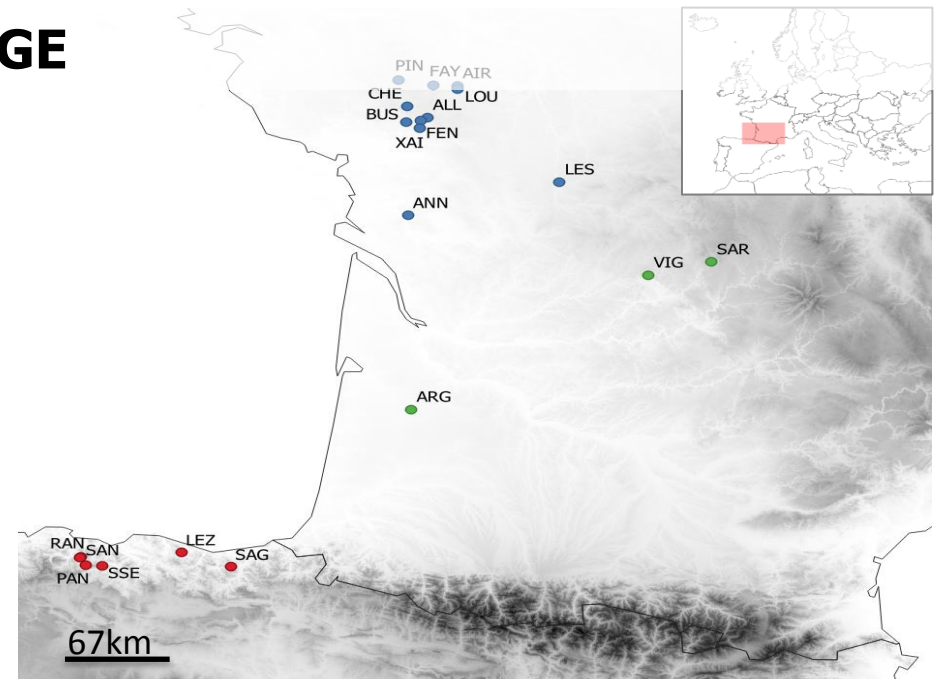
© Maxime Leuchtman



>> Forte diversité génétique homogène entre colonies ET entre zones  
Pas de risque d'extinction locale par effet génétique

>> Deux groupes génétiques faiblement différenciés + dispersion peu limitée par la distance

Large flux de gènes à cette l'échelle  
Peu d'effet des Pyrénées : couloir?



>> Forte diversité génétique homogène entre colonies ET entre zones  
 Pas de risque d'extinction locale par effet génétique

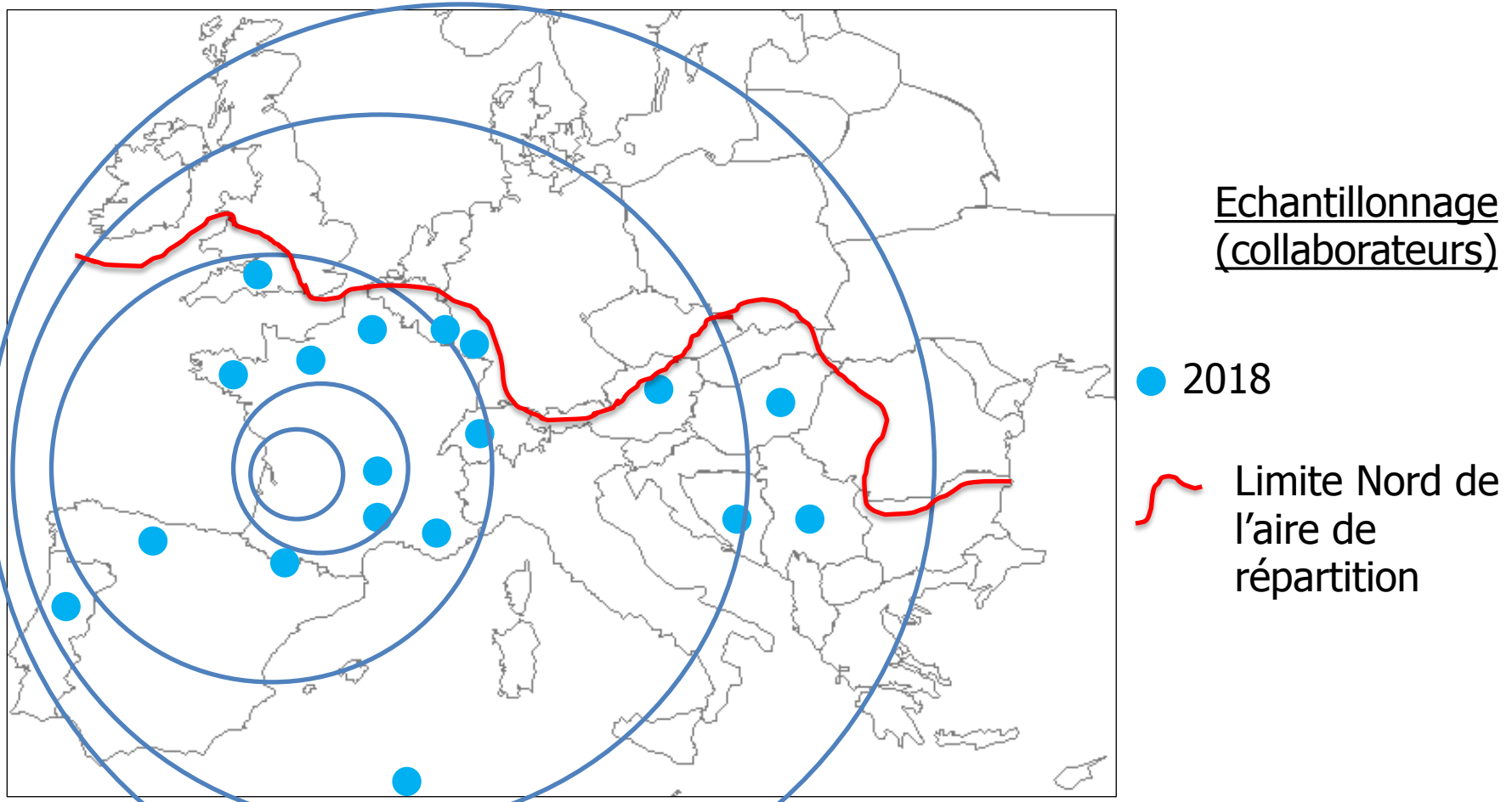
>> Deux groupes génétiques faiblement différenciés + dispersion peu limitée par la distance

Large flux de gènes à cette l'échelle  
 Peu d'effet des Pyrénées : couloir?

>> Pas de signal de déclin dans les données génétiques  
 Contradiction avec comptages ou manque de puissance ?

- ★ Détection des événements démographiques récents, de faible intensité ?  
→ Simulations

- ★ Détection des événements démographiques récents, de faible intensité ?
- ★ Recherche de barrières (Alpes, Mer Méditerranée, ...)  
→ **Elargissement de la zone d'étude**



# MERCI !

- Maxime Leuchtman (Nature-Environnement 17) et Jean-Baptiste Pons (ECOFECT, Lyon)
- Tous les collaborateurs et volontaires qui effectuent le terrain : LBBE, Nature-Environnement 17, Charente Nature, Deux-Sèvres Nature-Environnement, Vienne Nature, LPO France, CREN Poitou-Charentes, Groupe Chiroptères des Pays-de-la-Loire, Groupe Mammalogique et Herpétologique du Limousin, Groupe Chiroptères Aquitaine, *etc*
- Anne Loiseau, Raphael Leblois, Sylvain Piry, Karine Berthier, Maxime Galan (CBGP, Montpellier)

