

Quand les gènes s'en mêlent...

*Lonesome George,
le seul et unique
représentant de sa
sous-espèce !
© Patrick Gallitz, 2005*

George se sent seul, terriblement seul...

George est une tortue terrestre géante, âgée d'une centaine d'années, originaire de l'île Pinta située au Nord de l'archipel des Galápagos. Il appartient à la sous-espèce *Geochelone nigra abingdoni* dont il est, à l'heure actuelle, le seul et unique représentant connu. En effet, malgré tous les efforts de recherche, aucun autre spécimen de cette sous-espèce n'a été retrouvé sur Pinta, ce qui a valu à George le surnom de « *Lonesome George* » (George le solitaire). Emportés vivants sur les bateaux comme source de nourriture fraîche, les congénères de George ont été exterminés au XIX^e siècle par les marins qui accostaient sur les îles Galápagos. Suite à la raréfaction des reptiles locaux, les marins ont alors introduit des chèvres sur Pinta comme moyen alternatif de subsistance, ce qui a complètement dévasté la végétation et rendu l'île inhospitalière aux dernières tortues.

Cet exemple illustre la situation extrême d'une sous-espèce vouée à l'extinction par l'action de l'homme. A l'heure actuelle, les activités humaines ont réduit de nombreuses populations à un nombre d'individus si faible que leur survie est très précaire. Outre les dangers démographiques et écologiques immédiats qui pèsent sur les populations à faible effectif, la conservation de celles-ci est également compromise à long terme par un autre phénomène: la perte de diversité génétique.

La diversité génétique pour quoi faire ?

Chaque individu possède un ensemble de gènes caractéristique de l'espèce à laquelle il appartient. Tous les individus d'une même espèce ne sont cependant pas identiques : ils se distinguent les uns des autres par leur pigmentation, leur taille, leur résistance à certaines maladies,... en fonction des variants de chaque gène, appelés allèles, qu'ils ont reçus de leurs parents. En fait, chaque individu hérite de ses parents un ensemble unique d'allèles (une combinaison de deux allèles - un allèle maternel et un allèle paternel - pour chaque gène) qui constitue son patrimoine génétique propre.

La diversité génétique des populations est très importante car elle est à la base de la faculté d'adaptation et d'évolution de celles-ci. En effet, plus une population est génétiquement diversifiée, plus il y a de chances que certains de ses membres soient capables de s'adapter à un changement de leur

environnement (changement climatique, pollution, épidémies, ...) et d'assurer ainsi le maintien de la population. Or, lorsque chutent la taille et la diversité génétique d'une population, la probabilité de trouver quelques individus capables de s'adapter à des conditions de vie différentes est nettement plus faible, et la survie du groupe est alors à la merci de modifications de son cadre de vie.

Une faible diversité génétique, une risque pour la survie des petites populations?

La contraction d'une population s'accompagne généralement de la perte de certains allèles qui étaient présents dans la population initiale et qui, par hasard ou par sélection, ne se retrouvent plus dans la population finale. Au sein des petites populations isolées, les risques de pertes de diversité génétique sont encore accentués par deux phénomènes :

- la dérive génique ou perte aléatoire de certains allèles au cours des générations ;
- la consanguinité ou croisement entre individus apparentés tels que frères/sœurs, parents/enfants, cousins/cousines, ...

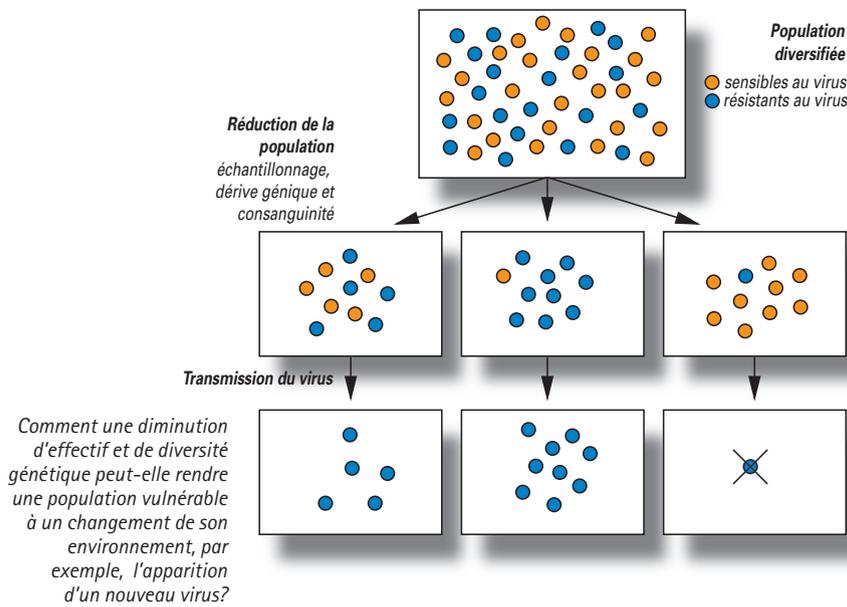
Ces deux phénomènes, qui sont d'autant plus marqués que la taille de la population diminue, réduisent la diversité génétique de deux manières :

- par la perte d'allèles ;
- par l'augmentation de l'homozygoté (nombre de gènes dont l'allèle maternel et paternel sont identiques chez un individu).

Les conséquences de la perte de diversité génétique au niveau d'une population sont multiples. De manière générale, une diminution de la variabilité génétique réduit la capacité des populations à s'adapter à des changements futurs de l'environnement. Par exemple, l'uniformisation du système immunitaire des individus au sein d'une population la rend plus vulnérable aux infections par des agents pathogènes. De plus, l'augmentation de l'homozygoté favorise l'expression de maladies génétiques récessives (qui ne se manifestent que lorsque l'allèle paternel et maternel d'un gène sont anormaux) habituellement très rares dans les populations diversifiées.

Outre les dangers démographiques et écologiques immédiats qui pèsent sur les populations à faible effectif, la conservation de celles-ci est également compromise à long terme par un autre phénomène: la perte de diversité génétique.





L'impact d'une faible variabilité génétique sur la viabilité des populations sauvages est souvent difficile à évaluer. Certaines espèces, comme l'éléphant de mer par exemple, ont une diversité génétique extrêmement faible. Ces mammifères marins ont été chassés par l'homme jusqu'à la quasi-extinction et les populations actuelles ont été entièrement recrées à partir des quelques survivants de ce massacre. Ce « goulot d'étranglement génétique » a entraîné la perte aléatoire de nombreux allèles mais les populations actuelles ne semblent pas souffrir de ce manque de diversité. Pour plusieurs espèces de félin, la situation est toute autre. Les panthères de Floride, dont les effectifs ont été réduits à moins de 30 individus adultes, présentent une variabilité génétique extrêmement faible. Chez ces individus, le faible taux de reproduction a été corrélé à une très mauvaise qualité de sperme : 95% des spermatozoïdes d'un éjaculat sont malformés ! De plus, l'incidence d'une maladie génétique rare, le cryptorchisme, a augmenté chez les mâles de 0 à 80% au cours de ces 15 dernières années. Dans le cas des guépards, la quasi extinction d'une population élevée dans un centre de reproduction de l'Oregon suite à une épidémie virale a été mise en relation avec l'absence totale de variabilité au niveau de certaines molécules qui jouent un rôle crucial dans l'élimination des agents pathogènes par le système immunitaire.

Ces quelques exemples montrent qu'une faible variabilité génétique ne constitue pas nécessairement une menace à court terme : des populations peuvent se maintenir avec une diversité génétique assez limitée. Mais, à plus ou moins long terme, une faible diversité constitue une véritable épée de Damoclès qui pèse sur la tête des espèces, en particulier de celles dont la situation est déjà précarisée sur le plan démographique.

La prise de conscience du risque que représente le manque de diversité génétique pour les populations menacées

a conduit le professeur Michel Milinkovitch, directeur du laboratoire de génétique de l'évolution de l'Université libre de Bruxelles, à conduire une analyse moléculaire de la diversité génétique de la tortue terrestre *Geochelone nigra hoodensis*, une sous-espèce voisine de celle de *Lonesome George* présente exclusivement sur l'île Española dans les Galápagos, afin d'améliorer le programme de sauvegarde de cette sous-espèce. De la même manière que sur l'île Pinta, l'intervention humaine a fait chuter l'effectif des tortues sur Española de plus de 3.000 à 14 spécimens (deux mâles et douze femelles) en 1965. A cette époque, suite à l'absence de reproduction observée sur l'île, un programme de reproduction en captivité a été mis sur pied. Le succès ne s'est pas fait attendre : à l'heure actuelle plus de 1.500 tortues nées en captivité ont été rapatriées sur l'île d'Española où elles commencent à se reproduire *in situ*. Cependant, la situation n'est pas aussi rose qu'il y paraît car l'équipe du prof. Milinkovitch a mis en évidence que toutes les tortues incluses dans le programme de reproduction n'avaient pas contribué de manière équivalente à la production de la nouvelle génération, soulignant ainsi les risques liés à la consanguinité qui pèsent sur la population reconstituée. (Milinkovitch et al. 2004)

Le patrimoine génétique des petites populations sauvages sous la menace des variétés introduites par l'homme ?

Lorsque des espèces indigènes sont en contact avec des variants sélectionnés ou importés par l'homme, un risque d'hybridation existe. On parle aussi d'introgression des gènes d'une variété dans le patrimoine génétique d'une autre. Ce risque est d'autant plus important pour la population sauvage que son effectif est réduit par rapport à celui de la variété importée (effet de dilution). Les conséquences de l'hybridation sont la perte progressive des allèles sauvages au profit des allèles introduits, ce qui peut conduire à une diminution des facultés d'adaptation des populations aux conditions locales et à une perte globale de diversité génétique au niveau de l'espèce.

Deux projets financés par la Politique scientifique fédérale dans le cadre du plan d'appui scientifique à une politique de développement durable visent à évaluer les conséquences de l'introgression génétique sur des populations végétales et animales.

Le premier projet (APPLE) porte sur le pommier sauvage *Malus sylvestris*, espèce qui n'est plus guère représentée en Belgique que par un nombre réduit de très petites populations assez isolées les unes des autres. Outre les problèmes liés à la taille de ces populations, une autre menace plane sur le pommier sauvage : la perte de son identité génétique par hybridation avec des variétés de



© S. Lemaire

pommiers cultivées à grande échelle (*Malus x domestica*, qui résulte des hybridations naturelles et complexes entre de nombreuses espèces de pommiers originaires d'Asie et d'Europe centrale). Les premières données émanant de cette étude indiquent que, dans les forêts wallonnes, 24% des pommiers « sauvages » sont en fait des hybrides, contre 4% seulement dans les forêts danoises (Els Coart, communication personnelle).

L'autre projet (FISHGARD) étudie l'impact des activités de rempoissonnement de nos rivières sur les populations indigènes de truite fario (*Salmo trutta fario*). En effet, depuis plusieurs décennies, des truites provenant d'élevages (dont l'origine génétique est souvent incertaine) ont été massivement introduites dans nos cours d'eau afin de rencontrer les desiderata des sociétés de pêche. Les premiers résultats de cette étude (Cornille et al.,

L'intérêt de préserver l'intégrité génétique de Malus sylvestris n'est pas seulement de conserver la biodiversité, certains gènes de cette espèce peuvent en effet être utilisés pour améliorer de nouvelles variétés cultivées.

manuscrit en préparation) ne sont pas très rassurants puisqu'ils indiquent que les truites d'élevage s'adaptent bien en rivière et se reproduisent avec les truites sauvages, altérant leur identité génétique et menaçant ainsi la pérennité des populations sauvages de ces poissons. Le projet FISHGUARD s'intéresse également à l'impact d'une autre activité humaine qui fragilise la faune piscicole de nos rivières : la construction d'obstacles sur les cours d'eau, tels que les barrages. Ces barrières physiques limitent la migration des poissons entre les différentes sections d'une rivière et réduisent donc les possibilités d'échanges génétiques entre ces sous-populations, ce qui peut mener à une perte progressive de diversité génétique et ainsi accroître les risques d'extinction locale.

La diversité génétique, une donnée à prendre en compte...

La diversité génétique est le fondement même de la capacité des populations et des espèces à s'adapter à des situations nouvelles. Dans le contexte actuel, où l'environnement est bouleversé, souvent de manière très rapide, par les activités humaines (réchauffement climatique, pollution, déforestation,...), le maintien de la diversité génétique doit donc être considéré comme une priorité dans les plans de conservation, en particulier dans le cas des espèces dont les populations sont déjà fragilisées sur le plan démographique et écologique.

E.Ba.



Projet APPLE : Etude de la biodiversité du pommier : conservation et utilisation durable des ressources génétiques (Katholieke Universiteit Leuven, Centrum voor Landbouwkundig Onderzoek/Gent, Centre de recherches agronomiques/Gembloux, Nationale Boomgaardenstichting, Instituut voor Bosbouw en Wildbeheer et Centre de Recherche de la nature, de la forêt et du bois) :

www.belspo.be > FEDRA > Actions de recherches > Global change, écosystèmes et biodiversité PADD 2 > projet EV 28

Contact : Wannès Keulemans -
wannes.keulemans@agr.kuleuven.be

Projet FISHGARD : Impact et remédiation des actions humaines sur les populations de poissons (Universiteit Antwerpen, Instituut voor Bosbouw en Wildbeheer, Katholieke Universiteit Leuven, Université catholique de Louvain, Université de Liège) :

www.belspo.be > FEDRA > Actions de recherches > Global change, écosystèmes et biodiversité PADD 2 > projet EV 31
Contact : Gudrun Deboeck – gudrun.deboeck@ua.ac.be

M. C. Milinkovitch, D. Monteyne, J. P. Gibbs, T. H. Fritts, W. Tapia, H. L. Snell, R. Tiedemann, A. Caccone, & J. R. Powell, Genetic analysis of a successful repatriation program: Giant Galápagos tortoises, *Proceedings of the Royal Society, London B*, 271: 341-345 (2004)