Juliette Recher Septembre 2016

Evolution de l'invasion de la grenouille rieuse *P. ridibundus* au sein des populations natives de la Grande Cariçaie

Introduction

L'introduction par l'homme d'espèces non-indigènes peut souvent mener à l'extinction des espèces natives, notamment par le mécanisme d'hybridisation, qui est définit comme le croisement entre deux populations génétiquement distinctes.

Ce phénomène a pu être observé en Suisse chez les grenouilles vertes, où l'introduction il y a une cinquantaine d'années de la grenouille rieuse *pelophylax ridibundus* pour sa consommation continue de causer une réelle menace pour les populations natives de l'espèce *pelophylax lessonae* [1].
En effet, si les populations de grenouilles vertes en Suisse étaient initialement composées d'individus appartenant à deux espèces distinctes mais pouvant cohabiter, *p.lessonae* (LL) et *p.esculentus* (dite ancienne hybride RL), l'arrivée de la grenouille rieuse *p.ridibundus* (RR) a compromis cet équilibre.
Le remplacement progressif des petites grenouilles vertes par la grenouille rieuse s'explique non seulement par la compétition et la prédation entre ces deux espèces mais plus particulièrement par le mécanisme génétique d'hybridogenèse. En effet, la reproduction entre deux individus appartenant respectivement aux espèces *p.ridibundus* et *p.lessonae* engendre une descendance dite nouvellement hybride de l'espèce *p.esculentus* (R'L), cette dernière étant capable d'éliminer le génome lessonae de sa lignée germinale durant la méiose, transmettant ainsi uniquement le génome ridibundus à la prochaine génération et participant ainsi au déclin de l'espèce native *p.lessonae*.

Dans cette étude, il s'agira d'effectuer des analyses permettant de déterminer le statut génétique des individus présents à la Grande Cariçaie, et plus particulièrement de comparer les résultats obtenus à ceux datant de l'année 2012, afin de pouvoir observer l'évolution des différentes populations au cours du temps.

[1] Toujours appelée ainsi bien qu'appartenant en réalité à l'espèce *p.bergeri*

Matériel et méthodes

Dans le cadre de cette expérience, 166 individus ont été échantillonnés au cours des mois de mars, avril et juillet de l'année 2016 dans quatre différents sites de la réserve de la Grande Cariçaie, à savoir Chevroux (1), Ostende (2), Gletterens (3) et Champmartin (4). Deux méthodes d'échantillonnage ont été adoptées, les individus ayant étés récoltés soit dans leur site de reproduction soit aux barrières de migration.

L'ADN de chacun de ces individus a ensuite été extrait en laboratoire avant d'être amplifié par PCR. Le génotypage a ensuite été effectué en utilisant quatre différents mix contenant au total 17 différents marqueurs microsatellites, certains étant spécifiques à une espèce en particulier.

Les résultats obtenus ont finalement subi des analyses génétiques sur Genemapper puis statistiques sur Structure et PCA, tout en étant combinés aux données de 2012 concernant les quinze individus appartenant à l'espèce *p.ridibundus*.

Résultats

Parmi les 166 individus échantillonnés se sont trouvés 77 mâles, 84 femelles et 5 juvéniles. L'étude des résultats obtenus par les marqueurs microsatellites spécifiques nous a permis de remarquer que les quatre différents sites ayant servi à l'échantillonnage présentaient des proportions différentes de *p.esculentus*/*p.lessonae*. En effet 4/26 individus provenant d'Ostende (2) ont révélé appartenir à l'espèce *p.esculentus*, contre 26/60 dans la région de Champmartin (4) et 11/74 à Gletterens (3). Egalement, l'étude des marqueurs nous a montré qu'aucun individu échantillonné n'appartenait à l'espèce *p.ridibundus*.

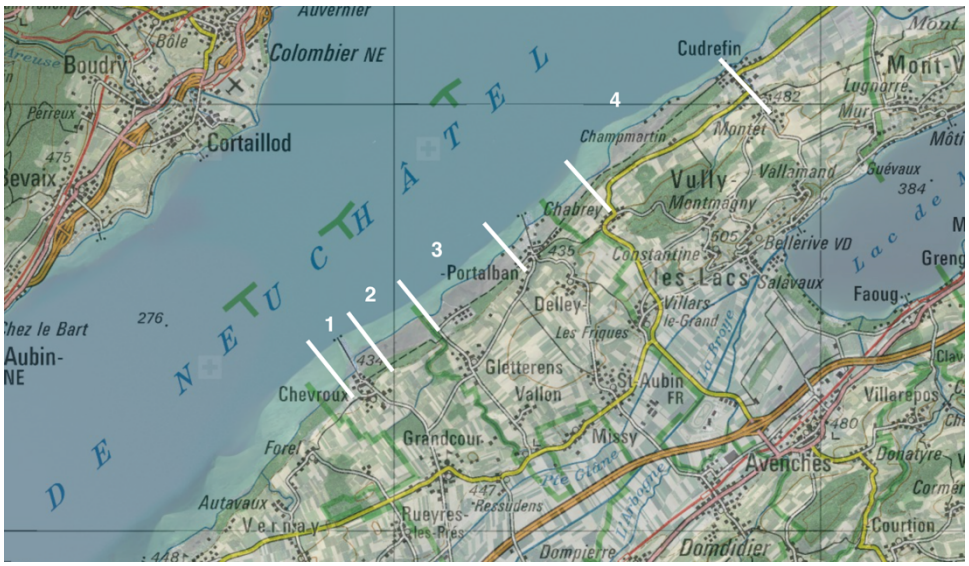

Figure 1 : plan de la réserve de la Grande Cariçaie

Dans un deuxième temps, l'examen des graphes obtenus par PCA et sur Structure nous a permis de déterminer, parmi les individus appartenant à l'espèce *p.esculentus*, lesquels s'avèrent être des nouveaux hybrides R'L descendant des grenouilles rieuses nouvellement introduites.

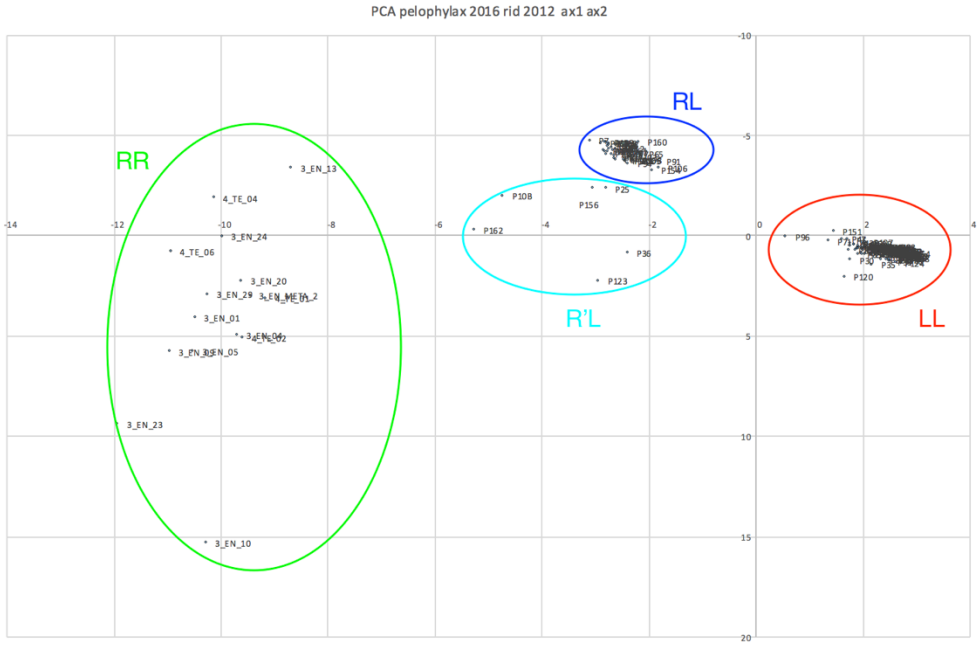

Figure 2 : graphe PCA

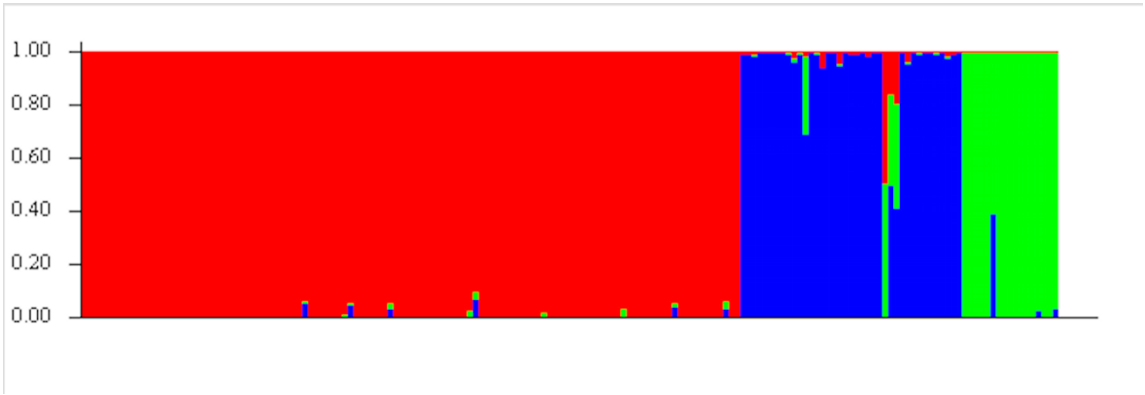

Figure 3 : graphe Structure

Le graphe PCA ci-dessus nous a effectivement permis de remarquer l'apparition de six nouveaux hybrides R'L parmi les 41 individus totaux appartenant à cette espèce. Ce graphe nous permet aussi de voir la grande diversité génétique présentée par l'espèce *p.ridibundus* en contraste avec la grande homogénéité présentée par *p.lessonae.*

Le graphe Structure confirme cette première affirmation en montrant les mêmes résultats pour les individus en question, sauf deux qui apparaissent dans ce cas comme appartenant

à l'espèce *p.ridibundus*. Ce graphe nous montre également une proportion très élevée d'individus appartenant à l'espèce *p.lessonae* (en rouge).

Finalement, nous avons également remarqué que les nouveaux hybrides apparus se trouvent préférentiellement dans la région d'Ostende (4/4) que dans la région de Champmartin (seulement 2/26).

Discussion

En comparant les résultats obtenus lors de cette étude à ceux obtenus en 2012, nous remarquons une légère augmentation de la proportion de nouveaux hybrides (6/41 en 2016 contre 6/100 en 2012), ce qui nous prouve l'effective expansion de la grenouille rieuse pour les années à venir.
La grande et rassurante proportion d'individus *p.lessonae* obtenue cette année est quant à elle quelque peu douteuse et probablement due à l'absence totale d'individus *p.ridibundus* inclus dans l'étude, celle-ci découlant d'un biais dans l'échantillonnage. En effet, il semblerait que cette espèce ait été sélectivement laissée de côté lors de la récolte. De plus, le fait que la majorité des individus aient été échantillonnés aux barrières de migration cause aussi un biais dans ce sens, les grenouilles rieuses ne migrant que très peu comparé aux petites grenouilles vertes.

Finalement, la grande différence observée au niveau de l'homogénéité génétique des individus des espèces *p.lessonae* et *p.ridibundus* s'explique par les origines de ces dernières. Les individus *p.lessonae* sont effectivement génétiquement semblables les uns aux autres, car ceux-ci ont tous un ancêtre *p.lessonae* commun. Les grenouilles rieuses échantillonnées présentent quant à elles une grande diversité génétique pour la simple et bonne raison qu'elles ont été introduites depuis divers endroits au cours du temps. C'est ainsi que s'explique donc l'homogénéité génétique retrouvée entre les individus faisant partie des anciens hybrides contre la diversité retrouvée chez les dits nouveaux hybrides.