



© J.-P. Villermé

# La génétique du paysage : origine et flux de dispersion des populations de cerfs en région Centre

**MARC COLYN<sup>1</sup>, JÉRÔME G. PRUNIER<sup>2</sup>,  
XAVIER LEGENDRE<sup>3</sup>, AUDE BOURON<sup>4</sup>,  
VALÉRIE GIQUEL<sup>5</sup>,  
MARIE-CHRISTINE FLAMAND<sup>6</sup>**

<sup>1</sup> CNRS-UMR 6553, Université de Rennes 1,  
Station Biologique – 35380 Paimpont.  
marc.colyn@univ-rennes1.fr

<sup>2</sup> Institut des Sciences de la Vie, Université  
catholique de Louvain – Louvain-la-Neuve  
(Belgique).

jerome.prunier@gmail.com

<sup>3</sup> Muséum national d'Histoire naturelle.  
xavierlegendre36@gmail.com

<sup>4</sup> Fédération régionale des chasseurs du  
Centre – Orléans.

frc.centre@wanadoo.fr

<sup>5</sup> Fédération départementale  
des chasseurs de l'Indre – Châteauroux.  
fdc.36@wanadoo.fr

<sup>6</sup> Institut des Sciences de la Vie, Université  
catholique de Louvain – Louvain-la-Neuve  
(Belgique).

marie-christine.flamand@uclouvain.be

*L'outil génétique constitue une approche pertinente pour répondre aux nouveaux enjeux de la gestion des espèces, avec la mise en évidence des flux de dispersion ou au contraire l'identification de barrières physiques aux échanges entre populations. Le programme IBIG-Cerf (Inventaire de la biodiversité génétique des populations de cerfs dans la région Centre), portant sur la structuration génétique de 1126 cerfs et biches issus de 22 populations, fait ainsi appel à des notions utilisées en génétique du paysage, discipline en pleine expansion à l'interface entre écologie du paysage et génétique des populations.*

## Le contexte local

Il existe des données concernant l'histoire des peuplements de cerfs en région Centre. Des enquêtes récentes (Leduc & Klein, 2004) ont permis de localiser les populations natives qui la peuplaient, en 1900. Par ailleurs, de nombreux lâchers officiels y ont été recensés, soit 719 animaux du Domaine national de Chambord (de 1953 à 1998) dont 341 uniquement dans l'Indre-et-Loire, et 6 autres de la Petite-Pierre (1961). Des lâchers de cerfs d'élevage ont également été déclarés et d'autres, clandestins, provenant de différentes origines, ont probablement eu lieu aussi.

En termes de dispersion, en raison de leur densité et de la présence d'un environnement favorable, les populations de cerfs ont considérablement élargi leur espace vital dans la région Centre ces dernières décennies. Initialement considérés comme zones de conquête plus spécifiquement explorées par les mâles, des territoires ont ainsi été colonisés par des groupes entretenant des liens plus ou moins lâches avec la population d'origine. Parallèlement, l'anthropisation croissante des milieux constitue un frein à l'extension spatiale des populations de grands cervidés, contribuant ainsi à l'isolement de sous-populations et à un risque d'appauvrissement génétique. Ce constat

est au cœur de l'élaboration des Schémas régionaux de cohérence écologique (SRCE), qui, pour la région Centre, font apparaître sept unités éco-paysagères et d'importantes infrastructures autoroutières ayant scindé ces différentes unités (*figure 3, page 41*). Les fleuves et rivières présentent des degrés de franchissement variables : quelques cas d'animaux traversant la Loire, plusieurs observations de cerfs traversant le Cher, l'Indre ou la Vienne. L'enjeu de l'étude consiste à apporter une réponse objective aux questions soulevées par un cloisonnement routier, ferroviaire et fluvial très marqué en région Centre.

## Hypothèses et méthodes de travail

La génétique du paysage (*encadré*) repose sur la notion de brassage génétique lors des événements de dispersion entre populations. Associés à un épisode de reproduction, les mouvements inter-populationnels entraînent en effet un flux de gènes d'autant plus important que la connectivité fonctionnelle est élevée. On observe alors une homogénéisation des signatures génétiques des populations concernées. Deux populations connectées avec une même signature génétique (faibles « distances génétiques ») pourront ainsi être considérées comme une seule et même unité. À l'inverse, deux populations peu ou pas connectées finiront, à terme, par diverger en raison de processus génétiques divers (fortes distances génétiques).

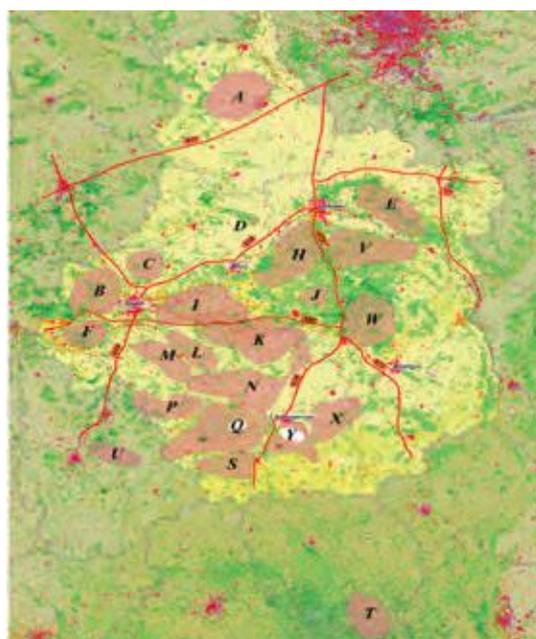
Trois méthodes ont été employées dans cette étude pour caractériser la structuration génétique des populations de cerfs : construction d'arbres génétiques, clustering hiérarchique et analyses corrélatives. Les procédures d'analyse en laboratoire et la méthodologie ont été décrites antérieurement par Dellicour *et al.* (2011) et Prunier *et al.* (2015).

## Une étude fondée sur 1 841 animaux issus de neuf pays européens

Au cours de deux saisons de chasse, 1 608 échantillons ont été collectés sous forme de fragments musculaires dont 1 405 échantillons sur des animaux libres, répartis entre 22 massifs forestiers (*figure 1*), et 203

**Figure 1** Répartition spatiale des massifs et parcs à cerfs ayant fait l'objet d'un échantillonnage.

A = Senonches ; B = Ambillou, La Rouchouze ; C = Beaumont-la-Ronce ; D = Marchenoir ; E = Orléans ; F = Chinon ; H = Boulogne, La-Ferté-Saint-Cyr ; I = Amboise, Choussy, Chémery ; J = Bruadan ; K = Gâtine, Saint-Aignan, Valençay, Gros-Bois ; L = Loches, Beaugerais ; M = Manthelan, Verneuil ; N = Mitoyen-Indre-et-Loire ; P = Azay-le-Ferron, Preuilley, Bois-des-Cours ; Q = Lancoisme ; S = Paillet, Luzeraise, La Romagère ; T = Camp-de-la-Courtine ; U = La Vienne ; V = Lamotte-Beuvron ; W = Vierzon, Vouzeron ; X = Bellevue, Choëurs-Bommiers ; Y = Châteauroux.



### ► Encadré • Qu'est-ce que la génétique du paysage ?

La fragmentation du paysage est un processus dynamique d'origine naturelle ou anthropique, se traduisant par la diminution de la surface des patches d'habitat et leur éloignement croissant au sein d'une matrice de plus en plus résistante. Entravant la mobilité des organismes, la fragmentation est responsable d'une diminution de la taille et de la fréquence des échanges entre populations, augmentant considérablement le risque de dérive génétique, de dépression de consanguinité, voire d'extinction locale. Le rétablissement de la connectivité fonctionnelle du paysage, assurant le succès de dispersion des organismes entre patches d'habitat, est donc un facteur clé pour la viabilité des populations et le maintien d'une forte diversité génétique, gage de leur capacité à faire face aux modifications environnementales de demain. À ce titre, la « génétique du paysage » constitue une approche tout indiquée : cette discipline permet de quantifier l'impact des éléments paysagers et leur configuration sur les patrons de variabilité génétique, d'identifier les barrières aux flux de gènes ou encore de déterminer l'échelle optimale de conservation de la diversité génétique au sein des populations. Cet outil a été utilisé dans le cadre de notre étude pour estimer les flux de dispersion entre populations, identifier les populations natives et quantifier l'impact génétique des relâchers au départ de Chambord, de La Petite-Pierre ou d'élevages divers.

▼ Les passages à faune contribuent au rétablissement de la connectivité fonctionnelle du paysage pour les ongulés sauvages.



© C. Saint-Andrieux/ONCFS

provenant de parcs et d'élevages. Seuls ont été considérés les 1 126 échantillons provenant d'individus âgés d'au moins un an et traités avec succès en laboratoire (tableaux 1 et 2).

Un intérêt particulier a été porté au Domaine national de Chambord, source de la plupart des lâchers, avec la collecte de 48 échantillons « contemporains » (CH – 2008) et de 34 échantillons « historiques » (HCH – 1850 à 1979) pour caractériser la signature génétique des cerfs de Chambord (tableau 2).

Les 20 couples de marqueurs micro-satellites utilisés constituent un nombre supérieur à celui de la plupart des études génétiques. Ces 20 marqueurs indépendants présentent un nombre d'allèles suffisamment élevé (en moyenne 7,3 allèles par locus) pour garantir un bon pouvoir discriminant dans le cadre du clustering et des analyses corrélatives. Des tests en double-aveugle ont été pratiqués avec succès sur 48 échantillons.

L'Université de Louvain-la-Neuve (Belgique) a par ailleurs mis à disposition un référentiel européen comprenant 715 génotypes de cerfs (204 de France, 42 d'Écosse, 131 d'Allemagne, 144 de Belgique, 72 d'Europe orientale et 122 des Balkans), permettant d'appréhender la structuration génétique des populations de cerfs de la région Centre dans un contexte spatial plus large.

► Pour cette étude génétique, un intérêt particulier a été porté aux cerfs du Domaine national de Chambord, à l'origine de la majorité des lâchers de renforcement réalisés en région Centre.



© P. Matzke

**Tableau 1** Répartition des échantillons récoltés et génotypes obtenus au sein de 22 massifs forestiers de la région Centre (et départements limitrophes).

Les échantillons des massifs de Lancosme (Q/QQ) et Châteauroux (Y/Y) sont répartis en deux catégories : les échantillons récoltés au cœur de chaque massif et les échantillons récoltés en périphérie. Les années de collecte correspondent à l'année d'ouverture de la période de chasse.

Massifs forestiers	Code	Année de collecte	Nombre d'échantillons	Nombre de génotypes		
1	Senonches	A	2013	42	36	
2	Ambillou, La Rouchouze	B	2013	58	35	
3	Beaumont la Ronce	C	2013	41	31	
4	Marchenoir	D	2013	18	14	
5	Orléans	E	2013	63	31	
6	Chinon	F	2013	53	27	
7	Boulogne, La Ferté Saint Cyr	H	2013	110	48	
8	Amboise, Choussy, Chémery	I	2013	48	40	
9	Bruadan	J	2013	49	48	
10	Gâtine, St Aignan, Valençay, Gros Bois	K	2013	91	51	
11	Loches, Beaugerais	L	2013	65	43	
12	Manthelan, Verneuil	M	2013	79	47	
13	Mitoyen Indre et Loire	N	2013	39	37	
14	Azay le Ferron, Preuilly, Bois des Cours	P	2013	96	56	
15	Lancosme	Cœur	Q	2008-2013	51	44
		Périphérie	QQ	2008-2013	96	67
16	Paillet, Luzeraise, La Romagère	S	2013	62	41	
17	Camp de la Courtine	T	2013	60	41	
18	La Moulière	U	2013	25	25	
19	Lamotte Beuvron	V	2013	31	31	
20	Vierzon, Vouzeron	W	2013	62	35	
21	Bellevue, Chœurs Bommiers	X	2013	63	34	
22	Châteauroux	Cœur	Y	2008-2013	46	39
		Périphérie	YY	2008-2013	57	36
<b>Total</b>				<b>1 405</b>	<b>937</b>	

**Tableau 2** Répartition des échantillons récoltés et génotypes obtenus au sein de 5 parcs/élevages en région Centre.

Parc / élevage	Code	Année de collecte	Nombre d'échantillons	Nombre de génotypes	
1	Chambord	CH	2008	48	48
	Chambord « Historique »	HCH	1850-1979	34	33
2	Chevigny	G	2013	19	19
3	Bouges-le-Château	O	2013	40	31
4	Bois-Robert	R	2013	29	25
5	Epuisaye	ZE	2013	33	33
<b>Total</b>			<b>203</b>	<b>189</b>	

## Résultats sur la structuration génétique

### À l'échelle suprarégionale

Les mesures de distances génétiques entre populations peuvent être représentées sous la forme d'un arbre génétique dont la longueur des branches renseigne sur la proximité génétique relative des populations (figure 2).

- Le 1<sup>er</sup> groupe, à gauche, réunit sous une signature génétique propre toutes les populations d'Europe centrale et orientale.
- Le 2<sup>e</sup>, homogène et légèrement plus éloigné, regroupe celles de Belgique ainsi que la population française de Meurthe-et-Moselle.
- Le 3<sup>e</sup>, avec une signature génétique typique des cerfs provenant d'Écosse, concerne les populations écossaises ainsi que trois parcs et élevages français.
- Le 4<sup>e</sup> correspond aux trois populations françaises de l'Aisne (nord-est de la France) ainsi que la population de Senonches (A) au nord de la région Centre.
- Le 5<sup>e</sup>, homogène, réunit les populations B, C, D et F situées sur la rive droite de la Loire, en Touraine et en Beauce. Ce groupe représente une entité génétique

intermédiaire entre la population de Senonches (A) et le reste de la zone d'étude.

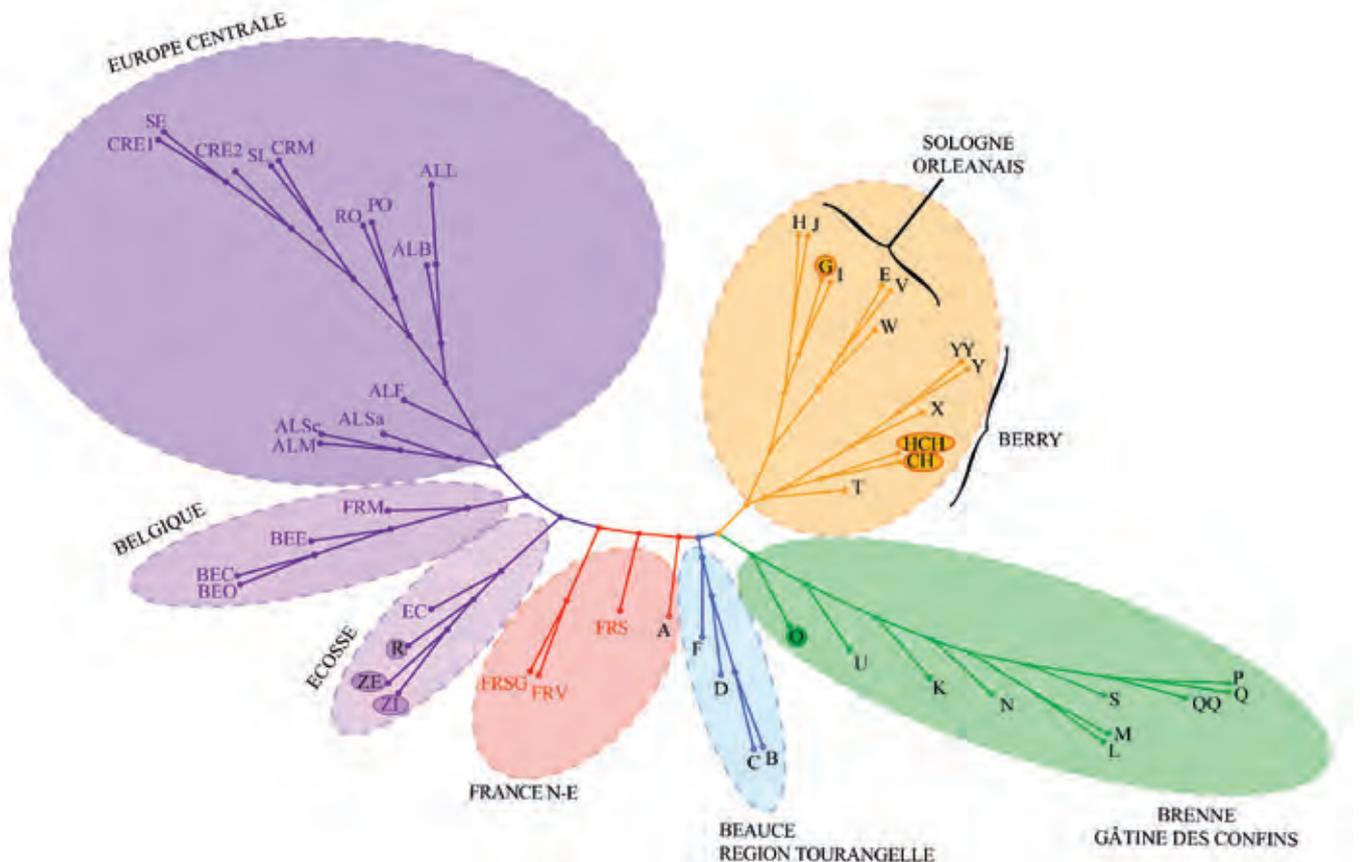
- Le 6<sup>e</sup> rassemble toutes les populations de Brenne et de la Gâtine des Confins (K, L, M, N, P, Q, QQ, S et U), ainsi que les individus du parc de Bouges-le-Château (O). Notons la forte proximité génétique entre les cerfs au cœur du massif de Lancosmes (Q) et ceux de la périphérie (QQ), suggérant des flux de déplacements réguliers entre ces deux entités.
- Le 7<sup>e</sup> correspond à toutes les populations de Sologne, de l'Orléanais et du Berry, ainsi que les individus des parcs de Chambord (CH et HCH, d'une distance génétique très faible) et de Cheverny (G). Ce groupe se structure en deux sous-entités : d'une part, les populations de type « Chambord » situées dans le Berry (Bellevue X, Châteauroux centre Y et Châteauroux périphérie YY génétiquement très proches) ainsi qu'en Creuse (T), qui ont fait l'objet de lâchers importants issus de Chambord dont elles partagent encore la signature génétique ; d'autre part, les populations situées principalement en Sologne (H, I, J, V, W), en Orléanais (E) et dans le parc de Cheverny (G), qui, bien que géographiquement plus proches de Chambord que les populations du Berry, présentent une signature génétique légèrement différente. Il

pourrait s'agir de populations plus anciennes n'ayant pas été renforcées de manière massive par des lâchers, comme ce fut le cas dans le Berry. On notera enfin que les populations E, V et W, situées à l'est de l'autoroute A71, sont localisées sur une branche distincte des populations G, H, I et J (à l'ouest de l'A71) ; ce qui suggère un effet potentiel de barrière à la dispersion au niveau de cette infrastructure.

Trois principales conclusions peuvent être tirées de l'observation de cet arbre génétique. Tout d'abord, dans un contexte spatial élargi, les populations françaises sont plus proches génétiquement de celles d'Écosse que de celles d'Europe centrale et orientale. Deuxièmement, à l'échelle régionale, la population de Senonches (A, au nord de la région Centre) constitue une entité génétique intermédiaire entre les populations du nord-est de la France et celles de la région tourangelle et du sud de la Beauce (B, C, D, F). Pour confirmer l'existence d'un tel continuum génétique, il serait toutefois nécessaire de disposer d'échantillons génétiques provenant de la région parisienne et des régions normandes. Enfin, cet arbre permet la reconnaissance et la localisation des massifs où les populations natives étaient présentes.

Figure 2 Arbre génétique présentant la proximité génétique entre populations du référentiel européen et de la région Centre.

Les populations de la région Centre sont indiquées par des lettres noires. Les lettres cerclées indiquent des populations provenant de parcs ou d'élevages. Les cercles en pointillés regroupent les populations formant des entités génétiques proches. La longueur des branches de l'arbre renseigne sur la proximité génétique relative des populations : plus la longueur de branche à parcourir entre deux populations est élevée, plus les populations considérées sont distinctes.



## À l'échelle régionale

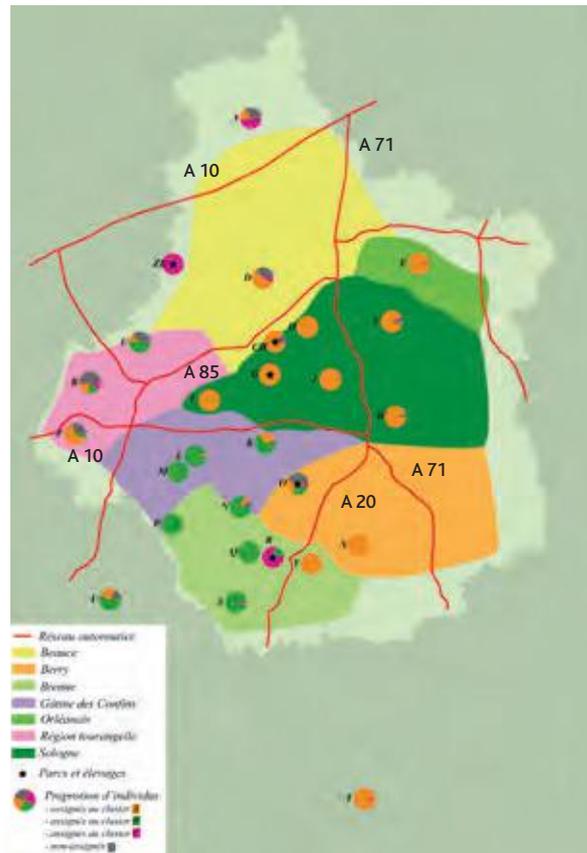
Le clustering hiérarchique consiste à identifier des groupes d'individus formant des entités génétiquement homogènes, en partant des structures les plus marquées (niveau hiérarchique supérieur) vers les structures les plus fines (niveaux inférieurs). À chaque niveau hiérarchique, les individus se voient ainsi assignés à un cluster avec une certaine probabilité. Cette approche met en évidence les secteurs paysagers où les flux de gènes sont importants et ceux où ils sont interrompus (barrières). Le clustering permet également de reconnaître des potentiels migrants, suggérant des épisodes de dispersion.

Au premier niveau hiérarchique, le clustering révèle l'existence de trois grandes entités génétiques : les individus du Berry, de la Sologne et de l'Orléanais (cluster A), les individus de la Brenne et de la Gâtine des Confins (cluster B), et les individus étrangers, principalement écossais, issus du référentiel européen (cluster C) – (figure 3). Cette analyse, qui précise l'origine vraisemblable de tous les cerfs considérés, permet de distinguer les individus « natifs », issus de lignées implantées en région Centre depuis

Figure 3

### Répartition par population des individus assignés aux trois principaux clusters génétiques (A en orange, B en vert et C en violet) identifiés au premier niveau hiérarchique.

Seules les populations de la région Centre (et départements limitrophes) sont représentées. Les parcs et élevages sont indiqués par une étoile noire. En gris, proportion des individus n'ayant pas pu être assignés de manière certaine à l'un des trois clusters (probabilité d'assignation inférieure à 60 %).



► Il ressort de l'arbre génétique établi que les populations françaises de cerfs sont plus proches génétiquement de celles d'Écosse que de celles d'Europe centrale et orientale



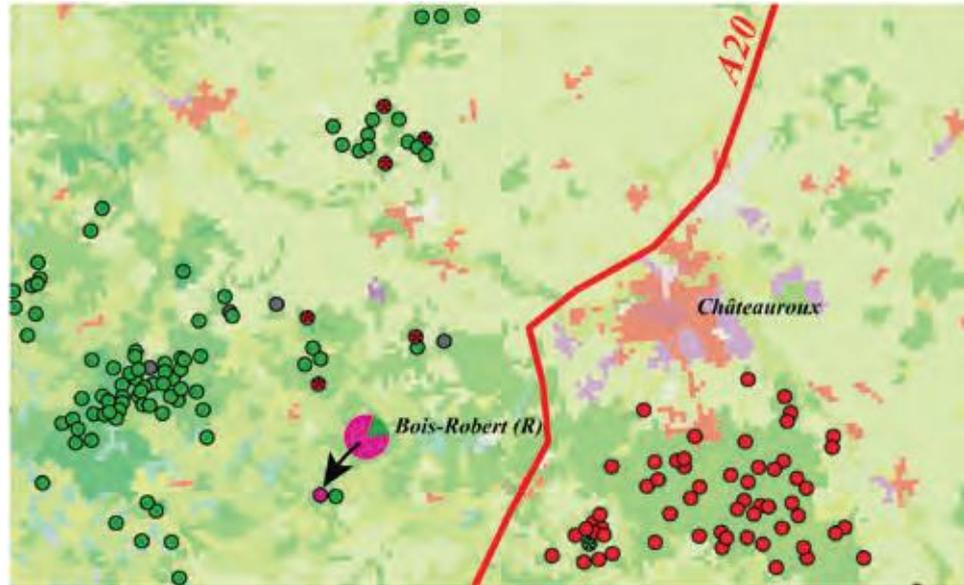
quelques générations, des individus non-natifs. Ainsi, une majorité d'individus des parcs d'Epuisaye (ZE) et Bois-Robert (R) sont par exemple assignés avec une probabilité supérieure à 60 % aux populations écossaises, conformément aux résultats précédents (figure 2). En périphérie du parc de Bois-Robert, on remarque la présence d'un individu suspect (figure 4), vraisemblablement échappé de ce parc. On retrouve ainsi 26 cerfs « étrangers » au sein des populations naturelles de la région Centre, écartés dans la suite des analyses. Ce clustering de premier niveau hiérarchique permet également d'identifier des épisodes de dispersion entre clusters : certains individus peuvent être ainsi considérés comme migrants car assignés à un cluster dont ils sont spatialement éloignés (figure 4).

### Perméabilité spécifique des réseaux hydrographique et autoroutier

Les limites des cinq grandes entités génétiques identifiées aux niveaux hiérarchiques inférieurs du clustering appliqué aux individus natifs coïncident principalement avec le réseau autoroutier (A10, A20, A71 et A85) et le réseau hydrographique (Loir-et-Cher), qui constituent des barrières potentielles aux flux de gènes (figure 5).

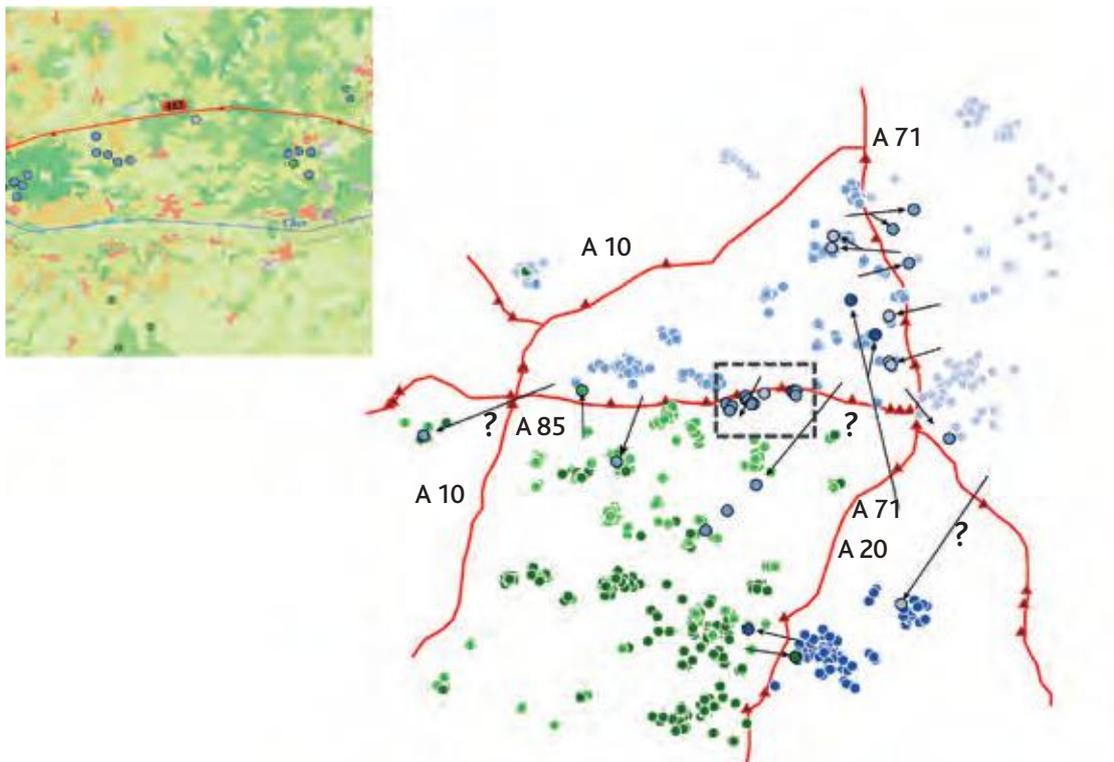
- Les populations situées au nord du complexe « A10-Loire », légèrement distinctes des autres dans la zone d'étude, suggèrent

**Figure 4** Identification de la provenance probable d'un individu suspect (en rose), vraisemblablement échappé du parc de Bois-Robert. D'autres individus peuvent être considérés comme migrants car assignés à un cluster dont ils sont spatialement éloignés (6 individus assignés au cluster rouge mais retrouvés au sein du cluster vert et un individu assigné au cluster vert mais retrouvé au sein du cluster rouge).



**Figure 5** Localisation des migrants (cerclés de noir) et de leur origine probable (flèches noires).

Les points d'interrogation indiquent une incertitude importante quant à la trajectoire supposée de dispersion. Le réseau autoroutier est indiqué en rouge, les passages à faune par des triangles. Le panel en haut à gauche propose un zoom sur la situation particulière d'un secteur compris entre l'A85 et le Cher.



un « effet barrière » important de ces deux linéaires associés. Toutefois, seul un échantillonnage des populations situées au sein des départements limitrophes permettrait de confirmer cette hypothèse, car le nombre d'individus échantillonnés au nord de la région tourangelle reste limité.

- L'association « A85-Cher » semble former une autre barrière aux flux de gènes. Vingt « échanges » ont été identifiés de part et d'autre de ce complexe dont 19 du nord vers le sud. Curieusement, 15 de ces individus supposés dispersants sont localisés dans un secteur géographique très restreint (**figure 5** – panel supérieur) compris entre l'A85 au nord et le Cher au sud, seul secteur où les deux linéaires sont spatialement distincts. D'après les observations de terrain, il s'agirait moins d'échanges de part et d'autre de l'A85 que d'individus isolés de leurs populations d'origine lors de la construction de l'autoroute en 2007. Cette observation suggère que le Cher constitue une barrière relative aux flux de gènes, renforcée par cette autoroute. Cette hypothèse mériterait des suivis spécifiques, sachant que des individus franchissent à la fois le Cher et l'A85 dans les deux sens.

- Le cas de l'A20 et de l'A71 est plus simple, car ces deux infrastructures sont distinctes de tout linéaire hydrographique. Seuls deux échanges ont été identifiés de part et d'autre de l'A20. Ce faible nombre de franchissements est probablement à mettre en

relation avec les rares passages à faune sur cette autoroute ancienne. Neuf échanges ont enfin été identifiés de part et d'autre de l'A71. Ce nombre plus important d'échanges que dans le cas de l'A20, sans doute lié au plus grand nombre de passages à grande faune, semble expliquer la relative proximité génétique entre les populations de Sologne et de l'Orléanais.

D'une manière générale, si la structuration génétique observée est en partie expliquée par des barrières aux flux de gènes « historiques » (Loire, Cher) et « contemporains » (A20 et A71 notamment), ces éléments linéaires restent tous franchissables à des degrés divers.

### Distances génétiques et distances paysagères

Les analyses corrélatives permettent de comparer, de manière statistique, « distances génétiques » (flux de gènes) et « distances paysagères » (résistance des différents milieux paysagers), sous l'hypothèse qu'une augmentation des distances paysagères, reflet d'une augmentation de la résistance des milieux traversés, entraînera une diminution des flux de dispersion.

Sept types de milieux ont été considérés : les zones boisées, prairiales, agricoles, les réseaux autoroutier, routier secondaire et hydrologique, les zones urbaines, ces dernières ayant été écartées des analyses car

intimement corrélées au réseau hydrologique.

Toutes les analyses corrélatives ont été menées séparément pour les mâles et pour les femelles.

Une évidence ressort : si les zones forestières restent favorables au déplacement des individus, les flux de gènes s'avèrent, en revanche, limités par les milieux anthropogènes. L'espèce ayant une préférence pour les zones prairiales, les individus dispersants pourraient donc avoir des réticences à traverser de larges secteurs agricoles (souvent associées aux réseaux autoroutiers). Cela pourrait expliquer des différences de fonctionnalité des passages à faune selon leur disposition dans le paysage.

Le réseau autoroutier a également été détecté comme un frein aux flux de gènes, quoique l'impact des autoroutes reste plus marqué chez les femelles que chez les mâles, dont la plus grande mobilité entraîne une probabilité plus importante de rencontre des passages à faune. Le réseau routier secondaire a été identifié comme une barrière potentielle aux flux de gènes chez les femelles uniquement.

Enfin, le réseau hydrologique, identifié comme une barrière aux flux de gènes uniquement chez les mâles, agit probablement comme un effet indirect du tissu urbain, plus dense aux abords de la Loire et de ses affluents.

▼ *L'A71 traversant la Sologne. En termes de frein à la dispersion, l'impact des autoroutes apparaît plus marqué chez les femelles que chez les mâles.*



## Conclusions et perspectives

Outre le fait d'avoir présenté le point zéro en termes d'inventaire de la biodiversité génétique de l'espèce, le programme IBIG-Cerf a mis en évidence la structuration génétique des populations de la région Centre, avec 5 grandes entités identifiées : le nord de la Loire, le sud du Cher à l'ouest et à l'est de l'A20, le nord du Cher à l'ouest et à l'est de l'A71.

Ceci s'explique par :

- l'influence historique du paysage, avec des barrières naturelles telles que la Loire et le Cher, mais qui ne sont pas totalement infranchissables ; on notera que les populations situées au nord de la Loire appartiennent à des entités génétiques plus vastes, incluant des populations non échantillonnées au sein des régions limitrophes (Île-de-France, Normandie et/ou Pays de la Loire) ;
- l'influence de la fragmentation contemporaine du paysage, avec la modification récente des pratiques agricoles et l'apparition d'un maillage autoroutier, créant de nouvelles barrières à la dispersion (A20, A71) ou venant renforcer, par « jumelage », les barrières naturelles que sont la Loire et le Cher (A10 et A85) ;
- les lâchers récents de cerfs de Chambord, qui imposent une signature génétique spécifique à certains massifs et accentuent les différences observées entre les populations. Selon le degré de connectivité de ces populations avec les autres massifs de la région Centre, cette structuration génétique pourrait à terme s'effacer ou à l'inverse s'amplifier.

D'une manière générale, si la situation du cerf en région Centre n'est pas « idéale » puisque les activités humaines ont entraîné la création de nouvelles barrières à la dispersion, elle n'est pas pour autant « catastrophique ». Les grandes entités génétiques identifiées, bases d'un brassage régulier entre massifs, sont suffisamment vastes pour assurer le maintien d'une bonne diversité génétique à moyen terme, tandis que la possibilité, même limitée, d'épisodes de dispersion entre ces entités devrait pouvoir entretenir cette diversité génétique sur le long terme.

Néanmoins, la problématique du franchissement des autoroutes reste un enjeu fort en région Centre, pour le cerf en particulier, mais également pour la faune sauvage en général. Les passages aménagés sur l'A71 semblent suffisamment nombreux et/ou efficaces pour assurer un brassage régulier de part et d'autre de cette infrastructure. Les autres autoroutes semblent moins perméables à la dispersion : l'A20, autoroute ancienne et peu équipée en passages transversaux, ainsi que l'A10 et l'A85, toutes deux

couplées aux barrières naturelles que sont la Loire et le Cher, devraient faire l'objet d'une attention toute particulière. L'étude de la fonctionnalité des ouvrages de franchissement actuellement en cours en région Centre s'avère à ce titre un complément essentiel à cette étude.

Finalement, on notera que le cerf constitue un indicateur biologique pertinent pour l'évaluation de la perméabilité des grandes infrastructures de transport.

## Remerciements

Cette étude a été financée par la Fondation François Sommer pour la Chasse et la Nature, la Fédération régionale des chasseurs du Centre, la Fédération départementale des chasseurs de l'Indre, la Région wallonne et la Société de Vénérie. Nous remercions les fédérations départementales des chasseurs de la région Centre, ainsi que Messieurs H. Prot et J. Alvarado qui ont contribué activement à la collecte des échantillons. ●

## Bibliographie

- ▶ Dellicour, S., Frantz, A. C., Colyn, M., Chaumont, F., Bertouille, S. & Flamand, M. C. 2011. Population structure and genetic diversity of red deer (*Cervus elaphus*) in forest fragments in north-western France. *Conservation Genetics* 12: 1287-1297.
- ▶ Leduc, D. & Klein, F. 2004. Origine des populations de cerfs présents en France. *Faune sauvage* 264 : 27-28.
- ▶ Prunier, J. G., Colyn, M., Nimon, K., Legendre, X. & Flamand, M. C. 2015. Multicollinearity in spatial genetics: Separating the wheat from the chaff using commonality analyses. *Molecular Ecology* 24: 263-283.

◀ **Malgré les nouvelles barrières à la dispersion créées par l'homme, les grandes entités génétiques identifiées sont à même de maintenir la diversité génétique des populations de cerfs en région Centre.**

