

# *Le Conseil scientifique du plan national d'actions sur le loup*

*créé par la décision du 12 février 2019 (NOR : TREL1901714S)*

Lyon, le 9 avril 2019

## **Avis du Conseil Scientifique "Loup et activités d'élevage" au sujet de la saisine du 30 Janvier 2019 concernant les analyses génétiques effectuées sur les loups du Parc du Gévaudan et en Lozère**

### **1. Contexte de la demande**

Dans le cadre du suivi génétique de la population de loup assuré par l'ONCFS, le laboratoire Antagene a identifié, à partir d'échantillons de poils et d'urine recueillis sur le terrain en Lozère (48) par des correspondants du réseau de suivi « Loup-Lynx » au cours de l'hiver 2017-2018, deux loups possédant un haplotype différent de celui rencontré jusqu'alors en France chez des animaux en liberté.

Suite à l'annonce de cette détection par l'ONCFS le 29 juin 2018, des prélèvements sanguins ont été réalisés les 22 et 23 juillet sur 15 des 18 loups adultes présents dans l'enclos dit « scientifique » du parc du Gévaudan, d'une superficie de 12 ha, par une équipe constituée d'une vétérinaire, de pompiers professionnels ainsi que d'agents de la DDCSPP de Lozère et de l'ONCFS, en vue d'une étude d'assignation par le laboratoire Antagene. Des prélèvements de muscle ont également été réalisés sur 6 cadavres issus du même enclos. Les 3 louveteaux présents dans l'enclos à cette date, nés sur place en 2018, n'ont pas été échantillonnés. A l'issue des prélèvements, les échantillons ont été stockés dans des conditions adaptées par la DDCSPP.

Suite à des actes de malveillance à l'encontre du parc, plusieurs loups s'étaient échappés de cet enclos « scientifique » en 2016, sans que l'on connaisse précisément le nombre. Cinq avaient pu être recapturés dans les semaines qui ont suivi.

Les enclos du parc zoologique, de surface plus réduite et ouverts à la visite du public, ne sont à ce stade pas concernés par cette démarche. Ils abritent environ 90 loups.

Le 27 juillet 2018, à l'occasion d'une réunion avec des représentants d'organisations professionnelles agricoles qui s'est déroulée en préfecture de Lozère, le préfet de la région Auvergne-Rhône-Alpes a accepté de confier cette étude d'assignation au laboratoire ForGen en plus du laboratoire Antagene, en demandant à chacun d'eux de signer au préalable une

convention technique régissant les conditions de transport, de traitement et de conservation des échantillons ainsi que la transparence des résultats et de la méthode. Il a aussi décidé que la publication des travaux des deux laboratoires serait conjointe et que les deux laboratoires seraient invités à présenter leurs travaux au Conseil scientifique permanent du PNA, qui rapporterait ensuite devant le Groupe national loup.

Les deux laboratoires ont été saisis par courrier le 3 août 2018. Les représentants professionnels agricoles présents à la réunion du 27 juillet ont été destinataires des copies de ces courriers et des conventions techniques.

Le 7 août, le laboratoire Antagene a retourné à la DREAL Auvergne-Rhône-Alpes la convention technique signée, accompagnée d'un devis.

Le 13 août, 21 échantillons prélevés sur le parc du Gévaudan ont été envoyés à Antagene par la DDCSPP de la Lozère, accompagnés de la convention contre-signée. Un représentant désigné par la chambre régionale d'agriculture était présent lors de l'envoi.

Le 27 août, le laboratoire ForGen a retourné à la DREAL la convention technique signée, accompagnée d'un devis.

Le 29 août, la DREAL a retourné la convention contre-signée à ForGen.

Le 11 septembre, les doubles des 21 échantillons envoyés à Antagene (cf. supra) ainsi que 2 tubes contenant de l'ADN extrait et amplifié à partir des échantillons de poils et d'urine prélevés en nature lors de l'hiver 2017-2018 (cf. supra) ont été adressés à ForGen par la DREAL, avec l'appui de la DDCSPP de Lozère. Le 2ème vice-président de la Chambre d'agriculture de Lozère était présent lors de l'envoi. Aucune anomalie n'a été constatée au moment de la mise sous colis. Un transporteur spécialisé a été mobilisé.

Les échantillons ont été réceptionnés sans réserve par ForGen le 13 septembre.

Antagene a remis son rapport à la DREAL le 13 septembre.

Le 18 septembre, ForGen a informé la DREAL que les inscriptions figurant sur plusieurs contenants étaient illisibles et que d'autres n'étaient pas fermés correctement.

ForGen a remis son rapport à la DREAL Auvergne-Rhône-Alpes le 28 décembre.

Une demande d'informations complémentaires sur le contenu des rapports a été adressée par la DREAL à chacun des deux laboratoires le 12 février 2019.

Antagene a apporté une réponse écrite le 21 février. ForGen a apporté une réponse écrite le 26 février.

Les demandes d'analyse transmises aux laboratoires Antagene et ForGen concernent donc 21 échantillons provenant de l'enclos "scientifique" du parc à loups du Gévaudan, ainsi que deux échantillons (l'un de poils, l'autre d'urine) prélevés en Lozère. Les deux laboratoires ont donc eu à analyser les mêmes échantillons. Il est cependant à noter que: (i) les deux laboratoires ont

reçu les 21 échantillons du parc à des moments différents; (ii) l'ADN des deux échantillons prélevés en Lozère a été extrait par le laboratoire Antagene, puis envoyé par l'Administration au laboratoire ForGen; (iii) il ne s'agit ici pas à proprement parler d'une "validation" de résultats obtenus par les deux laboratoires. En effet, les techniques d'analyse qu'ils emploient ne sont pas les mêmes, ni en ce qui concerne les protocoles de laboratoire (y compris marqueurs mitochondriaux et microsattellites différents), ni en ce qui concerne les outils d'analyse statistique (y compris en ce qui concerne les populations de référence employées).

Le présent rapport a été effectué après analyse des rapports initiaux et des réponses aux questions écrites posées par les experts en génétique du Conseil Scientifique, et après les auditions d'une heure avec le président d'Antagene le 27 février 2019 et avec la directrice de ForGen le même jour. Ces auditions, qui ont eu lieu à la DREAL Auvergne-Rhône-Alpes, avaient pour but de clarifier certains points techniques mais pas d'entamer une discussion contradictoire.

## **2. Evaluation de la méthodologie mise en œuvre par le laboratoire Antagene**

Le laboratoire privé Antagene est certifié dans le cadre du système de management de la qualité ISO 9001. Il applique le référentiel normatif AFNOR NF U 47-600-1 et -2, relatif aux exigences et recommandations pour les méthodes d'analyses PCR. La méthodologie employée pour les analyses de génétique moléculaire ainsi que les méthodes d'analyses statistiques sont exposées clairement dans une annexe dédiée. Les éléments permettant d'apprécier sa qualification et son expérience, en termes de personnel technique et scientifique, équipements, locaux, contrôles-qualité et contrôles métrologiques, sont fournis. Les organismes d'études et recherche et les établissements gestionnaires de la faune utilisateurs de leurs services sont précisés. Le laboratoire Antagene propose ainsi des références de travaux en génétique sur plus de 20 espèces animales (vertébrés et invertébrés).

Sur la base du rapport présenté, le Conseil Scientifique a estimé (i) que le rapport d'analyse et les réponses écrites fournies par le laboratoire Antagene correspondent aux règles en vigueur dans la communauté scientifique. Les références bibliographiques citées sont complètes et pertinentes et permettent de comprendre sans ambiguïté l'ensemble de la méthodologie employée, aussi bien au niveau de la production des données génétiques que de leur analyse; (ii) que l'environnement technique du laboratoire privé Antagene est en adéquation avec le type d'expertise demandée; (iii) que la méthodologie appliquée aux marqueurs nucléaires est satisfaisante, comprenant notamment deux répétitions des analyses pour les échantillons du parc du Gévaudan et quatre répétitions pour les deux échantillons de Lozère prélevés en nature. On ne peut toutefois pas exclure un très faible taux d'erreur (probablement inférieur à 1 %) sur l'ensemble des génotypes produits pour le parc du Gévaudan pour les situations où les différents réplicas ne correspondent pas exactement. Antagene fournit pour chaque génotype composite un indice de qualité qui traduit la fiabilité du génotypage. En revanche, nous regrettons que le laboratoire n'ait pas effectué des répétitions supplémentaires sur les quelques échantillons de mauvaise qualité du parc du Gévaudan pour assurer la qualité du génotypage. De plus, Antagene a interprété les deux échantillons provenant des prélèvements en Lozère (poils: P4817001 et urine: U4817001) comme appartenant à deux individus distincts, sur la base de 3 différences sur leur séquence d'ADN mitochondrial. Après examen des électrophérogrammes correspondant aux séquences mitochondriales de ces deux échantillons, il s'avère que la séquence correspondante à l'échantillon d'urine (U4817001) est de mauvaise

qualité et que les 3 différences entre les deux séquences ne peuvent pas être confirmées. Cette séquence n'aurait donc jamais dû être interprétée car de trop mauvaise qualité et il aurait été judicieux de répéter l'amplification et le séquençage. La conclusion d'Antagene selon laquelle ces deux séquences mitochondriales sont différentes nous paraît donc abusive. Il n'est pas possible sur la base de l'ADN mitochondrial d'affirmer que les deux échantillons de Lozère proviennent de deux individus. D'autre part, il nous semble également hasardeux de soutenir l'hypothèse de deux individus différents sur la base des données très fragmentaires du génotypage STR de l'échantillon d'urine U4817001 (seuls deux loci interprétables), comme indiqué dans le rapport d'Antagene.

### **3. Evaluation de la méthodologie mise en œuvre par le laboratoire ForGen**

Le laboratoire privé ForGen déclare être accrédité, mais sans préciser selon quel référentiel. Ce laboratoire, spécialisé en expertise médico-légale humaine, possède nécessairement les équipements techniques indispensables pour mener à bien des analyses génétiques sur d'autres espèces, y compris le loup, espèce sur laquelle il travaille depuis quelques années. La méthodologie employée pour les analyses de génétique moléculaire se réfère à des procédures et modes opératoires internes, non détaillés (voir section 5.1). De la lecture du rapport, on déduit que le laboratoire utilise pour l'amplification des marqueurs microsatellites STR deux kits commerciaux utilisés pour déterminer la filiation des chiens, vendus par ThermoFisher Scientific. En revanche, nous avons relevé les problèmes méthodologiques suivants:

- analyse de l'ADN mitochondrial: l'échantillon 619-18 a été identifié comme appartenant à un dingo (*Canis lupus dingo*), ce qui est hautement improbable dans le contexte de cette étude (voir des détails supplémentaires à ce sujet dans la section 4);
- le protocole de production des données et les méthodes d'analyse des microsatellites (STRs) sont obscurs. Concernant la production des données STRs, aucune mention n'est faite dans le compte-rendu initial du nombre de répétitions du génotypage. Selon la réponse à notre question écrite, au moins quatre répétitions ont été effectuées. Les résultats pour ces quatre répétitions ne figurent cependant pas dans le rapport initial. Les réponses fournies lors de l'audition n'ont pas permis d'éclaircir la procédure adoptée. ForGen invoque dans son rapport la mauvaise qualité des échantillons, mais celle-ci ne peut en aucun cas expliquer des erreurs d'analyse si le protocole employé implique un certain nombre de répétitions, qui permettent de déceler ces erreurs et par conséquent de ne pas valider le génotypage en question.
- analyse statistique des marqueurs STRs: des informations contradictoires sont fournies dans le rapport initial et répétées dans la réponse écrite ainsi que durant l'audition. Ainsi, ForGen écrit "The genetic results are evaluated biostatistically. A Bayesian model is used for cluster analysis. The algorithms used are the same as those used in well-known, commercially available and frequently used software programs (e.g. STRUCTURE, ADMIXTURE; PLINK or R)"<sup>1</sup>. Le Conseil Scientifique n'a trouvé dans le rapport aucun résultat comparable à ceux produits par les logiciels d'analyse

---

<sup>1</sup> "Les résultats génétiques sont évalués biostatistiquement. Un modèle bayésien est utilisé pour l'analyse de groupement. Les algorithmes utilisés sont les mêmes que ceux utilisés dans les logiciels bien connus, disponibles dans le commerce et fréquemment utilisés (par exemple STRUCTURE, ADMIXTURE, PLINK ou R)."

STRUCTURE<sup>2</sup> ou ADMIXTURE<sup>3</sup>. PLINK<sup>4</sup> est un logiciel dédié à l'analyse génomique de centaines de milliers de marqueurs génétiques pour des milliers d'individus, ce qui n'est pas le cas ici. R est un vaste ensemble d'outils statistiques dont certains peuvent être utilisés pour l'analyse de données génétiques, mais les détails ne sont pas précisés.

- interprétation des résultats: ForGen écrit: "Our overall assessment of genetic identity with the wolf is based on the Washington Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora, Article II, and Mendelian inheritance rules..."<sup>5</sup>. L'article II de la Convention de Washington n'a aucune pertinence ici.
- La bibliographie n'est pas fournie dans le rapport écrit, et même après demande écrite certaines références n'y sont toujours pas mentionnées (Thai et al. 2016; références citées dans le Tableau 2).

Cet ensemble de problèmes amène le Conseil Scientifique à formuler de sérieux doutes sur la méthodologie mise en œuvre, tant au niveau de la production des données que de leur analyse et interprétation.

## 4. Comparaison des résultats obtenus

### 4.1 ADN mitochondrial

Les résultats concernant l'ADN mitochondrial coïncident pour plusieurs échantillons, mais nous notons une différence surprenante pour l'individu n°4 (619-18 pour ForGen, et ZG-48-18-S007 pour Antagene) : la séquence ADN obtenue par Antagene est identique à l'ensemble des autres séquences des loups du parc du Gévaudan; pour ForGen la séquence ADN obtenue est plus courte que les autres, avec six différences par rapport aux autres échantillons du parc du Gévaudan. Cet échantillon n°4 est interprété par ForGen comme provenant d'un dingou.

Après relecture des données brutes issues du séquenceur (électrophorégrammes) fournies par Antagene, nous confirmons que la séquence de cet échantillon correspond bien à celles des autres échantillons du parc.

Puisqu'il n'y a pas à notre connaissance de dingos dans le parc à loups du Gévaudan, nous interprétons cette différence d'analyse entre les deux laboratoires comme une erreur émanant de ForGen. Alors qu'Antagene avait trouvé deux séquences mitochondriales différentes pour les deux échantillons de Lozère (poils et urine), conclusion que nous ne considérons pas correcte (voir plus haut), ForGen trouve également pour ces mêmes échantillons deux séquences différentes (d'après les fichiers transmis après la demande écrite d'explications), mais pour un même échantillon analysé en duplicat. Cela provient probablement d'une erreur d'étiquetage.

---

<sup>2</sup> Pritchard JK *et al.* (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* **155**, 945–959.

<sup>3</sup> Alexander DH *et al.* (2009) Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Research* **19**, 1655–1664.

<sup>4</sup> Chang CC *et al.* (2015) Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets. *GigaScience* **4**, 7.

<sup>5</sup> "Notre évaluation générale de l'identité des loups est fondée sur l'article II de la Convention de Washington sur le commerce international des espèces menacées de flore et de faune sauvage et sur les lois de transmission mendéliennes."

Enfin, les résultats concernant l'analyse de l'ADN mitochondrial de l'échantillon de poils (P4817001) nous paraissent sur-interprétés par Antagene. Si la séquence concernée a bien été mise en évidence pour la première fois dans les pays baltes et en Scandinavie<sup>6</sup>, un tel haplotype a également été retrouvé en Russie, Pologne, Biélorussie, Ukraine<sup>7</sup>, Allemagne<sup>8</sup>, et plus récemment au Danemark et dans les Pays-Bas<sup>9</sup>, ainsi qu'en Belgique<sup>10</sup>. Il **ne s'agit donc pas d'un loup balte** comme les conclusions du rapport d'Antagene pourraient le laisser entendre, mais d'un loup appartenant à une lignée ayant une aire de répartition géographique bien plus vaste, à l'origine de la recolonisation de l'espèce en Allemagne, aux Pays-Bas et en Belgique.

#### **4.2 ADN nucléaire (polymorphisme des microsatellites (STRs))**

Les deux laboratoires utilisant seulement deux microsatellites identiques (FH2054 et FH2010), il est difficile d'effectuer une comparaison approfondie de leurs résultats. Pour ces deux marqueurs, il est possible de comparer 38 génotypages dont seulement 22 sont identiques, correspondant à un taux d'erreur considérable de 42,1 % entre les deux laboratoires.

Trois hypothèses peuvent être émises pour expliquer une telle différence: (i) les deux laboratoires ont fait des erreurs, (ii) les résultats d'Antagene ne sont pas fiables et (iii), les résultats de ForGen ne sont pas fiables.

En inspectant en détail les résultats du tableau 3 du rapport ForGen, on constate qu'il y a **quatre génotypes différents** pour les échantillons 22, 23, 24 et 25 (codes 637-18, 638-18, 639-18 et 640-18 de ForGen). Selon ces résultats, ces quatre échantillons devraient provenir de **quatre individus différents**. Or, ces quatre analyses proviennent de deux échantillons au départ donc au **maximum de deux individus**. Ces résultats ne sont donc pas fiables. Dans les réponses écrites et lors de l'audition, ForGen nous a affirmé que les profils ADN de ces quatre échantillons provenaient bien de deux individus différents, contrairement à ce qu'indiquent les données du tableau 3. D'autre part, Antagene nous a fourni les résultats des répétitions effectuées pour l'ensemble des échantillons et dans la très grande majorité des cas, les répliques donnent des résultats identiques, ce qui est attendu dans ce type d'analyse. On peut donc accorder confiance aux résultats d'Antagene, avec la limitation indiquée en section 2 qui n'exclut pas un taux global d'erreur inférieur à 1 %, qui reste modeste comparé aux 42,1 % d'erreurs entre les deux laboratoires.

Sur la base de ce qui précède, les résultats présentés par Antagene peuvent être considérés comme globalement fiables, sauf en ce qui concerne les deux échantillons de Lozère. Les résultats produits par ForGen pour les loups du parc du Gévaudan et les deux échantillons de Lozère paraissent non fiables car entachés d'un taux d'erreur de plus de 40 %, incompatible avec ce type d'analyse, manque de fiabilité qui compromet toute interprétation ultérieure.

---

<sup>6</sup> Vilà C *et al.* (1999) Mitochondrial DNA phylogeography and population history of the grey wolf *Canis lupus*. *Mol. Ecol.* **8**, 2089–2103.

<sup>7</sup> Résumé dans: Pilot M *et al.* (2010) Phylogeographic history of grey wolves in Europe. *BMC Evol. Biol.* **10**, 104.

<sup>8</sup> Lesniak I *et al.* (2017) Population expansion and individual age affect endoparasite richness and diversity in a recolonising large carnivore population. *Scientific Reports* **7**, 41730.

<sup>9</sup> Gravendeel B *et al.* (2013) The first wolf found in the Netherlands in 150 years was the victim of a wildlife crime. *Lutra* **56**, 93-109.

<sup>10</sup> <http://biodiversite.wallonie.be/fr/le-loup-der-wolf.html?IDC=6097>

De plus, l'interprétation des données STR (tableau 4 du rapport ForGen) est difficile à comprendre. Concernant les loups de l'enclos scientifique du parc du Gévaudan, tous les individus génotypés, sauf le "dingo", seraient de potentiels hybrides, sans aucune justification scientifique claire pour soutenir ces affirmations. Par exemple, l'échantillon ForGen 629-18 qui correspond à un loup du parc du Gévaudan, est interprété comme : "Wolf according to species identification, maternal line wolf, wolf or hybrid, rather typical wolf in France or Mongolian wolf, probably male, dog excluded, only individual with high similarity to fox, also high values for wolves"<sup>11</sup>. Telle que rédigée cette interprétation fait peu sens.

## 5. Conclusions

### 5.1 Fiabilité des résultats obtenus et des interprétations fournies par les deux laboratoires et raisons expliquant les divergences

Pour résumer, les résultats obtenus et les interprétations du laboratoire Antagene montrent un degré de fiabilité acceptable pour les loups du parc du Gévaudan. Cependant, des problèmes de qualité des résultats conduisant à des conclusions contestables ont été notés concernant l'attribution des deux échantillons de Lozère à deux individus différents, ainsi qu'un manque de précision concernant une origine "balte". Des améliorations méritent en outre d'être apportées, notamment en augmentant le nombre de répliques pour les échantillons de faible qualité. En revanche, les résultats obtenus et les interprétations du laboratoire ForGen ne correspondent pas aux standards scientifiques minimaux. L'ensemble des éléments disponibles (rapport du laboratoire, réponses aux questions écrites, audition) suggère que ce laboratoire ne maîtrise pas le savoir-faire pour ce type d'analyse.

Pour expliquer les divergences entre les deux laboratoires, nous en sommes réduits à émettre des hypothèses. Contrairement à la réponse donnée par ForGen qui affirme qu'au moins quatre répétitions ont été effectuées (affirmation dans les réponses aux questions écrites et lors de l'audition), une explication potentielle et partielle serait qu'il n'y a eu qu'un seul réplica par échantillon et par microsatellite. Ce problème semble être aggravé par le fait que les résultats fournis automatiquement par les logiciels concernés n'ont pas été validés par un scientifique familier avec ce type d'analyse en cas d'erreurs générées par l'analyse automatique. Cela concerne aussi bien le problème du dingo, que les erreurs sur les microsatellites. De plus, la méthode utilisée pour interpréter les résultats des microsatellites ("association study" ou "cluster analysis" dans le rapport) n'est pas fournie et ne correspond à aucune approche validée par la communauté scientifique internationale pour étudier ce type de problématique. Les logiciels utilisés ne sont pas disponibles et ne sont pas décrits ni validés dans la littérature scientifique, la seule trace que nous avons pu trouver de ces derniers étant dans une thèse de doctorat présentée en 2014 par un collaborateur du laboratoire ForGen<sup>12</sup>. Dans ce travail, l'auteur a travaillé sur des animaux de zoos et des populations de loups nordiques, et ce jeu de données a été augmenté par l'expérience propre du laboratoire ForGen pour les analyses qui font l'objet de ce rapport. Il est aussi à noter que le rapport d'analyse et les réponses écrites fournies par le laboratoire ForGen ne correspondent pas aux règles en vigueur dans la communauté scientifique pour l'élaboration d'un tel rapport. Une grande partie du texte et des tableaux des

---

<sup>11</sup> "Loup d'après l'identification de l'espèce, lignée maternelle loup, loup ou hybride, plutôt typique des loups de France ou des loups de Mongolie, probablement mâle, chien exclu, seul individu ayant une grande similarité avec le renard, avec également des valeurs élevées pour les loups."

<sup>12</sup> Modrow J.-H (2014) Entwicklung molekularbiologischer Methoden und Aufbau einer Datenbank zur Identitäts-, Mischlings- und Abstammungsanalyse ausgewählter Tierarten. Doctoral thesis, Kiel.

résultats (par exemple tableau 4) sont littéralement incompréhensibles et dépourvus de toute cohérence. Il en va de même pour la majorité des réponses orales obtenues lors de l'entretien. En guise de conclusion, il nous semble utile de souligner que les analyses décrites dans ce rapport nécessitent un savoir-faire très spécifique, aussi bien pour les protocoles de laboratoire que pour l'interprétation des résultats. Cela ne rentre pas obligatoirement dans le champ des accréditations. Afin d'assurer la fiabilité des résultats, il est non seulement indispensable de posséder des compétences et de l'expérience dans l'utilisation des outils moléculaires, mais également dans le domaine des analyses génétiques non-invasives de la faune sauvage et en génétique des populations.

## **5.2 Filiation entre les échantillons collectés en Lozère et les loups présents dans le parc à loups du Gévaudan**

### ***Les faits établis***

Vu les taux d'erreurs identifiés chez le laboratoire ForGen, nous ne fondons notre analyse que sur les résultats fournis par Antagene pour l'échantillon de poil (P4817001), l'échantillon d'urine étant trop dégradé pour produire des résultats interprétables.

L'ADN mitochondrial de cet échantillon correspond à une lignée maternelle trouvée dans de nombreux pays (pays baltes, Scandinavie, Russie, Pologne, Biélorussie, Ukraine, Allemagne, et plus récemment Danemark, Pays-Bas et Belgique). Le fait que cet haplotype mitochondrial soit différent de celui des loups du parc (qui présentent un haplotype proche de séquences ADN retrouvées chez des loups en Mongolie et à partir d'un échantillon historique d'Alaska) et que les microsatellites montrent une incompatibilité pour 8 marqueurs STR sur 22, indique que cet individu n'est pas apparenté aux loups analysés de l'enclos scientifique du parc.

### ***L'interprétation***

Deux hypothèses sont envisageables concernant l'origine de l'échantillon de poil (P4817001) prélevé en nature. La première concerne une **colonisation naturelle** à partir du nord-est, potentiellement à partir de l'Allemagne, ou du nord, potentiellement à partir de la Belgique, ce dernier pays ayant été colonisé dès 2016 par des individus en provenance de la population allemande. Cette hypothèse est compatible avec le grand pouvoir de dispersion de l'espèce<sup>13</sup>. La deuxième hypothèse pourrait correspondre à un loup **échappé de captivité**, soit d'une source inconnue, soit de l'enclos scientifique du parc du Gévaudan si les 21 échantillons analysés ne sont pas complètement représentatifs de l'ensemble des loups présents dans le parc.

Pierre TABERLET

Président du Conseil Scientifique



---

<sup>13</sup> Ciucci P *et al.* (2009) Long distance dispersal of a rescued wolf from the Northern Apennines to the Western Alps. *Journal of Wildlife Management* **73**, 1300-1306.