

---

## **Étude de l'expansion du vison d'Amérique (Neovison vison) en France et sur les îles avoisinantes au travers de sa structure et de sa diversité génétique.**

**Auteur** : Figueiredo Torres, Katty

**Promoteur(s)** : Michaux, Johan; Plumier, Jean-Christophe

**Faculté** : Faculté des Sciences

**Diplôme** : Master en biologie des organismes et écologie, à finalité approfondie

**Année académique** : 2016-2017

**URI/URL** : <http://hdl.handle.net/2268.2/3300>

---

### *Avertissement à l'attention des usagers :*

*Tous les documents placés en accès ouvert sur le site le site MatheO sont protégés par le droit d'auteur. Conformément aux principes énoncés par la "Budapest Open Access Initiative"(BOAI, 2002), l'utilisateur du site peut lire, télécharger, copier, transmettre, imprimer, chercher ou faire un lien vers le texte intégral de ces documents, les disséquer pour les indexer, s'en servir de données pour un logiciel, ou s'en servir à toute autre fin légale (ou prévue par la réglementation relative au droit d'auteur). Toute utilisation du document à des fins commerciales est strictement interdite.*

*Par ailleurs, l'utilisateur s'engage à respecter les droits moraux de l'auteur, principalement le droit à l'intégrité de l'oeuvre et le droit de paternité et ce dans toute utilisation que l'utilisateur entreprend. Ainsi, à titre d'exemple, lorsqu'il reproduira un document par extrait ou dans son intégralité, l'utilisateur citera de manière complète les sources telles que mentionnées ci-dessus. Toute utilisation non explicitement autorisée ci-avant (telle que par exemple, la modification du document ou son résumé) nécessite l'autorisation préalable et expresse des auteurs ou de leurs ayants droit.*

---



---

Étude de l'expansion du vison d'Amérique  
(*Neovison vison*) en France et sur les îles  
avoisnantes au travers de sa structure et de  
sa diversité génétique.

---

**Figueiredo Torres Katty**

Sous la supervision du Dr. Johan Michaux



**Département Biologie, Ecologie, Evolution – Faculté des Sciences – Université de Liège**

Mémoire de fin d'étude présenté en vue de l'obtention du grade de  
Master en Biologie des Organismes et Ecologie, à finalité approfondie

Laboratoire de Génétique de la Conservation

**Septembre 2017**







**Faculté des Sciences**

**Département des Sciences de la Vie**

Laboratoire de Génétique de la Conservation

---

Étude de l'expansion du vison d'Amérique (*Neovison vison*) en France et sur les îles avoisinantes au travers de sa structure et de sa diversité génétique.

---

Année 2016-2017

Membres du jury :

Professeur Patrick **Dauby**

Docteur Johan **Michaux**

Docteur Lise-Marie **Pigneur**

Docteur Alain **Vanderpoorten**

Docteur Annick **Wilmotte**

## Remerciements

La réalisation de ce mémoire n'aurait pas été possible sans l'intervention d'un grand nombre de personnes.

Je tiens avant tout remercier très chaleureusement mon promoteur, Dr. Johan Michaux, qui m'a permis de bénéficier d'un encadrement de qualité. Les conseils qu'il m'a prodigués ainsi que la patience, la confiance et la disponibilité qu'il m'a témoignées ont été déterminants dans la réalisation de ce travail. Notamment, ces encouragements répétés dans les dernières semaines de rédaction m'ont stimulé pour écrire et finaliser mon travail.

Mes remerciements s'étendent également à toute l'équipe du Laboratoire de Génétique de la Conservation de l'Université de Liège, Lise-Marie Pigneur, François Gillet et Adrien André, pour m'avoir aidé dans mon apprentissage mais surtout pour leur accueil.

Un grand merci à mes parents, qui m'ont toujours soutenue dans mes projets et qui m'ont permis de réaliser ce master au sein de l'Université de Liège. Je remercie tout particulièrement ma maman, qui sait toujours trouver les bons mots pour m'encourager et ces phrases dans son langage bien à elle (franco-portugais) qui me permettent de relâcher la pression.

Merci à mon frère qui malgré une année difficile m'a toujours soutenue et envoyé des petits messages pour demander de mes nouvelles.

J'aimerais faire mes remerciements à deux amis sans qui mes deux années d'études à l'Université de Liège n'auraient pas été pareilles, Alice Martin et Catherine Demoulin. Le soutien tout au long de l'année et notamment dans les dernières semaines, m'ont donné du courage lors de mes longues nuits passées devant mon ordinateur.

Une mention spéciale à ma belle-sœur, Jessica Vieira Laranjeira, pour avoir eu le temps de lire mon mémoire. D'ailleurs, merci à ma belle-famille pour leur encouragement.

Enfin, ma plus grande gratitude va à mon compagnon, Cédric Vieira Laranjeira, pour avoir supporté mes sauts d'humeurs, mes pleurs, mes nuits blanches mais surtout d'avoir lu mon travail et d'essayer de comprendre pour me donner des conseils. Tu as toujours été là pour me remonter le moral et « me faire à manger ». Merci d'être à mes côtés et de me supporter chaque jour.

Merci au Dr. Albrecht Schulte-Hostedde et ses collègues pour nous avoir fourni les prélèvements de vison d'Amérique d'Ontario au Canada.

Nous tenons à remercier l'ensemble des collecteurs de prélèvements de Vison d'Amérique impliqués dans cette étude :

- Associations Départementales des Piégeurs Agréés de Charente, de Dordogne, de Gironde et de Lot-et-Garonne.
- Association Communale de Chasse de Glénac.
- Associations naturalistes Charente Nature et Cistude Nature.
- Association d'Insertion AII7.
- Conseils Généraux de Charente, de Dordogne, des Landes, des Pyrénées-Atlantiques et du Gers.
- CPIE des Pays de Seignanx et de Baïgorry.
- Conservatoires d'Espaces Naturels d'Aquitaine et de Poitou-Charentes.
- Eleveurs de Vison d'Amérique de Charente, Dordogne et des Pyrénées-Atlantiques.
- Fédération Aude Claire.
- Fédérations Départementales des Chasseurs de l'Aude, de Charente, de Dordogne, du Gers, de Gironde, des Landes, du Morbihan, des Hautes-Pyrénées et des Pyrénées Orientales.
- Fédérations Départementales des Groupements de Défense contre les Organismes Nuisibles de Charente, de Dordogne, des Landes et de Lot-et-Garonne.
- Gobierno de Navarra.
- Gestión Ambiental de Navarra SA.
- GREGE.
- Ligue pour la Protection des Oiseaux.
- Lycée Agricole et Forestier de Bazas.
- MIFEN.
- Office National de la Chasse et de la Faune Sauvage (Services départementaux).
- Parc National des Pyrénées.
- Parcs Naturels Régionaux du Périgord-Limousin et des Landes de Gascogne.
- Particuliers : A. Delgado, A. Labernède, F. Montheau, J. Maysonnave ; J-B. Etchebarne, J-M. Cugnasse, M. Guilhou, M. Lamaison, P. Arlot, P. Candau, R. Labeyrie, R. Perrou, S. Villond, V. Graciette.
- Piégeurs Agréés de l'Aude, des Landes et du Gers.
- Pisciculteurs de Corrèze, du Gers, de Gironde et des Landes.
- Réserves Naturelles de l'Etang Noir, de l'Etang de la Mazière, des Marais d'Orx, du Courant d'Huchet et de Nohèdes.
- SEPANLOG.
- SFPEM.
- Syndicat Intercommunal d'Aménagement Hydraulique du Son et de la Sonnette et de la Charente amont.
- Syndicat Intercommunal d'Aménagement Hydraulique de la Tude.
- Syndicat Mixte d'Études et d'Aménagement du Pays Ribéracois.

Source photo de couverture :  
<http://gije.e-monsite.com/>

## Résumé

---

### Étude de l'expansion du vison d'Amérique (*Neovison vison*) en France et sur les îles avoisinantes au travers de sa structure et de sa diversité génétique.

---

Promoteur : Dr. Johan Michaux

Katty Figueiredo Torres

Laboratoire de Génétique de la conservation  
Année académique 2016-2017

L'invasion biologique constitue une des menaces les plus importantes pour la conservation de la biodiversité. En effet, certaines espèces introduites hors de leur aire d'origine peuvent devenir invasives et provoquer de nombreux impacts négatifs pour l'écosystème comme le déclin ou l'extinction d'espèces autochtones.

Notre étude a été effectuée sur le vison d'Amérique (*Neovison vison*) qui est devenu une espèce invasive à l'intérieur de son aire d'origine et hors de celle-ci. L'étude s'est donc portée sur les populations canadiennes d'Ontario et celles du nord-ouest et sud de la France. Les objectifs de cette étude étaient de cerner la structure et la diversité génétique des populations échantillonnées ainsi que comprendre les origines et les relations pouvant exister entre les populations et les sous-populations.

Pour ce faire, l'analyse s'est réalisée sur 332 échantillons français dont 109 provenant de trois visonnières et 136 échantillons canadiens dont 4 sauvages. L'étude globale des échantillons et l'étude sur la population française ont été basées sur l'analyse de 12 microsattellites et de 16 microsattellites pour les animaux canadiens. Une analyse au niveau du système immunitaire du gène DRB du CMH-II a été effectuée sur 79 échantillons français et canadiens.

Nos résultats ont indiqué une grande proximité génétique entre les animaux français et canadiens. De manière surprenante, la diversité allélique apparaît plus importante pour les animaux français. Les animaux bretons se démarquent des régions du sud de la France avec une hétérogénéité génétique moins importante. De plus, nos résultats sur les marqueurs neutres et non neutres indiquent que les populations férales de vison en France sont en bonne santé génétique et que cette espèce risque de s'étendre encore plus sur le territoire français. Le développement de plans d'action plus efficace pour les populations de vison d'Amérique est donc important pour la conservation de la biodiversité française, notamment, dans le sud-ouest de la France où l'une des trois dernières populations de vison d'Europe (*Mustela lutreola*) survit, et sur les îles abritant des colonies importantes d'oiseaux marins.

## Lexique des abréviations

**ADN:** Acide DésosyRibonucléique (ou DNA)

**AGRA:** Visonnière de Saint-Cybranet (Dordogne)

**Ar:** Richesse allélique

**BIC:** Bayesian Information Criterion

**CA:** Côtes-d'Armor

**CHA:** Charente

**Clumpak:** Cluster Markov Packager Across K

**CM:** Charente-Maritime

**CMH-II:** Complexe Majeur d'Histocompatibilité de type II

**COR:** Corrèze

**DAPC:** Discriminant Analyses of Principal Components

**D<sub>JOST</sub>:** indice de fixation selon l'estimation de Jost

**DO:** Dordogne

**F<sub>IS</sub>:** coefficient de consanguinité

**F<sub>ST</sub>:** indice de fixation entre les populations

**GE:** Gers

**GI:** Gironde

**GOUJ:** Visonnière de Beauregard (Charente)

**GRAN:** Visonnière des Pyrénées (Pyrénées-Atlantiques)

**Hd:** diversité haplotypique

**He:** hétérozygotie attendue

**Ho:** hétérozygotie observée

**HP:** Hautes-Pyrénées

**HWE:** Équilibre d'Hardy-Weindberg

**IUCN:** International Union for Conservation of Nature

**K:** groupe génétique

**LA:** Landes

**LG:** Lot-et-Garonne

**MCMC:** Markov Chain Monte Carlo

**MO:** Morbihan

**N:** nombre d'individus

**NGS:** Next Generation Sequencing

**PA:** Pyrénées-Atlantiques

**PCoA:** Principal Coordinates Analyses

**PCR:** Polymerase Chain Reaction

**Pi:** diversité nucléotidique

**PNP:** Parc National des Pyrénées

**PO:** Pyrénées-Orientales

**q:** coefficient d'appartenance

**rpm:** rotation per minute

**SNP:** Single Nucleotide Polymorphism



## Listes des figures et tableaux

<b>Figure 1</b> : Les quatre phases du processus d'invasion (d'après Nentwig, 2012) .....	2
<b>Figure 2</b> : Facteurs intervenant dans l'introduction d'une espèce invasive. ....	6
<b>Figure 3</b> : Vison d'Amérique (Neovison vison). ....	11
<b>Figure 4</b> : Distribution géographique du vison d'Amérique sur le continent nord-américain.	11
<b>Figure 5</b> : Vison d'Europe (Mustela lutreola). Source : <a href="http://www.especes-menacees.fr">http://www.especes-menacees.fr</a> .....	12
<b>Figure 6</b> : Répartition géographique des populations établies de vison d'Amérique (N. vison) sur le continent européen en 2007 (Bonesi et Palazon, 2007).....	15
<b>Figure 7</b> : Observations de visons d'Amérique (N. vison) en France de 1990 à 1999. Les observations en rouge : rattachées à l'existence de populations férales, en bleu : animaux échappés d'élevages n'ayant pas fondé de population férale et en vert : non expliquées. Chaque point représente une commune (Léger, 2008).....	17
<b>Figure 8</b> : Répartition géographique des visons d'Amérique (N. vison) échantillonnés. ....	17
<b>Figure 9</b> : Situation géographique de l'île Tomé. ....	18
<b>Figure 10</b> : Répartition géographique du vison d'Amérique (N. vison) dans le Sud de la France (Borrell et Saint-Hilaire, 2012). ....	19
<b>Figure 11</b> : Répartition géographique des visons d'Amérique dans le sud-ouest de la France selon les quatre clusters (d'après Dubuisson, 2015). ....	19
<b>Figure 12</b> : Graphique des valeurs de delta K en fonction du nombre de cluster testés selon la méthode d'Evanno.....	27
<b>Figure 13</b> : Graphique représentant la structure (K =2) observée au sein des 468 échantillons français et canadiens d'après le programme Structure v.2.3.4. Chaque individu est représenté par une barre verticale et la couleur représente la probabilité d'appartenance à un cluster.....	27
<b>Figure 14</b> : Graphique des résultats de l'analyse en coordonnées principales mettant en évidence deux groupes. ....	28
<b>Figure 15</b> : Gauche : Graphique de la moyenne des LnP(D) ( $\pm$ écart-type) des 10 runs en fonctions de K provenant des résultats de l'analyse de Structure v.2.3.4 ; Droite : Graphique des valeurs de BIC en fonction du nombre de K obtenu à partir du package adegenet dans le logiciel R v.3.2.5. ....	29
<b>Figure 16</b> : Graphique représentant la structure (K = 6) observée au sein des 468 échantillons français et canadiens d'après le programme Structure v.2.3.4. ....	29
<b>Figure 17</b> : Résultats de la DAPC pour les six clusters définis par l'algorithme « find.clusters » du package adegenet du logiciel R v.3.2.5. ....	30

<b>Figure 18 :</b> Graphique des valeurs de delta K en fonction du nombre de cluster testés selon la méthode d'Evanno pour les échantillons canadiens.....	31
<b>Figure 19 :</b> Graphique représentant la structure (K = 2) de 132 individus canadiens captifs et 4 individus sauvages réalisée sur base de 16 microsattellites. ....	31
<b>Figure 20 :</b> Résultats de l'analyse en coordonnées principales mettant en évidence 3 sous-groupes au sein de l'échantillonnage canadien. ....	32
<b>Figure 21 :</b> Gauche : Graphique de la moyenne des LnP(D) ( $\pm$ écart-type) des 10 runs en fonction de K obtenu grâce aux résultats de l'analyse de Structure ; Droite : Graphique des valeurs de BIC en fonction du nombre de K obtenu à l'aide du package adegenet du logiciel R v.3.2.5.....	32
<b>Figure 22 :</b> Graphique représentant la structure (K = 4) de 132 individus canadiens captifs et 4 individus sauvages réalisée sur base de 16 microsattellites (Cluster 1 : bleu ; cluster 2 : vert ; cluster 3 : mauve ; cluster 4 : orange). ....	33
<b>Figure 23:</b> Résultats de la DAPC pour les quatre clusters définis par l'algorithme « find.clusters » du package adegenet du logiciel R v.3.2.5. ....	33
<b>Figure 24 :</b> Carte de France avec les nouvelles régions. Les croix rouges indiquent l'échantillonnage qui a été effectué dans un département.....	34
<b>Figure 25 :</b> Graphique des valeurs de delta K en fonction du nombre de cluster testés selon la méthode d'Evanno pour les échantillons français. ....	35
<b>Figure 26 :</b> Graphique représentant la structure (K = 2) de 332 individus captifs et sauvages échantillonnés en France réalisée sur base de 12 microsattellites (Cluster 1 : bleu ; cluster 2 : orange).....	35
<b>Figure 27 :</b> Résultats de l'analyse en coordonnées principales mettant en évidence 3 sous-groupes au sein de l'échantillonnage français. ....	36
<b>Figure 28 :</b> Gauche : Graphique de la moyenne des LnP(D) ( $\pm$ écart-type) des 10 runs en fonction de K obtenu grâce aux résultats de l'analyse de Structure ; Droite : Graphique des valeurs de BIC en fonction du nombre de K obtenu à l'aide du package adegenet du logiciel R v.3.2.5.....	36
<b>Figure 29 :</b> Résultats de la DAPC pour les quatre clusters obtenus à l'aide de l'algorithme « find.clusters » du package adegenet du logiciel R v.3.2.5. ....	37
<b>Figure 30 :</b> Graphique représentant la structure (K = 4) de 332 individus captifs et sauvages échantillonnés en France réalisée sur base de 12 microsattellites (Cluster 1 : vert ; cluster 2 : bleu ; cluster 3 : mauve ; cluster 4 : orange). ....	37

**Figure 31 :** Répartition géographique des échantillons français ; les triangles rouges représentent les visonnières, le point rouge en Bretagne représente l'île Tomé et les encadrements rouges sont les zooms faits sur la Bretagne et le sud de la France..... 38

**Figure 32 :** Représentation géographique des échantillons du sud de la France et leurs assignations selon les clusters génétiques définis par le programme Structure. Les diagrammes représentent l'assignation de l'individu pour chaque cluster (Cluster 1 = vert, cluster 2 = bleu, cluster 3 = mauve, cluster 4 = orange). Les barplots représentent l'assignation des individus captifs dans chaque visonnière. .... 39

**Figure 33 :** Représentation géographique des échantillons de Bretagne et leurs assignations selon les clusters génétiques définis par le programme Structure. Les diagrammes représentent l'assignation de l'individu pour chaque cluster (Cluster 1 = vert, cluster 2 = bleu, cluster 3 = mauve, cluster 4 = orange). Le barplot représente l'assignation des individus présents sur l'île Tomé (indiqué par l'étoile rouge). .... 40

Figure 34 : Réseau hydrographique (fleuves et rivières) du territoire français..... 54

**Tableau 1 :** Lieu de récolte des échantillons captifs et féraux français à gauche et à droite, ceux du Canada. .... 22

**Tableau 2:** Marqueurs microsatellites utilisés pour l'étude du vison d'Amérique avec leurs amorces forward et reverse, leur taille théorique et les fluorochromes associés (Applied Biosystems). Les loci en bleu ont été ajoutés aux mix canadiens et le locus en orange se trouve dans le mix C pour les canadiens. .... 23

**Tableau 3:** Étapes du programme PCR pour les microsatellites. .... 24

**Tableau 4 :** Valeurs de  $F_{ST}$  (+intervalles de confiance à 95%) et les valeurs de  $D_{JOST}$  (+intervalles de confiance à 95%) entre les populations canadiennes et françaises. .... 40

**Tableau 5 :** Paramètres de variabilité génétique des deux clusters obtenus par le programme Structure ; N = nombre d'individus par locus et par population, A = nombre d'allèle par locus par population, % = pourcentage du total des allèles observés par locus par population, Ar = richesse allélique (+ intervalles de confiance à 95%),  $H_o$  = hétérozygotie observée ( $\pm$  écart-type),  $H_e$  = hétérozygotie attendue ( $\pm$  écart-type), HWE = p-value de la déviation par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weindberg,  $F_{IS}$  = coefficient de consanguinité (+ intervalles de confiance à 95%). .... 41

**Tableau 6 :** Paramètres de variabilité génétique des individus captifs (canadiens et français), des individus sauvages canadiens et féraux français; N = nombre d'individus par locus et par population, A = nombre d'allèle par locus par population, % = pourcentage du total des allèles observés par locus par population, Ar = richesse allélique (+ intervalles de confiance à 95%),

Ho = hétérozygotie observée ( $\pm$  écart-type), He = hétérozygotie attendue ( $\pm$  écart-type), HWE = p-value de la déviation par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weindberg,  $F_{IS}$  = coefficient de consanguinité (+ intervalles de confiance à 95%)..... 42

**Tableau 7 :** Valeurs de  $F_{ST}$  (+intervalles de confiance à 95%) et les valeurs de  $D_{JOST}$  (+intervalles de confiance à 95%) entre les quatre clusters canadiens obtenus par le programme Structure. .... 43

**Tableau 8 :** Paramètres de variabilité génétique des quatre clusters canadiens obtenus par le programme Structure; N = nombre d'individus par locus et par population, A = nombre d'allèle par locus par population, % = pourcentage du total des allèles observés par locus par population, Ar = richesse allélique (+ intervalles de confiance à 95%), Ho = hétérozygotie observée ( $\pm$  écart-type), He = hétérozygotie attendue ( $\pm$  écart-type), HWE = p-value de la déviation par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weindberg,  $F_{IS}$  = coefficient de consanguinité (+ intervalles de confiance à 95%)..... 43

**Table 9 :** Paramètres de variabilité génétique des individus captifs et sauvages canadiens; N = nombre d'individus par locus et par population, A = nombre d'allèle par locus par population, % = pourcentage du total des allèles observés par locus par population, Ar = richesse allélique (+ intervalles de confiance à 95%), Ho = hétérozygotie observée ( $\pm$  écart-type), He = hétérozygotie attendue ( $\pm$  écart-type), HWE = p-value de la déviation par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weindberg,  $F_{IS}$  = coefficient de consanguinité (+ intervalles de confiance à 95%).. 44

**Tableau 10 :** Valeurs de  $F_{ST}$  (+ intervalles de confiance à 95%) et les valeurs de  $D_{JOST}$  (+ intervalles de confiance à 95%) entre les quatre clusters français obtenus par le programme Structure. .... 45

**Tableau 11 :** Valeurs de  $F_{ST}$  (+intervalles de confiance à 95%) et les valeurs de  $D_{JOST}$  (+intervalles de confiance à 95%) entre les individus féraux et captifs français. .... 46

**Tableau 12 :** Paramètres de variabilité génétique des quatre clusters français obtenus par le programme Structure;..... 47

**Tableau 13 :** Paramètres de variabilité génétique des individus captifs et féraux français; N = nombre d'individus par locus et par population, A = nombre d'allèle par locus par population, % = pourcentage du total des allèles observés par locus par population, Ar = richesse allélique (+ intervalles de confiance à 95%), Ho = hétérozygotie observée ( $\pm$  écart-type), He = hétérozygotie attendue ( $\pm$  écart-type), HWE = p-value de la déviation par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weindberg,  $F_{IS}$  = coefficient de consanguinité (+ intervalles de confiance à 95%).. 47

**Tableau 14 :** Valeurs de  $F_{ST}$  (+intervalles de confiance à 95%) et les valeurs de  $D_{JOST}$  (+intervalles de confiance à 95%) entre les individus féraux en Bretagne. .... 48

<b>Tableau 15</b> : Paramètres de variabilité génétique des individus féraux en Bretagne; N = nombre d'individus par locus et par population, A = nombre d'allèle par locus par population, % = pourcentage du total des allèles observés par locus par population, Ar = richesse allélique (+ intervalles de confiance à 95%), Ho = hétérozygotie observée ( $\pm$ écart-type), He = hétérozygotie attendue ( $\pm$ écart-type), HWE = p-value de la déviation par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weindberg, Fis = coefficient de consanguinité (+ intervalles de confiance à 95%). .....	48
<b>Tableau 16</b> : Paramètres de variabilité génétique des individus captifs (Canada et France), des individus sauvages canadiens et des individus féraux français; h = haplotype, Hd = diversité haplotypique ( $\pm$ écart-type), Pi = diversité nucléotidique ( $\pm$ écart-type). .....	49
Table 17 : Nombre d'individus montrant une couleur du pelage spécifique. Les quatre individus sauvages ne sont pas repris dans ce tableau car l'information sur leur pelage n'a pas été communiquée. ....	Annexe 1
Table 18 : Étape de la première PCR pour le séquençage à haut-débit.....	Annexe 3
Table 19: Étape de la deuxième PCR pour le séquençage à haut débit. ....	Annexe 3
Table 20: Volume utilisé ( $\mu$ l) pour le standard de taille et 1x TE dans les deux dernières colonnes.....	Annexe 3

## Table des matières

Introduction .....	1
Les invasions biologiques : une menace pour la biodiversité .....	2
Différents types d'introductions .....	4
Les îles : un écosystème vulnérable .....	7
La génétique pour étudier les espèces invasives .....	8
Objectifs du mémoire .....	10
Présentation de l'espèce .....	11
Biologie du vison d'Amérique .....	11
Histoire et répartition géographique .....	13
Impacts sur l'écosystème .....	15
Situation actuelle .....	16
France : .....	16
Canada : .....	20
Le complexe majeur d'histocompatibilité : .....	21
Matériels et méthodes .....	21
Échantillons .....	21
Origine des échantillons : .....	21
Extraction de l'ADN : .....	22
Analyses génétiques .....	22
Génotypage des marqueurs microsatellites : .....	23
- Choix des marqueurs : .....	23
- Amplification par PCR : .....	24
- Vérification de la PCR par électrophorèse : .....	24
- Génotypage : .....	24
- Analyses statistiques : .....	24
Séquençage à haut débit du gène DRB du complexe majeur d'histocompatibilité : .....	25
- Choix des individus : .....	25

- Choix du marqueur non neutre : .....	26
- Préparation de la plaque pour l'analyse NGS : .....	26
- Analyses statistiques : .....	26
Résultats .....	27
Structure génétique.....	27
Ensemble des échantillons (France et Canada) : .....	27
À l'échelle du Canada : .....	31
À l'échelle de la France : .....	34
Diversité génétique.....	40
Ensemble des échantillons (Canada et France) : .....	40
Canada : .....	43
France : .....	45
Diversité du gène DRB CMH-II .....	48
Discussion .....	50
Structuration et diversité génétique de l'espèce.....	50
Ensemble des échantillons : .....	50
À l'échelle du Canada : .....	51
À l'échelle de la France : .....	53
En Bretagne: .....	57
Le gène DRB du CMH-II : .....	58
Intérêt des résultats obtenus en terme de conservation .....	59
Conclusion.....	61

## Introduction

Depuis le XX<sup>e</sup> siècle, le changement des écosystèmes évolue rapidement et le phénomène d'extinction ne cesse d'augmenter. Depuis cette époque, on estime que le taux d'extinction est de 100 à 1 000 fois plus rapide que les taux d'extinctions naturelles (Campbell et Reece, 2007 ; Chapin et al, 2000). Ce phénomène apparaît être multifactoriel et est directement lié aux changements que provoque l'espèce humaine sur les cycles biogéochimiques, les flux d'énergie, ou encore les structures trophiques. Selon l'estimation de l'IUCN en décembre 2016, sa liste rouge s'élevait à 85 604 espèces dont 24 307 sont menacées d'extinctions (IUCN, 2016). Avec ces chiffres alarmants qui ne cessent d'augmenter, de nombreux scientifiques s'accordent à dire que la 6<sup>e</sup> extinction de masse a bel et bien commencé (Ceballos et al, 2015). Tous les groupes d'organismes sont touchés par l'extinction que ce soit les animaux vertébrés ou les invertébrés mais également les végétaux et les champignons.

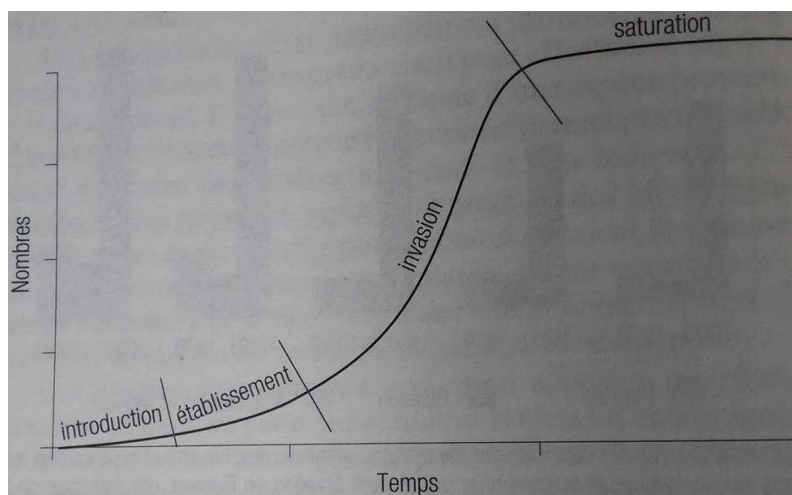
L'empreinte de l'homme sur l'environnement a pris une ampleur planétaire au cours des dernières décennies (Baguette et al, 2014). Les quatre menaces principales provoquées directement ou indirectement par les activités anthropiques sont la destruction des habitats, les invasions biologiques, la surexploitation des ressources et les perturbations des réseaux d'interactions (Campbell et Reece, 2007 ; Bretagnolle et al, 2014). Parmi ces principales menaces, les invasions biologiques semblent être un facteur important dans l'extinction d'espèces autochtones. Les espèces introduites dans un environnement provoquent divers impacts directs tels que la compétition pour les ressources et la prédation ou des impacts indirects comme la transmission de maladies (Campbell et Reece, 2007 ; Gurevitch et Padilla, 2004).



## Les invasions biologiques : une menace pour la biodiversité

Le terme d'invasion biologique est utilisé lorsqu'une espèce est introduite volontairement ou involontairement dans un nouveau milieu et qu'elle se propage (Campbell et Reece, 2007 ; Keller et al, 2011). Depuis des siècles, les hommes ne cessent en effet de disséminer de nouvelles espèces pour leurs besoins alimentaires ou leurs loisirs (Keller et al, 2011). Ce mouvement est devenu plus important à partir de l'ère coloniale où les transports se faisaient par bateaux. En effet, avant cette époque, les échanges intercontinentaux étaient rares. Depuis le XX<sup>e</sup> siècle, ces échanges intercontinentaux ont pris de l'ampleur suite à la globalisation et l'augmentation de la mobilité humaine (Mooney et Cleland, 2001 ; Nentwig, 2012 ; Primack et al, 2012). Suite à ses activités, l'homme a donc permis à des espèces de s'établir dans des régions situées en dehors de leurs aires natives, certaines d'entre elles devenant invasives dans un laps de temps très court (Nentwig, 2012).

Toutes les espèces qui sont introduites dans un nouvel environnement ne deviennent pas nécessairement invasives. Effectivement, dans la plupart des cas, les espèces non indigènes n'arrivent pas à se maintenir, d'autres s'y installent mais leurs populations restent constantes tandis qu'une faible partie devient invasive. Pour atteindre ce niveau, l'espèce doit traverser différentes étapes de transition (Davis, 2009 ; Nentwig, 2012). Selon les différents scientifiques, de trois à six étapes de transition sont mentionnées. Mais les phases majeures de la transition (Figure 1) sont généralement considérées au nombre de quatre avec une variation de la vitesse selon les espèces et l'habitat dans lequel elles vont être introduites (Davis, 2009).



**Figure 1** : Les quatre phases du processus d'invasion (d'après Nentwig, 2012)

L'importation d'un faible nombre d'individus hors de sa zone géographique d'origine et l'introduction dans un nouvel écosystème constitue la première phase. Ces individus ont un taux d'accroissement faible et leur impact semble ne pas avoir d'effet sur l'habitat d'introduction. La seconde phase correspond à l'adaptation et à l'établissement de la population ayant un petit effectif. Cette population s'agrandit et provoque de faibles impacts. Cette deuxième étape correspond à l'acclimatation à l'environnement, elle peut prendre quelques décennies ou siècles selon les espèces (Nentwig, 2012). À titre d'exemple, la Bernache du Canada (*Branta canadensis*) est devenue invasive après 300 ans d'installation en Angleterre alors qu'il n'a suffi que de 40 ans pour qu'elle s'installe durablement en Suède (Nentwig, 2012). La troisième phase est dite phase d'invasion ou invasion biologique. Elle se traduit par une augmentation de la densité de l'espèce avec une propagation plus importante dans l'écosystème. La quatrième phase correspond à la saturation au niveau de l'environnement. Lorsque le milieu favorable à cette espèce est occupé, il ne peut plus y avoir d'expansion. Les espèces qui s'établissent peuvent provoquer des impacts négatifs mais également positifs. Un exemple d'effet positif est l'introduction de certaines espèces de poissons pour améliorer la pêche permettant un développement économique (Bax et al, 2003 ; Keller et al, 2011). Les effets négatifs provoqués par ces espèces peuvent s'avérer extrêmement importants concernant les espèces autochtones, l'écosystème, la santé humaine et l'économique (Davis, 2009 ; Keller et al, 2011 ; Nentwig, 2012).

Comme énoncé plus haut, toutes les espèces ne deviennent pas invasives et pour expliquer ce phénomène, la règle des dizaines (« Tens rule ») fut proposée par Williamson (1996). Celle-ci démontre la probabilité d'espèces pouvant traverser les trois principales étapes de transition : introduction, établissement et propagation (Williamson et Fitter, 1996). Cette règle estime que 10% des espèces introduites s'établissent dans le nouvel écosystème et que 10% de ces établissements vont se propager et devenir envahissants, c'est-à-dire que pour 100 espèces introduites, une seule deviendra nuisible. Cependant, si cette règle semble correcte pour les plantes terrestres, elle est contradictoire pour plusieurs taxa d'animaux. En effet, diverses études ont obtenu des pourcentages bien plus élevés concernant les groupes de poissons ou de mammifères. Les résultats de l'étude de Jeschke et Strayer (2005) ont ainsi démontré que plus de 50% des taxa d'animaux introduits, s'établissent et finissent par se propager (Jeschke et Strayer, 2005 ; Keller et al, 2011). Selon ces auteurs, il semblerait que les vertébrés ont un faible succès d'introduction mais que s'ils sont introduits dans un nouvel environnement via une aide extérieure, leur potentiel d'établissement peut devenir très important. L'étape d'introduction étant une phase cruciale, les techniques pour empêcher la dissémination accidentelle ou

volontaire d'espèces devraient être plus développées. Enfin, la proportion d'espèce introduite qui s'établissent varie selon l'environnement hôte et les taxa (Genovesi et al, 2009 ; Keller et al, 2011).

## Différents types d'introductions

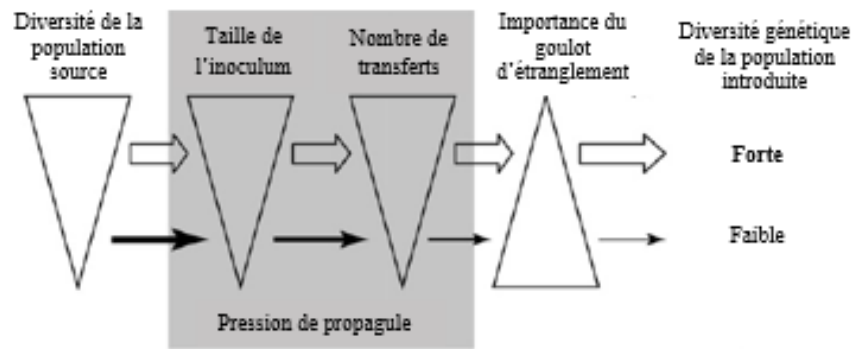
L'introduction d'une espèce non indigène hors de sa zone native comporte trois types de transports : intentionnel, accidentel ou une colonisation naturelle par les espèces elles-mêmes (Keller et al, 2011). L'introduction volontaire représente 35% des cas. Parmi ces introductions, nous pouvons citer les loisirs tels que la chasse (ex. le faisan, *Phasianus calchicus*) ou la pêche (ex. la truite arc-en-ciel, *Oncorhynchus mykiss*), les luttes biologiques (ex. l'escargot carnivore, *Euglandina rosea*) ou encore les animaux de compagnies (ex. le poisson rouge, *Carassius auratus*). D'autres espèces, introduites pour le commerce comme les fermes à fourrure ou les zoos, peuvent s'échapper de manière volontaire ou involontaire (Davis, 2009 ; Genovesi et al, 2009 ; Nentwig, 2012). Le transport involontaire d'animaux exotiques peut également s'effectuer à partir d'avions, de bateaux ou d'automobiles. Par exemple, les écosystèmes marins sont extrêmement perturbés par les espèces allochtones marines, nombre d'entre elles se trouvant dans les eaux de ballast de navires mais aussi sur leur coque. Un des exemples les plus typiques concerne la moule zébrée (*Dreissena polymorpha*) introduite dans de nombreuses régions du monde via les transports maritimes (Keller et al, 2011 ; Nentwig, 2012). Enfin, les espèces peuvent aussi se déplacer et s'introduire dans un nouvel environnement via les diverses infrastructures construites par l'homme tel que le canal de Suez qui a mis en relation la mer Rouge avec la Méditerranée. Ce canal a engendré 54% des établissements d'espèces non indigènes dans la Méditerranée (Keller et al, 2011). Ces diverses introductions semblent rendre plus riche la biodiversité mais en réalité, elles ont surtout entraîné une homogénéisation biotique, c'est-à-dire que la biodiversité entre les continents tend à devenir plus uniforme (Nentwig, 2012). De nos jours, la prise de conscience face aux introductions passées a permis de mettre en place une surveillance des transports intercontinentaux provoquant une diminution des introductions accidentelles (Genovesi et al, 2009).

L'établissement et l'invasion d'une espèce se trouvant hors de son aire d'origine dépendent également de facteurs génétiques, environnementaux et de la biologie de l'espèce (Prentis et al, 2008).

Tout d'abord, au niveau génétique, la population introduite présente généralement un nombre d'individus faible et sa diversité génétique ne représente qu'une fraction de celle de la population d'origine. Ce type de population peut être confronté au phénomène de goulot

d'étranglement et entraîner une diminution de la diversité génétique (Bifulchi, 2007). Néanmoins, ce phénomène peut ne pas avoir qu'un effet négatif sur ces populations. Au contraire, il peut présenter un impact positif en purgeant les allèles délétères (Roman et Darling, 2007). En plus de ce goulot d'étranglement, la population introduite peut faire face à un phénomène de consanguinité, à la difficulté de trouver un partenaire, à un faible taux de reproduction ou à un effet d'Allee. Ces effets ont la capacité de diminuer le succès d'établissement, de propagation des espèces introduites et ainsi engendrer une extinction (Davis, 2009). Cependant, certaines populations surmontent leur faible diversité génétique et colonisent de nouveaux environnements (Roman et Darling, 2007 ; Stapley et al, 2015). Cette surprenante capacité à s'adapter et à coloniser est connue sous le nom de « paradoxe génétique des espèces invasives » (Stapley et al, 2015). Plusieurs hypothèses peuvent expliquer ce paradoxe comme des processus mutationnels (ex. les éléments transposables) en réponse aux nouveaux milieux qui génèreraient une grande variation génétique et donc une adaptation rapide (Stapley et al, 2015). Des espèces avec une plasticité phénotypique et reproductive surmontent également cette faible diversité génétique tels que les corbicules (*Corbicula*) qui peuvent être hermaphrodites ou dioïques (Kirkendale et Clare, 2008 ; Pigneur et al, 2011 ; Pigneur et al, 2013).

La pression de propagule ou effort d'introduction constitue également un facteur clé pour l'établissement et la propagation des populations allochtones (Duncan, 2011). La pression de propagule (Figure 2) fait référence au nombre d'individus introduits dans l'environnement non natif. Elle est mesurée à partir de la taille de la propagule (nombre d'individus), du nombre de propagules introduites lors d'un seul événement d'introduction et la fréquence d'introduction (Roman et Darling, 2007 ; Duncan, 2011). Ainsi, une espèce aura une plus grande chance de s'établir dans un nouvel environnement si la taille de la propagule et la fréquence d'introduction sont élevées. L'espèce, caractérisée par une grande diversité génétique suite à de multiples introductions à partir d'un grand nombre d'individus, pourra alors s'installer et se propager dans sa nouvelle zone (Davis, 2009 ; Roman et Darling, 2007 ; Novak, 2011). Néanmoins, la pression de propagule est souvent très difficile à mesurer dans les cas d'introductions involontaires (Duncan, 2011).



**Figure 2 :** Facteurs intervenant dans l'introduction d'une espèce invasive. Les triangles montrent l'importance de chaque facteur. L'épaisseur de la flèche indique la diversité génétique qui est préservée de la population source à la population introduite (d'après Roman et Darling, 2007)

Par rapport à l'environnement, l'invasion dépend de l'habitat, des espèces autochtones présentes ou du climat (Simberloff, 2014 ; Nentwig, 2012). Un habitat qui est fortement perturbé par les activités anthropiques va être plus facilement colonisé par les espèces allochtones au détriment des espèces indigènes qui vont subir une pression supplémentaire (Nentwig, 2012). De plus, dans ces nouveaux habitats, les principaux prédateurs, parasites ou pathogènes de l'espèce allochtone ne sont pas présents ce qui favorise leur propagation car la croissance de la population introduite est moins contrôlée (Bonnaud et Courchamp, 2014). Enfin, avec le changement climatique, certaines espèces vont avoir une meilleure expansion. Par exemple, les espèces provenant des régions chaudes s'installeront plus facilement dans nos régions (Davis, 2009). Pour terminer, les traits de l'espèce introduite sont très importants pour permettre une installation dans un nouveau milieu. Ainsi, les espèces présentant les traits suivants auront plus de chances de devenir invasives : absence de spécialisation (habitat ou régime alimentaire), un pouvoir compétitif élevé, une croissance rapide, un nombre de descendants élevés et peu exigeants (Nentwig, 2012 ; Bonesi, 2007).

Les espèces non indigènes peuvent également transporter des maladies et des parasites qui vont être introduits dans l'écosystème d'accueil et provoquer des effets majeurs au sein de la communauté. Les espèces indigènes étant adaptées aux pathogènes locaux, elles sont plus sensibles aux nouveaux venus (Primack et al, 2012 ; Nentwig, 2012). De plus, leur transmission peut devenir de plus en plus rapide suite à une forte mobilité et expansion des espèces invasives (Primack et al, 2012). Un cas très connu est celui de l'acarien *Varroa destructor* qui parasite les abeilles asiatiques (*Apis cerana*). Cet acarien infesta les abeilles européennes (*Apis mellifera*) et se dissémina dans le monde entier. L'impact du *Varroa destructor* fut d'autant plus important dans nos régions, que l'abeille européenne est plus sensible à ce parasite par

rapport aux abeilles asiatiques, probablement adaptées depuis des milliers d'années à vivre en contact avec lui (Nentwig, 2012).

### Les îles : un écosystème vulnérable

Sur notre planète, 3% des terres émergées sont représentées par les îles (Global Island Database). Ces dernières sont caractérisées par un taux d'endémisme très important par rapport au continent (8,1 à 9,5 fois plus élevé) tandis que leur biodiversité (en nombre d'espèces) est plus faible pour une même surface. Cette pauvre diversité d'espèce est notamment causée par un isolement prolongé et l'exiguïté spatiale. Néanmoins, les espèces insulaires ont développé des caractéristiques très spécifiques dues à diverses contraintes biologiques, climatiques et géographiques (Bonnaud et Courchamp, 2014). De plus, l'isolement de l'île peut accentuer certains phénomènes de l'évolution comme la spéciation, la sélection ou encore la dérive génétique (Brockie et al, 1988 ; Bonnaud et Courchamp, 2014).

Sur les îles les plus isolées, certaines espèces animales comme les oiseaux marins s'y installent pour une période courte, correspondant généralement à la période de reproduction. Pour ces espèces, les îles sont des sites de refuges, présentant peu de prédateurs, leur permettant de passer la période de reproduction en toute tranquillité (Nordström et Korpimäki, 2004). Par exemple, le fou de bassan (*Morus bassanus*) est un oiseau de mer passant sa vie sur l'océan mais lors de la période de reproduction, il s'installe sur des îles exemptes de prédateurs et ayant des falaises escarpées qui sont importantes pour le décollage et l'atterrissage (Dewey, 2009).

L'environnement insulaire est beaucoup plus vulnérable aux espèces invasives, étant donné une série de caractéristiques spécifiques. En effet, ces terres isolées sont dites dysharmoniques car elles sont souvent caractérisées par un réseau trophique simplifié et les espèces y vivant ont une faible résilience ainsi qu'un manque d'immunité face aux maladies continentales. Les espèces insulaires sont souvent confrontées à un nombre restreint de prédateurs et de compétiteurs ce qui les rend d'autant plus fragiles quand de nouvelles espèces sont introduites (Bonnaud et Courchamp, 2014 ; Primack et al, 2012). En effet, elles n'ont pas nécessairement les mécanismes de défense requis pour survivre aux nouveaux prédateurs ou compétiteurs (Howald et al, 2007 ; Nordström et Korpimäki, 2004 ; Ruffino et al, 2009). Un exemple très connu concerne la dissémination du rat (*Rattus sp.*) sur 80% des îles au niveau mondial. Cette introduction, la plupart du temps involontaire, a provoqué le déclin de nombreuses espèces d'oiseaux telles que les oiseaux marins de la famille des Procellariiformes (pétrels et puffins) (Howald et al, 2007 ; Ruffino et al, 2009). À Madagascar, le rat noir (*Rattus rattus*), introduit par inadvertance, a un impact négatif sur les espèces endémiques telles que les rongeurs ou les

petits lémuriers (Tollenaere et al, 2010). La mangouste de Java (*Herpestes javanicus*) fut introduite sur diverses îles (Pacifique, océan Indien, Caraïbes et en mer Adriatique) pour contrôler la prolifération de rats et de serpents. Cette introduction s'est avérée néfaste pour les espèces natives (amphibiens, mammifères, oiseaux et reptiles) car la mangouste est un prédateur généraliste qui s'attaque plus facilement aux espèces endémiques naïves plutôt qu'aux rats noirs (Barun et al, 2011 ; Thulin et al, 2006).

L'étude des espèces invasives et surtout, leur contrôle, s'avère ainsi extrêmement importante pour la préservation des espèces insulaires.

### La génétique pour étudier les espèces invasives

Les techniques de génétique moléculaire peuvent aider à la gestion des espèces envahissantes en déterminant leur origine, leur structure génétique et leur diversité génétique. Ces approches permettent également de déterminer les schémas de dispersion des espèces invasives, ainsi que les connexions possibles entre différentes propagules ayant été introduites de manière indépendante, ce qui risque d'augmenter la diversité génétique de ces espèces et par là, augmenter leur potentiel invasif (Fraser et al, 2013). En général, ces questions peuvent être élucidées grâce à l'utilisation de marqueurs dits « neutres » (ex. les microsatellites ou les SNPs). Cependant, il est possible actuellement d'utiliser en complément des marqueurs neutres, des marqueurs sélectionnés, dont ceux associés au système immunitaire. Ces marqueurs sont généralement très variables en raison des processus évolutifs intervenant dans la résistance aux maladies et aux pathogènes, ce qui engendre une grande diversité génétique entre les populations et au sein d'une population (André et al, 2017, Becker et al, 2009). Ces derniers marqueurs constituent des outils particulièrement performants dans le domaine de la biologie de la conservation ou encore des espèces invasives (Fraser et al, 2013). En effet, ils permettent d'estimer avec précision les potentialités de résistance des espèces faces aux pathogènes et parasites et par là, leur survie à long terme.

Parmi les groupes de gènes du système immunitaire les plus fréquemment étudiés, le complexe majeur d'histocompatibilité (CMH ou MHC en anglais) est l'un des plus polymorphiques chez les vertébrés. Au sein de ce complexe, le gène DRB du MHC-II (« Major Histocompatibility Class II ») est l'un des plus utilisés étant donné sa variabilité relativement plus faible par rapport aux autres gènes du complexe et donc, une plus grande facilité d'analyse. Il comporte un domaine de liaison à l'antigène qui est très variable. Les gènes du CMH sont actuellement étudiés grâce aux technologies de séquençage dites de nouvelle génération

Figueiredo Torres Katty

(« NGS »). Ces techniques permettent en effet de mettre en évidence un nombre important d'allèles au sein des populations étudiées (Babik et al, 2009 ; Grogan et al, 2016).

À partir de ces différentes approches génétiques, divers plans de gestion par rapport aux espèces envahissantes peuvent être mis en place.



## Objectifs du mémoire

Dans le cadre de ce mémoire, l'étude s'est portée sur une espèce de mammifère invasive en Europe, le vison d'Amérique (*Neovison vison*). Cette étude a pour but d'étudier, au niveau génétique, un échantillonnage important d'animaux provenant de populations de visons introduites en France ainsi que d'animaux « témoins » provenant de l'aire de distribution d'origine du vison d'Amérique (Canada). Ces échantillons ont été analysés à l'aide de deux outils génétiques complémentaires. Le premier, de type « neutre », reprend un set de 16 marqueurs microsatellites et l'autre, de type « sélectionné » correspond au gène DRB du CMH de type II associé au système immunitaire.

Plus précisément, les objectifs de ce mémoire ont été (i) de comparer la structure et la diversité génétique de populations férales et captives de vison d'Amérique vivant en France, avec celles caractérisant des populations captives et sauvages provenant de la région d'origine de l'espèce (Canada). Par cette comparaison, nous avons voulu tester l'hypothèse selon laquelle les populations introduites en France pourraient être caractérisées par une diversité génétique plus faible par rapport aux populations provenant des régions d'origine. (ii) De mieux comprendre pourquoi le vison d'Amérique présente une dynamique de colonisation si important au niveau de la France et tester l'hypothèse selon laquelle cette dynamique pourrait être associée à un relâché de nombreuses propagules de visons, à partir de plusieurs fermes d'élevage situées dans l'ouest de la France. Ces propagules pourraient être caractérisées par une diversité génétique différente et leur mise en commun pourrait renforcer la santé génétique des populations de visons; (iii) d'évaluer l'origine des visons d'Amérique ayant colonisé une petite île au large de la Bretagne (Île Tomé), et caractérisée par d'importantes colonies d'oiseaux de mer, (iv) d'évaluer le nombre de visons fondateurs pour cette population insulaire et évaluer les risques de flux génétiques fréquents entre le continent et l'île.

## Présentation de l'espèce

### Biologie du vison d'Amérique

Le vison d'Amérique (*Neovison vison*) (Figure 3) est un petit mammifère carnivore faisant partie de la famille des mustélidés. Cette dernière regroupe généralement des petits carnivores ayant un corps allongé sur des membres assez courts (Vaughan et al, 2015). Auparavant, le vison d'Amérique était classé dans le genre *Mustela*, *Mustela vison* par Schreber en 1777 mais, en 1997, Baryshnikov et Abramov l'ont classé dans un nouveau genre appelé *Neovison* où il est le seul représentant vivant du genre, l'autre étant le vison de mer (*Neovison macrodon*) qui s'est éteint (Harding et Smith, 2009). Il est endémique de l'Amérique du Nord (Figure 4) sauf dans les États du Sud des Etats-Unis, le Mexique et le nord du cercle arctique. Cependant, depuis quelques décennies, il est localisé sur le continent européen, asiatique, en Amérique du Sud et en Nouvelle-Zélande (Brennan et Bryant, 2011 ; Melero et al, 2012).



**Figure 3 :** Vison d'Amérique (*Neovison vison*).  
Source : <http://gije.e-monsite.com/>



**Figure 4 :** Distribution géographique du vison d'Amérique sur le continent nord-américain.

Source : <http://maps.iucnredlist.org/map.html?id=41661>

Le vison est un animal actif toute l'année et il est principalement solitaire et nocturne (Natural History Notebook, 2016). Il peut mesurer entre 30 à 50 cm, les plus grands mâles atteignent 60 cm, leurs pattes postérieures sont en partie palmées ce qui signifie que c'est un animal semi-aquatique. De plus, sa fourrure est imperméable à l'eau et est généralement de couleur brune foncée avec une tache blanche au niveau du menton. Néanmoins, depuis sa domestication, il existe diverses couleurs de pelage passant par le blanc, gris, fauve ou noir. L'espèce peut être confondue avec le vison d'Europe (*Mustela lutreola*) (Figure 5) qui est également foncée mais dont la tache blanche commence au niveau de la lèvre supérieure recouvrant son museau et le menton (Branquart, 2013 ; Schlimme, 2003). Les visons possèdent des glandes anales qui sécrètent une odeur musquée. Ces dernières peuvent être utilisées par les mâles pour marquer leur territoire car ils ne supportent pas les autres mâles (Schlimme, 2003).



Figure 5 : Vison d'Europe (*Mustela lutreola*).  
Source : <http://www.especes-menacees.fr>

L'habitat du vison est assez diversifié. Cependant, il privilégie les habitats se situant à proximité de cours d'eau ou de lacs. Il peut également se rencontrer dans les marais et les forêts mais aussi dans les zones côtières (Branquart et Fried, 2016). Toutefois, si la nourriture est en abondance dans un milieu éloigné de l'eau, l'animal n'aura aucun problème à s'y installer (Halliwell et Macdonald, 1996).

Le régime alimentaire du vison est assez varié incluant des proies terrestres, aquatiques ou semi-aquatiques. Par conséquent, il est considéré comme un prédateur généraliste et opportuniste (Bonesi, 2006). Le type de proie va dépendre de sa disponibilité dans le milieu, de l'habitat et de la saison (Branquart, 2013). En été, le vison va privilégier les oiseaux tandis que les petits mammifères seront chassés en automne (Erlinge, 1969). Il peut aussi se nourrir de batraciens et d'insectes (Branquart, 2013). Le vison, étant un prédateur vorace, chasse ses proies sans qu'il en ait réellement besoin et les stockent. Ce comportement est différent de celui de la loutre qui chasse seulement lorsqu'elle en a besoin (Erlinge, 1969). Malgré son rôle de

prédateur, le vison a divers ennemis tels que le loup (*Canis lupus*) ou le Grand-duc d'Amérique (*Bubo virginianus*) (Branquart, 2013 ; Schlimme, 2003).

Concernant l'accouplement, la saison de reproduction se situe entre fin février et début avril. La reproduction étant polyandre, les femelles vont pouvoir se reproduire avec plusieurs mâles (Schlimme, 2003). Ce comportement donne des avantages pour les femelles comme un meilleur accès aux ressources, une plus grande portée ou une sécurité par rapport aux mâles stériles (Thom et al, 2004b). La période de gestation dure généralement 40 à 75 jours avec un nombre de 5 à 8 jeunes à chaque portée. La maturité sexuelle des jeunes est acquise après 10 mois (Bonesi, 2006 ; Nimon et Broom, 1999).

La reproduction chez les visons est différente de celle de la plupart des carnivores. En effet, les femelles présentent une superfécondation, c'est-à-dire que pour une ovulation, il y a plusieurs ovules fécondables et une superfétation qui signifie qu'il y a des ovulations multiples. En d'autres termes, une femelle déjà fécondée peut être à nouveau fécondée ce qui engendre des embryons provenant de cycles ovulatoires distincts. En plus de ces deux mécanismes, la fécondation par de multiples mâles est augmentée par une implantation retardée du blastocyste fécondée sur l'utérus (Thom et al, 2004b). Concernant le mâle, celui-ci quitte son territoire pendant la période de reproduction pour aller féconder d'autres femelles (Yamaguch et al, 2004).

Le caractère colonisateur des visons d'Amérique est très important et peut être constaté dans les régions où ils ont été introduits. Chez les juvéniles, la dispersion peut se faire jusqu'à une distance de 50 km de leur aire natale. De plus, si les proies sont rares dans leur habitat de prédilection, ils peuvent se déplacer à 6 km du cours d'eau pour trouver une nourriture appropriée. Enfin, dans les régions où il a été introduit, son taux d'expansion varie de 3 à 10 km par an (Branquart, 2013).

## [Histoire et répartition géographique](#)

Comme il a déjà été mentionné, le vison d'Amérique est endémique de l'Amérique du Nord et pourtant, depuis plusieurs décennies, on le retrouve à l'état naturel un peu partout dans le monde (Beauclerc et al, 2013 ; Melero et al, 2012).

Les premières fermes à fourrure ont vu le jour dans les années 1800 au Canada. Par la suite, de nouveaux élevages ont été créés sur le continent européen (Bowman et al, 2007 ; Fraser et al, 2014). C'est à partir de ces fermes d'élevage, que de nombreux individus se sont échappés pour coloniser diverses nouvelles régions dont l'Europe (Allemagne, Espagne, France, etc.) ou

le Japon (Fraser et al, 2014). Ces évasions n'ont pas été seulement accidentelles. En effet, dans les années 1970 et encore de nos jours, des associations de défense du « bien-être animal » s'introduisent dans les fermes pour libérer les diverses espèces emprisonnées. Ce fut notamment le cas en Allemagne en 2007 et en France dans le département de la Dordogne en 2009 où des milliers de visons ont été relâchés (Borrell et Saint-Hilaire, 2012 ; Nentwig, 2012).

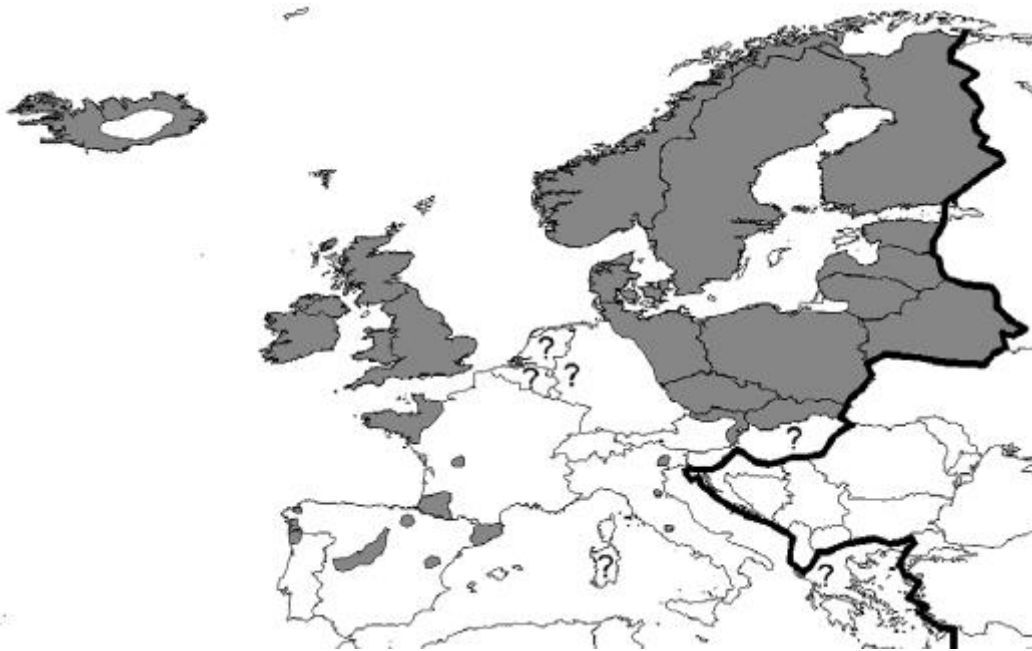
Aujourd'hui, ce mustélidé fait partie des 15 espèces invasives de vertébrés en Europe et se retrouve dans la liste d'éradication de la Convention de Berne (Bonesi, 2006 ; Fournier-Chambrillon, 2004 ; Rodrigues et al, 2015).

Le vison d'Amérique est présent un peu partout en Europe (Figure 6) mais sa densité varie selon les pays. L'Allemagne est le pays comptant le plus de fermes à fourrure et la libération de nombreux individus provenant des différents sites a provoqué l'installation de plusieurs populations férales. Certains pays comme l'Estonie ne comportent qu'une seule ferme à fourrure et pourtant le vison d'Amérique est très répandu, notamment suite aux immigrations de visons de pays voisins (Bonesi et Palazon, 2007). Un autre pays exempt de ferme à fourrure est le Portugal. Ce dernier est envahi de visons provenant des fermes espagnoles proches de la frontière mais leur expansion dans le pays est assez lente. Cela peut être expliqué par le fait que la population de loutre est très dense et plus compétitive que le vison. Dans d'autres pays comme la Finlande ou la Biélorussie, le vison est présent depuis au moins 40 ans (Bonesi et Palazon, 2007 ; Rodrigues et al, 2015). La Suède, la Lituanie ou la Grande-Bretagne avaient une population de vison très importante mais depuis quelques années, cette dernière décline. Ce déclin pourrait être expliqué par la recolonisation des loutres qui semblent constituer le prédateur naturel pour le vison (Bonesi et Palazon, 2007). En France, le signalement des premières populations férales a été attesté en Bretagne dès les années 1970. C'est dans cette région que se concentrait la grande majorité des fermes. Par la suite, l'espèce a été découverte dans de nombreuses autres régions de France, principalement concentrées dans le grand Sud-Ouest du pays (Bilfochi, 2007 ; Bonesi et Palazon, 2007). En Belgique, malgré la présence de visonnières, aucune population ne s'est établie. Cependant, il y a eu quelques échappés et des individus ont été observés en Flandre<sup>1</sup> (Bonesi et Palazon, 2007).

---

<sup>1</sup> Source : <https://observations.be/soort/view/18418>





**Figure 6 :** Répartition géographique des populations établies de vison d'Amérique (*N. vison*) sur le continent européen en 2007 (Bonesi et Palazon, 2007).

## Impacts sur l'écosystème

Le vison d'Amérique peut être dévastateur pour la biodiversité native car c'est un prédateur vorace, un compétiteur pour les ressources, vecteur de maladies et provoque une pollution génétique (Beauclerc et al, 2013 ; Branquart, 2013 ; Kidd et al, 2009).

Tout d'abord, le vison s'attaque aux invertébrés, mammifères, oiseaux et poissons (Zuberogoitia et al, 2010). Il affecte ainsi le succès reproducteur et la survie des espèces en provoquant parfois le déclin de population d'amphibiens, oiseaux marins et de rongeurs. De nombreuses îles voient leur diversité d'oiseaux nicheurs et leur densité diminuer. En Écosse sur la côte ouest par exemple, ce mustélidé a anéanti une colonie d'oiseaux marins (Branquart, 2013 ; Fraser et al, 2014).

Le vison est aussi connu pour rentrer en compétition pour les ressources avec des mustélidés natifs tels que l'hermine (*Mustela erminea*), le putois (*M. putorius*) et le vison d'Europe (*M. lutreola*) (Branquart, 2013 ; Fournier, et al, 2007). Ce dernier mustélidé, *M. lutreola*, est une espèce extrêmement menacée suite à une série de facteurs, comme la pollution de l'eau, l'hybridation avec son espèce-sœur, le putois européen, la fragmentation de son habitat, la chasse et la compétition avec le vison d'Amérique (Cabria et al, 2011 ; Cabria et al, 2015 ; Davison et al, 2000 ; Michaux et al, 2005). En 2006, la population du vison d'Europe s'élevait

seulement à 20% de sa population d'origine répartie en trois sur le continent européen (Nord-Est, Ouest et Sud-Est de l'Europe) (González-Esteban et al, 2006 ; Michaux et al, 2005). Le vison d'Amérique peut vivre en sympatrie avec la loutre d'Europe (*Lutra lutra*) et leur relation est la prédation intragilde ou l'agression interspécifique. Dans ce contexte, c'est généralement la loutre qui ressort gagnante dans ce conflit car elle est plus imposante en termes de taille et de poids (McDonald et al, 2007).

Ensuite, les visons provenant des fermes sont des réservoirs pour certaines maladies infectieuses telles que le botulisme, la maladie de Carré et la maladie d'Aléoutienne transmettant ainsi les maladies aux autres espèces de carnivores natifs (Branquart, 2013, Nimon et Broom, 1999).

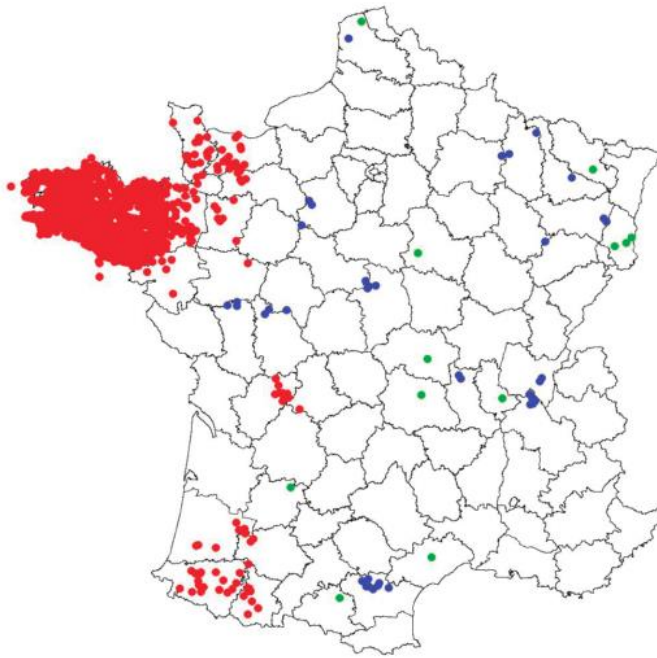
Enfin, les visons d'Amérique captifs dans les fermes d'élevages en Amérique du Nord s'hybrident avec les visons sauvages. Ces hybridations et introgressions engendrent le transfert de gènes sélectionnés artificiellement, donnant des hybrides moins adaptés au milieu naturel. Ce transfert peut provoquer une perturbation fondamentale dans les complexes de gènes adaptés (Beauclerc et al, 2013 ; Kidd et al, 2009)

## Situation actuelle

### France :

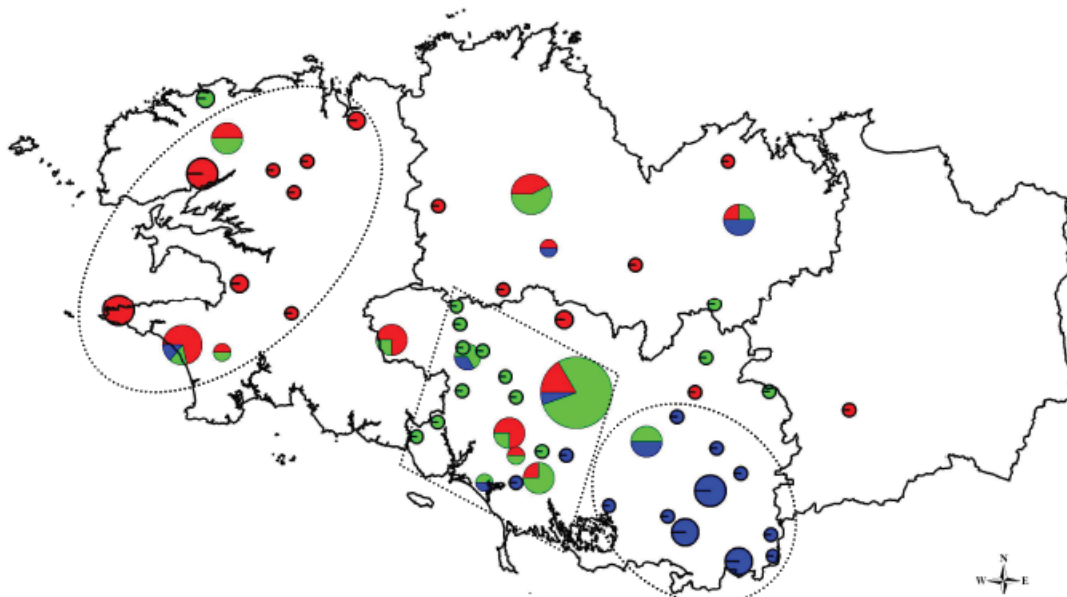
L'étude sur les populations de vison d'Amérique en France a seulement commencé depuis quelques décennies. Ce sous-chapitre résume les informations actuellement connues concernant les différentes populations férales françaises.

Déjà fin des années 1999 (Figure 7), trois populations se distinguaient dans le pays : une en Bretagne, une dans le nord de la Charente et une dans le sud-ouest (Bonesi et Palazon, 2007 ; Borrell et Saint-Hilaire, 2012). L'existence de ces populations a été reliée à la présence d'élevages. La région bretonne compte la plus grande densité de visons en comparaison des deux autres régions. Ceci peut être expliqué par le grand nombre de fermes à fourrure installées depuis des décennies et par des infrastructures peu « étanches » laissant aisément les visons s'échapper (Bifulchi, 2007 ; Bonesi et Palazon, 2007 ; Borrell et Saint-Hilaire, 2012).



**Figure 7 :** Observations de visons d'Amérique (*N. vison*) en France de 1990 à 1999. Les observations en rouge : rattachées à l'existence de populations férales, en bleu : animaux échappés d'élevages n'ayant pas fondé de population férale et en vert : non expliquées. Chaque point représente une commune (Léger, 2008).

En ce qui concerne la Bretagne, une précédente étude génétique (Bifulchi et al, 2010) a démontré que cette population était divisée en 3 sous-populations génétiques (Figure 8). Cette étude a également démontré que ces sous-populations pouvaient se mélanger et engendrer ainsi une augmentation de la diversité génétique et donc un accroissement du potentiel invasif (Bifulchi et al, 2010). Ces sous-populations sont corrélées avec l'implantation d'anciennes fermes à fourrure. Les individus rencontrés dans le département des Côtes-d'Armor comptant très peu de visonnières sont assignés à une seule des trois populations (Bifulchi, 2007).



**Figure 8 :** Répartition géographique des visons d'Amérique (*N. vison*) échantillonnés. Les ronds pointillés représentent les trois populations (Bifulchi, 2007).



En 2012, quelques visons ont été observés sur l'île Tomé dans le département des Côtes-d'Armor en Bretagne (Figure 9). L'île Tomé fait partie de la commune de Perros-Guirec et se situe à 2 km du continent. Depuis 1997, l'île est protégée car elle abrite des oiseaux nicheurs (Conservatoire du littoral). L'étude sur cette zone est donc très récente et des campagnes de piégeage ont été effectuées en 2016 pour déterminer le profil génétique de ces individus et de connaître leur origine (HELP, 2016 ; Lannion-Trégor communauté, 2015). Les îles colonisées par le vison connaissent une diminution de la taille des populations d'oiseaux comme en Écosse ou sur l'île de Navarino dans l'extrême sud du Chili (Clode et Macdonald, 2002 ; Schüttler et al, 2008). Sur Tomé, cette diminution se fait déjà ressentir (Lannion-Trégor communauté, 2015).



Figure 9 : Situation géographique de l'île Tomé.

Le noyau du sud-ouest est apparu dans les années 1980 et s'est ensuite étendu vers les départements du Gers et des Landes en 1990 (Borrell et Saint-Hilaire, 2012). L'étude de cette population est très importante car celle-ci est en contact direct avec la population de vison européen (*Mustela lutreola*) qui est une espèce en danger critique d'extinction (Bonesi et Palazon, 2007). Borrell et Saint-Hilaire (2012) ont mis en évidence une quatrième population (Figure 10) dans le Sud de la France dont le noyau aurait pris naissance dans la Montagne Noire qui sépare les départements de l'Aude, de l'Hérault, du Tarn et de la Haute-Garonne. Cette population a été observée pour la première fois dans le nord de l'Aude en 1999 mais s'est propagée rapidement dans les divers départements et atteint les Pyrénées-Orientales en 2012. Les deux populations du sud semblent converger vers la Haute-Garonne et leur rencontre entraînerait un mélange allélique engendrant des descendants plus compétents pour la colonisation (Borrell et Saint-Hilaire, 2012).

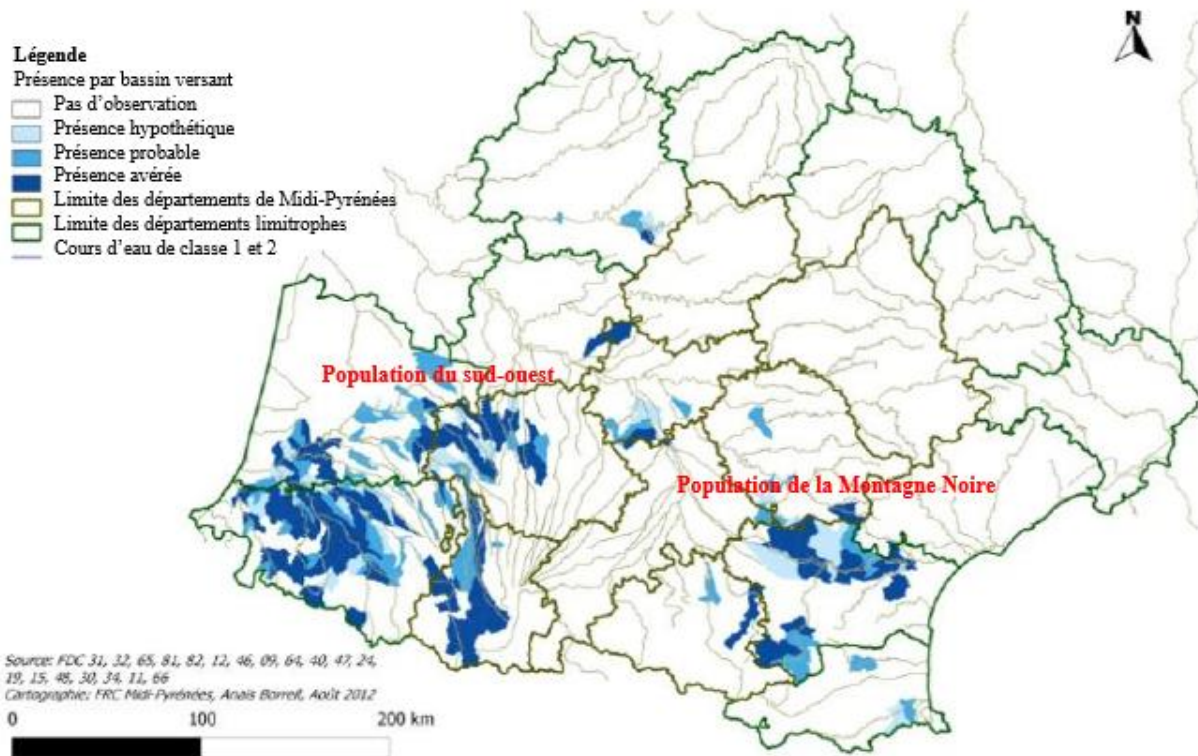


Figure 10 : Répartition géographique du vison d'Amérique (*N. vison*) dans le Sud de la France (Borrell et Saint-Hilaire, 2012).

En 2015, une étude génétique préliminaire effectuée par le laboratoire de Génétique de la Conservation à l'Université de Liège a montré que la population du sud-ouest pourrait être divisée en 4 sous-populations (Figure 11) dont 3 reliées aux fermes avoisinantes présentes dans l'échantillonnage. Ces résultats ont montré que ces populations présenteraient une bonne diversité génétique avec l'identification d'individus hybrides entre lignées génétiques différentes (Dubuisson, 2015).

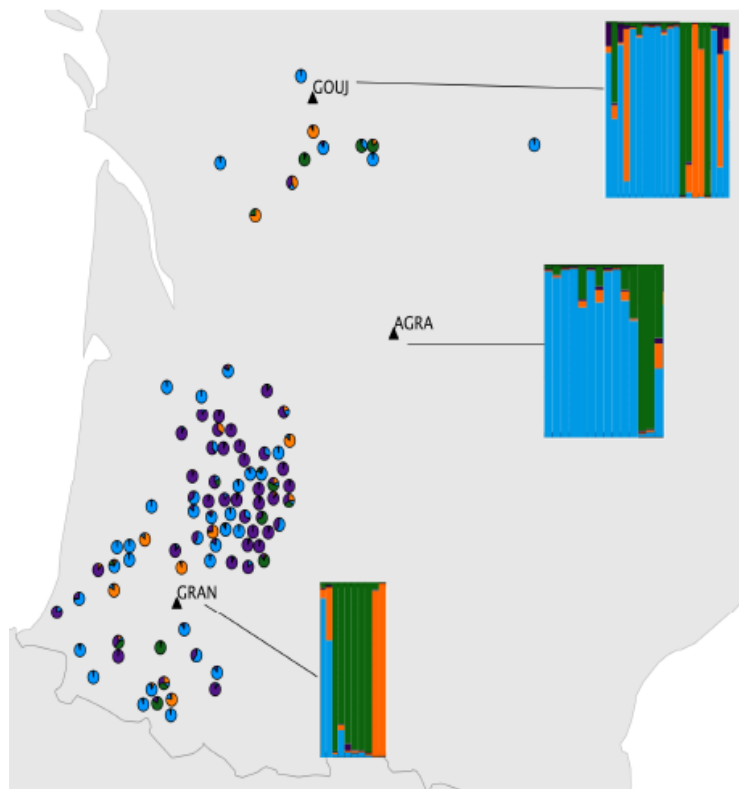


Figure 11 : Répartition géographique des visons d'Amérique dans le sud-ouest de la France selon les quatre clusters (d'après Dubuisson, 2015).

## Canada :

Au Canada, peu d'études sur la structure génétique des populations de visons d'Amérique ont été effectuées. Ce manque d'étude est dû au fait que le vison est natif de l'Amérique du Nord et donc que les visons domestiques échappés de visonnières ont peu d'impact sur la biodiversité locale (Bowman et al, 2007). De plus, la différence entre ces deux groupes de visons est très complexe malgré le fait que les visons domestiqués aient un phénotype et un génotype différents des visons sauvages (Beauclerc et al, 2013). Cependant, ces individus domestiques ont été observés en Terre-Neuve alors que les visons ne sont pas endémiques dans cette région.

En Ontario, deux études génétiques ont été menées récemment. Les résultats obtenus par Kidd et al. (2009) ont mis en évidence que des individus échappés de fermes persistent dans la nature et s'hybrident avec les populations de vison sauvage. La deuxième étude effectuée par Beauclerc et al. (2013) s'est réalisée sur une plus grande surface comparée à la précédente. Les résultats obtenus sont similaires mais montrent une diminution de l'estimation des hybrides et des individus échappés (18% en 2013 et 39% en 2009). Deux comtés de la province d'Ontario, Niagara et Essex, ont montré des populations très mixtes (95% et 80% des échappés et hybrides). Les résultats de ces deux premières études ont supporté l'existence de populations férales pouvant s'hybrider et s'introgresser avec les populations sauvages.

Une récente étude effectuée par Bowman et al. (2017) dans la région des Maritimes a montré que 26,9% étaient des individus de fermes et 6% des hybrides. De plus, les résultats ont indiqué que l'hybridation et l'introgression étaient plus courantes dans les zones de visonnières comme c'est le cas en Nouvelle-Écosse (51% de visons échappés et 8% d'hybrides).

La conséquence dans le processus d'hybridation et d'introgression est la diminution de la fitness des populations sauvages, l'introduction de gènes mal adaptés à l'environnement et la réduction du complexes de gènes adaptés (Beauclerc et al, 2013 ; Kidd et al, 2009). L'étude du vison dans son aire de répartition native est très importante car elle permet de mieux cerner les impacts plus subtils des relâchés d'animaux domestiques, par rapport à l'Europe.

## Le complexe majeur d'histocompatibilité :

Les études sur le complexe majeur d'histocompatibilité chez les mustélidés ne sont pas très nombreuses. La première étude fut effectuée sur le gène DRB par Becker et al. (2009) pour estimer la variation génétique entre le vison européen (*M. mustela*) et d'autres mustélidés. Sur les 20 individus de vison d'Europe, neuf allèles ont été distingués et ces individus étaient soit homozygotes ou hétérozygotes. Ces résultats indiquent une variabilité faible à modérée de ce gène comparé à d'autres espèces animales (Becker et al, 2009).

Une autre étude effectuée sur le vison d'Europe a indiqué l'existence de cinq haplotypes (N = 436) (Cabria Garrido, 2012). La répétition du locus DRB dans le génome a été confirmée avec trois variantes génétiques détectées chez certains individus.

Malgré une grande variabilité des gènes du CMH observée en général dans le règne animal, une faible variabilité peut s'observer quelquefois. Celle-ci est rencontrée chez les mammifères ayant subi des effets fondateurs extrêmes et des goulots d'étranglements. Un exemple typique concerne le cheval de Przewalski (*Equus equus ferus*). Cette espèce n'existe plus à l'état sauvage et ceux rencontrés dans les zoos proviennent de 13 individus fondateurs (Hedrick et al, 1999 ; Weber et al, 2004).

## Matériels et méthodes

### Échantillons

#### Origine des échantillons :



Les échantillons utilisés lors de cette étude proviennent de différents départements français et du Canada. Ils ont été obtenus via diverses collaborations (principalement coordonnées par le GREGE et la LPO pour la France, et via le Dr A. Schulte-Hostedde et ses collègues pour le Canada). Une partie de ces échantillons provient de fermes d'élevages mais également du milieu sauvage.

En ce qui concerne la France, un total de 33 individus issus de six départements (Table 1) a été extrait et génotypé dans le cadre de ce mémoire. Ces données ont été ajoutées à la matrice précédemment acquise au sein du laboratoire de Génétique de la Conservation à l'Université de Liège et contenant déjà 299 individus génotypés dont 109 individus captifs issus de trois fermes d'élevage.

Pour ce qui est du Canada, un total de 132 échantillons de tissus issus de différentes fermes et de 4 individus sauvages (Tableau 1) ont été récoltés sur des cadavres (la couleur du pelage a été communiquée; Annexe 1, tableau 17).

En tout, un ensemble de 332 individus français et 136 individus canadiens ont été utilisés pour déterminer la structure génétique des populations. Pour étudier le système immunitaire, 79 individus ont été sélectionnés dont 50 français et 29 canadiens.

**Tableau 1** : Lieu de récolte des échantillons captifs et félins français à gauche et à droite, ceux du Canada.

 France		 Canada	
Département/Lieu de récolte (Nature)	Nombre d'échantillons	Lieu de récolte (Fermes)	Nombre d'échantillons
Côtes-d'Armor (22)	16	Mitchell	15
Île Tomé (22)	18	Oakwood-Jones	18
Morbihan (56)	16	Brian-Elste	17
Aude (11)	5	Ritchie	18
Aveyron (12)	1	Chuter	18
Gers (32)	26	Hodgson	18
Lot (46)	1	RBR	18
Hautes-Pyrénées (65)	23	Hilliard Fur Farm	5
Pyrénées-Orientales (66)	2	Greg Carter	5
Tarn (81)	1	Lieu de récolte (Sauvages)	
Charente (16)	4	Big Creek	1
Charente-Maritime (17)	1	Mystic Golf Course	1
Corrèze (19)	1	Oak Gables Golf Course	1
Dordogne (24)	4	20 Rd/ Upper James Hamilton	1
Gironde (33)	20		
Landes (40)	32		
Lot-et-Garonne (47)	22		
Pyrénées-Atlantiques (64)	25		
Parc National des Pyrénées	5		
Lieu de récolte (Fermes)			
Visonnière St-Cybranet (24)	67		
Visonnière Beauregard (16)	17		
Visonnière des Pyrénées (64)	25		

### Extraction de l'ADN :

L'extraction d'ADN des échantillons a été réalisée en utilisant du kit DNA Qiagen « DNeasy® Blood & Tissue Kit » suivant le protocole du fabricant. Les détails de ce protocole se trouvent en annexe (Annexe 2).

### Analyses génétiques

Dans cette étude, la diversité génétique a été analysée à partir de marqueurs neutres, c'est-à-dire sans influence de la sélection (les microsatellites) et de marqueurs non neutres qui eux sont sous influence de la sélection (le gène DRB du complexe majeur d'histocompatibilité de classe II) (Ujvari et Belov, 2011).

## Génotypage des marqueurs microsatellites :

### - Choix des marqueurs :

Les marqueurs microsatellites sélectionnés pour les échantillons français étaient les mêmes que ceux utilisés dans l'étude de Dubuisson Charlotte (2015). Ils ont été choisis d'après les études de Fleming et al. (1999) et de Cabria et al. (2007). La sélection de 12 marqueurs ont été répartis en trois mix pour les individus français (Tableau 2).

Concernant les échantillons de visons canadiens, les mix ont été remaniés en y ajoutant de nouveaux marqueurs microsatellites tout en gardant les mêmes marqueurs que les français. En tout, 16 marqueurs ont été utilisés et répartis dans les 3 mix de primers (Tableau 2).

**Tableau 2:** Marqueurs microsatellites utilisés pour l'étude du vison d'Amérique avec leurs amorces forward et reverse, leur taille théorique et les fluorochromes associés (Applied Biosystems). Les loci en bleu ont été ajoutés aux mix canadiens et le locus en orange se trouve dans le mix C pour les canadiens.

Mix	Locus	Amorces	Fluorochrome	Taille théorique des allèles (pb)	Références
A	Mvi114	F : TTGTAAGAGTTAGAGGTAATC R : AAACCTCAAAAATTGTCCTAAGCC	FAM	62-82	O'Connell et al, 1996
	MLUT25	F: CTGGACCTCTATCAGTGTCC R: GTTTAAGCATATGCATCTTTGCC	FAM	129-147	Cabria et al, 2007
	MLUT27	F: GCCGAATGTATTAATTACATGG R: GTTTCAGAGGTAATTTGGGAGAC	NED	198-200	Cabria et al, 2007
	Mvis099	F : TGAGGCAAGAGGAGCAAAAAG R : TTTGCATTTCCCTGATGAGG	VIC	324-356	Fleming et al, 1999
	Mvi4001	F : TTTCAGAGAGTGTGTTGAATCTTGG R : CAATTCAAGCTCCACCTTGTT	FAM	223-233	Anistoroaei et al, 2006
B	Mvi087	F : AACAATAGTAGTGGCAGCAGC R : GTCTGTGAAAACACTGCAAAGC	FAM	70-84	O'Connell et al, 1996
	MLUT04	F: GGAGAGGAAAACTATACCTC R: CGTGTCTTGTATAGTTTTGTTCTCC	FAM	103-117	Cabria et al, 2007
	MLUT32	F: CAAGAGGGCGCGCAAAGAGCA R: GTTTGCTTAGGTGACTTACAGTTGAT	FAM	233-263	Cabria et al, 2007
	MLUT35	F: GAGAGATTTTTTGGTAAACT R: GTTTCACCAAAGACACAATGACAGA	NED	200-206	Cabria et al, 2007
	Mvis022	F : ATCAAGTCCTGCATCAGGCT R : TGGGCTGTTTGTCCAGGT	VIC	283	Fleming et al, 1999
	Mvi1341	F : GTGGGAGACTGAGATAGGTCA R : GGCAACTTGAATGGACTAAGA	VIC	148-176	Vincent et al, 2003
C	Mer009	F : AGTGTCCCAAGCACAAATCC R : GATTTGGCTGCTTGCCCTG	FAM	211	Fleming et al, 1999
	Mvis075	F : GAAATTTGGGGAATGCACTC R : GGCAGGATAGGATGTGAGCT	NED	105-138	Fleming et al, 1999
	Mvis072	F : CTGCAAAGCTTAGGAATGGAGA R:CCACTACACTGGAGTTTCAGCA	NED	257-273	Fleming et al, 1999
	Mer022	F : CCATGCTTTGGGTAGGAGAA R : CCTTGTCTCAGGTGGTTGG	PET	255	Fleming et al, 1999
	Mer41	F : TGTGTGATCTCTGGGAATTCTC R : TCTGCTCCCCAGATAAAAAGC	VIC	141-163	Fleming et al, 1999



- *Amplification par PCR :*

Avant de commencer les PCR, trois mix ont été préparés contenant chacun 5 µL de Multiplex PCR Master Mix (Qiagen), 1 µL de primer mix A, B ou C et 3 µL d'eau ultra-pure, par échantillon. Le volume total correspond à un seul échantillon. Ensuite, dans des microplaques, un volume de 9 µL de la solution a été ajouté dans chaque puit. Enfin, 1 µL d'ADN de chaque échantillon a été ajouté. Le protocole d'amplification est illustré dans le tableau 3.

Tableau 3: Étapes du programme PCR pour les microsatellites.

Étapes	Temps	Température
Dénaturation	15 min	95°C
Dénaturation	30 sec	94°C
Hybridation	90 sec	60°C
Élongation	60 sec	72°C
Extension	30 sec	60°C

- *Vérification de la PCR par électrophorèse :*

Après la PCR, une vérification par électrophorèse sur gel a été effectuée (gel d'agarose 2%, 20 min à 100 V). Les détails de ce protocole se trouvent en annexe (Annexe 2).

- *Génotypage :*

Avant de préparer les plaques pour envoyer au génotypage, les produits PCR ont été dilués 150 x avec de l'eau ultra-pure.

Dans une microplaque (Applied Biosystems), 2 µL de produit PCR dilué, 12 µL de formamide HiDi™ et 0,3 µL du standard de taille « GeneScan™ 500 LIZ® Size Standard » ont été ajoutés dans chaque puit. La réalisation du génotypage des microsatellites s'est faite à l'Université de Namur dans l'Unité de Recherche en Biologie Environnementale et Evolutive (URBE) sur un séquenceur automatique à 16 capillaires « 3130 xl Genetic Analyser » (Applied Biosystems).

L'analyse des résultats obtenus sous forme d'électrophérogramme a été réalisée avec le programme GeneMapper v.3.7. Ceci a permis de déterminer si les individus étaient homo- ou hétérozygotes et d'obtenir la taille des allèles pour chaque marqueur microsatellite. À la fin de cette analyse, une matrice reprenant les génotypes de tous les individus a été construite.

- *Analyses statistiques :*

La matrice des allèles a été analysée par le programme Structure v.2.3.4 (Pritchard et al, 2000) avec un « burn-in » de 100 000 itérations et 2 000 000 de chaînes MCMC. Ce logiciel permet d'identifier la structure des populations à partir de la base de données acquise et selon

une approche bayésienne. Le nombre de clusters (K) testé a été de 1 à 10 populations et pour renforcer la fiabilité de nos résultats, l'analyse a été répétée 10 fois pour chaque cluster. L'analyse a été effectuée sur trois jeux de données : 1) l'ensemble des données de la France, 2) les données du Canada et 3) l'ensemble des données du Canada et de la France. Les résultats ont été visualisés à l'aide du logiciel Clumpak (« Cluster Markov Packager Across K ») (Kopelman et al, 2015). L'option « main pipeline » et « best K » a permis de visualiser les différents clusters et à partir de la méthode d'Evanno (Evanno et al, 2005) de déterminer la meilleure valeur de K. En parallèle des approches bayésiennes, deux méthodes complémentaires ont été utilisées : l'analyse en coordonnées principales (Principal Coordinates Analyses = PCoA) à partir de la macro GenAlex 6.5 (Peakall et Smouse, 2012) et la fonction « find.clusters » du package *adegenet* (Jombart, 2013) du logiciel R v.3.2.5. Ce dernier programme utilise également une approche bayésienne car il indique les valeurs du BIC (Bayesian Information Criterion) en fonction du K. Enfin, pour calculer la diversité génétique, les différents F-statistiques ( $F_{IS}$ : coefficient de consanguinité et  $F_{ST}$ : indice de fixation) et l'indice de fixation selon l'estimation de Jost (2008) ( $D_{JOST}$ ) ont été estimés à l'aide des fonctions « divBasic » et « fastDivPart » du package *diveRsity* (Keenan, 2014) du logiciel R v.3.2.5.  $D_{JOST}$  mesure, en fonction du nombre d'allèle, la différenciation réelle au sein de la population. Cependant, cet indice ne prend pas en compte la taille de la population et le nombre de migration contrairement à l'indice  $F_{ST}$  (Jost, 2008 ; Jost 2009).

L'utilisation du programme Micro-Checker 2.2.3 a permis de vérifier s'il y avait la présence d'allèles nuls au sein du jeu de données (Van Oosterhout et al, 2004)

## Séquençage à haut débit du gène DRB du complexe majeur d'histocompatibilité :

### - *Choix des individus :*

Un total de 79 individus a été sélectionné pour les analyses du gène DRB du complexe majeur d'histocompatibilité: 50 visons français et 29 canadiens. Concernant les visons canadiens, les quatre individus sauvages et 25 visons provenant de fermes d'élevage et de clusters différents ont été sélectionnés. Pour les visons français, 40 individus provenant des populations férales et appartenant aux différents clusters mis en évidence lors des analyses microsatellites ont été sélectionnés ainsi que 10 individus provenant des fermes d'élevage françaises ont été ajoutés à l'analyse. Chaque individu a été sélectionné également selon le nombre de marqueurs microsatellites ayant fonctionné. En effet, les individus, où le jeu de données microsatellites n'était pas complet, n'ont pas été sélectionnés car le risque d'avoir un ADN trop dégradé pour les analyses du DRB était trop important.



- *Choix du marqueur non neutre :*

Pour étudier le système immunitaire, le choix du marqueur non neutre s'est porté sur le complexe d'histocompatibilité majeur de classe II. En effet, ce complexe est très polymorphique chez les vertébrés et est très important dans l'immunité des mammifères. C'est notamment sur le gène DRB que l'étude se porte car ce dernier comporte un site de liaison à l'antigène encodé par l'exon 2 (André et al, 2017 ; Becker et al, 2009).

- *Préparation de la plaque pour l'analyse NGS :*

La préparation de la plaque pour le séquençage à haut débit comportait deux PCR (amplification avec les amorces et amplification avec les TAGs), deux purifications qui se faisaient après les PCR et pour finir, une quantification suivant le protocole d'André et al, 2017. Les détails du protocole se trouvent en annexe (Annexe 3).

La plaque a été envoyée pour séquençage à l'Unité Génomique du GIGA à l'Université de Liège, où un séquenceur Illumina MiSeq V2 a été utilisé.

- *Analyses statistiques :*

Les séquences nettoyées à partir d'un script contenant diverses fonctions Fastx-toolkit ([http://hannonlab.cshl.edu/fastx\\_toolkit](http://hannonlab.cshl.edu/fastx_toolkit)) et l'algorithme USEARCH (Edgar, 2010) ont permis de construire un fichier au format *.fasta*. L'analyse des séquences s'est effectuée avec le programme dnaSP 5.10 (Librado et Razos, 2009).

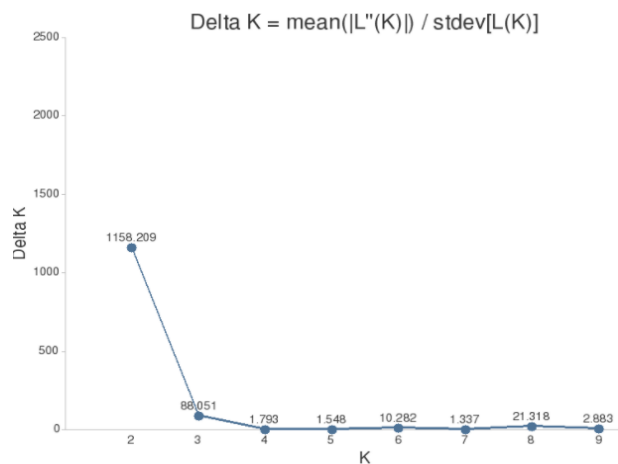
## Résultats

### Structure génétique

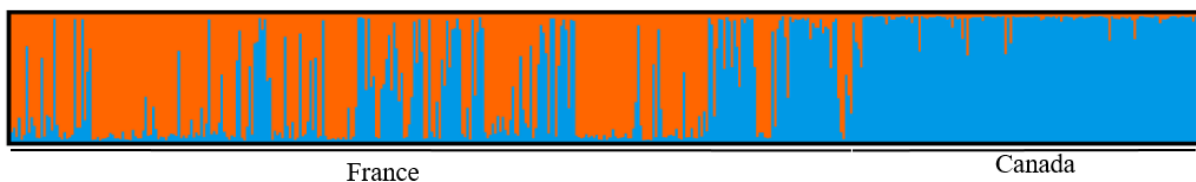
#### Ensemble des échantillons (France et Canada) :

Les résultats obtenus avec le programme Structure (Pritchard et al, 2000) basés sur les valeurs de vraisemblances obtenues pour les différents scénarios testés et suivant la correction d'Evanno (Evanno et al, 2005) (Figure 12), suggèrent l'existence de deux clusters principaux (valeur de  $\Delta K$  maximale pour  $K = 2$ ) : un cluster regroupant majoritairement les individus français et un second cluster reprenant les individus canadiens (Figure 13). Cette analyse montre l'existence d'individus français appartenant au « cluster canadien » et vice-versa suggérant ainsi une relation entre les animaux de ces deux régions. En considérant un coefficient d'appartenance de  $q > 0,8$ , 85% des individus sont assignés à un des deux clusters.

L'analyse à partir du logiciel Micro-checker a révélé un nombre modéré d'allèles nuls.



**Figure 12 :** Graphique des valeurs de delta K en fonction du nombre de cluster testés selon la méthode d'Evanno.



**Figure 13 :** Graphique représentant la structure ( $K = 2$ ) observée au sein des 468 échantillons français et canadiens d'après le programme Structure v.2.3.4. Chaque individu est représenté par une barre verticale et la couleur représente la probabilité d'appartenance à un cluster.

L'analyse en coordonnées principales suggère également deux groupes (Figure 14). Le premier groupe (rouge) regroupe uniquement des individus français (fermes d'élevages et milieu sauvage). Au contraire, le deuxième groupe (bleu) regroupe à la fois tous les individus canadiens et les autres individus français.

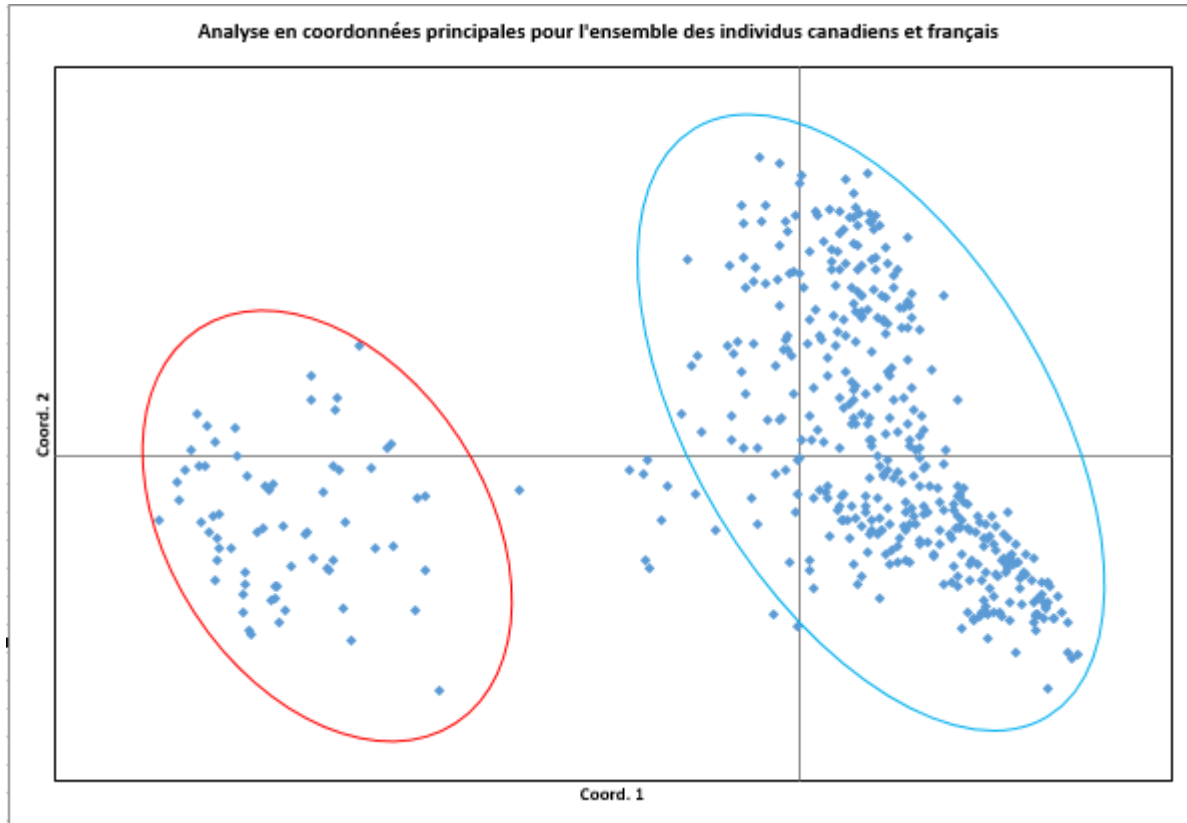
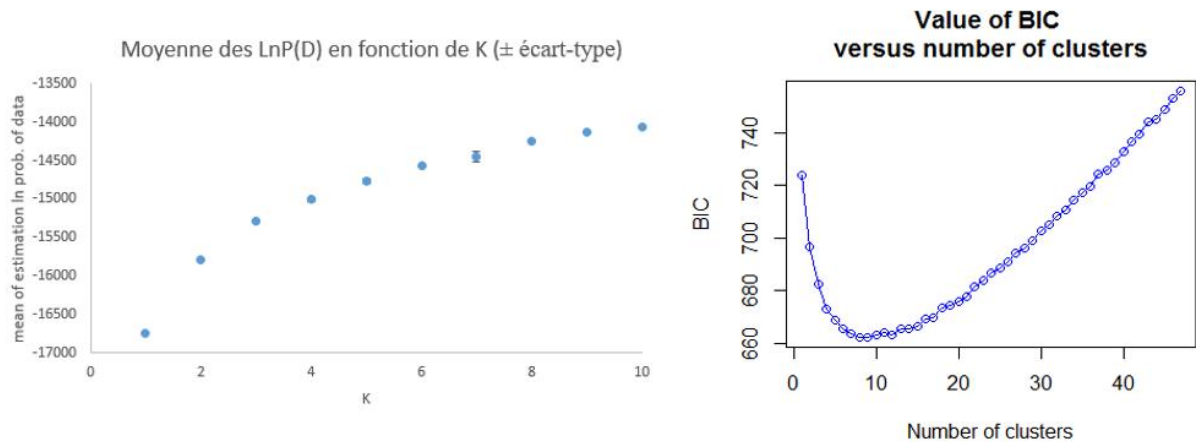


Figure 14 : Graphique des résultats de l'analyse en coordonnées principales mettant en évidence deux groupes.

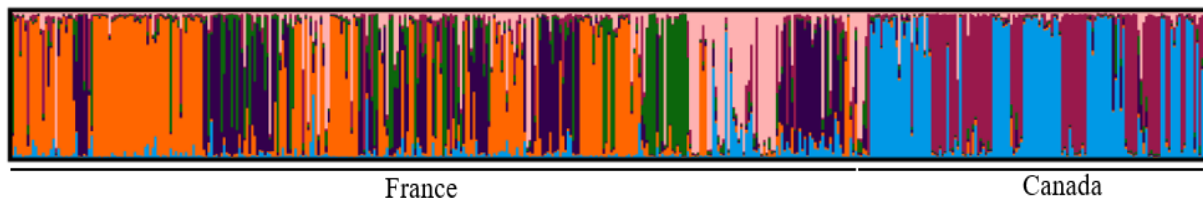
L'analyse fine de la structure a été complétée en prenant en compte les valeurs de BIC (Bayesian Information Criterion) en fonction de la valeur de K et la moyenne des  $\ln P(D)$  sur les dix runs du clustering analysé par Structure (Figure 15).

Ces deux analyses indiquent que la population globale est plus complexe et apparaît subdivisée en au moins 6 sous-clusters, avec notamment une stabilisation des valeurs du BIC à partir de  $K = 6$ .



**Figure 15** : Gauche : Graphique de la moyenne des LnP(D) ( $\pm$  écart-type) des 10 runs en fonctions de K provenant des résultats de l'analyse de Structure v.2.3.4 ; Droite : Graphique des valeurs de BIC en fonction du nombre de K obtenu à partir du package adegenet dans le logiciel R v.3.2.5.

En subdivisant notre population en 6 sous-clusters (Figure 16), seulement 62% des individus sont assignés à un cluster ( $q > 0,8$ ). Les autres individus apparaissent comme un mélange de différents sous-clusters, rendant leurs assignations très complexes. Ces résultats pourraient cependant correspondre à des hybridations entre clusters, au fil des générations.

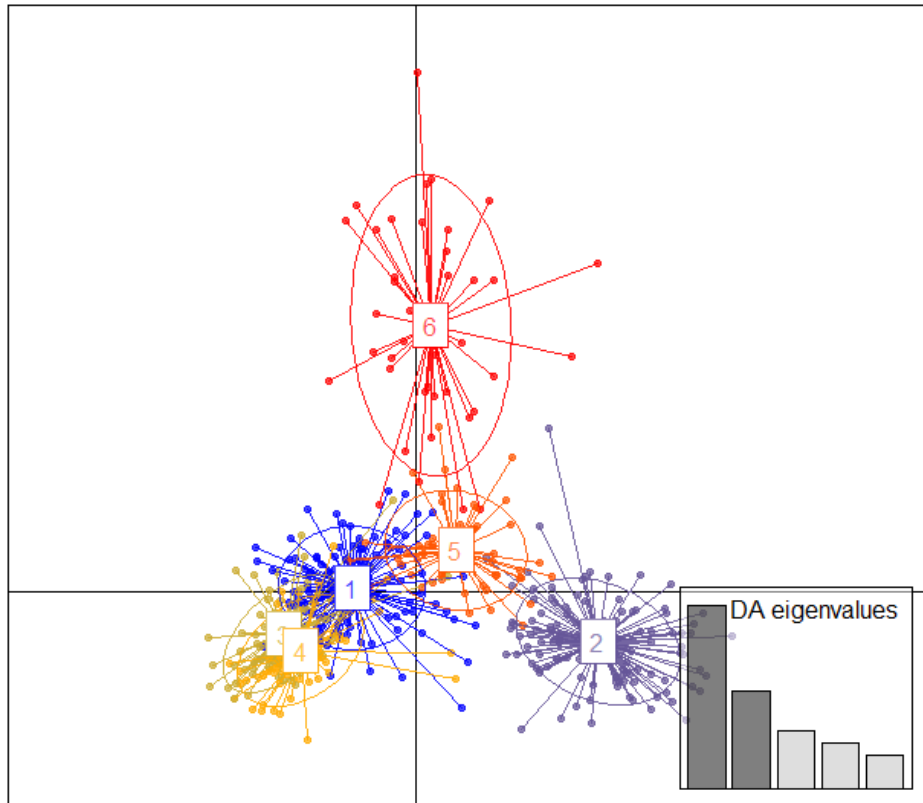


**Figure 16** : Graphique représentant la structure ( $K = 6$ ) observée au sein des 468 échantillons français et canadiens d'après le programme Structure v.2.3.4.

Le graphique de  $K = 6$  (Figure 16) montre que les individus canadiens sont majoritairement subdivisés en deux grandes sous-populations (bleu et mauve clair) à l'exception de sept individus assignés à trois autres sous-clusters. Concernant les individus français, la variabilité génétique apparaît plus importante puisque tous les clusters sont représentés au sein des populations françaises étudiées. Cependant, deux des six sous-clusters (bleu et mauve clair) sont représentés uniquement par un faible nombre d'individus.

Les résultats de la DAPC sous l'hypothèse de six sous-clusters (Figure 17) montrent les clusters 3 et 4 très proches l'un de l'autre. Par contre, les clusters 2 et 6 sont plus éloignés des quatre autres. Le cluster 2 comprend uniquement des individus français provenant de tous les départements et quelques individus captifs. Le cluster 6 est un mélange d'individus sauvages

français provenant de plusieurs départements (Charente, Gers, Gironde, Landes, Lot-et-Garonne, Pyrénées-Atlantiques), d'individus captifs français et de trois individus captifs canadiens (ferme Mitchell). En ce qui concerne les clusters 3 et 4, ils sont majoritairement représentés par des individus canadiens mais comprennent également quelques individus sauvages français.



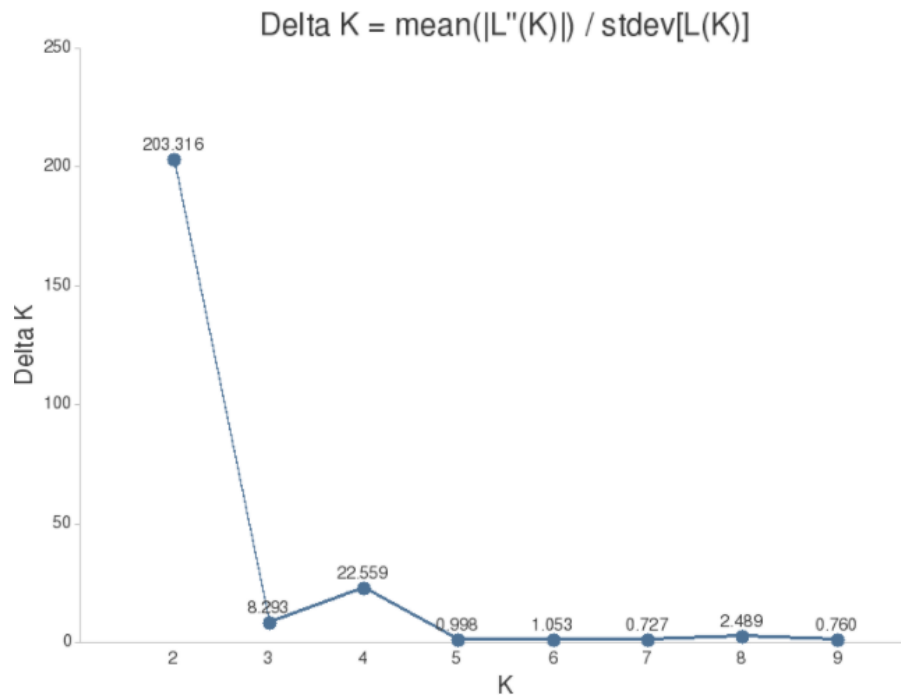
**Figure 17 :** Résultats de la DAPC pour les six clusters définis par l'algorithme « *find.clusters* » du package *adegenet* du logiciel R v.3.2.5.

Afin d'analyser plus précisément la structure génétique des deux grandes régions géographiques étudiées (Canada et France), une nouvelle analyse avec le programme Structure a été effectuée pour la population canadienne et française prises isolément. Ces résultats sont repris ci-dessous.

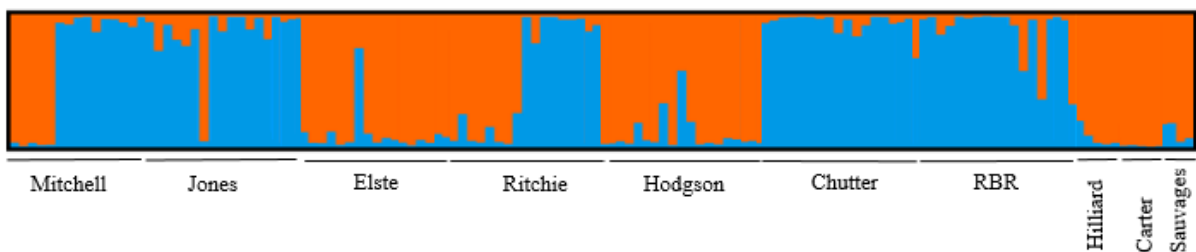
## À l'échelle du Canada :

Au sein de la population canadienne, les résultats obtenus par le logiciel Structure suivant la méthode d'Evanno (Evanno et al, 2005) (Figure 18) ont supporté l'existence de deux clusters (valeur maximale de  $\Delta K$  pour  $K = 2$ ) (Figure 19). Au total, 91% des individus sont assignés à l'un des deux clusters ( $q > 0,8$ ). Ce résultat rejoint ceux obtenus avec le jeu de données complet.

L'analyse à partir du programme Micro-checker a révélé un nombre modéré d'allèles nuls.



**Figure 18 :** Graphique des valeurs de delta K en fonction du nombre de cluster testés selon la méthode d'Evanno pour les échantillons canadiens.



**Figure 19 :** Graphique représentant la structure ( $K = 2$ ) de 132 individus canadiens captifs et 4 individus sauvages réalisée sur base de 16 microsatellites.

L'analyse en coordonnées principales (Figure 20) qui projette les individus sous forme de nuage de points, semble indiquer l'existence de deux grands groupes (vert et rouge) et deux plus petits (jaune et bleu) au sein de notre jeu de données. Néanmoins, la délimitation entre le groupe vert, rouge et jaune n'est pas très nette et cela pourrait être un seul grand groupe.

Le groupe bleu est représenté par seulement 5 individus provenant tous de la ferme Carter. Le groupe jaune correspond à un mélange de 14 individus provenant de quatre fermes (fermes Mitchell, Jones, Elste et Hodgson) et de 2 individus sauvages. Les deux autres individus sauvages se retrouvent dans le groupe vert. Les groupes vert et rouge sont un mélange d'individus provenant de différentes fermes.

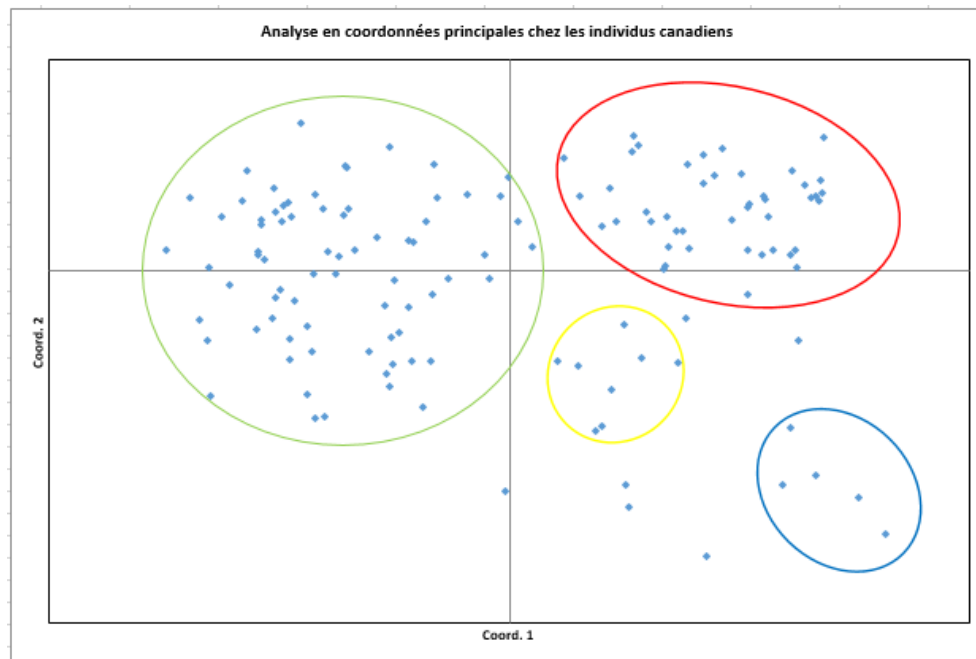


Figure 20 : Résultats de l'analyse en coordonnées principales mettant en évidence 3 sous-groupes au sein de l'échantillonnage canadien.

Les résultats par l'analyse de la moyenne des LnP(D) et des valeurs de BIC en fonction de la valeur de K (Figure 21) supportent un nombre de cluster égal à 4. En effet, les valeurs de BIC sont faibles pour K = 4 et la moyenne des LnP(D) indique un léger plateau à partir de K = 4. Pour K = 4, 83% des individus sont assignés à un groupe ( $q > 0,8$ ).

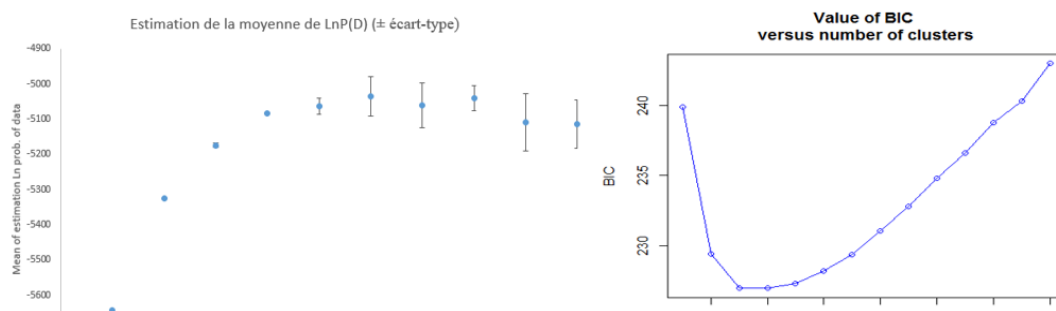
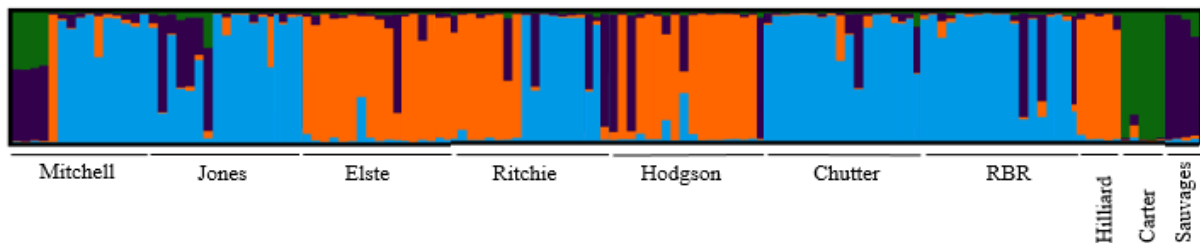


Figure 21 : Gauche : Graphique de la moyenne des LnP(D) ( $\pm$  écart-type) des 10 runs en fonction de K obtenu grâce aux résultats de l'analyse de Structure ; Droite : Graphique des valeurs de BIC en fonction du nombre de K obtenu à l'aide du package *adegenet* du logiciel R v.3.2.5.

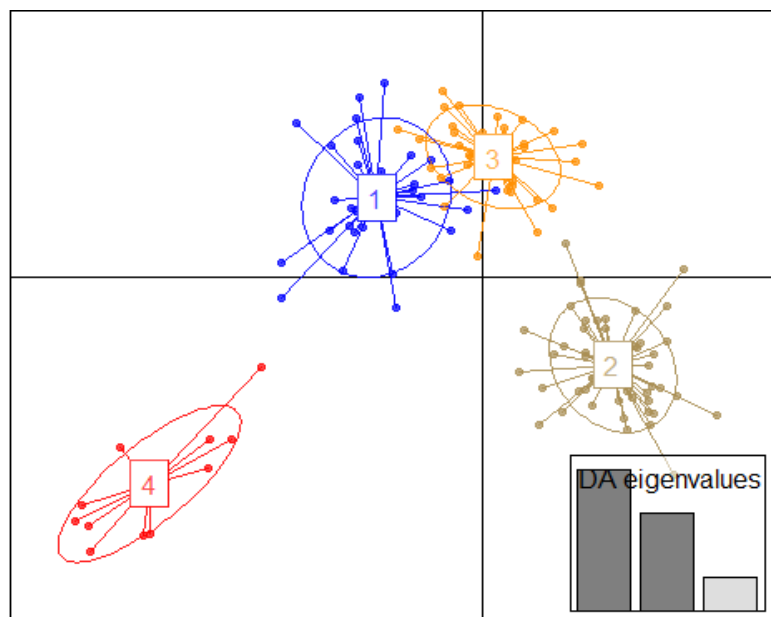
En revenant sur les résultats obtenus par le logiciel Structure (Pritchard et al, 2000), le graphique pour  $K = 4$  (Figure 22) montre que certaines fermes n'ont que des visons appartenant principalement au même cluster génétique (Elste, Hilliard et Carter). Les clusters bleu et orange apparaissent présents au sein de toutes les fermes. Concernant les 4 individus sauvages, ceux-ci apparaissent dans le cluster mauve qui inclut également certains individus captifs. Enfin, le cluster vert n'est représenté que par des individus d'une seule ferme (Carter). Néanmoins, dans la ferme Mitchell, des « hybrides » vert-mauve sont observés.

La répartition des clusters semble se faire selon la couleur du pelage. La couleur violette est uniquement représentée par le cluster vert, la couleur noir par le cluster bleu, la couleur brun/pastel par le cluster orange et la couleur acajou et quelques pastel et noir par le cluster mauve.



**Figure 22 :** Graphique représentant la structure ( $K = 4$ ) de 132 individus canadiens captifs et 4 individus sauvages réalisée sur base de 16 microsatellites (Cluster 1 : bleu ; cluster 2 : vert ; cluster 3 : mauve ; cluster 4 : orange).

Les résultats de la DAPC (Figure 23) indiquent deux clusters proches (clusters 1 et 3) tandis que les deux autres sont plus éloignés. Les visonnières sont éparpillées dans tous les clusters alors que les animaux sauvages se retrouvent dans les clusters 1 et 4.



**Figure 23:** Résultats de la DAPC pour les quatre clusters définis par l'algorithme « *find.clusters* » du package *adegenet* du logiciel R v.3.2.5.



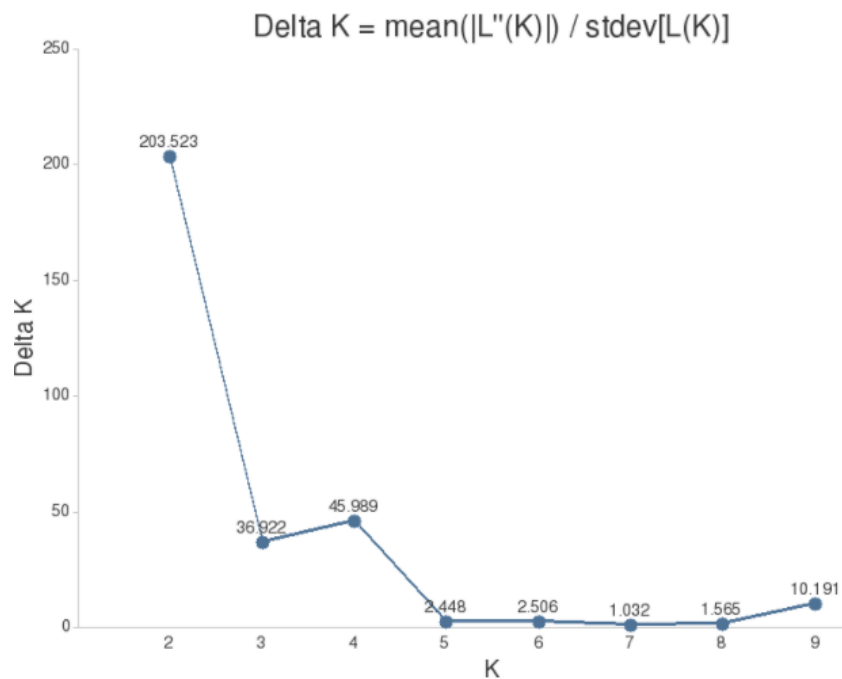
## À l'échelle de la France :

L'analyse à l'échelle de la France s'est effectuée selon la nouvelle répartition des régions et des départements (Figure 24).

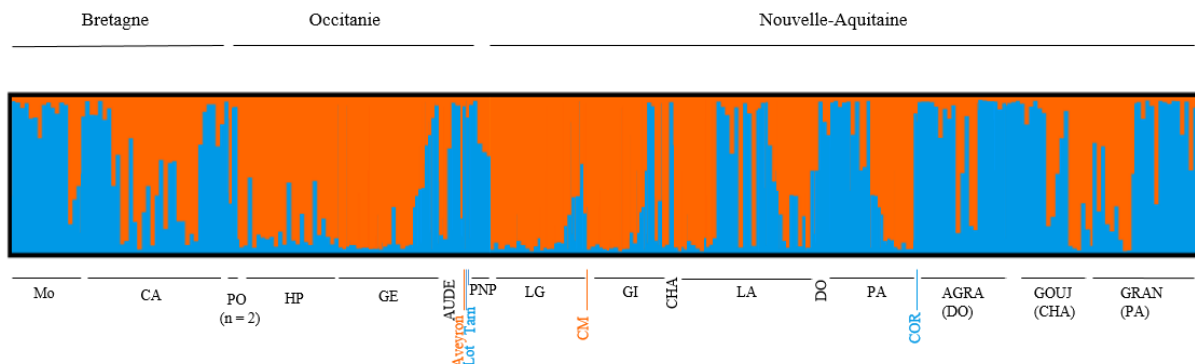


**Figure 24 :** Carte de France avec les nouvelles régions. Les croix rouges indiquent l'échantillonnage qui a été effectué dans un département.  
Source : <https://www.alternatives-economiques.fr/blogs/abherve/category/decoupage-des-regions/>

À l'échelle de la France, les résultats obtenus via l'analyse de Structure (Pritchard et al, 2000) selon la méthode d'Evanno (Evanno et al, 2005) (Figure 25) supportent l'existence de deux clusters principaux (Figure 26). Les deux clusters correspondent à un mélange de tous les individus captifs et sauvages. Concernant l'île Tomé et les Côtes-d'Armor, les individus sont également éparpillés dans les deux clusters. Pour un coefficient d'appartenance  $q > 0,8$ , 77% des individus sont assignés à l'un des deux clusters. Ce résultat apparait cependant différent par rapport à ceux obtenus avec le jeu de données complet qui proposait la présence de 4 sous-clusters au sein de la population française.



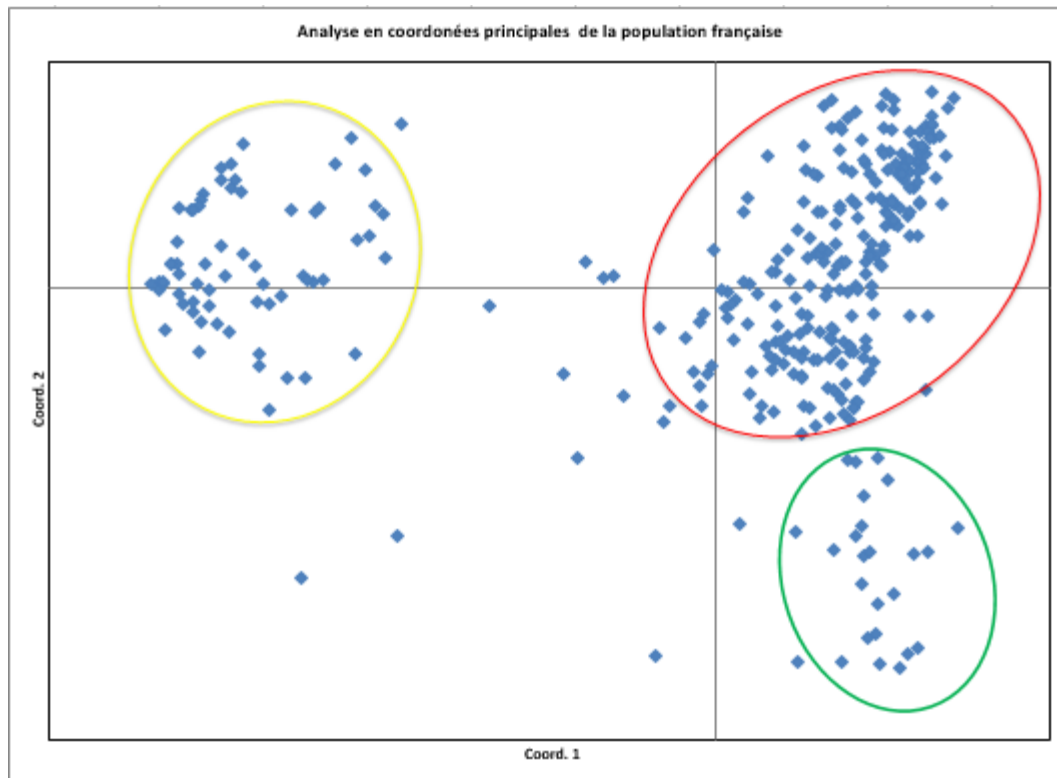
**Figure 25 :** Graphique des valeurs de delta K en fonction du nombre de cluster testés selon la méthode d'Evanno pour les échantillons français.



**Figure 26 :** Graphique représentant la structure ( $K = 2$ ) de 332 individus captifs et sauvages échantillonnés en France réalisée sur base de 12 microsatellites (Cluster 1 : bleu ; cluster 2 : orange).

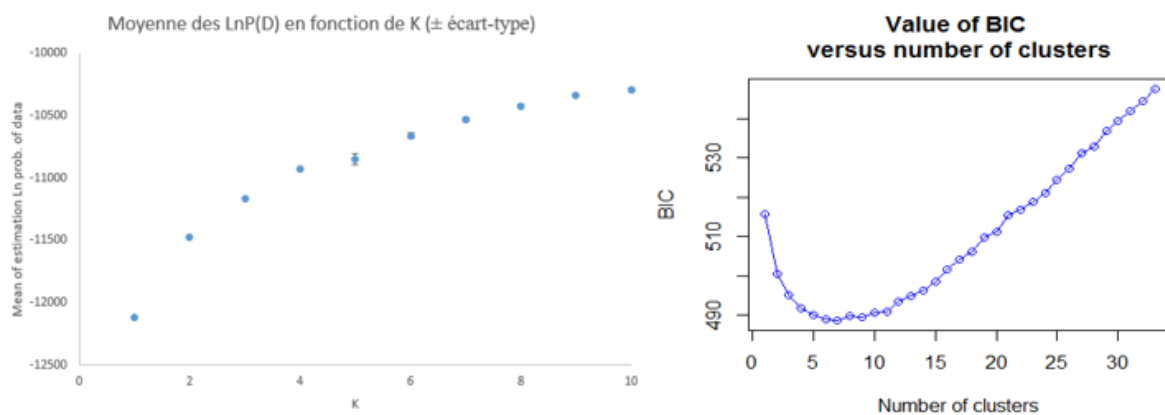
L'analyse à partir du programme Micro-checker a révélé un nombre modéré d'allèles nuls.

L'analyse en coordonnées principales (Figure 27) révèle 3 groupes (rouge, vert et jaune) qui incluent à la fois des individus captifs et sauvages. Les groupes vert et rouge semblent assez proches.



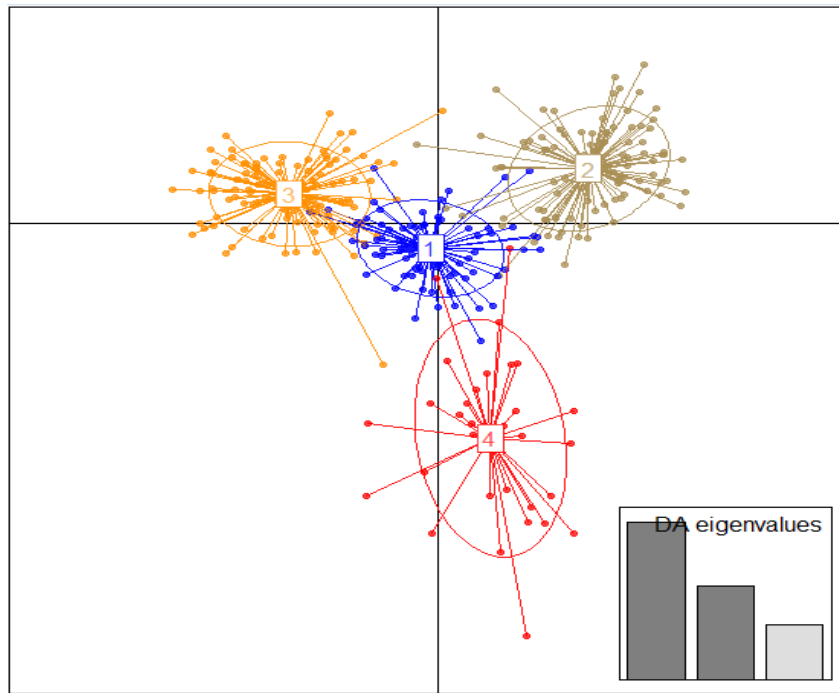
**Figure 27** : Résultats de l'analyse en coordonnées principales mettant en évidence 3 sous-groupes au sein de l'échantillonnage français.

Les résultats obtenus par les valeurs du BIC en fonction du nombre de clusters indiquent une stabilisation à partir de  $K = 4$  (Figure 28), ce qui correspond plus aux résultats trouvés avec le jeu de données complet. Pour  $K = 4$ , 71% des individus sont assignés à un des clusters ( $q > 0,8$ ).



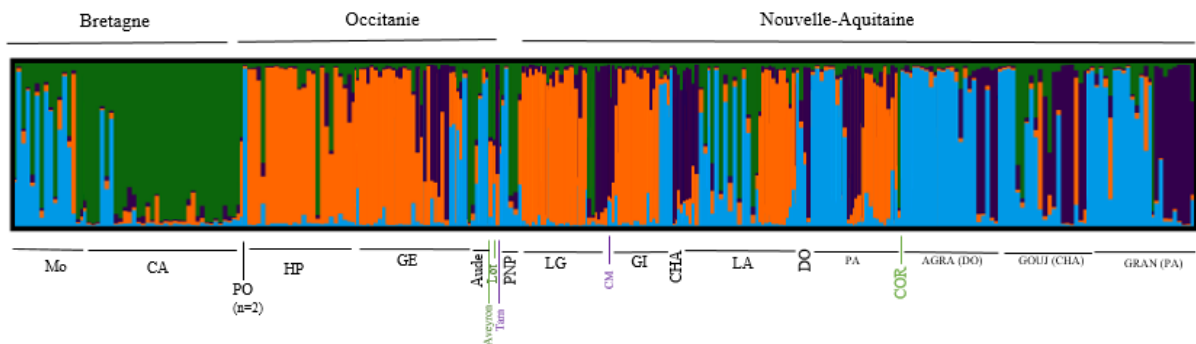
**Figure 28** : Gauche : Graphique de la moyenne des LnP(D) ( $\pm$  écart-type) des 10 runs en fonction de K obtenu grâce aux résultats de l'analyse de Structure ; Droite : Graphique des valeurs de BIC en fonction du nombre de K obtenu à l'aide du package *adegenet* du logiciel R v.3.2.5.

Les résultats de la DAPC sous l'hypothèse de quatre sous-clusters (Figure 29) montrent que le cluster 4 est le plus éloigné des trois autres, il est représenté par les visonnières et certains individus sauvages de la région de Nouvelle-Aquitaine et du Gers. Les trois autres clusters sont un mélange d'individus captifs et échappés des trois régions françaises (Bretagne, Nouvelle-Aquitaine et Occitanie). Les individus bretons sont répartis au sein du cluster 1 (mélange île/continent) et du cluster 2 (continent uniquement) mais deux individus du continent se retrouvent dans le cluster 4.



**Figure 29 :** Résultats de la DAPC pour les quatre clusters obtenus à l'aide de l'algorithme « *find.clusters* » du package *adegenet* du logiciel R v.3.2.5.

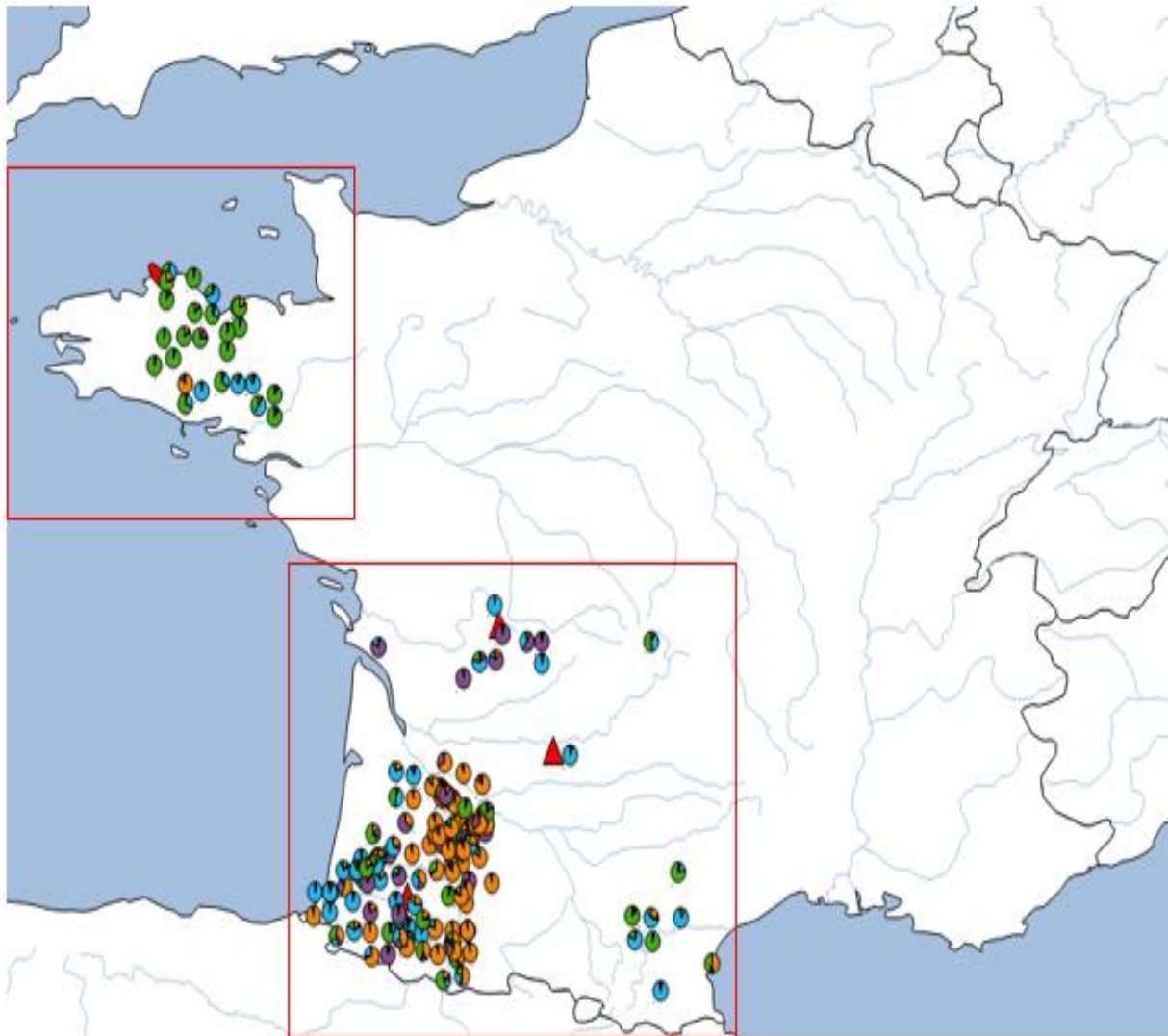
En tenant compte des résultats ci-dessus suggérant l'existence de quatre sous-clusters pour les populations françaises, l'analyse des résultats obtenus avec le programme Structure en considérant quatre sous-populations (Figure 30) donne également des résultats intéressants, suggérant une structure cohérente, au-delà des deux clusters majeurs mis en évidence antérieurement par cette analyse.



**Figure 30 :** Graphique représentant la structure ( $K = 4$ ) de 332 individus captifs et sauvages échantillonnés en France réalisée sur base de 12 microsatellites (Cluster 1 : vert ; cluster 2 : bleu ; cluster 3 : mauve ; cluster 4 : orange).

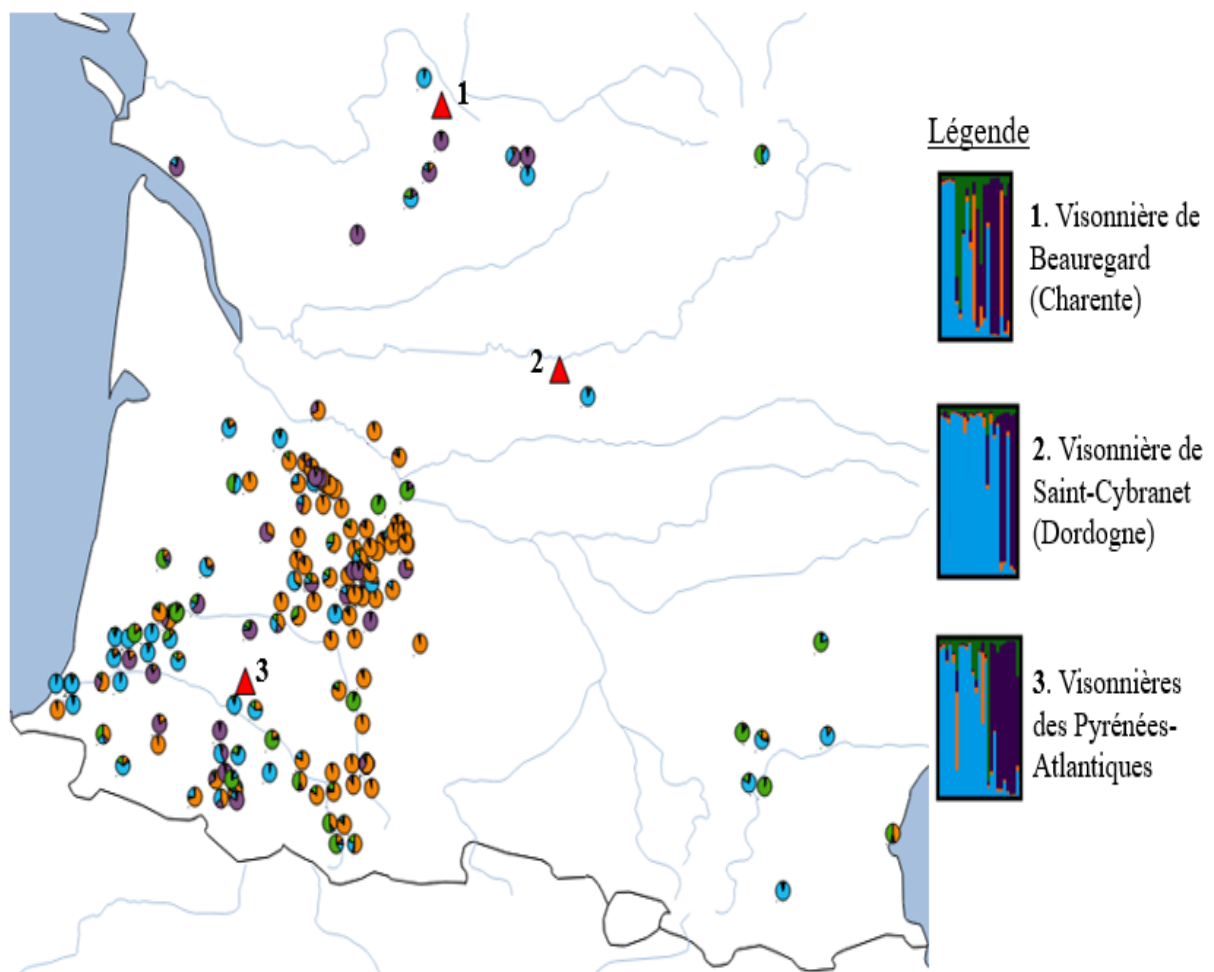
La figure 30 montre que le cluster orange se démarque par exemple des autres dans les régions d'Occitanie et de Nouvelle-Aquitaine. La Bretagne se démarque également avec le cluster vert. Les clusters bleu et mauve sont surtout trouvés en Nouvelle-Aquitaine notamment dans les visonnières.

Les quatre sous-clusters au sein de la population française sont représentés géographiquement sur la figure ci-dessous (Figure 31).



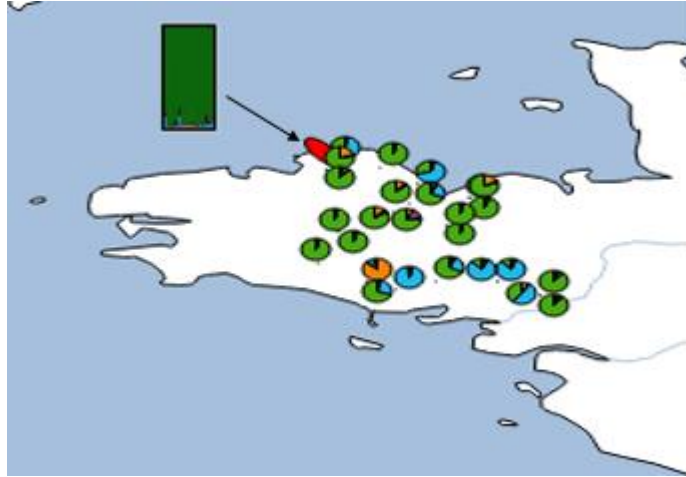
**Figure 31** : Répartition géographique des échantillons français ; les triangles rouges représentent les visonnières, le point rouge en Bretagne représente l'île Tomé et les encadrements rouges sont les zooms faits sur la Bretagne et le sud de la France.

Dans le sud-ouest (Figure 32), la carte montre que les quatre sous-populations sont distribuées de manière hétérogène. Néanmoins, le cluster orange domine chez les individus sauvages. Au sein des visonnières, le cluster mauve et bleu domine celle des Pyrénées-Atlantiques tandis que c'est le bleu qui domine pour celle de Saint-Cybranet. La visonnière de Beauregard est composée des quatre sous-clusters mais à une dominance pour le cluster bleu et mauve. Concernant les individus du sud-est, le cluster mauve n'est pas représenté. Pour les individus sauvages de Charente, ils sont assignés soit au cluster bleu soit au cluster mauve.



**Figure 32 :** Représentation géographique des échantillons du sud de la France et leurs assignations selon les clusters génétiques définis par le programme Structure. Les diagrammes représentent l'assignation de l'individu pour chaque cluster (Cluster 1 = vert, cluster 2 = bleu, cluster 3 = mauve, cluster 4 = orange). Les barplots représentent l'assignation des individus captifs dans chaque visonnière.

En Bretagne (Figure 33), le cluster vert est majoritaire sur le continent et sur l'île Tomé. Cependant, dans le Morbihan, certains individus sont assignés au cluster orange ou bleu. Sur les Côtes-d'Armor, des individus sont également assignés au cluster bleu. Le cluster mauve est faiblement représenté au sein de cette population bretonne.



**Figure 33** : Représentation géographique des échantillons de Bretagne et leurs assignations selon les clusters génétiques définis par le programme Structure. Les diagrammes représentent l'assignation de l'individu pour chaque cluster (Cluster 1 = vert, cluster 2 = bleu, cluster 3 = mauve, cluster 4 = orange). Le barplot représente l'assignation des individus présents sur l'île Tomé (indiqué par l'étoile rouge).

## Diversité génétique

### Ensemble des échantillons (Canada et France) :

Les valeurs de  $F_{ST}$  (Tableau 4) apparaissent faibles entre les individus canadiens et français ( $F_{ST} = 0.07$ ), ce qui suggère un flux de gènes récent entre les deux régions. Cette valeur est corrélée avec l'index de fixation  $D_{Jost}$  (0,11) montrant une différenciation génétique modérée entre ces deux populations. En effet, plus la valeur de  $F_{ST}$  est proche de zéro et plus la différenciation génétique entre clusters est faible.

**Tableau 4** : Valeurs de  $F_{ST}$  (+intervalles de confiance à 95%) et les valeurs de  $D_{Jost}$  (+intervalles de confiance à 95%) entre les populations canadiennes et françaises.

Comparaison	$\Theta_{F_{ST}}$ [IC 95%]	$D_{Jost}$ [IC 95%]
France vs Canada	0,0683 [0,0617 - 0,081]	0,1098 [0,0972 - 0,1329]



La richesse allélique observée au niveau des populations françaises (Tableau 5) est plus élevée par rapport aux populations canadiennes étudiées (12,09 contre 6,96). De même, la richesse allélique des individus français dans le milieu sauvage (Tableau 6) est plus importante que les individus sauvages du Canada ( $A_r = 3,39$  et  $A_r = 2,65$ ). Cependant, ce résultat doit être pris avec précaution car le nombre d'individus analysés en France est deux fois plus important, ce qui peut biaiser les résultats obtenus.

**Tableau 5** : Paramètres de variabilité génétique des deux clusters obtenus par le programme Structure ; N = nombre d'individus par locus et par population, A = nombre d'allèle par locus par population, % = pourcentage du total des allèles observés par locus par population,  $A_r$  = richesse allélique (+ intervalles de confiance à 95%),  $H_o$  = hétérozygotie observée ( $\pm$  écart-type),  $H_e$  = hétérozygotie attendue ( $\pm$  écart-type), HWE = p-value de la déviation par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weinberg,  $F_{IS}$  = coefficient de consanguinité (+ intervalles de confiance à 95%).

	N	A	%	$A_r$ [IC 95%]	$H_o$ ( $\pm$ SD)	$H_e$ ( $\pm$ SD)	HWE	$F_{IS}$ [IC 95%]
<b>France</b>	297,17	197	99,56	12,09 [11- 13,1667]	0,49 $\pm$ 0,25	0,67 $\pm$ 0,29	0	0,2653 [0,2417 - 0,3235]
<b>Canada</b>	135	89	42,02	6,96 [6,6646 - 7,25]	0,48 $\pm$ 0,26	0,56 $\pm$ 0,28	0	0,1402 [0,1023 - 0,1786]

Les résultats des valeurs de  $F_{IS}$  (Tableau 5) indiquent un risque important de consanguinité pour les deux grands clusters français et canadiens (valeurs au-delà de 0,1), même si elle s'avère plus faible au Canada qu'en France (0,14 et 0,27). Pour les deux populations, un déficit en hétérozygotie clair est également observé ( $H_o < H_e$ ).

L'analyse des visonnières canadiennes et françaises (Tableau 6) montre une plus grande richesse allélique pour les trois fermes françaises ( $A_r = 3,25$  à 3,5) en comparaison des fermes canadiennes ( $A_r = 1,88$  à 2,96). Cependant, les intervalles de confiance indiquent que ces valeurs ne sont pas significativement différentes.

Concernant les valeurs de l'indice de consanguinité  $F_{IS}$  (Tableau 6), une seule des 9 fermes canadiennes, la ferme Mitchell, montre une valeur élevée ( $F_{IS} = 0,2$ ). Au contraire, 2/3 des visonnières françaises sont caractérisées par une valeur  $F_{IS}$  importante, suggérant un grand risque de consanguinité pour celles-ci (visonnière de Beauregard = 0,23 ; visonnière des Pyrénées-Atlantiques : 0,23).



**Tableau 6 :** Paramètres de variabilité génétique des individus captifs (canadiens et français), des individus sauvages canadiens et féraux français; N = nombre d'individus par locus et par population, A = nombre d'allèle par locus par population, % = pourcentage du total des allèles observés par locus par population, Ar = richesse allélique (+ intervalles de confiance à 95%), Ho = hétérozygotie observée ( $\pm$  écart-type), He = hétérozygotie attendue ( $\pm$  écart-type), HWE = p-value de la déviation par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weindberg,  $F_{IS}$  = coefficient de consanguinité (+ intervalles de confiance à 95%).

	N	A	%	Ar [IC 95%]	Ho ( $\pm$ SD)	He ( $\pm$ SD)	HWE	Fis [IC 95%]
<b>Saint-Cybranet</b>	63,17	92	46,53	3,25 [2,667 - 3,8333]	0,54 $\pm$ 0,29	0,59 $\pm$ 0,28	0	0,092 [0,0448 - 0,1364]
<b>Beauregard</b>	14,17	82	41,41	3,31 [2,3333 - 4,1667]	0,52 $\pm$ 0,35	0,68 $\pm$ 0,26	0	0,227 [0,1386 - 0,3001]
<b>Pyrénées-Atlantiques</b>	22,08	98	47,31	3,5 [2,5833 - 4,25]	0,5 $\pm$ 0,29	0,65 $\pm$ 0,32	0	0,2262 [0,1549 - 0,3055]
<b>Mitchell</b>	15	57	28,16	2,96 [2,1667 - 3,4167]	0,46 $\pm$ 0,27	0,57 $\pm$ 0,29	5e-04	0,1984 [0,048 - 0,3215]
<b>Jones</b>	18	53	26,24	2,71 [2,0833 - 3,3333]	0,46 $\pm$ 0,25	0,49 $\pm$ 0,28	0,0574	0,0578 [-0,0468 - 0,1523]
<b>Elste</b>	17	55	26,67	2,83 [2,25 - 3,4167]	0,5 $\pm$ 0,34	0,49 $\pm$ 0,30	0,049	-0,0306 [-0,1328 - 0,0518]
<b>Ritchie</b>	18	57	27,66	2,91 [2,3333 - 3,3333]	0,49 $\pm$ 0,31	0,52 $\pm$ 0,30	0,2578	0,0561 [-0,0506 - 0,1464]
<b>Hodgson</b>	17,67	56	27,36	2,86 [2,3333 - 3,3333]	0,55 $\pm$ 0,33	0,49 $\pm$ 0,29	0,2284	-0,1248 [-0,1876 - -0,0662]
<b>Chuter</b>	18	51	25,2	2,62 [2,0833 - 3,0833]	0,43 $\pm$ 0,25	0,46 $\pm$ 0,28	0,016	0,0561 [-0,0784 - 0,1845]
<b>RBR</b>	18	52	26,1	2,73 [2,1667 - 3,3333]	0,47 $\pm$ 0,31	0,48 $\pm$ 0,29	0,4846	0,0171 [-0,0799 - 0,1134]
<b>Carter</b>	4,92	26	14,51	1,88 [1,3333 - 2,1667]	0,38 $\pm$ 0,32	0,3 $\pm$ 0,25	0,8772	-0,2741 [-0,5033 - -0,1644]
<b>Hilliard</b>	4,5	36	17,99	2,29 [1,75 - 2,9167]	0,48 $\pm$ 0,41	0,37 $\pm$ 0,31	0,955	-0,2936 [-0,6082 - -0,1725]
<b>Nature (Canada)</b>	3,92	37	18,48	2,65 [2,1667 - 3,0833]	0,62 $\pm$ 0,35	0,52 $\pm$ 0,23	0,7412	-0,2087 [-0,4454 - -0,0651]
<b>Nature (France)</b>	197,75	166	82,72	3,39 [2,6667 - 4,0833]	0,48 $\pm$ 0,23	0,66 $\pm$ 0,29	0	0,2847 [0,2541 - 0,315]

Canada :

Les résultats obtenus pour les valeurs de  $F_{ST}$  (Tableau 7) indiquent que les clusters vert et mauve sont les plus éloignés ( $F_{ST} = 0,24$ ) que les clusters bleu et vert qui apparaissent plus proches, avec un flux de gènes plus intense ( $F_{ST} = 0,07$ ). Ces valeurs de  $F_{ST}$  sont en accord avec l'indice de fixation  $D_{JOST}$ .

**Tableau 7 :** Valeurs de  $F_{ST}$  (+intervalles de confiance à 95%) et les valeurs de  $D_{JOST}$  (+intervalles de confiance à 95%) entre les quatre clusters canadiens obtenus par le programme Structure.

Comparaison	$\Theta_{Fst}$ [IC 95%]	Djost [IC 95%]
Cluster bleu vs cluster vert	0,0651 [0,0643 - 0,1016]	0,0246 [0,0214 - 0,0643]
Cluster bleu vs cluster mauve	0,1551 [0,1374 - 0,2462]	0,1849 [0,1669 - 0,3017]
Cluster bleu vs cluster orange	0,1325 [0,1228 - 0,1692]	0,1278 [0,1105 - 0,1807]
Cluster vert vs cluster mauve	0,2433 [0,2230 - 0,3294]	0,2770 [0,2403 - 0,3788]
Cluster vert vs cluster orange	0,1377 [0,1251 - 0,1677]	0,0867 [0,0758 - 0,1195]
Cluster mauve vs cluster orange	0,1561 [0,1463 - 0,2253]	0,1349 [0,1317 - 0,2525]

Le cluster mauve est représenté par un faible nombre d'individus comparé aux trois autres clusters (Tableau 8). La richesse allélique est similaire entre les clusters. Tous les clusters indiquent un déficit d'hétérozygotie avec pour le cluster vert un écart de l'équilibre d'Hardy-Weinberg ( $HWE = 0,22$ ). Concernant les valeurs de  $F_{IS}$  au sein des clusters, les clusters bleu et mauve montrent des valeurs élevées pour cet indice ( $F_{IS} = 0,13$  et  $0,24$ ) par rapport aux deux autres clusters. Au sein des fermes, certaines indiquent des valeurs de coefficient de consanguinité élevées par rapport à d'autres (Tableau 9).

**Tableau 8 :** Paramètres de variabilité génétique des quatre clusters canadiens obtenus par le programme Structure; N = nombre d'individus par locus et par population, A = nombre d'allèle par locus par population, % = pourcentage du total des allèles observés par locus par population, Ar = richesse allélique (+ intervalles de confiance à 95%), Ho = hétérozygotie observée ( $\pm$  écart-type), He = hétérozygotie attendue ( $\pm$  écart-type), HWE = p-value de la déviation par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weinberg,  $F_{IS}$  = coefficient de consanguinité (+ intervalles de confiance à 95%).

	N	A	%	Ar [IC 95%]	Ho ( $\pm$ SD)	He ( $\pm$ SD)	HWE	Fis [IC 95%]
Cluster bleu	29,88	91	79,43	4,35 [3,75 - 4,875]	0,49 $\pm$ 0,21	0,56 $\pm$ 0,27	0	0,1305 [0,059 - 0,1979]
Cluster vert	40	79	70,80	3,74 [3,3125 - 4,1875]	0,46 $\pm$ 0,27	0,48 $\pm$ 0,28	0,2163	0,0334 [-0,0227 - 0,0877]
Cluster mauve	11,94	79	70,87	4,26 [3,625 - 4,75]	0,46 $\pm$ 0,21	0,61 $\pm$ 0,23	0	0,2442 [0,1035 - 0,3513]
Cluster orange	52,44	99	83,67	4,43 [3,875 - 5,0]	0,51 $\pm$ 0,27	0,54 $\pm$ 0,27	0	0,0485 [-0,0025 - 0,0952]

**Table 9 :** Paramètres de variabilité génétique des individus captifs et sauvages canadiens; N = nombre d'individus par locus et par population, A = nombre d'allèle par locus par population, % = pourcentage du total des allèles observés par locus par population, Ar = richesse allélique (+ intervalles de confiance à 95%), Ho = hétérozygotie observée ( $\pm$  écart-type), He = hétérozygotie attendue ( $\pm$  écart-type), HWE = p-value de la déviation par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weindberg, Fis = coefficient de consanguinité (+ intervalles de confiance à 95%).

	N	A	%	Ar [IC 95%]	Ho ( $\pm$ SD)	He ( $\pm$ SD)	HWE	Fis [IC 95%]
<b>Sauvages</b>	3,94	50	49,97	2,66 [2,125 - 3,125]	0,61 $\pm$ 0,36	0,53 $\pm$ 0,23	0,8283	-0,1532 [-0,4371 - -0,0074]
<b>Carter</b>	4,94	40	43,31	2,11 [1,5 - 2,5]	0,4 $\pm$ 0,30	0,37 $\pm$ 0,26	0,2233	-0,0599 [-0,03248 - 0,0801]
<b>Hilliard</b>	4,62	48	46	2,33 [1,813 - 2,8125]	0,48 $\pm$ 0,44	0,4 $\pm$ 0,30	0,7279	-0,2025 [-0,5407 - -0,0747]
<b>Mitchell</b>	15	78	69	3,04 [2,3125 - 3,563]	0,46 $\pm$ 0,23	0,6 $\pm$ 0,28	0	0,2375 [0,0844 - 0,3543]
<b>Jones</b>	18	76	68,8	2,88 [2,25 - 3,377]	0,49 $\pm$ 0,25	0,54 $\pm$ 0,27	6e-04	0,0962 [0,0048 - 0,1773]
<b>Elste</b>	17	76	68,57	2,99 [2,3125 - 3,5]	0,52 $\pm$ 0,29	0,53 $\pm$ 0,28	0,0136	0,0203 [-0,0913 - 0,1071]
<b>Ritchie</b>	18	79	69,62	2,92 [2,373 - 3,375]	0,46 $\pm$ 0,25	0,54 $\pm$ 0,28	0,0085	0,1547 [0,0693 - 0,2253]
<b>Hodgson</b>	17,75	78	70,73	2,96 [2,375 - 3,5625]	0,55 $\pm$ 0,27	0,54 $\pm$ 0,28	0,0166	-0,0212 [-0,0973 - 0,0393]
<b>Chuter</b>	18	72	66,48	2,72 [2,188 - 3,188]	0,45 $\pm$ 0,24	0,5 $\pm$ 0,27	4e-04	0,108 [-0,0021 - 0,2157]
<b>RBR</b>	18	71	65,17	2,83 [2,1875 - 3,377]	0,5 $\pm$ 0,27	0,51 $\pm$ 0,26	0,5072	0,0213 [-0,0533 - 0,0852]

## France :

Pour la population française, la variabilité génétique a d'abord été comparée entre les 4 sous-clusters mis en évidence par le programme Structure et l'estimation des moyennes de LnP(D). La même analyse a été ensuite effectuée entre les trois visonnières et les populations férales.

Les valeurs de  $F_{ST}$  entre les différents clusters (Tableau 10) sont comprises entre 0,05 et 0,11 suggérant une différenciation génétique modérée entre eux. En analysant ces valeurs entre les régions et les visonnières (Tableau 11), l'indice de  $F_{ST}$  indique que les populations de Nouvelle-Aquitaine et Occitanie ( $F_{ST} = 0,01$ ) ont une faible différenciation génétique et la région de Bretagne montre une différenciation modérée avec les deux autres régions. Les individus féraux trouvés dans le parc naturel des Pyrénées ont des valeurs de l'indice de fixation faible avec la population de Nouvelle-Aquitaine ( $F_{ST} = 0,1$ ). Les trois visonnières échantillonnées pour cette étude montrent des valeurs de  $F_{ST}$  faible avec la région de Nouvelle-Aquitaine ( $F_{ST}$  Saint-Cybranet = 0,07 ;  $F_{ST}$  Pyrénées-Atlantiques = 0,04 ;  $F_{ST}$  Beauregard = 0,03) avec une différenciation génétique modérée avec la visonnière de Saint-Cybranet en Dordogne ( $F_{ST} = 0,07$ ). Les trois visonnières ont une faible différenciation génétique ( $F_{ST} = 0,02$  à 0,04) suggérant un flux de gènes entre ces fermes.

**Tableau 10** : Valeurs de  $F_{ST}$  (+ intervalles de confiance à 95%) et les valeurs de  $D_{JOST}$  (+ intervalles de confiance à 95%) entre les quatre clusters français obtenus par le programme Structure.

Comparaison	$\Theta_{Fst}$ [IC 95%]	Djost [IC 95%]
Cluster vert vs cluster bleu	0,0914 [0,0846 - 0,1124]	0,1411 [0,1239 - 0,1797]
Cluster vert vs cluster mauve	0,0508 [0,0521 - 0,0804]	0,1633 [0,1475 - 0,2368]
Cluster vert vs cluster orange	0,0685 [0,0625 - 0,095]	0,1365 [0,115 - 0,1766]
Cluster bleu vs cluster mauve	0,0721 [0,0667 - 0,1018]	0,0913 [0,0824 - 0,1585]
Cluster bleu vs cluster orange	0,1093 [0,1013 - 0,1285]	0,1089 [0,0971 - 0,1389]
Cluster mauve vs cluster orange	0,0522 [0,0505 - 0,0808]	0,1338 [0,1148 - 0,1894]

**Tableau 11** : Valeurs de  $F_{ST}$  (+intervalles de confiance à 95%) et les valeurs de  $D_{JOST}$  (+intervalles de confiance à 95%) entre les individus féraux et captifs français.

Comparaison	$\Theta$ Fst [IC 95%]	Djost [IC 95%]
Bretagne vs Occitanie	0,0573 [0,0516 - 0,086]	0,105 [0,0909 - 0,1572]
Bretagne vs Nouvelle-Aquitaine	0,0461 [0,0432 - 0,0697]	0,0931 [0,0815 - 0,1453]
Bretagne vs PNP	0,1236 [0,1134 - 0,2374]	0,2327 [0,1662 - 0,3554]
Bretagne vs visonnière Saint-Cybranet	0,0769 [0,0683 - 0,1081]	0,1481 [0,119 - 0,2012]
Bretagne vs visonnière Beauregard	0,04 [0,044 - 0,1038]	0,0728 [0,0744 - 0,2142]
Bretagne vs visonnière Pyrénées-Atlantiques	0,0456 [0,0462 - 0,0867]	0,102 [0,0872 - 0,1872]
Occitanie vs Nouvelle-Aquitaine	0,0067 [0,0081 - 0,0254]	0,0118 [0,0129 - 0,0426]
Occitanie vs PNP	0,1352 [0,1149 - 0,2445]	0,1586 [0,0967 - 0,3221]
Occitanie vs visonnière Saint-Cybranet	0,0974 [0,0862 - 0,1292]	0,1363 [0,12 - 0,1807]
Occitanie vs visonnière Beauregard	0,0475 [0,0425 - 0,1145]	0,0925 [0,0657 - 0,2212]
Occitanie vs visonnière Pyrénées-Atlantiques	0,0634 [0,0588 - 0,1087]	0,1128 [0,0971 - 0,1926]
Nouvelle-Aquitaine vs PNP	0,1039 [0,0965 - 0,2127]	0,1555 [0,0942 - 0,3088]
Nouvelle-Aquitaine vs visonnière Saint-Cybranet	0,0659 [0,0597 - 0,0884]	0,117 [0,0998 - 0,157]
Nouvelle-Aquitaine vs visonnière Beauregard	0,0278 [0,0298 - 0,0837]	0,0784 [0,0637 - 0,1965]
Nouvelle-Aquitaine vs Visonnière Pyrénées-Atlantiques	0,0423 [0,0429 - 0,0774]	0,0718 [0,0742 - 0,1551]
PNP vs visonnière Saint-Cybranet	0,1469 [0,1387 - 0,2734]	0,1408 [0,1226 - 0,2506]
PNP vs visonnière Beauregard	0,1038 [0,1071 - 0,2635]	0,1639 [0,0884 - 0,3662]
PNP vs visonnière Pyrénées-Atlantiques	0,0702 [0,0731 - 0,2199]	0,117 [0,0879 - 0,2775]
Visonnière : Saint-Cybranet vs Beauregard	0,0317 [0,0301 - 0,1002]	0,041 [0,0349 - 0,1526]
Visonnière : Saint-Cybranet vs Pyrénées-Atlantiques	0,0425 [0,0405 - 0,0853]	0,0646 [0,0559 - 0,1386]
Visonnière : Beauregard vs Pyrénées-Atlantiques	0,0156 [0,0238 - 0,0852]	0,0263 [0,0398 - 0,1872]

Les valeurs de richesse allélique (Tableau 12) sont plus élevées pour le cluster mauve ( $A_r = 11,25$ ) alors que les autres sont comprises entre 6,62 et 7,33. Le cluster bleu a une valeur de  $F_{IS}$  significativement plus faible ( $F_{IS} = 0,14$ ) que les clusters vert et mauve mais similaire au cluster orange.

La comparaison des populations férales avec les animaux provenant des visonnières (Tableau 13) ne montre pas de différence pour les valeurs de richesse allélique. Cependant, ce résultat doit être pris avec précaution car le nombre d'animaux féraux analysés est nettement plus important par rapport à celui des visonnières.

La visonnière de Saint-Cybranet (Dordogne) est caractérisée par une valeur de l'indice  $F_{IS}$  plus faible ( $F_{IS} = 0,09$ ) que les valeurs des populations férales ( $F_{IS} = 0,28$ ). À l'exception des individus rencontrés dans le parc national des Pyrénées mais cette valeur est à prendre avec précaution vu le faible nombre d'animaux analysés pour cette zone.

**Tableau 12 :** Paramètres de variabilité génétique des quatre clusters français obtenus par le programme Structure; N = nombre d'individus par locus et par population, A = nombre d'allèle par locus par population, % = pourcentage du total des allèles observés par locus par population,  $A_r$  = richesse allélique (+ intervalles de confiance à 95%),  $H_o$  = hétérozygotie observée ( $\pm$  écart-type),  $H_e$  = hétérozygotie attendue ( $\pm$  écart-type), HWE = p-value de la déviation par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weinberg,  $F_{IS}$  = coefficient de consanguinité (+ intervalles de confiance à 95%).

	N	A	%	$A_r$ [IC 95%]	$H_o$ ( $\pm$ SD)	$H_e$ ( $\pm$ SD)	HWE	$F_{IS}$ [IC 95%]
<b>Cluster vert</b>	57,33	95	46,76	6,9 [6,417 - 7,333]	0,45 $\pm$ 0,22	0,64 $\pm$ 0,29	0	0,2986 [0,2502 - 0,482]
<b>Cluster bleu</b>	121,83	101	48,57	6,62 [6,083 - 7,167]	0,5 $\pm$ 0,28	0,58 $\pm$ 0,30	0	0,1435 [0,1043 - 0,225]
<b>Cluster mauve</b>	38,83	158	79,03	11,25 [10,17 - 12,167]	0,54 $\pm$ 0,26	0,76 $\pm$ 0,24	0	0,2978 [0,2424 - 0,3544]
<b>Cluster orange</b>	79,17	108	55,78	7,33 [6,667 - 7,917]	0,49 $\pm$ 0,22	0,62 $\pm$ 0,25	0	0,2068 [0,1584 - 0,4797]

**Tableau 13 :** Paramètres de variabilité génétique des individus captifs et féraux français; N = nombre d'individus par locus et par population, A = nombre d'allèle par locus par population, % = pourcentage du total des allèles observés par locus par population,  $A_r$  = richesse allélique (+ intervalles de confiance à 95%),  $H_o$  = hétérozygotie observée ( $\pm$  écart-type),  $H_e$  = hétérozygotie attendue ( $\pm$  écart-type), HWE = p-value de la déviation par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weinberg,  $F_{IS}$  = coefficient de consanguinité (+ intervalles de confiance à 95%).

	N	A	%	$A_r$ [IC 95%]	$H_o$ ( $\pm$ SD)	$H_e$ ( $\pm$ SD)	HWE	$F_{IS}$ [IC 95%]
<b>Bretagne</b>	47,58	90	44,27	3,75 [3,0 - 4,33]	0,47 $\pm$ 0,23	0,64 $\pm$ 0,29	0	0,2604 [0,2005 - 0,315]
<b>Occitanie</b>	52,58	100	50,59	3,52 [2,667 - 4,25]	0,48 $\pm$ 0,22	0,62 $\pm$ 0,27	0	0,2311 [0,1685 - 0,296]
<b>Nouvelle-Aquitaine</b>	93,42	144	71,51	3,75 [2,917 - 4,583]	0,48 $\pm$ 0,25	0,66 $\pm$ 0,29	0	0,2762 [0,228 - 0,3223]
<b>PNP</b>	4,17	33	17,02	2,38 [1,75 - 2,75]	0,35 $\pm$ 0,33	0,41 $\pm$ 0,32	0,1182	0,1393 [-0,147 - 0,453]
<b>AGRA</b>	63,17	92	46,68	3,6 [3,0 - 4,25]	0,54 $\pm$ 0,29	0,59 $\pm$ 0,28	0	0,092 [0,045 - 0,137]
<b>GOUJ</b>	14,17	82	41,55	3,69 [2,665 - 4,583]	0,52 $\pm$ 0,35	0,68 $\pm$ 0,26	0	0,227 [0,1342 - 0,301]
<b>GRAN</b>	22,08	98	47,51	3,95 [3,0 - 4,75]	0,5 $\pm$ 0,29	0,65 $\pm$ 0,32	0	0,2262 [0,1472 - 0,301]

En analysant de plus près la région bretonne, les valeurs de  $F_{ST}$  (Tableau 14) indiquent une différenciation génétique modérée entre les différents départements et entre l'île et les départements. Cela suggère un léger flux de gènes entre ces populations. Ces valeurs sont corrélées avec les valeurs de  $D_{JOST}$ . La richesse allélique (Tableau 15) est similaire entre les populations néanmoins, toutes montrent des valeurs de consanguinité  $F_{IS}$  élevées.

**Tableau 14 :** Valeurs de  $F_{ST}$  (+intervalles de confiance à 95%) et les valeurs de  $D_{JOST}$  (+intervalles de confiance à 95%) entre les individus féraux en Bretagne.

Comparaison	$\Theta_{Fst}$ [IC 95%]	Djost [IC 95%]
Côtes-d'Armor vs île Tomé	0,1349 [0,1316 - 0,2104]	0,2091 [0,179 - 0,2888]
Côtes-d'Armor vs Morbihan	0,0614 [0,0576 - 0,1482]	0,0875 [0,0723 - 0,2078]
Île Tomé vs Morbihan	0,1327 [0,1269 - 0,204]	0,185 [0,154 - 0,278]

**Tableau 15 :** Paramètres de variabilité génétique des individus féraux en Bretagne; N = nombre d'individus par locus et par population, A = nombre d'allèle par locus par population, % = pourcentage du total des allèles observés par locus par population, Ar = richesse allélique (+ intervalles de confiance à 95%), Ho = hétérozygotie observée ( $\pm$  écart-type), He = hétérozygotie attendue ( $\pm$  écart-type), HWE = p-value de la déviation par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weindberg, Fis = coefficient de consanguinité (+ intervalles de confiance à 95%).

	N	A	%	Ar [IC 95%]	Ho ( $\pm$ SD)	He ( $\pm$ SD)	HWE	Fis [IC 95%]
<b>Côtes-d'Armor</b>	15	64	72,83	4,63 [4,083 - 5,167]	0,43 $\pm$ 0,26	0,61 $\pm$ 0,25	0	0,2947 [0,164 - 0,3963]
<b>Île Tomé</b>	16,58	59	70,21	4,14 [3,5 - 4,667]	0,49 $\pm$ 0,24	0,55 $\pm$ 0,23	0	0,1046 [0,0068 - 0,2119]
<b>Morbihan</b>	16	62	67,5	4,56 [4,083 - 4,917]	0,5 $\pm$ 0,29	0,58 $\pm$ 0,31	0	0,1322 [0,036 - 0,2137]

## Diversité du gène DRB CMH-II

Dans le cadre de l'étude du gène DRB du complexe majeur d'histocompatibilité de type II, 79 individus ont été analysés. Cependant, 5 individus n'ont pas montré d'amplification.

Le programme dnaSP 5.10 (Librado et Rozas, 2009) a mis en évidence 185 séquences (171 sites nucléotidiques) au sein des échantillons analysés. Ces échantillons ont été classés en quatre populations : les individus sauvages canadiens, les individus captifs canadiens, les individus féraux français et les individus captifs français.

Sur 74 individus, cinq allèles différents ont été détectés dont un individu montrant 4 allèles et un autre montrant 5 allèles.

Les résultats obtenus (Tableau 16) indiquent la présence de 14 haplotypes au sein de notre échantillonnage avec une diversité haplotypique élevée (0,78) et une diversité nucléotidique faible (0,12). Les individus canadiens, sauvages et captifs, montrent un nombre légèrement plus élevé d'haplotypes comparés aux individus français. Les individus sauvages canadiens indiquent une diversité haplotypique et nucléotidique les plus élevées ( $H_d = 0,9$  et  $P_i = 0,21$ ). La diversité haplotypique la plus faible est observée chez les individus sauvages français ( $H_d = 0,7$ ) tandis que les individus captifs français ont la plus faible diversité nucléotidique ( $P_i = 0,114$ ).

**Tableau 16** : Paramètres de variabilité génétique des individus captifs (Canada et France), des individus sauvages canadiens et des individus féraux français; h = haplotype,  $H_d$  = diversité haplotypique ( $\pm$  écart-type),  $P_i$  = diversité nucléotidique ( $\pm$  écart-type).

	Nombre d'individus	Nombre d'allèles	Nombre de séquences	h	$H_d$ ( $\pm$ SD)	$P_i$ ( $\pm$ SD)
<b>Sauvages (Canada)</b>	4	3,25	13	8	0,91026 $\pm$ 0,056	0,21015 $\pm$ 0,074
<b>Visonnières (Canada)</b>	25	2,76	69	9	0,79327 $\pm$ 0,029	0,11602 $\pm$ 0,0064
<b>Sauvages (France)</b>	30	2,67	68	7	0,6813 $\pm$ 0,034	0,11567 $\pm$ 0,0049
<b>Visonnières (France)</b>	15	2,33	35	8	0,8 $\pm$ 0,041	0,11434 $\pm$ 0,000099
<b>Total</b>	74	2,7525	185	14	0,78061 $\pm$ 0,019	0,12114 $\pm$ 0,00701



## Discussion

### Structuration et diversité génétique de l'espèce

#### Ensemble des échantillons :

Dans le cadre de cette étude sur le vison d'Amérique, les populations canadiennes et françaises ont été comparées sur base de 12 marqueurs microsatellites. L'analyse sur le jeu de données total (468 individus canadiens et français) à partir du programme Structure a permis de déterminer une structuration entre les deux grandes régions.

Suivant la structuration en deux clusters principaux (Figure 13), la majorité des individus canadiens sont assignés à un cluster tandis que les individus français sont répartis dans l'autre cluster. Cependant, il est intéressant de noter que quelques individus français apparaissent dans le cluster reprenant les animaux canadiens et vice versa. Ce résultat suggère ainsi que même si les animaux sont légèrement différents et vivent sur un autre continent, ils n'en demeurent pas moins assez proches.

L'hypothèse la plus probable pour expliquer l'assignation de certains individus français au cluster canadien est l'introduction de visons provenant du Canada par le passé (Bifulchi, 2007). Un flux génétique entre la France et le Canada semble supporter cette hypothèse (Tableau 4). Cependant, la majorité des individus français sont très différents de la population canadienne et plusieurs hypothèses peuvent être mises en avant. Premièrement, un effet fondateur est généralement observé chez les populations introduites dans un nouvel environnement. En effet, les individus importés vers la France sont en faible nombre et ne représentent pas la population source car ils ne portent avec eux qu'une petite fraction de la variabilité génétique totale. Ceci engendre une différence au niveau des fréquences alléliques entre les deux groupes avec une perte d'une série d'allèles pour la nouvelle population créée (Baker et Moeed, 1987 ; Barton et Charlesworth, 1984). Deuxièmement, les introductions multiples provenant de différentes populations sources pourraient expliquer la grande variabilité génétique au sein de la population française par rapport à la population canadienne. Troisièmement, cette différence entre ces deux populations peut également provenir de l'effet de dérive génétique et de la sélection au sein des populations introduites notamment dans les élevages (Kolbe et al, 2004 ; Genton et al, 2005).

L'analyse en six sous-clusters (Figure 16) a confirmé plus nettement la séparation entre les deux groupes canadiens et français avec une plus grande variabilité génétique des français au niveau des clusters.

Au sein des deux grandes régions étudiées, un déficit en hétérozygotes (Tableau 5) est observé se traduisant par un risque de consanguinité ( $F_{IS} > 0,1$ ). Plus précisément, les visonnières françaises et la majorité des canadiennes (Tableau 6) sont caractérisées par un déficit en hétérozygotes. Plusieurs facteurs peuvent expliquer ce déficit comme la consanguinité ou l'effet Wahlund (Beauclerc et al, 2017 ; Bifulchi, 2007). Cependant, l'effet Wahlund, caractérisé par un déficit en hétérozygotes, peut être écarté car les valeurs de coefficient de consanguinité de toutes les populations étudiées sont positives, confirmant une tendance générale de risque de consanguinité chez la majorité des populations.

Enfin, malgré une sélection importante pour le type de fourrure dans les fermes, la diversité génétique (Tableau 6) des individus féraux ( $H_e = 0,66$ ) et captifs ( $H_e = 0,59$  à  $0,68$ ) en France est un peu plus élevée que la diversité génétique des individus canadiens (captifs :  $H_e = 0,3$  à  $H_e = 0,57$  et sauvages :  $H_e = 0,52$ ). Ce résultat confirme l'étude de Bifulchi (2007) qui a également montré que la diversité en France est plus importante que celle d'Amérique du Nord. La diversité génétique observée entre les animaux captifs et féraux en France est cependant du même ordre de grandeur, suggérant une très bonne diversité également pour les animaux retournés à l'état sauvage.

### À l'échelle du Canada :

Le vison d'Amérique (*N. vison*) est un mustélidé natif d'Amérique du nord. La présente étude a permis d'étudier les individus sauvages et captifs d'Ontario au Canada et de déterminer si une structuration plus complexe au sein du jeu de données canadien ( $N = 136$ ) existe. En effet, l'analyse du jeu de données total a indiqué une faible structuration des populations canadiennes par rapport aux populations françaises (Figure 13). Cependant, les résultats obtenus à partir des 16 microsatellites à l'échelle du Canada doivent être interprétés avec précaution car les nombres d'individus sauvages et captifs échantillonnés sont faibles comparés aux études de référence et ne sont pas totalement représentatifs de la population source.

Au Canada, les études effectuées dans les provinces des Maritimes et d'Ontario indiquent la présence de deux populations (Kidd et al, 2009 ; Beauclerc et al, 2013 ; Bowman et al, 2017). Notre analyse semble corroborer l'existence de deux clusters au sein de la population canadienne dont 91% des individus sont assignés à un des deux clusters ( $q > 0,8$ ) (Figure 19). Cependant, dans les études de références, les deux populations sont discriminées entre un groupe correspondant à des animaux sauvages, et un groupe reprenant les animaux d'élevage. Ce résultat légèrement différent pourrait s'expliquer par le fait que ces trois études ont été

basées sur un nombre d'échantillons sauvages nettement plus important ( $N = 50$ ,  $N = 321$  et  $N = 129$ ) par rapport à la présente étude ( $N = 4$ ).

En allant plus loin dans l'analyse, la méthode d'Evanno (Evanno et al, 2005) indique un deuxième pic (Figure 18) et les différentes méthodes (Figure 21, 22, 23) ont permis de mettre en évidence l'existence d'une sous-structuration en quatre clusters au sein de la population canadienne. Il semblerait que cette répartition se fasse selon la couleur du pelage de l'animal (Kidd et al, 2009). En effet, la fourrure du vison à l'état naturel est de couleur brun foncé à clair (Schlimme, 2003). Cependant, depuis l'apparition des visonnières avec leur sélection intense de la couleur du pelage, les visons d'élevage ont un panel de couleur très diversifié qui les classent dans un groupe. De plus, certaines couleurs sélectionnées peuvent être associées à des pathologies comme les individus au pelage pastel engendrant une plus grande sensibilité aux infections bactériennes et virales (Bifulchi, 2007).

Un léger flux génétique semble exister entre les clusters bleu et vert (Tableau 7) tandis que le cluster mauve contenant tous les individus sauvages, est caractérisé par un flux plus faible avec les autres clusters. Les trois études de références ont décelés un flux de gènes entre les individus sauvages et les individus échappés de fermes engendrant des hybrides dans les zones de contact. Ces zones sont particulièrement rencontrées près des visonnières. Malheureusement, le nombre d'individus sauvages étant seulement de quatre dans notre étude, il est impossible de confirmer avec nos résultats les hypothèses des précédentes études.

Dans l'étude de Bowman et al (2017), les individus sauvages et les individus au pelage acajou des fermes sont caractérisés par des valeurs de  $F_{IS}$  importantes (0,15 et 0,19). Ce résultat tend à corroborer un risque de consanguinité pour les populations étudiées. Dans notre étude, le cluster mauve présente un risque plus élevé de consanguinité ( $F_{IS} = 0,24$ ) (Tableau 8). Ce dernier est représenté par tous les individus sauvages, tous les individus au pelage acajou et quelques individus noir/pastel. Ce résultat supporte ceux de l'étude de Bowman et al (2017). Une meilleure gestion au sein des fermes voulant produire une couleur acajou devrait être mise en place pour diminuer le risque de consanguinité entre individus. De plus, la gestion de certaines fermes n'est pas très efficace car elles montrent un risque de consanguinité par rapport à d'autres (Tableau 9). Ce résultat suggère une gestion des populations différentes au sein des visonnières.

Malgré un faible nombre d'individus analysés, la richesse allélique des individus sauvages est similaire à celle des visonnières (Tableau 9). Mais, ces richesses alléliques sont moins

élevées que celles observées chez d'autres espèces de mustélidés. Par exemple, la martre américaine (*Martes americana*) montre une valeur plus importante dans la Péninsule inférieure du Michigan aux États-Unis ( $Ar = 3,92$  ; Hillman et al, 2017). Cependant, une fois encore, les résultats obtenus chez les animaux sauvages canadiens doivent être considérés avec précaution, vu leur faible échantillonnage.

### À l'échelle de la France :

Depuis quelques décennies, le vison d'Amérique est observé sur le continent européen où il a été introduit pour son pelage. Dans le cadre de cette étude, 33 échantillons provenant de France ont été extraits et génotypés sur base de 12 marqueurs microsatellites. Ces génotypes ont été combinés au jeu de données déjà récolté par le laboratoire de Génétique de la Conservation de l'Université de Liège. Le jeu de données final est composé de 332 individus issus de visonnières et d'individus du milieu naturel ce qui a permis d'étudier la structure de la population mais également de comparer les individus captifs et sauvages sur l'ensemble du territoire français où l'espèce est actuellement présente.

L'analyse de notre jeu de donnée à partir du programme Structure suggère une sous-structuration de la population française en quatre sous-clusters (Figure 30). Ce résultat n'apparaît pas surprenant puisque chez les espèces invasives, une subdivision de la structure en plusieurs sous-clusters est assez fréquente (Zalewski et al, 2010). Ce type de structuration complexe a déjà été observée dans d'autres pays comme la Pologne ou le Japon (Michalska-Parda et al, 2009 ; Shimatani et al, 2010). Cette sous-structuration peut être expliquée par des barrières anthropiques, géographique ou de la répartition des visonnières (Zalewski et al, 2010 ; Zuberogoitia et al, 2013). En France, le vison n'a pas d'obstacles naturels. Au contraire, les cours d'eau très présents sur le territoire facilitent la colonisation de cette espèce (Bifolchi, 2007).

Notre étude, basée sur un échantillonnage reprenant pour la première fois la majeure partie de la distribution du vison d'Amérique sur l'ensemble du territoire français (Figure 31) a permis de montrer une différenciation nette des populations de la région bretonne par rapport à celle des régions d'Occitanie et de Nouvelle-Aquitaine (cfr. Figure 24, nouvelles régions).

Tout d'abord, la Bretagne se démarque par la présence majoritaire d'individus assignés au cluster vert (Figure 31, 33). Cette démarcation pourrait s'expliquer par une importante densité de fermes à fourrure par le passé en Bretagne, donnant naissance à une population bien différente des autres régions (Bonesi et al, 2007). De plus, le réseau hydrographique breton est

peu en contact avec le reste du réseau français (Figure 34) ce qui pourrait augmenter l'isolement de la population bretonne. Malgré le fait que les visons bretons montrent un profil génétique différent, un léger flux génétique entre ces individus et ceux du sud-ouest de la France semble exister (Tableau 11). La rencontre entre ces populations férales pourrait se faire sur la région du Pays de la Loire. En effet, cette région constitue un pont entre les populations bretonnes et du sud-ouest du fait de son réseau hydrographique (Figure 34). De plus, en 1999, les individus bretons avaient déjà colonisé la Normandie et le Pays de la Loire (Borrell et Saint-Hilaire, 2012). Néanmoins, en raison d'un manque d'information sur cette région, l'hypothèse de rencontre entre les populations du nord-ouest et du sud-ouest de la France ne peut pas être confirmée. Une autre hypothèse pouvant être proposée est un échange entre les fermes du sud et du nord pour éviter la consanguinité (Bifolchi, 2007 ; Dubuisson, 2015). Cependant, nous n'avons pas analysé d'échantillons provenant de fermes bretonnes.



Figure 34 : Réseau hydrographique (fleuves et rivières) du territoire français.  
Source : [http://www.valcanigou.net/IMG/pdf/les\\_fleuves\\_eleve\\_2015.pdf](http://www.valcanigou.net/IMG/pdf/les_fleuves_eleve_2015.pdf)

Concernant la population du sud-ouest de la France (Figure 32), en région de Nouvelle-Aquitaine, la structuration en quatre sous-clusters et leur hétérogénéité sur cette région confirme celle obtenue dans l'étude menée par Dubuisson (2015). Ces résultats tendent à suggérer la mise en commun de plusieurs lignées génétiques de visons, provenant très probablement de plusieurs fermes de la région, encore actives ou disparues. Par exemple, en Dordogne, la libération de

milliers de visons d'Amérique par sabotage de la visonnière de Saint-Cybranet a permis à certains individus de coloniser le département (Borrell et Saint-Hilaire, 2012). Cependant, seul un individu a été échantillonné dans cette zone ce qui ne permet pas de savoir si les animaux féraux proviennent de cette ferme ou d'autres fermes.

Dans le département de la Charente, la visonnière de Beauregard est caractérisée par les quatre sous-clusters tandis que les individus se trouvant dans la nature, sont surtout caractérisés par le cluster mauve. Ce résultat peut s'expliquer par le fait que seul des animaux captifs caractérisés par ce cluster, se soient échappés de la ferme de Beauregard, ou bien que ces animaux « cluster mauve » proviennent d'autres fermes comme des fermes non échantillonnées ou la visonnière de Saint-Cybranet qui a connu des évasions. Une dernière hypothèse expliquerait ce résultat par l'évasion d'animaux provenant de la visonnière située dans les Pyrénées-Atlantiques et présentant un nombre important d'animaux du type « cluster mauve ». Toutefois, cette ferme est distante de plusieurs centaines de km par rapport au département de la Charente et à moins d'une colonisation ancienne, ayant permis au vison de coloniser peu à peu ces territoires, l'origine de ce cluster mauve dans cette région est probablement à rechercher ailleurs. L'inverse pourrait également se faire, c'est-à-dire des animaux de la visonnière de Beauregard vers les départements plus au sud (Gironde, Pyrénées-Atlantiques, Landes, etc.). En effet, le cluster orange représenté majoritairement par les individus féraux de l'extrême sud-ouest (Figure 32) ne semblent pas provenir des visonnières proches (Pyrénées et Saint-Cybranet) mais de la visonnière de Dordogne qui indique la présence de la lignée orange. Toutefois, comme pour le cluster mauve, cette hypothèse est peu probable et ce résultat suggère que ces individus pourraient provenir d'autres visonnières non échantillonnées ou fermées. De plus, il y a quelques années, la ferme des Pyrénées a du renouveler son cheptel car les animaux étaient atteints par la maladie aléoutienne (information Fournier C.). Ce qui suggère que les animaux avec un profil génétique « orange » viennent probablement d'individus évadés de cet ancien cheptel.

Dans les Pyrénées-Atlantiques, la visonnière échantillonnée dans notre étude est majoritairement caractérisée par le cluster mauve (Figure 32). Selon Borrell et Saint-Hilaire (2012), le noyau de cette population férale du sud-ouest s'est installé dans le bassin de l'Adour dans les années 1980. Ainsi, les individus ayant pu s'échapper de cette visonnière auraient pu coloniser le département des Landes, du Gers et des Hautes-Pyrénées. Ceci expliquerait la présence d'animaux caractérisés par ce cluster mauve dans ces départements. De plus, un flux de gènes entre la visonnière des Pyrénées et les individus féraux semble exister (Tableau 11).

Néanmoins, une fois encore, ces animaux féraux peuvent également provenir de fermes d'élevages aujourd'hui disparues et qui auraient été caractérisées par des animaux de types « cluster mauve ».

Enfin, la structuration des populations des départements de l'Aude, de l'Aveyron, de Lot, du Tarn et des Pyrénées-Orientales est caractérisée par un profil génétique différent des autres régions (Figure 32). Cette population dans la région d'Occitanie a été mise en évidence en 2012 par Borrell et Saint-Hilaire. Le noyau de cette population est apparu dans la Montagne Noire et elle pourrait provenir d'individus échappés de la ferme de Mazamet (Borrell et Saint-Hilaire, 2012). Cependant, n'ayant pas pu analyser des animaux provenant de cette visonnière, il est impossible de confirmer ou d'infirmer une telle hypothèse. Les animaux analysés dans cette région sont également en faible nombre ( $N_{\text{total}} = 10$ ). Toutefois, nos résultats permettent tout de même de mettre en évidence l'existence de trois clusters génétiques différents dans cette région (bleu, vert et orange), dont quelques individus hybrides. Ceci suggère déjà un mixage génétique important pour ces populations, et un risque élevé d'élargissement de leur aire de distribution vu leur bonne santé génétique. Ce risque de mixage génétique sera d'autant plus important si la population du grand sud-ouest de la France est mise en contact avec les populations bretonnes et du nord de l'Espagne. L'explosion de diversité génétique ainsi obtenue risquerait en effet, d'augmenter encore plus la fitness des animaux et leur dynamique colonisatrice au sein de l'ensemble de la région. Une telle rencontre pourrait s'avérer dévastatrice pour la population de vison d'Europe (*Mustela lutreola*) vivant dans le sud-ouest de la France (Cabria et al, 2011 ; Michaux et al, 2005).

La carte (Figure 31) indique que les connexions entre populations des différentes régions et départements pourraient être facilitées par le réseau hydrographique (Figure 34) extrêmement dense sur le territoire français (Bifulchi, 2007). Le vison étant un animal semi-aquatique, il reste en effet toujours à proximité de masses d'eau, à l'exception d'une faible ressource alimentaire qui le fait parfois se déplacer à 6 km d'un cours d'eau (Branquart, 2013).

À propos de la richesse allélique (Tableau 12), celle-ci est très importante dans le cluster mauve ( $A_r = 11,25$ ) qui est représenté un peu partout dans le sud-ouest de la France notamment dans la visonnière des Pyrénées (Figure 32). Néanmoins, les analyses concernant les richesses alléliques des visonnières (Tableau 13) sont faibles comparées à celles des individus féraux du nord-ouest et sud-ouest. Ces valeurs pourraient s'expliquer par une pression de sélection importante pour la couleur du pelage. Tandis que les valeurs chez les populations férales pourraient s'expliquer par un mixage de différents pools génétiques. Cette richesse suggère



ainsi que les individus sauvages ont une bonne santé génétique leur conférant une bonne fitness et un potentiel dynamique important (Kidd et al, 2009 ; Zalewski et al, 2010). La diversité génétique des populations férales dans toutes les régions indique également une bonne santé génétique ( $H_e = 0,62$  à  $0,66$ ). Notamment celle de Nouvelle-Aquitaine ( $H_e = 0,66$ ) qui côtoie le vison d'Europe en France ( $H_e = 0,43$ ,  $N = 73$ ) et qui pourrait côtoyer ceux d'Espagne ( $H_e = 0,43$ ,  $N = 73$ ) (Cabria et al, 2015). Cependant, chez d'autres espèces de mustélidés, la diversité est similaire, c'est le cas de la loutre (*Lutra lutra*) ( $H_e = 0,62$ ,  $N = 145$  ; Geboes et al, 2016).

Malgré une bonne santé génétique des populations férales, ces dernières montrent un risque de consanguinité plus important par rapport à la visonnière de Saint-Cybranet en Dordogne (Tableau 13). Cela pourrait s'expliquer par un effet Wahlund car nous avons associé les différents clusters dans une région. En effet, nous avons considéré pour le calcul du coefficient de consanguinité, que les animaux féraux appartenaient à une seule population alors qu'ils proviennent de sous-clusters distincts (Dharmarajan et al, 2013). Cependant, le risque de consanguinité est également très élevé au sein même des clusters ( $F_{IS} > 0,1$ ) (Tableau 12). Cela tend à montrer que ce risque de dépression de consanguinité est général pour tous les clusters et donc, de la population férale dans son ensemble. Un effet Wahlund ne serait donc pas responsable d'un tel résultat. Le risque de consanguinité est également présent au sein de deux visonnières, Beauregard et Pyrénées, ce qui tend à penser que la gestion de ces populations n'est pas très bonne. Pourtant, les fermes tentent de minimiser ce problème au sein d'une même lignée en faisant des échanges entre les fermes du pays et d'autres pays (Bifulchi et al, 2007).

### En Bretagne:

La Bretagne est la région ayant connu le plus de fermes à fourrure par le passé et un faible contact du réseau hydrographique (Figure 34) avec les autres régions ce qui pourrait expliquer que la population bretonne se démarque des autres par la caractérisation principale du cluster vert (Figure 31, 33), les deux autres (bleu et orange) étant en prévalences inférieures. L'analyse plus précise des individus de l'île Tomé indique une assignation au cluster vert pour l'ensemble des animaux et des flux génétiques semblent exister avec le continent (Tableau 14). Ce résultat suggère, sans grande surprise, une origine bretonne de cette population insulaire. De plus, les animaux de l'île Tomé montrent une richesse allélique faible par rapport à ceux du continent (Tableau 15), ce qui ne paraît pas surprenant si on considère que cette île a probablement été colonisée par un nombre restreint d'individus.

Dans la littérature, aucune étude ne s'est encore attardée à cette colonisation. Pourtant, l'enjeu est de taille puisque sa présence met en danger la biodiversité locale (Lannion-Trégor



communauté, 2015). De plus, la distance entre le continent et l'île Tomé ( $\pm 2$  km) ne semble pas constituer une barrière pour le vison d'Amérique car ce dernier peut nager de 2 à 6 km (Craik, 1997 ; Lannion-Trégor communauté, 2015). Cependant, une autre hypothèse pourrait être suggérée pour expliquer la présence du vison sur l'île. Celui-ci aurait en effet pu être introduit par les habitants de l'île, lorsque celle-ci était encore habitée (Conservatoire du littoral). Néanmoins, cette hypothèse d'introduction est contredite par le fait que les premières observations du vison d'Amérique sur l'île datent de 2012 (HELP, 2016).

La présence de cette espèce et la facilité avec laquelle il a colonisé l'île Tomé, apparaissent extrêmement préoccupantes pour la survie des colonies d'oiseaux de mer sur cette île mais également pour les îles avoisinantes. Une étude effectuée dans les îles occidentales d'Écosse indique que le vison d'Amérique a bel et bien un impact négatif sur les colonies d'oiseaux vivant sur les îles, dans ce cas-ci les sternes (Clode et Macdonald, 2002). Si l'hypothèse de colonisation naturelle par le vison s'avère exacte, une arrivée probable sur l'archipel des Sept Îles peut être envisagée. Effectivement, cet archipel se situe à moins de 7 km de l'île Tomé et à 4,50 km du continent (Conservatoire du littoral). Les Sept Îles abritant une densité importante d'oiseaux marins (25 000 couples de diverses espèces) tels que les macareux moine (*Fratercula artica*), le fou de Bassan (*Morus bassanus*) ou le puffin des Anglais (*Puffinus puffinus*) (LPO), on ne peut qu'être extrêmement vigilant quant au risque d'une colonisation future de cette zone insulaire par le vison d'Amérique. Le vison pourrait également passer d'île en île et ainsi, coloniser à plus de 10 km au large des côtes (stratégie du « *island hopping* ») (Clode et Macdonald, 2002).

### Le gène DRB du CMH-II :

L'analyse de 185 séquences du gène DRB du complexe majeur d'histocompatibilité de classe II sur 74 individus de visons d'Amérique est une étude préliminaire et la première sur cette espèce de mustélide. Cette analyse a permis de mettre en évidence 14 haplotypes (Tableau). L'étude de Cabria Garrido (2012) sur les visons d'Europe a détecté 5 haplotypes pour 436 individus. Cette comparaison indique que le vison d'Europe a une plus faible variabilité de ce gène comparé au vison d'Amérique.

Les individus échantillonnés à l'état sauvage au Canada indiquent une diversité haplotypique et nucléotidique très élevées (Tableau 16) suggérant un effectif élevé de la population et une certaine stabilité. Cependant, ce résultat doit être pris avec précaution car le nombre d'individus sauvages échantillonnés est très faible ( $N = 4$ ). Un plus grand échantillonnage est nécessaire pour permettre de s'avancer sur cette hypothèse. Les résultats concernant les individus captifs

(Canada et France) et les individus féraux français suggèrent que ces populations proviennent d'une population fondatrice à faible effectif et que la nouvelle population croît rapidement ( $Hd = 0,7$  à  $0,8$  et  $Pi = 0,114$  à  $0,116$ ). Cette hypothèse semble plausible pour les individus retrouvés à l'état sauvage en France car ils sont issus de visonnières.

Une variabilité élevée du CMH corrélée avec un large éventail de cellules immunitaires a été confirmé dans la littérature (Becker et al, 2009). La diversité génétique (Tableau 12) et la variabilité du CMH (Tableau 16) élevée des populations françaises pourraient expliquer le bon maintien de la santé génétique de ces individus face aux maladies. De même, l'estimation des valeurs de  $F_{ST}$  suggère un flux de gènes entre les populations ce qui pourrait augmenter le mixage génétique des gènes du CMH. Cette diversité au sein de ces deux facteurs (microsatellites et CMH) liée à un potentiel dynamique élevé expliqueraient l'excellente expansion du vison d'Amérique sur le territoire comparé au vison d'Europe. Cependant, d'autres études plus poussées sur le gène DRB du CMH-II devraient être envisagées pour confirmer cette hypothèse.

### Intérêt des résultats obtenus en terme de conservation

Les résultats obtenus au cours de ce mémoire pour la région d'origine du vison d'Amérique (ici le Canada) suggèrent une relation importante entre les animaux sauvages et captifs. Ces résultats tendent à montrer des risques d'évasions fréquents des animaux d'élevages vers les zones naturelles. Cette situation risque à terme de disséminer des gènes peu intéressants pour la survie de cette espèce en milieu sauvage, par hybridation et introgression entre animaux évadés et sauvages (Beauclerc et al, 2013). Un tel phénomène risque à terme de diminuer la fitness des animaux sauvages et par là, de diminuer leurs facultés adaptatives. Une meilleure gestion des fermes d'élevages est ainsi indispensable (Bowman et al, 2017)

En France, l'éradication du vison d'Amérique apparaît très compliquée. En effet, les populations sont déjà très importantes sur le territoire et naturalisées, le taux de reproduction est élevé (superfécondation et superfétation) et la vitesse d'expansion des jeunes à coloniser d'autres milieux est rapide (Bonesi, 2007). Notre étude sur la diversité génétique via des marqueurs neutres et non neutres tend à confirmer l'important potentiel adaptatif du vison en France.

Les programmes de lutte mis en place pour éviter le contact entre populations et les contrôler dans le sud-ouest de la France, ne montrent pas une grande efficacité car cette population se maintient à l'état sauvage (Borrell et Saint-Hilaire, 2012). Un piégeage intensif à long terme

permettrait peut-être une diminution des populations (Bifulchi, 2007 ; Zuberogoitia et al, 2010). Néanmoins, cette stratégie pourrait être néfaste pour les espèces proches telles que le vison d'Europe ou le putois. Ces plans doivent également se focaliser sur les zones d'admixture entre lignées génétiques différentes car ces dernières sont caractérisées par une combinaison de différents pools génétiques engendrant une augmentation dans la diversité génétique et donc du potentiel d'adaptation de cette espèce (Bifulchi et al, 2010). Notre étude montre une bonne santé du vison d'Amérique, particulièrement dans le sud-ouest de la France qui apparaît ainsi fortement problématique pour la survie à long terme du vison d'Europe (*Mustela lutreola*) survivant dans la même région. En effet, ce dernier rentre en compétition avec le vison d'Amérique pour les proies et l'habitat (Fournier et al, 2007 ; Macdonald et al, 2007).

La gestion du vison d'Amérique est aussi importante pour la survie de certaines proies qu'il affectionne comme le desman des Pyrénées (*Galemys pyrenaicus*) ou l'écrevisse à pattes blanches (*Austropotamobius pallipes*) (Melero et al, 2012). La protection d'habitats particuliers permettrait de maintenir les espèces de proies (ex. les roselières pour le campagnol terrestre ; Bifulchi, 2007). De même, sur les îles, des colonies d'oiseaux nichant au sol sont des proies faciles pour le vison. Plusieurs études ont montré que les visons provoquent une diminution voir l'extinction de population d'oiseaux marins (Fraser et al, 2014 ; Nordström et al, 2003). Nos résultats ont suggéré une colonisation naturelle de l'île Tomé via le continent. Cette colonisation pourrait être également possible sur l'archipel des Sept îles (moins de 5 km des côtes) qui abrite des populations importantes d'oiseaux de mer. Les plans d'actions sur ces îles doivent être entrepris rapidement comme l'observation régulière sur l'archipel mais aussi l'éradication sur l'île Tomé. Cette éradication a montré une augmentation des populations d'espèces d'oiseaux dans un archipel de la Finlande (Nordström et al, 2003).

Enfin, une espèce de mustélide semble avoir des effets négatifs sur le vison d'Amérique (Macdonald et al, 2007). La recolonisation de loutre d'Europe (*Lutra lutra*) en Suède et en Grande-Bretagne a montré une diminution de la population de vison dans ces zones (Bonesi et Palazon, 2007). En France, des études ont montré que la loutre commence à recoloniser son aire de répartition d'origine (Pigneur et al, 2014 ; Radermacher, 2016). Cette recolonisation pourrait engendrer une diminution similaire comme en Suède et Grande-Bretagne. La loutre semble être une des seules stratégies possibles pour diminuer la population de vison d'Amérique. Cependant, cela pourrait engendrer une modification dans l'alimentation chez le vison car ce dernier pourrait privilégier les proies terrestres (Bonesi et Palazon, 2007).<sup>6</sup>

## Conclusion

L'invasion biologique est l'une des principales menaces de la biodiversité. Ces espèces introduites volontairement ou non et devenant pour certaines invasives, provoquent des effets néfastes sur les espèces autochtones tels que la compétition pour les ressources ou la prédation causant parfois de déclin de ces espèces.

Cette étude a permis de montrer que certains individus de la population française semblent provenir du Canada et que la population française a une diversité allélique plus importante. De plus, les populations (Canada et France) se trouvant dans le milieu naturel indiquent une bonne santé génétique. Néanmoins, il faut prendre avec précaution ces résultats car les animaux sauvages canadiens ne représentent pas la population native. Dans la région du sud-ouest de la France, notre étude montre des individus ayant un profil génétique hétérogène accentuant la fitness et la dynamique de cette population. Cette hétérogénéité pourrait être expliquée par des flux de gènes entre les régions même si la Bretagne montre un profil génétique différent. De même, un flux génétique entre les visonnières semble exister permettant de diminuer le risque de consanguinité. En Bretagne, les animaux se retrouvant sur l'île Tomé semblent provenir d'une colonisation naturelle via le continent car les profils génétiques sont assez similaires avec certains individus du continent et des flux de gènes semblent exister entre les deux populations. Enfin, cette étude a permis de réaliser une première approche sur les marqueurs sélectionnés du complexe majeur d'histocompatibilité (gène DRB). Ces premiers résultats sur le vison d'Amérique (*N. vison*) suggèrent que les populations férales françaises et des populations captives canadiennes et françaises proviennent de populations fondatrices à faible effectif mais qu'aujourd'hui, ces trois populations connaissent une croissance rapide avec une diversité au niveau des gènes du système immunitaire, tout à fait correcte.

Dans l'intention de mettre au point des plans d'action concernant le vison d'Amérique, il est nécessaire d'échantillonner dans certaines régions de France comme le Pays de la Loire qui pourrait être un pont entre les populations du nord-ouest et du sud-ouest ou les zones d'admixture. Sur les îles où la présence de vison est confirmée, une éradication complète est à envisager car les îles offrent un lieu paisible pour les oiseaux marins. De même, dans les îles où la présence du vison n'a pas encore été confirmée, des observations régulières devront être nécessaires pour limiter la colonisation. Enfin, au Canada, une réglementation plus optimale des visonnières est à considérer avant même d'attaquer le problème dans le milieu sauvage.

## Références bibliographiques

- André, A. et al., 2017. Effects of parasite and historic driven selection on the diversity and structure of a MHC-II gene in a small mammal species (*Peromyscus leucopus*) undergoing range expansion. *Evol. Ecol.*
- Anistoroaei, R. et al., 2006. Isolation and characterization of 79 microsatellite markers from the American mink (*Mustela vison*). *Animal Genetics*, 37, pp. 179-188.
- Babik, W., Taberlet, P., Jan Ejsmond, M. & Radwan, J., 2009. New generation sequencers as a tool for genotyping of highly polymorphic multilocus MHC system. *Molecular Ecology*, 9, pp. 713-719.
- Baguette, M. et al., "Populations locales, dispersion et métapopulations", dans Gauthier-Clerc et Blondel M., *Sciences de la conservation*, de Boeck, 2014, pp. 19-38.
- Baker, A. J. & Moeed, A., 1987. Rapid Genetic differentiation and founder effect in colonizing populations of common mynas (*Acridotheres tristis*). *Evolution*, 41(3), pp. 525-538.
- Barton, N. H. & Charlesworth, B., 1984. Genetic revolutions, founder effects, and speciation. *Ann. Rev. Ecol. Syst.*, 15, pp. 133-164.
- Barun, A., Hanson, C. C., Campbell, K. J. & Simberloff, D., 2011. A review of small Indian mongoose management and eradications on islands. Dans: D. R., éd. *Island invasives : eradication and management*. Gland, Switzerland, pp. 17-25.
- Bax, N. et al., 2003. Marine invasive alien species: a threat to global biodiversity. *Marine Policy*, 27, pp. 313-323.
- Beauclerc, K. B., Bowman, J. & Schulte-Hostedde, A. I., 2013. Assessing the cryptic invasion of a domestic conspecific: American mink in their native range. *Ecology and Evolution*, 3(7), pp. 2296-2309.
- Becker, L., Nieberg, C., Jahreis, K. & Peters, E., 2009. MHC class II variation in the endangered European mink *Mustela lutreola* (L. 1761) - consequences for species conservation. *Immunogenetics*, 61, pp. 281-288.
- Bifolchi, A., 2007. *Biologie et génétique des populations d'une espèce invasive: le cas du vison d'Amérique (Mustela vison Schreber, 1777) en Bretagne*.
- Bifolchi, A. et al., 2010. Evidence of admixture between differentiated genetic pools at a regional scale in an invasive carnivore. *Conserv. Genet.*, 11, pp. 1-9.
- Bonesi, L., 2016. *Mustela vison*. [En ligne]  
Available at: <http://www.europe-aliens.org/speciesFactsheet.do?speciesId=52880>  
[Accès le 20 Mars 2017].
- Bonesi, L. & Palazon, S., 2007. The American mink in Europe: Status, impacts, and control. *Biological Conservation*, 134, pp. 470-483.
- Bonnaud E. et Courchamp F., "Conservation des biotas insulaires", dans Gauthier-Clerc et Blondel M., *Sciences de la conservation*, de Boeck, 2014, pp. 39-50.
- Borrell, A. & Saint-Hilaire, K., 2012. La situation du vison d'Amérique en Midi-Pyrénées. *Suivi des espèces invasives*, p. 6.
- Bowman, J. et al., 2017. Hybridization of domestic mink with wild American mink (*Neovison vison*) in eastern Canada. *Canadian Journal of Zoology*, 95(6), pp. 443-451.

- Bowman, J., Kidd, A. G., Gorman, R. M. & Schulte-Hostedde, A. I., 2007. Assessing the potential for impacts by feral mink on wild mink in Canada. *Biological Conservation*, 39, pp. 12-18.
- Branquart, E., 2013. *Risk analysis of the American mink Neovison vison (Schreber, 1777)*.
- Branquart, E. & Fried, G., 2016. *Les espèces envahissantes d'ici et d'ailleurs*. Gerfaut Eds Du éd.
- Brennan, L. A. & Bryant, F. C., "Game animals", dans Simberloff D. et Rejmánek M., *Encyclopedia of biological invasions*, 2011, pp. 264-270
- Bretagnolle, V. et al., "Conservation, gestion et restauration de populations", dans Gauthier-Clerc et Blondel M., *Sciences de la conservation*, de Boeck, 2014, pp. 139-166.
- Brockie, R. E., Loope, L. L., Usher, M. B. & Hamann, O., 1988. Biological invasions of island nature reserves. *Biol. Conserv.*, 44, pp. 9-36.
- Cabria Garrido, M. ..., 2012. *Genetica de la conservación de mamíferos europeos: caso de estudio del visón europeo (Mustela lutreola) y el turón (Mustela putorius)*.
- Cabria, M. T., González, E. G., Gómez-Moliner, B. J. & Zardoya, R., 2007. Microsatellite markers for the endangered European mink (*Mustela lutreola*) and closely related mustelids. *Molecular Evology*, 7, pp. 1185-1188.
- Cabria, M. T. et al., 2015. Patterns of genetic variation in the endangered European mink (*Mustela lutreola* L, 1761). *BMC Evolutionary Biology*, 15, pp. 141-156.
- Cabria, M. T. et al., 2011. Bayesian analysis of hybridization and introgression between the endangered european mink (*Mustela lutreola*) and the polecat (*Mustela putorius*). *Molecular Ecology*, 20, pp. 1176-1190.
- Campbell, N. A. & Reece, J. B., 2007. *Biologie 7ème Edition*. Pearson éd.
- Ceballos, G. et al., 2015. Accelerated modern human-induced species losses: Entering the sixth mass extinction. *Sci. Adv.*, 1(5).
- Chapin, F. S. et al., 2000. Consequences of changing biodiversity. *Nature*, 405, pp. 234-242.
- Clode, D. & Macdonald, D. W., 2002. Invasive predators and the conservation of island birds: the case of American mink *Mustela vison* and terns *Sterna spp.* in the western isles, Scotland. *Bird Study*, 49, pp. 118-123.
- Lannion-Trégor communauté, 2015. *Le vison d'Amérique a envahi l'île Tomé*. [En ligne]  
Available at: <http://www.lannion-tregor.com/fr/archives-actualites/actualite-archivée/495-le-vison-d-amerique-a-envahi-l-ile-tome.html>  
[Accès le 13 Août 2017].
- Craik, C., 1997. Long-term effects of North American mink *Mustela vison* on seabirds in western Scotland. *Bird Study*, 44, pp. 303-309.
- Davison, A. et al., 2000. Mitochondrial DNA and palaeontological evidence for the origins of endanfered European mink, *Mustela lutreola*. *Animal Conservation*, 4, pp. 345-355.
- Davis, M. A., *Invasion biology*, Oxford Biology, 2009, pp. 244
- Dewey, T., 2009. "*Morus bassanus*". [En ligne]  
Available at: [http://animaldiversity.org/accounts/Morus\\_bassanus/](http://animaldiversity.org/accounts/Morus_bassanus/)  
[Accès le 10 Août 2017].

- Dharmarajan, G., Beatty, W. S. & Rhodes, O. E., 2013. Heterozygote deficiencies caused by a Wahlund effect: dispelling unfounded expectations. *The Journal of Wildlife Management*, 77(2), pp. 226-234.
- Dubuisson, C., 2015. *Etude génétique de l'expansion du vison d'Amérique (Neovison vison) dans l'ouest de la France*.
- Duncan, R. P., "Propagule pressure", dans Simberloff D. et Rejmánek M., *Encyclopedia of biological invasions*, 2011, pp.561-563
- Edgar, R. C., 2010. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST. *Bioinformatics*, 26, pp. 2460-2461.
- Erlinge, S., 1969. Food habits of the otter *Lutra lutra* L. and the mink *Mustela vison* Schreber in a trout water in southern Sweden. *Oikos*, 20, pp. 1-7.
- Evanno, G., Regnaut, S. & Goudet, J., 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14, pp. 2611-2620.
- Fleming, M. A., Ostrander, E. A. & Cook, J. A., 1999. Microsatellite markers for American mink (*Mustela vison*) and ermine (*Mustela erminea*). *Molecular Ecology*, 8, pp. 1352-1354.
- Fournier, P.; Maizeret, C.; Jimenez, D.; Chusseau, J.-P.; Aulagnier, S.; Spitz, F., 2007. Habitat utilization by sympatric European mink *Mustela lutreola* and polecats *Mustela putorius* in south-western France. *Acta Theriologica*, 52(1), pp.1-12.
- Fournier-Chambrillon, C.; Aasted, B.; Perrot, A.; Pontier, D.; Sauvage, F.; Artois, M.; Cassiède, J.-M.; Chauby, X.; Dal Molin, A.; Simon, C.; Fournier, P., 2004. Antibodies to aleutian mink disease parvovirus in free-ranging European mink (*Mustela lutreola*) and other small carnivores from southwestern France. *Journal of Wildlife Diseases*, 40(3), pp.394-402.
- Fraser, E. J. et al., 2013. Unusing population genetic structure of an invasive mammal target control efforts - An example of the American mink in Scotland. *Biological Conservation*, 167, pp. 36-42.
- Fraser, E. J., Macdonald, D. W., Bryce, R. & Lambin, X., 2014. Controlling invasive species by empowering environmental stakeholders: ecotourism boat operators as potential guardians of wildlife against the invasive American mink. *Oryx*, 48(4), pp. 605-612.
- Geboes, A.-L. et al., 2016. Genetic diversity and population structure of the Eurasian otter (*Lutra lutra*) in France. *Mamm. Res.*, 61, pp. 121-129.
- Genovesi, P. et al., 2009. Alien Mammals of Europe. Dans: DAISIE, éd. *Handbook of Alien Species in Europe*. pp. 119-128.
- Genton, B. J., Shykoff, J. A. & Giraud, T., 2005. High genetic diversity in French invasive populations of common ragweed, *Ambrosia artemisiifolia*, as a result of multiple sources of introduction. *Molecular Ecology*, 14, pp. 4275-4285.
- González-Esteban, J., Villate, I. & Irizar, I., 2006. Differentiating hair samples of the European mink (*Mustela lutreola*), the American mink (*Mustela vison*) and the European polecat (*Mustela putorius*) using light microscopy. *Journal of Zoology*, 270, pp. 458-461.
- Grogan, K. E. et al., 2016. Next-generation genotyping of hypervariable loci in many individuals if a non-model species : technical and theoretical implications. *BMC Genomics*, 17, p. 204.
- Gurevitch, J. & Padilla, D. K., 2004. Are invasive species a major cause of extinctions?. *TRENDS in Ecology and Evolution*, 19(9), pp. 470-474.

- Halliwell, E. C. & Macdonald, D. W., 1996. American mink *Mustela vison* in the upper thames catchment: relationship with selected prey species and den availability. *Biological Conservation*, 76, pp. 51-56.
- Harding, L. E. & Smith, F. A., 2009. *Mustela* or *Vison*? Evidence for the taxonomic status of American mink and a distinct biogeographic radiation of American weasels. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 52, pp. 632-642.
- Hedrick, P. W., Parker, K. M., Miller, E. L. & Miller, P. S., 1999. Major histocompatibility complex variation in the endangered Przewalski's Horse. *Genetics*, 152, pp. 1701-1710.
- HELP, 2016. *Tentative d'élimination du vison d'Amérique sur l'île Tomé (Perros-Guirec, 22)*. [En ligne]  
Available at: <https://helpsarl.com/2016/09/13/reference-etudes-4/>  
[Accès le 15 Août 2017].
- Hillman, T. L. et al., 2017. Genetic diversity of reintroduced American martens in Michigan's Lower Peninsula. *Journal of Mammalogy*, pp. 1-8.
- History, N., 2016. "American mink". [En ligne]  
Available at: <http://nature.ca/notebooks/english/ammink.htm>  
[Accès le 18 Mars 2017].
- Howald, G. et al., 2007. Invasive rodent eradication on islands. *Conservation Biology*, 21(5), pp. 1258-1268.
- IUCN, 2016. *New bird species and giraffe under threat - IUCN Red List*. [En ligne]  
Available at: <https://www.iucn.org/news/secretariat/201612/new-bird-species-and-giraffe-under-threat-%E2%80%93-iucn-red-list>  
[Accès le 06 Mars 2017].
- Jeschke, J. M. & Strayer, D. L., 2005. Invasion success of vertebrates in Europe and North America. *PNAS*, 102(20), pp. 7198-7202.
- Jombart, T., 2013. A tutorial for discriminant analysis of principal components (ACP) using adegenet 1.4-0.
- Jost, L., 2008. GST and its relatives do not measure differentiation. *Molecular Ecology*, 17, pp. 4015-4026.
- Jost, L., 2009. D vs. GST: Response to Heller and Siegismund (2009) and Ryman and Leimar (2009). *Molecular Ecology*, 18, pp. 2088-2091.
- Keenan, K., 2014. diveRstity: Genetic diversity partition statistics and informative locus selection using Fst, Gst, Dest (Jost Chao), G'st and In.
- Keller, R. P., Geist, J., Jeschke, J. M. & Kühn, I., 2011. Invasive species in Europe: ecology, status, and policy. *Environmental Sciences Europe*, 23(23), pp. 1-17.
- Kidd, A. G., Bowman, J., Lesbarrères, D. & Schulte-Hostedde, A. I., 2009. Hybridization between escaped domestic and wild American mink (*Neovison vison*). *Molecular Ecology*, 18, pp. 1175-1186.
- Kirkendale, L. & Clare, J., 2008. The asiatic clam (*Corbicula fluminea*) rediscovered on Vancouver island. *Victoria Naturalist*, 65, pp. 12-16.
- Kolbe, J. J. et al., 2004. Genetic variation increases during biological invasion by a Cuban lizard. *Nature*, 431, pp. 177-181.



- Kopelman, N. M. et al., 2015. Clumpak : a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. *Mol. Ecol. Resour.*, 15(5), pp. 1179-1191.
- Léger, F., 2008. Situation, en France, de trois petits carnivores introduits: le raton laveur (*Procyon lotor*), le vison d'Amérique (*Mustela vison*) et le chien viverrin (*Nyctereutes procyonoides*). *Rev. Sci. Bourgogne-Nature*, 178-188, p. 8.
- Conservatoire du littoral. *Archipel des Sept-Iles*. [En ligne]  
Available at: <http://www.conservatoire-du-littoral.fr/siteLittoral/260/28-archipel-des-sept-iles-22-cotes-d-armor.htm>  
[Accès le 15 Août 2017].
- Conservatoire du littoral. *Ile Tomé*. [En ligne]  
Available at: <http://www.conservatoire-du-littoral.fr/siteLittoral/299/28-ile-tome-22-cotes-d-armor.htm>  
[Accès le 15 Août 2017].
- LPO. *Réserve naturelle des Sept-Iles*. [En ligne]  
Available at: <https://sept-iles.lpo.fr/reserve-naturelle>  
[Accès le 15 Août 2017].
- Macdonald, R. A., O'Hara, K. & Morrish, D. J., 2007. Decline of invasive alien mink (*Mustela vison*) is concurrent with recovery of native otters (*Lutra lutra*). *Diversity and Distributions*, 13, pp. 92-98.
- Melero, Y. et al., 2012. Evaluating the effect of American mink, an alien invasive species, on the abundance of a native community: is coexistence possible?. *Biodivers. Conserv.*, 21, pp. 1795-1809.
- Michalska-Parda, A., Brzezinski, M., Zalewski, A. & Kozakiewicz, M., 2009. Genetic variability of feral and ranch American mink *Neovison vison* in Poland. *Acta Theriologica*, 54(1), pp. 1-10.
- Michaux, J. R. et al., 2005. Conservation genetics and population history of the threatened European mink *Mustela lutreola*, with an emphasis on the west European population. *Molecular Ecology*, 14, pp. 2373-2388.
- Mooney, H. A. & Cleland, E. E., 2001. The evolutionary impact of invasive species. *PNAS*, 98(10), pp. 5446-5451.
- Nentwig, W., *Espèces invasives - plantes, animaux et micro-organismes*, Collection Le savoir suisse, 2012, pp.144
- Nimon, A. J. & Broom, D. M., 1999. The welfare of farmed mink (*Mustela vison*) in relation to housing and management : a review. *Animal Welfare*, 8, pp. 205-228.
- Nordström, M. et al., 2003. Effects of feral mink removal on seabirds, waders and passerines on small islands in the Baltic Sea. *Biological Conservation*, 109, pp. 359-368.
- Nordström, M. & Korpimäki, E., 2004. Effects of island isolation and feral mink removal on bird communities on small islands in th Baltic Sea. *Journal of Animal Ecology*, 73, pp. 424-433.
- Novak, S. J., "Geographic origins and introduction dynamics", dans Simberloff D. et Rejmánek M., *Encyclopedia of biological invasions*, 2011, pp. 273-280
- O'Connell, M., Wright, J. M. & Farid, A., 1996. Development of PCR primers for nine polymorphic American mink *Mustela vison* microsatellite loci. *Molecular Ecology*, 5, pp. 311-312.
- P., L. & Rozas, J., 2009. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25, pp. 1451-1452.

- Peakall, R. & Smouse, P. E., 2012. GenAIEx 6.5 : genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research - an update. *Bioinformatics*, 28, pp. 2537-2539.
- Pigneur, L.-M. et al., 2013. Impact of invasive Asian clams, *Corbicula spp.*, on a large river ecosystem. *Freshwater Biology*.
- Pigneur, L.-M. et al., 2014. La loutre en France et Navarre. *Bulletin des Mammalogistes de Midi-Pyrénées*, 7, pp. 118-123.
- Pigneur, L.-M. et al., 2011. Phylogeny and androgenesis in the invasive *Corbicula* clams (*Bivalvia*, *Corbiculidae*) in Western Europe. *BMC Evolutionary Biology*, 11, p. 147.
- Prentis, P. J. et al., 2008. Adaptive evolution in invasive species. *Trends Plant Sci.*, 13, pp. 288-294.
- Primack, R. B., Sarrazin, F. & Lecomte, J., 2012. *Biologie de la conservation*. Dunod éd. Paris.
- Pritchard, J. K., Stephens, M. & Donnelly, P., 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155, pp. 945-959.
- Radermacher, T., 2016. Etude génétique des populations de loutres captives dans différents zoos européens et relations avec les populations sauvages : implications pour de futurs projets de réintroduction.
- Rodrigues, D. C. et al., 2015. Tracking the expansion of the American mink (*Neovison vison*) range in NW Portugal. *Biol. Invasion*, 17, pp. 13-22.
- Roman, J. & Darling, J. A., 2007. Paradox lost: genetic diversity and the success of aquatic invasions. *TRENDS in Ecology and Evolution*, 22(9), pp. 454-464.
- Ruffino, L. et al., 2009. Invasive rats and seabirds after 2,000 years of an unwanted coexistence on Mediterranean islands. *Biol. Invasions*, 11, pp. 1631-1651.
- Schlimme, K., 2003. "*Neovison vison*". [En ligne]  
Available at: [http://animaldiversity.org/accounts/Neovison\\_vison/](http://animaldiversity.org/accounts/Neovison_vison/)  
[Accès le 18 Mars 2017].
- Schüttler, E., Cárcamo, J. & Rozzi, R., 2008. Diet of the American mink *Mustela vison* and its potential impact on the native fauna of Navarino Island, Cape Horn Biosphere Reserve, Chile. *Revista Chilena de Historia Natural*, 81, pp. 585-598.
- Shimatani, Y., Fukue, Y., Kishimoto, R. & Masuda, R., 2010. Genetic variation and population structure of the feral American mink (*Neovison vison*) in Nagano, Japan, revealed by microsatellite analysis. *Mammal Study*, 35, pp. 1-7.
- Simberloff D., "Invasions biologiques et hybridation", dans Gauthier-Clerc et Blondel M., *Sciences de la conservation*, de Boeck, 2014, pp. 51-66.
- Stapley, J., Santure, A. W. & Dennis, S. R., 2015. Transposable elements as agents of rapid adaptation may explain the genetic paradox of invasive species. *Molecular Ecology*, 24, pp. 2241-2252.
- Thom, M. D. et al., 2004b. Female American mink, *Mustela vison*, mate multiply in a free-choice environment. *Animal Behaviour*, 67, pp. 975-984.
- Thulin, C.-G. et al., 2006. Genetic divergence in the small Indian mongoose (*Herpestes auropunctatus*), a widely distributed invasive species. *Molecular Ecology*, 15, pp. 3947-3956.

- Tollenaere, C. et al., 2010. Phylogeography of the introduced species *Rattus rattus* in the western Indian Ocean, with special emphasis on the colonization history of Madagascar. *Journal of Biogeography*, 37, pp. 398-410.
- Ujvari, B. & Belov, K., 2011. Major histocompatibility complex (MHC) markers in conservation biology. *Int. J. Mol. Sci.*, V 12, pp. 5168-5186.
- Van Oosterhout, C., Hutchinson, W. F., Wills, D. P. M. & Shipley, P., 2004. Micro-Checker: Software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Mol. Ecol.*, 4, pp. 535-538.
- Vaughan, T. A., Ryan, J. M. & Czaplewski, N. J., 2015. *Mammalogy 6th Edition*. Jones & Bartlett Learning.
- Vincent, I. R., Farid, A. & Otieno, C. J., 2003. Variability of thirteen microsatellite markers in American mink (*Mustela vison*). *Canadian Journal of Animal Science*, 83, pp. 597-599.
- Weber, D. S., Stewart, B. S., Schienman, J. & Lehman, N., 2004. Major histocompatibility complex variation at three class II loci in the northern elephant seal. *Molecular Ecology*, 13, pp. 711-718.
- Williamson, M. & Fitter, A., 1996. The varying success of invaders. *Ecological Society of America*, 77(6), pp. 1661-1666.
- Yamaguchi, N. et al., 2004. Multiple paternity and reproductive tactics of free-ranging American minks, *Mustela vison*. *Journal of Mammalogy*, 85(3), pp. 432-439.
- Zalewski, A. et al., 2010. Multiple introductions determine the genetic structure of an invasive species population: American mink *Neovison vison* in Poland. *Biol. Conserv.*, 143, pp. 1355-1363.
- Zuberogoitia, I., González-Oreja, J. A., Zabala, J. & Rodríguez-Refojos, C., 2010. Assessing the control/eradication of an invasive species, the American mink, based on field data; how much would it cost?. *Biodivers. Conserv.*, 19, pp. 1455-1469.
- Zuberogoitia, I., Zalewska, H., Zabala, J. & Zalewski, A., 2013. The impact of river fragmentation on the population persistence of native and alien mink: an ecological trap for the endangered European mink. *Biodivers. Conserv.*, 22, pp. 169-186.

# **Annexes**

## Annexe 1

Tableau 17 : Nombre d'individus montrant une couleur du pelage spécifique. Les quatre individus sauvages ne sont pas repris dans ce tableau car l'information sur leur pelage n'a pas été communiquée.

Couleur du pelage	Nombre d'individus
Pastel	40
Demi-brun	14
Noir	65
Violet	5
Mahogany	8

## Annexe 2

### Protocole d'extraction :

La première étape d'extraction est la digestion qui prend au minimum deux heures. Pour ce faire, un petit morceau de tissu ( $\geq 25\text{mg}$ ) a été découpé et placé dans un eppendorf de 1,5 ml. Ensuite, 180  $\mu\text{l}$  de buffer ATL et 20  $\mu\text{l}$  de protéinase K ont été ajoutés. La préparation a été mélangée par vortex avant son incubation dans le thermomixeur à une température de  $56^{\circ}\text{C}$  et à une vitesse de 750 rpm.

Lorsque la digestion est terminée, 200  $\mu\text{l}$  de buffer AL et 200  $\mu\text{l}$  d'éthanol (96-100%) ont été ajoutés. Après cette étape, la mixture doit être passée au vortex car un dépôt se forme dans le tube dû à l'ajout du buffer AL. Quand le dépôt a disparu, le mélange a été transvasé dans un tube de 2 ml comportant une colonne (DNeasy Mini spin column) et centrifugé à 8 000 rpm ( $\geq 6\ 000g$ ) durant 1 minute. Ensuite, la première étape du nettoyage a commencé en plaçant la colonne dans un nouveau tube de 2 ml et en ajoutant 500  $\mu\text{l}$  de buffer AW1 pour être centrifugé à 8 000 rpm ( $\geq 6\ 000g$ ) pendant 1 min. La deuxième étape est la même, la colonne est placée dans un nouveau tube mais c'est 500  $\mu\text{l}$  de buffer AW2 qui sont ajoutés et centrifugés à vitesse maximale durant 3 min. Enfin, la colonne a été placée dans un tube de 1,5 ml et 200  $\mu\text{l}$  de buffer AE y sont ajoutés. Le tube doit rester ouvert durant 1 min à température ambiante ( $15\text{-}25^{\circ}\text{C}$ ) avant d'être une dernière fois centrifugé 1 min à 8 000 rpm ( $\geq 6\ 000g$ ).

### Protocole pour le gel d'agarose :

Des gels d'agarose à 2% ont été réalisés en ajoutant du « Midori Green Direct » pour faire apparaître les bandes d'ADN lors de la migration. Ensuite, les gels sont immergés dans un tampon TAE 1x et les puits sont chargés avec les échantillons et un marqueur de poids moléculaire (O'GeneRuler 1Kb ladder). La migration dure 20 minutes à 100 Volts. Après ces 20 minutes, la lecture de la migration s'est réalisée sous une lumière bleue.

## Annexe 3

### Protocole de préparation pour le NGS du gène DRB (MHC-II) :

#### - PCR n°1

Pour la première PCR, une solution de 12,50 µl d'eau pure, 0,75 µl de DNT, 5 µl de buffer Fidelity, 0,75 µl de chaque amorce (Forward : TCGTCGGCAGCGTCAGATGTGTATAAGAGACAG ; Reverse : GTCTCGTGGGCTCGGAGATGTGTATAAGAGACAG) et 0,25 µl KAPA HiFi Hotstart Dna polymerase (KAPA biosystem) a été préparée. Le volume total de 20 µl par échantillon est ajouté dans les puits de la plaque. Ensuite, 5 µl d'ADN ont été rajoutés dans les puits. La plaque a été placée dans le thermocycleur sur le programme repris dans le tableau suivant.

Tableau 18 : Étape de la première PCR pour le séquençage à haut-débit.

Étape	Temps	Température (°C)
Dénaturation	5 min	95
Dénaturation	30 sec	98
Hybridation	30 sec	60
Élongation	30 sec	72
Extension	10 min	72

#### - Purification n°1

Pour cette étape, une plaque « Amplicon PCR » a été utilisée. Tout d'abord, 20 µl de billes (AMPure XP beads) ont été réparti dans les 10 colonnes de la plaque. Un volume de 25 µl du produit de la PCR n°1 a été ajouté aux microbilles. La solution a été mélangée à l'aide d'une micropipette pour que l'ADN puisse adhérer aux billes. La solution a par la suite été incubée 5 minutes à température ambiante sans mélanger le contenu. Ensuite, une plaque magnétique a été placée sous la plaque « Amplicon PCR » pour permettre la concentration des billes au fond de chaque puit, par effet d'aimantation. Diverses étapes de lavage ont ensuite été effectuées, la plaque magnétique restant sous la plaque pour « fixer » les microbilles au fond de la plaque et permettre de prélever le surnageant. Ensuite, 200 µl d'éthanol 80% ont été ajoutés. Cette étape de nettoyage a été répétée deux fois. Enfin, lorsque tout l'éthanol a été enlevé, les billes restaient à l'air ambiant pendant une durée maximale de 10 minutes. Puis, la plaque magnétique a été enlevée et 25 µl de Tris pH 8,5 10 mM ont été ajoutés en mélangeant bien pour resuspendre les billes. Une incubation de 2 minutes à température ambiante a été effectuée suivi d'une deuxième incubation de 2 minutes sous la plaque magnétique. Lorsque les billes s'étaient

agglutinées d'un côté du puit, un volume de 25 µl du produit d'éluion a été transféré dans une nouvelle plaque de 96 puits pour faire la PCR n°2.

#### - PCR n°2

Pour la deuxième PCR, un volume total de 35 µl par échantillon contenait : 23 µl d'eau pure, 1,5 µl de dDTP, 10 µl de buffer Fidelity et 0,50 µl de KAPA HiFi Hotstart Dna polymerase (KAPA biosystem). La solution préparée est répartie dans les puits de la nouvelle plaque de PCR. Ensuite, 2x5 µl de deux TAGs différents et 5 µl d'ADN sont ajoutés dans les puits (volume final/puit = 50 µl). Ces TAGs ont servi à l'identification individuelle de chaque individu. Enfin, la plaque est placée dans le thermocycleur sur le programme repris dans le tableau suivant.

Tableau 19 : Étape de la deuxième PCR pour le séquençage à haut débit.

Étape	Temps	Température (°C)
Dénaturation	3 min	95
Dénaturation	30 sec	95
Hybridation	30 sec	55
Élongation	30 sec	72
Extension	5 min	72

#### - Purification n°2

Pour la deuxième purification, 45 µl du produit de la PCR n°1 et 50 µl de billes « Agentcourt AMPure XP » ont été utilisés. Le reste des étapes et des volumes sont identiques à la première purification (Voir Purification n°1).

#### - Quantification

Les produits purifiés ont été quantifiés à l'aide du kit « Quant-iT™ PicoGreen® dsDNA ». Tout d'abord, une solution 1x TE (2,5ml 20X TE et 47,5ml d'eau ultra pure) est préparée. Pour le standard de taille, le « High range » est préparé à partir de 20 µl de high range et 980 µl de 1x TE. Pour la préparation du « Low range », 25 µl du mélange high range/TE ont été ajoutés à 975 µl de 1X TE. Une plaque de lecture PicoGreen est utilisée pour répartir nos échantillons. Pour ce faire, 99 µl de 1x TE et 1 µl d'ADN sont placés dans les 10 premières colonnes. Les deux dernières colonnes sont utilisées pour le standard de taille (Tableau 20).



Tableau 20 : Volume utilisé ( $\mu\text{l}$ ) pour le standard de taille et 1x TE dans les deux dernières colonnes.

	High range/Low range	1x TE
1 <sup>er</sup> ligne	100 $\mu\text{l}$	0 $\mu\text{l}$
2 <sup>ème</sup> ligne	10 $\mu\text{l}$	90 $\mu\text{l}$
3 <sup>ème</sup> ligne	1 $\mu\text{l}$	99 $\mu\text{l}$
4 <sup>ème</sup> ligne	0,1 $\mu\text{l}$	99,5 $\mu\text{l}$

La dernière étape est de préparer 50  $\mu\text{l}$  de PicoGreen dans 10 ml de 1x TE et d'ajouter 100  $\mu\text{l}$  du mix dans chaque puit. Une incubation de 5 min avant lecture de la plaque a été nécessaire.

Lorsque l'étape de quantification est terminée, l'ensemble des échantillons sont poolés et le produit final est envoyé au séquenceur Illumina MiSeq V2 se trouvant à l'unité Génomique du GIGA à l'Université de Liège.

