



Credit : G. Rodier

Lettre d'information du réseau Loup-lynx

Détection en France de lignées de loups provenant de la population germano-polonaise

Introduction

Depuis le retour du loup en France au début des années 1990, l'ensemble des individus présents sur le territoire était de lignée w22, l'unique lignée génétique identifiée au sein de la population italo-alpine. Cependant depuis 2017, le réseau Loup-lynx est témoin de l'arrivée de Loups gris (*Canis lupus*) appartenant à d'autres lignées génétiques. Ces loups w1 et w2, originaires d'Europe centrale, parcourent des centaines voire des milliers de kilomètres avant que l'on ne retrouve des indices de leur passage sur le territoire français.

Les différentes lignées présentes dans les populations de Loup gris européennes

Population, sous-espèce et lignée génétique : une histoire de classification

Le Loup gris (*Canis lupus*) est une des **espèces** de mammifère dont l'aire de répartition est la plus vaste de l'hémisphère nord (Landry, 2017). Ses populations ont été plus ou moins morcelées au cours des temps évolutifs bien que de nos jours en Europe on assiste à une reconnexion entre les différentes populations, favorisée par les politiques de conservation. Pour comprendre ce que l'on entend par « l'arrivée de Loups gris appartenant à d'autres lignées génétiques » en France, il convient de définir certains termes.

Une population constitue un ensemble d'individus d'une même espèce et qui peuple un lieu donné. Plusieurs populations de Loup gris se répartissent sur le territoire européen, comme la population ibérique ou la population italo-alpine. Ces deux dernières sont clairement séparées de la grande population d'Europe centrale et de l'Est. Elle revêt donc une notion fonctionnelle d'interactions sociales d'individus entre eux. Dès lors que les groupes d'individus n'ont plus d'échanges (ou qu'ils sont minimales), le plus souvent lorsqu'elles sont géographiquement isolées, on distingue deux populations différentes.

La notion de **sous-espèce** va plus loin que celle de population puisqu'elle correspond à une sous-catégorie de l'espèce basée sur de **légères variations génétiques**. **Les différentes sous-espèces peuvent aussi présenter des caractères morphologiques distincts**.

Des individus de sous-espèces différentes sont interféconds contrairement à des individus appartenant à deux espèces distinctes. Certaines sous-espèces de Loups gris européennes ont été décrites comme par exemple le Loup gris ibérique (*Canis lupus signatus*). Cependant, si ces définitions d'espèce et de sous-espèce sont très utiles pour classer et décrire le vivant, **elles ont aussi de nombreuses limites** pour fixer le degré de différence nécessaire et amènent les scientifiques à parfois réviser les catégorisations (Landry, 2017).

La notion de lignée est alors apparue avec l'avènement des progrès génétiques depuis environ 30 ans. L'apparition de mutations sur des gènes spécifiques de l'ADN, appelés **haplotypes**, permet de différencier les lignées génétiques. Un haplotype est un ensemble de gènes situés côte à côte sur un chromosome et qui se transmet à la descendance : cette information héréditaire est donc très utile en génétique des populations et permet aux scientifiques d'étudier l'histoire démographique et spatiale (phylogéographie) des différentes populations de loup sur le territoire européen. Précisons donc qu'**une même population peut être constituée d'un mélange d'individus de lignées différentes**.

Enfin, pour mieux comprendre l'évolution de ces populations, la notion d'**haplogroupe** est importante à définir. Un haplogroupe rassemble des individus présentant des profils génétiques proches et qui partagent des ancêtres communs.

Il comprend donc diverses lignées génétiques comme simplifié dans la Figure 1. Cette catégorisation permet d'étudier les séries de mutations à travers le temps chez une espèce donnée et de retracer son histoire évolutive (Pilot *et al.*, 2010).

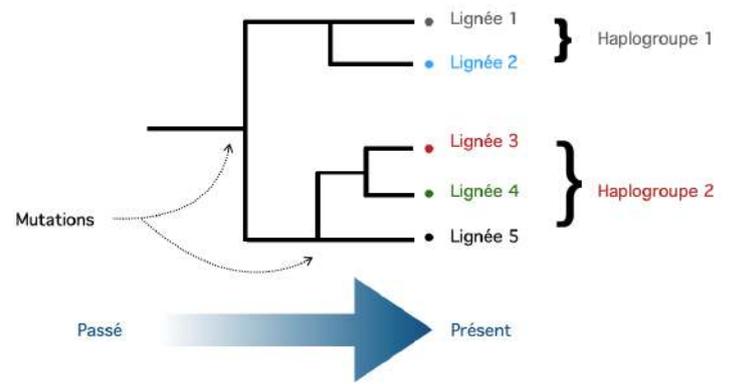


Figure 1 : Schéma simplifié représentant des haplogroupes. Chaque nouvel embranchement correspond à une mutation génétique.

Pour conclure, la plupart des recherches scientifiques s'appuient de nos jours sur la définition de lignée génétique (ou haplotype) au sein de l'espèce Loup gris, terme que l'on préférera à celui de sous-espèce dans la suite du document.

Les populations et lignées présentes en Europe

Sur le continent européen, on identifie **plus d'une vingtaine de lignées** génétiques (notées « w.. ») réparties dans différentes populations (Pilot *et al.*, 2010 ; Hulva *et al.*, 2018). Les principales populations aujourd'hui présentes dans les pays de l'Union Européenne et dont les noms font référence à leur aire de répartition géographique sont les suivantes (Figure 2) :

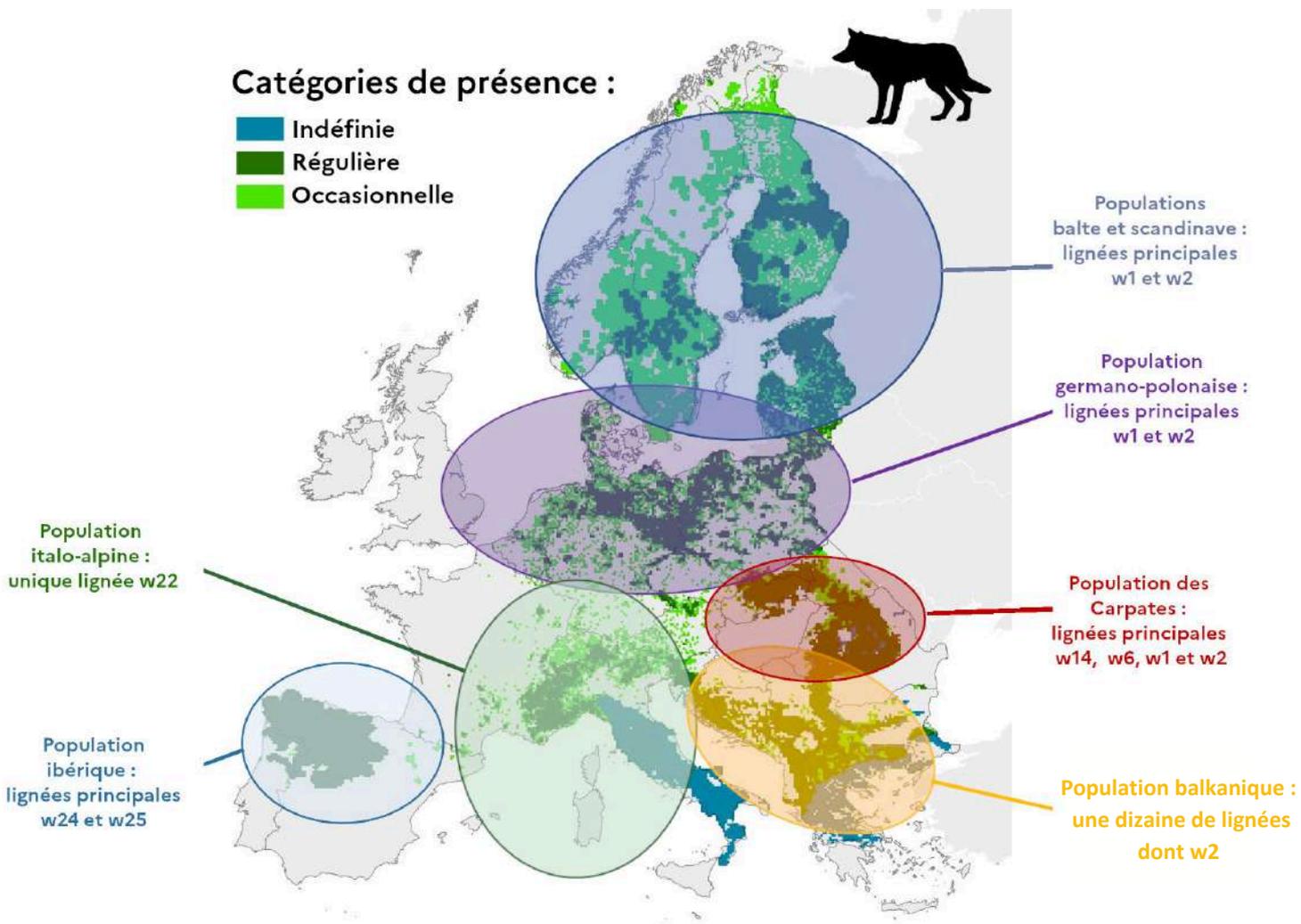


Figure 2 : Schéma simplifié des lignées présentes dans les principales populations du Loup gris en Union Européenne, selon sa distribution sur la période 2017-2022/23. Source de la carte de distribution : LCIE, Dryad 2017-2022/23.

- en **Europe centrale** se trouve une population dite **germano-polonaise**, en grande majorité constituée d'individus de **lignée w1**. Cette population a récemment connu une expansion en Allemagne à partir d'individus polonais. Elle commence également à s'étendre dans d'autres pays limitrophes comme la République Tchèque, les Pays-Bas et la Belgique. Dans une moindre proportion, on retrouve aussi des individus de **lignée w2** dans cette population ;

- en **Europe du nord-est**, dans les populations **baltes et scandinaves** on retrouve aussi en très grande majorité des individus portant les **haplotypes w1 et w2** ;

- dans le **centre-est de l'Europe**, on retrouve la population des **Carpates**, très majoritairement représentée par des individus de **lignée w14 et w6**, mais aussi des individus w1 et w2 ;

- dans les pays des **Balkans** (Grèce, Albanie, Croatie etc.), on retrouve une grande population dite **balkanique**. Il y a **sept lignées** uniquement présentes dans cette population, ainsi que d'autres lignées également représentées en Europe centrale et de l'Est, comme la lignée w2.

- en **France et en Italie**, on retrouve actuellement une population dite **italo-alpine** constituée uniquement d'individus de **lignée w22** (aussi identifiée comme la sous-espèce *Canis lupus italicus*). Son foyer historique se situe dans le massif des Apennins en Italie. La population s'est étendue aux Alpes françaises à partir des années 1990 ;

- dans le nord-ouest de la **péninsule ibérique** (Espagne et Portugal), la **population ibérique** (aussi décrite comme la sous-espèce *Canis lupus signatus*), est constituée d'individus appartenant essentiellement à deux lignées différentes appelées **w24 et w25**. La lignée w10 a aussi été identifiée, celle-ci étant également présente dans des populations des Balkans et du Caucase ;

Histoire passée et contemporaine des populations européennes

Les activités humaines récentes et leur impact sur la diversité génétique des populations de loup d'Europe occidentale

Les loups présents aujourd'hui en Europe diffèrent des loups fossilisés mais partagent avec eux des ancêtres communs. L'étude des haplogroupes a permis de retracer l'histoire évolutive et géographique des loups actuels. Les loups contemporains ibériques, balkaniques ou encore germano-polonais, **dont la lignée w1 et la lignée w2, appartiennent à l'haplogroupe 1**. Les individus italo-alpins de **lignée w22 proviennent de l'haplogroupe 2**. Les effectifs et les lignées observés dans les populations européennes ont fortement évolué dans l'espace et le temps : si **l'haplogroupe 2 était largement majoritaire** avant le Dernier Maximum Glaciaire (DMG), entre - 21 000 et -17 000 ans av. JC, **c'est aujourd'hui l'inverse** (Pilot *et al.*, 2010).

Les évolutions démographiques récentes s'expliquent, dès le **Moyen-Âge**, par l'augmentation de la chasse et de la fragmentation des paysages. Cette **pression anthropique** a grandement participé au **déclin démographique et à l'isolement** des populations européennes. Cela a provoqué des phénomènes de **goulots d'étranglements** au sein des populations, réduisant le pool allélique des populations devenues isolées, voire **l'extinction de certaines lignées génétiques** (Pilot *et al.*, 2010 ; Hindrikson *et al.*, 2016).

En **Europe occidentale**, c'est tout particulièrement **au tournant du 20ème siècle** que les effectifs des populations et la diversité des haplotypes ont drastiquement chuté. L'espèce a même été **exterminée** dans les pays du Benelux, en Suisse, mais aussi en France. Le dernier noyau de population avant sa **disparition à la fin des années 1930** se situait dans le centre-ouest de la France (de Beaufort, 1987).

Les trois quarts des haplotypes historiques de loup ont disparu en Europe de l'Ouest suite à ces siècles de persécution (Dufresnes *et al.*, 2018).

Finalement, les scientifiques mettent en évidence que **les populations actuelles ibériques et italo-alpines présentent une plus faible variabilité génétique** en comparaison aux autres populations européennes. En effet, en Europe de l'Est et dans une partie de l'Europe centrale les pressions anthropiques n'ont pas atteint un tel niveau : la diversité génétique y est restée relativement stable entre le 19ème et le 20ème siècle (Lucchini *et al.*, 2003 ; Hindrikson *et al.*, 2016 ; Dufresnes *et al.*, 2018).

Cas de la France et du retour du loup dit « italo-alpin »

En France, ce n'est qu'**au début des années 1990 que le Loup gris recolonise les régions alpines**. Les premiers individus observés dans le Mercantour proviennent du massif italien des Apennins (Landry, 2017). Dans les années 2000, une étude a mis en évidence un flux d'individus colonisateurs provenant d'Italie. Plus précisément, 8 à 16 individus sont identifiés comme étant à l'origine de la diversité génétique observée dans la population alpine à cette époque (Fabbri *et al.*, 2007). Au gré des migrations et des reproductions sur le territoire, la population française s'est ainsi développée. À la sortie de l'hiver 2023-2024, la population présente en France est alors estimée **entre 920 et 1 125 loups**.

Auparavant présentes uniquement dans les régions alpines, des **premières meutes sont aujourd'hui détectées dans le Massif Central et le Jura**. Certains individus en dispersion, en recherche de partenaires sexuels et de territoires, sont régulièrement observés loin des zones alpines, dans les Pyrénées ou encore dans le nord-est et l'ouest de la France. **Ces loups de lignée w22 commencent également à explorer les pays voisins**, où sont présentes d'autres lignées.

Grâce aux politiques de conservation de la seconde moitié du 20ème siècle (Convention de Berne de 1979 et Directive Habitat de 1992) on assiste à une **ré-expansion des populations de grands carnivores** en Europe (Hulva *et al.*, 2024). Dans ce contexte favorable aux déplacements du Loup gris, une **reconnexion entre les différentes lignées** de loups européennes n'est pas surprenante. Ainsi, le suivi des déplacements de loups de lignées différentes est essentiel pour mieux connaître la dynamique qui s'opère à travers l'Europe.

Il est tout de même important de noter que l'on nomme aujourd'hui faussement le loup « italien » ou « italo-alpin », en se basant sur son aire de répartition contemporaine. La lignée w22 était historiquement répartie au-delà de l'Italie et du massif alpin. L'haplotype w22 des loups contemporains a par exemple été détecté dans le génome d'anciens loups présents dans le nord de la France. Par ailleurs, avant la disparition progressive du loup dans l'Hexagone, 15 haplotypes différents y étaient historiquement présents. Une grande majorité sont des haplotypes aujourd'hui éteints (Dufresnes *et al.*, 2018).

Cette lignée w22 a survécu aux persécutions dans la moitié sud du massif des Apennins en Italie (Landry, 2017 ; Dufresnes *et al.*, 2018). L'effectif de ces loups ne se situait plus qu'aux alentours de 100 individus dans les années 70. C'est à partir de ce reliquat de population que les Alpes ont ensuite été recolonisées (Fabbri *et al.*, 2007).

L'étude des différentes lignées de loups en Europe : un suivi génétique en collaboration entre divers pays

Remonter à l'origine géographique des loups et suivre leurs déplacements grâce à la génétique est devenu tout à fait possible mais sollicite de lourds moyens et une collaboration entre les équipes de recherche. C'est pourquoi un protocole commun de **partage d'informations génétiques entre laboratoires** à l'international a été mis en place. Le suivi génétique des loups de différentes lignées s'appuie essentiellement sur l'étude de deux paramètres individuels, obtenus à partir de l'ADN retrouvé dans des échantillons biologiques : **la lignée génétique** (ou haplotype) et **le génotype**.

Les indices biologiques relevés sur le terrain

Les animaux laissent des traces ADN sur leur passage. À partir d'**indices biologiques** relevés sur le terrain tels que fèces, sang, urine, poils ou encore les dépouilles (Figure 3), il est possible **d'étudier des marqueurs génétiques situés sur des fragments d'ADN spécifiques** (Loup flash info n°14, 2021 ; Hindrikson *et al.*, 2016). Ces analyses sont effectuées par des laboratoires spécialisés.

À noter que **l'ADN prélevé sur le terrain est de l'ADN rare et qu'il peut avoir été altéré** par le soleil, la pluie, les contaminations génétiques par d'autres animaux ou par l'humain (notamment lors du prélèvement), ou encore les modalités de stockage. De ce fait, les séquençages peuvent être incomplets ou trop contaminés et les analyses se révèlent impossibles ou inexploitable. Une **expertise sur des critères de fiabilité** de l'analyse est donc systématiquement réalisée par les généticiens.



Figure 3 : Indices biologiques contenant de l'ADN de loup échantillonnés pour analyse. À gauche : poils retrouvés en avril 2023 sur des ronces suite à l'observation visuelle d'un loup dans le Finistère ©Mathieu Derouch. À droite : dépouille de loup récupérée en février 2024 suite à une collision routière en Seine-Maritime ©Nathalie Pfeiffer.

Comment connaître la lignée génétique ?

Plusieurs types d'ADN sont présents dans chacune des cellules et constituent le patrimoine génétique d'un individu. C'est l'**ADN mitochondrial (ADNmt)** qui se transmet **par la mère** à sa descendance qui comporte l'information concernant la **lignée**. Cette information génétique unique se propage donc de génération en génération. Le séquençage de l'ADNmt est effectué sur des portions bien spécifiques que l'on nomme des régions de contrôle. Chaque haplotype a ses spécificités (à savoir un ou plusieurs points de mutation), lesquelles sont référencés dans une banque de donnée mondiale appelée « GenBank ».

La « GenBank » est alimentée en permanence par les chercheurs du monde entier. La **comparaison de la séquence** obtenue avec la banque de donnée permet d'identifier la lignée génétique d'appartenance de l'animal.

Plusieurs **nomenclatures** ont été utilisées pour référencer les différents haplotypes de loup. **La dernière en date pour l'Europe est de 2010** : les haplotypes sont **notés « HW.. »** pour « Haplotype Wolf », et plus communément « **w..** » en France (Pilot et al., 2010).

Comment suivre les mouvements des individus des différentes lignées ?

Afin de suivre les déplacements des loups via des échantillons génétiques, il faut pouvoir distinguer les individus les uns des autres. Pour ce faire, les chercheurs vont scanner une autre partie du patrimoine génétique de l'animal présent dans l'**ADN nucléaire (ADNn)**. Celui-ci, **hérité pour moitié de chacun des deux parents**, est utilisé afin d'obtenir une carte d'identité génétique de chaque animal. Cette méthode de séquençage génétique, réalisée sur des portions spécifiques de l'ADNn, est appelée « **génotypage d'un individu** ». À noter que le génotypage est parfois impossible, bien que l'on ait pu déterminer d'autres paramètres tels que la lignée dans la première étape de l'analyse, pour des raisons liées à la qualité de l'échantillon.

Le laboratoire actuellement chargé de l'expertise génétique en **France** est Antagene©. Il transmet au réseau Loup-lynx un **numéro d'identifiant unique** pour chaque Loup gris identifié. Il se présente sous la forme « **Sxx-yyy** » pour « Session d'analyse n°xx - Identifiant du nouvel individu n°yyy » (Figure 4).

Les partenaires européens tels que l'Allemagne, la Belgique, les Pays-Bas et le Luxembourg travaillent avec un **consortium entre plusieurs laboratoires indépendants**, le CEWolfAlps, piloté par le laboratoire Senckenberg© (CEWolf consortium, 2024).

Ils utilisent d'autres bases de données de référence et d'autres marqueurs génétiques que le laboratoire Antagene©. Le code pour chaque individu est de la forme « **GWxxxSexe** » pour « Grey Wolf, n°xxx, Sexe mâle (m) ou femelle (f) ». Les analyses en République-Tchèque sont quant à elles effectuées par la Faculté des sciences de l'Université Charles, qui obtient un code sous la forme « **CWxx_yyySexe** ».

Concrètement, si un individu w1 est identifié en France, l'échantillon est envoyé aux laboratoires européens collaborateurs. Deux cas de figure sont alors possibles :

- s'ils l'ont déjà génotypé avant son arrivée en France, c'est-à-dire s'ils ont déjà retrouvé des indices lui correspondant sur leur territoire, ils peuvent retrouver l'individu détecté dans leur base de données ;

-si l'individu est inconnu, étant donné que les partenaires européens comparent systématiquement la génétique de nouveaux individus avec celle des animaux connus dans leur base de données, ils peuvent déterminer, « par assignation » la meute de naissance probable des loups. Cette assignation de parenté est plus ou moins certaine selon la qualité des séquences d'ADN et est donc à interpréter avec précaution.

Pour comprendre en détail ces analyses génétiques et leurs résultats en France, se référer au [Loup flash info n°14 \(2021\)](#).

Récapitulatif des détections de loups de lignées w1 et w2 en France entre 2017 et 2024

Un nombre croissant de détections de loups w1 et w2 depuis 2017

Au total, onze loups de lignée w1 et un loup de lignée w2 ont été détectés en France entre 2017 et 2024 (Figure 4). Ce sont tous des **mâles en dispersion**. Parmi les loups w1, cinq dépouilles sont recensées : deux d'entre elles correspondent à des loups tués dans le cadre de tirs réglementaires, les trois autres sont dues à des collisions routières.

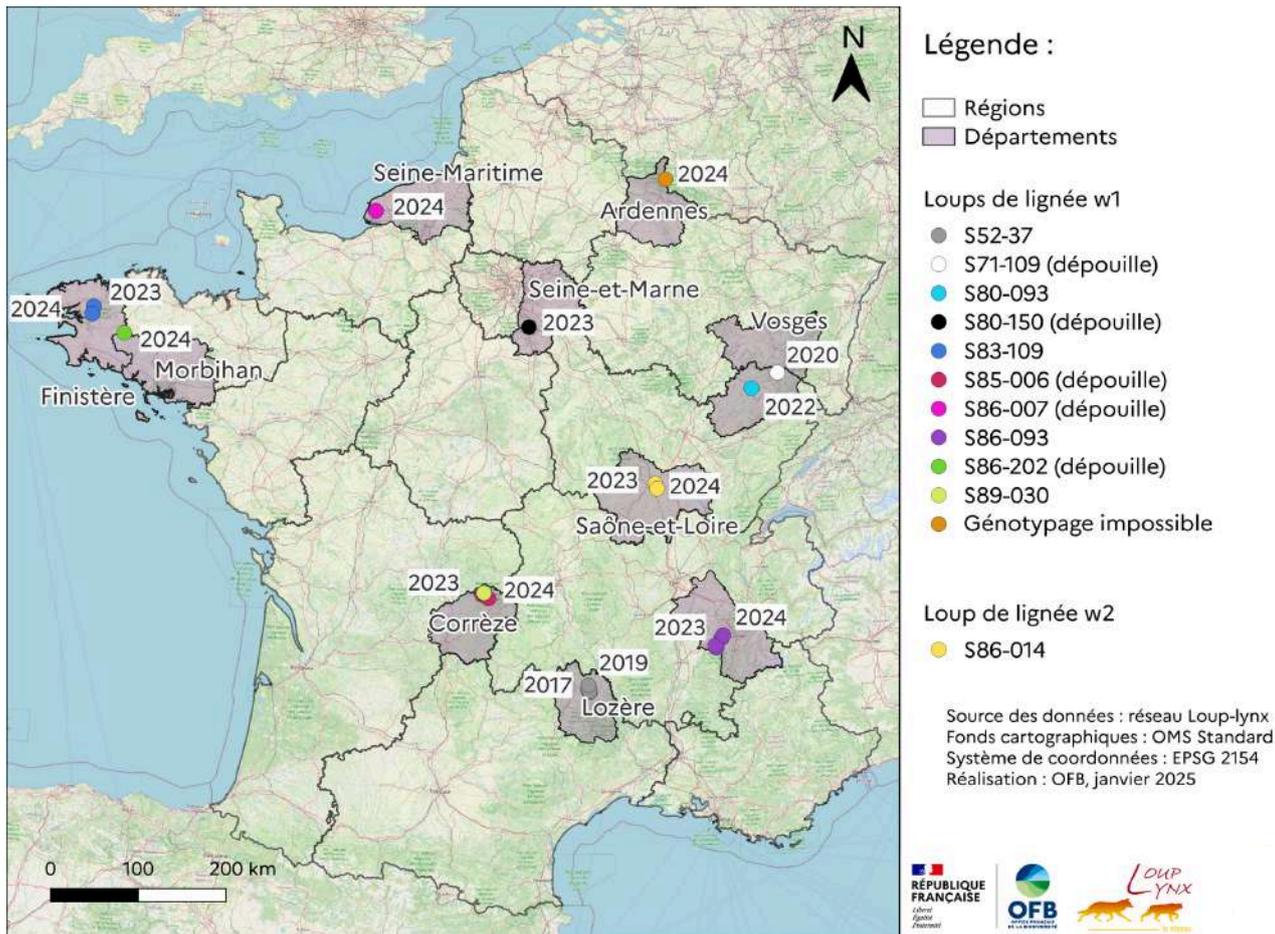


Figure 4 : Localisation des loups de lignée w1 et w2 identifiés en France entre 2017 et 2024.

C'est en 2017 que le premier loup n'appartenant pas à la lignée w22 est détecté. Il s'agit d'un mâle de lignée w1, dont des indices sont découverts à plusieurs reprises en Lozère, entre février 2017 et avril 2019. Entre 2020 et 2022, l'arrivée de ces loups est très sporadique puisque seulement deux individus w1 sont identifiés en trois ans.

Le phénomène de dispersion s'est amplifié ces deux dernières années. En 2023, quatre loups de lignée w1 ainsi qu'un loup de lignée w2 sont recensés. Sur l'année 2024, ce sont quatre nouveaux individus de lignée w1 qui sont identifiés grâce à la surveillance du réseau Loup-lynx qui couvre l'ensemble des départements français.

Les collaborations avec les autres pays ont ainsi permis de retracer bon nombre de ces cas de dispersion depuis leur première détection, voire leur lieu de naissance. L'origine de six individus a pu être identifiée avec certitude : ils proviennent de la population germano-polonaise. Ces cas sont présentés en détail dans le paragraphe suivant.

Présentation des déplacements des loups de lignées w1 et w2 identifiés en France

Sur les cartes suivantes, les localisations des loups dans les pays européens collaborateurs ont été situées grâce au nom de commune transmis lors d'échanges avec les équipes de recherche.

Loup détecté entre 2017 et 2019

En février 2017, le loup **S52-37** a été détecté en Lozère (48) dans le secteur de la Margeride. D'autres indices de présence sont collectés en 2018 et 2019 dans le même secteur, comme des photographies (Figure 5), des pistes et des échantillons génétiques.

Son parcours n'a cependant pas pu être retracé car à l'époque, les laboratoires européens n'ont pas échangé d'échantillons. L'analyse d'un échantillon d'urine de 2017, malheureusement de faible qualité (Antagene, 2018 ; ONCFS, 2018), et des pistes identifiant deux loups font supposer qu'il a pu être en compagnie d'un autre individu, mais le doute n'a pu être levé.



Figure 5 : Photographie obtenue par piège-photographique du loup S52-37 en Lozère (48) en juillet 2018 © Mathieu Carriere.



Figure 6 : Photo du loup S71-109, surnommé Billy, prise aux Pays-Bas dans la Réserve naturelle de Moerputten © Andre Bonga

Loup détecté en 2020

Le loup mâle **S71-109**, surnommé Billy par les collègues Belges (Figure 6), se fait connaître dans les Vosges (88) et en Haute-Saône (70) car il y cause des dégâts depuis la mi-août. Abattu dans les Vosges la nuit du 22 septembre 2020 dans le cadre d'un tir réglementaire, l'analyse génétique de la dépouille a ensuite révélé son appartenance à la lignée w1. **L'individu était connu des bases de données génétiques des partenaires européens** sous le nom de code GW1554m. Il avait un comportement très particulier puisqu'il s'introduisait dans les bâtiments d'élevage pour attaquer des bovins. Il était aussi observé de jour et a pu être photographié à plusieurs reprises. Son itinéraire a pu être retracé grâce aux analyses génétiques et à son comportement atypique.

D'après le laboratoire Senckenberg®, qui a pu étudier son origine potentielle par assignation, il est probablement né en 2019 dans une meute près de Meppen, en Basse-Saxe (Allemagne). **Échantillonné pour la première fois en janvier 2020 en Basse-Saxe**, il y est détecté jusqu'en avril 2020. Il est ensuite détecté en juin 2020 en Belgique. On estime qu'il a parcouru **plus de 720 km à vol d'oiseau** en quatre mois d'après les indices biologiques récoltés (Figure 7). En parallèle de ces détections grâce aux indices biologiques, des attaques lui ont été attribuées pour leur typicité : il serait resté entre avril et juin aux Pays-Bas, puis entre juin et juillet en Belgique avant d'arriver en France en août 2020, ce qui lui tracerait un parcours de plus de 1 000 km.

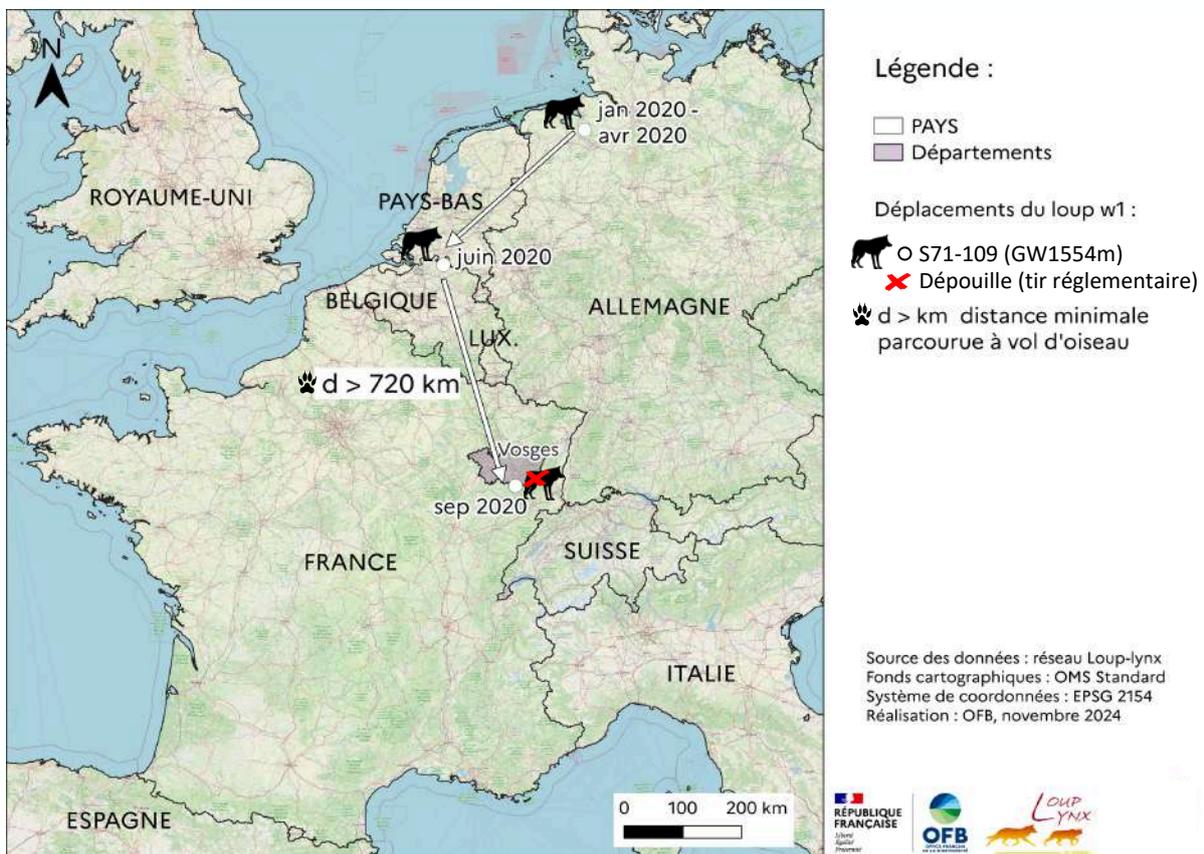


Figure 7 : Déplacements détectés par les données génétiques de l'individu w1 S71-109.

Loup détecté en 2022

🕒 L'individu **S80-093** est le troisième loup de lignée w1 à être identifié en juin 2022 grâce à un prélèvement de poils en Haute-Saône (70), orienté par l'observation visuelle d'un automobiliste. Aussi connu sous le nom de code GW1909m, il est né dans une meute allemande de Basse-Saxe, aux environs de Nordhorn, près de la frontière aux Pays Bas. Cette naissance date probablement du printemps 2020.

Il est localisé en Basse-Saxe jusqu'en en mai 2021 d'après les données génétiques. Après sa détection en France en juin 2022, c'est une nouvelle frontière qu'il franchit en février 2023 puisque des fèces sont échantillonnées sur la commune de Vilaller en Catalogne (**Espagne**), au sud du massif pyrénéen. Il a parcouru **plus de 1 240 km** à vol d'oiseau (Figure 8), ce qui représentait jusqu'à très récemment le plus grand événement de dispersion d'un Loup gris connu en Europe.

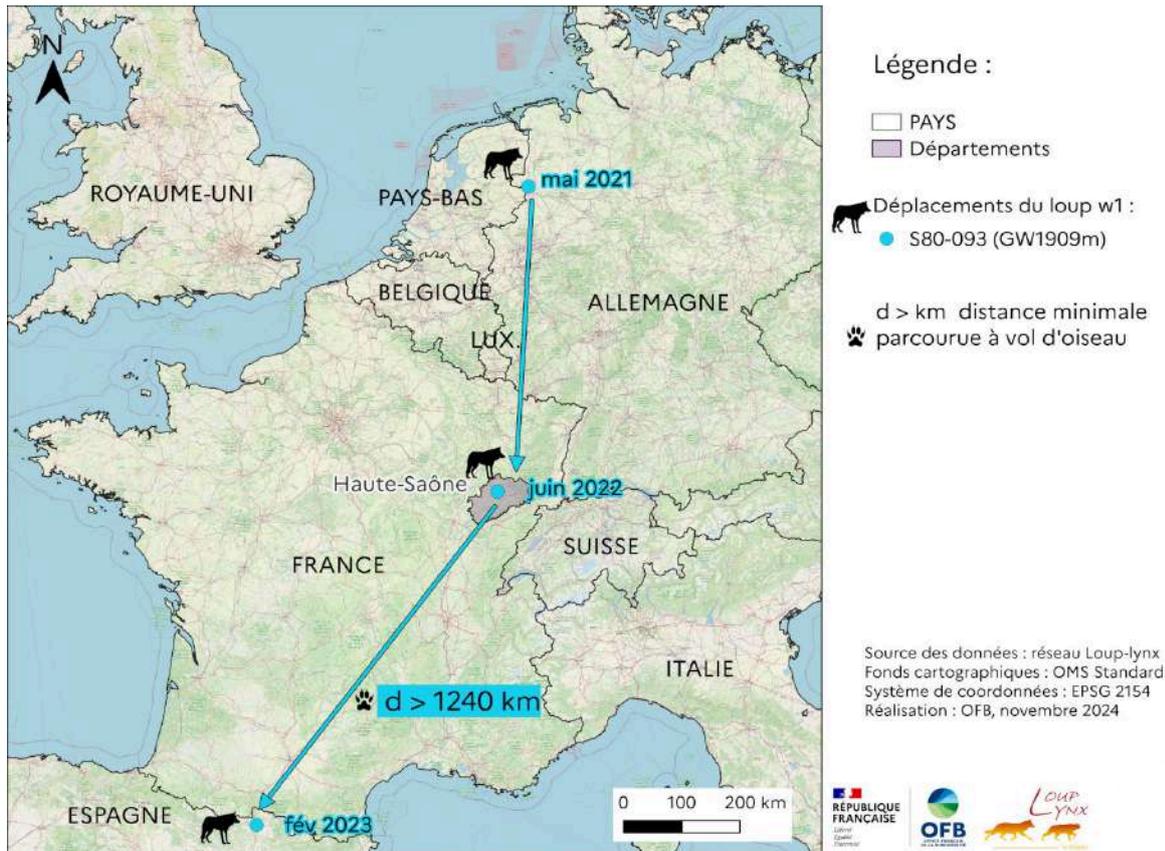


Figure 8 : Déplacements détectés par les données génétiques de l'individu w1 S80-093

Loups détectés en 2023

🕒 Le premier loup d'haplotype w1 identifié en 2023 est l'individu **S80-150** (Figure 9). Sa dépouille est découverte en janvier 2023 à la suite d'une collision routière à proximité de Fontainebleau, en Seine-et-Marne (77).

Les échanges en novembre 2024 avec les partenaires européens ont permis de retracer ses déplacements : après recoupement avec les collègues du consortium CEWolfAlps, il apparaît que **ce loup est originaire de République-Tchèque et a parcouru plus de 1 370 km à vol d'oiseau**, ce qui en fait une des plus grandes distances aujourd'hui connues, dépassant même celle du loup S80-093 (Figure 8).

Né en 2020 ou 2021 dans une meute au sud-ouest de la République-Tchèque, il a ensuite été détecté en février 2022 près de la commune de Heřmánkovice, au nord du pays. Il est ensuite parti au sud-ouest de l'Allemagne, à la frontière avec le département français du Haut-Rhin : il a en effet été échantillonné à deux reprises dans le district de Baden-Württemberg, en juillet puis août 2022 (Figure 9).

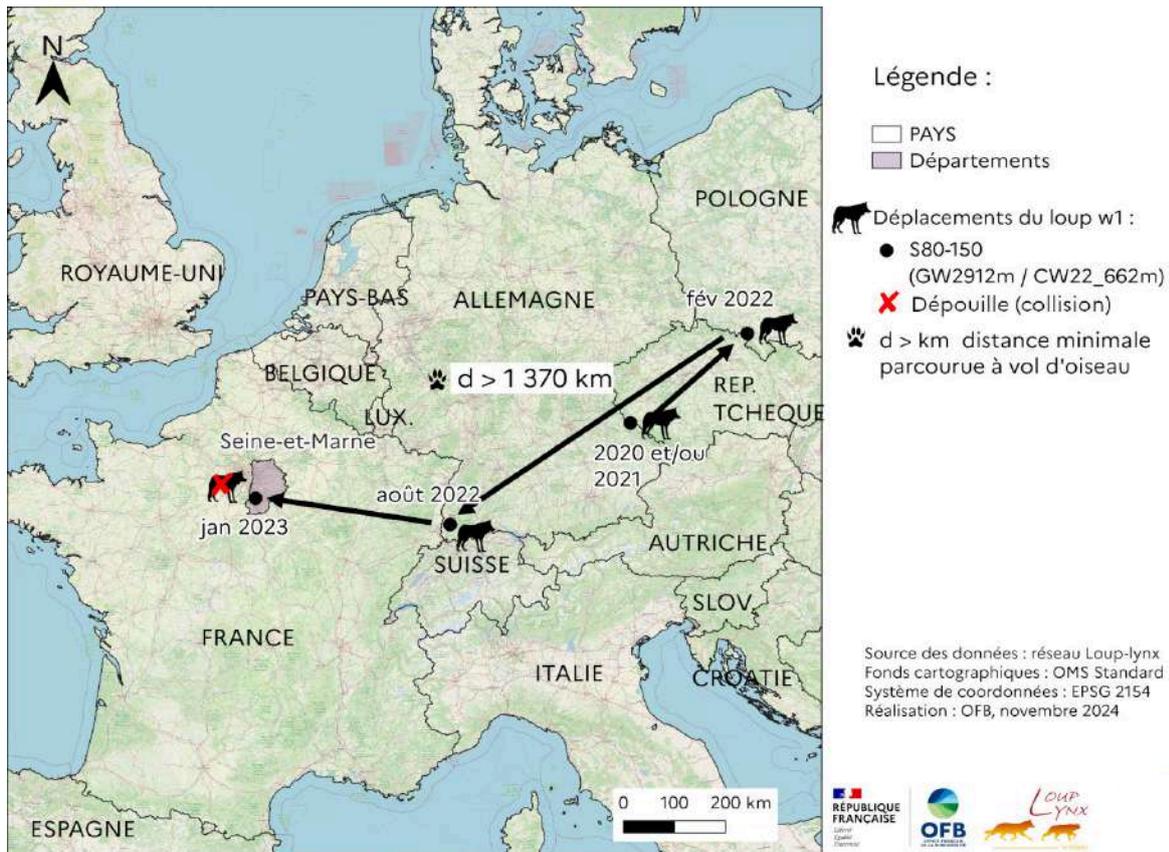


Figure 9 : Déplacements détectés par les données génétiques de l'individu w1 S80-150.

🐾 En avril 2023, des fèces appartenant à un loup d'haplotype w1 sont retrouvés en Corrèze (19) et l'identifient comme l'animal **S85-006** (ou GW4079m). Il est tué lors d'un tir réglementaire le 11 mai 2023. Plusieurs fois photographié (Figure 10), ce loup était probablement présent dès 2021, année à partir de laquelle il y a eu les premières attaques de loup en Corrèze.

L'origine de S85-006 n'a pas pu être déterminée avec certitude, mais **par assignation, son génotypage pourrait correspondre à celui d'un loup issu d'une meute connue de Wertle**, en Basse-Saxe (Allemagne), près de la frontière aux Pays-Bas, ce qui correspondrait à 900 km à vol d'oiseau (Figure 12).



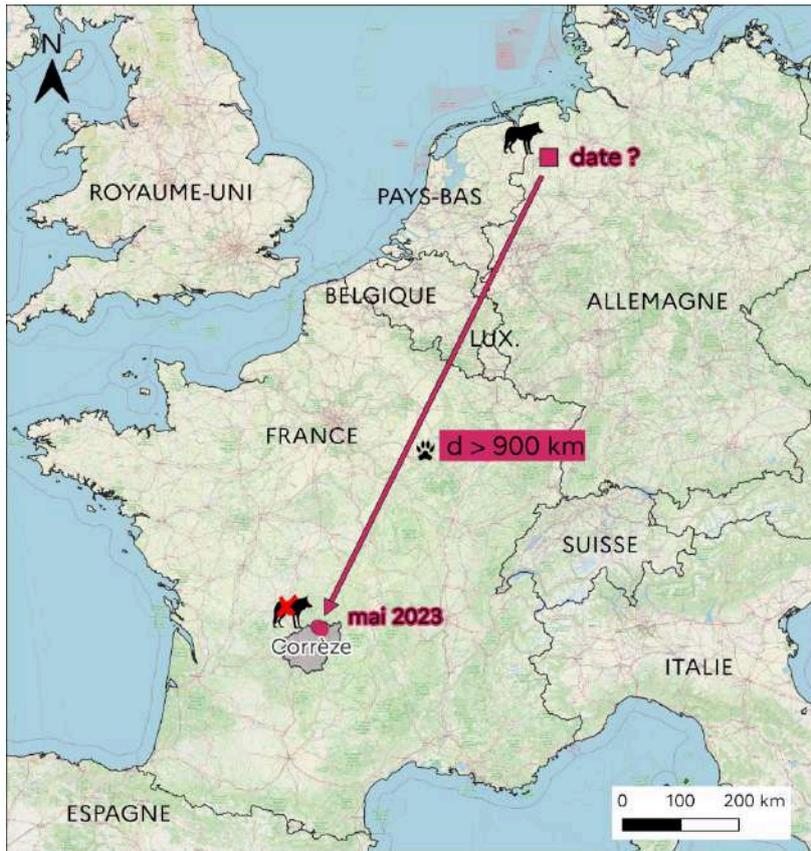
Figure 10 : Photographie du loup S85-006 en Corrèze (19) en mai 2022 © PNR de Millevaches en Limousin.

🐾 Un autre déplacement majeur en 2023 concerne le tout premier loup repéré en Bretagne (Figure 11). Il s'agit de l'individu **S83-109** (GW2419m) de lignée w1 et dont des poils collectés en avril 2023 vont confirmer la présence dans les Monts-d'Arrée dans le département du Finistère (29). Cet individu avait déjà été **identifié trois fois en novembre 2021 en Allemagne** suite à des attaques de bétail : son premier typage remonte au 18 novembre 2021 sur la commune de Sandstedt, au nord-ouest de la Basse-Saxe.

Lui aussi a probablement traversé la Belgique et les Pays-Bas avant d'arriver en France. Son parcours est de **plus de 1 080 km à vol d'oiseau** (Figure 13). Plusieurs photographies et vidéos ont pu être prises en Bretagne à partir de mai 2022, date où une première vidéo avait pu être enregistrée par un correspondant du réseau dans la Réserve Naturelle des monts d'Arrée. Ce même individu est de nouveau identifié dans les Monts-d'Arrée en février 2024 après une analyse de fèces.



Figure 11 : Photographie du loup S83-109 dans les Monts-d'Arrée (29) en avril 2023 © Bodenan Anthony.



Légende :

- PAYS
- ▨ Départements

Déplacements du loup w1 :

- S85-006 (GW4079m)
- lieu de naissance probable
- X Dépouille (tir réglementaire)

d > km distance minimale parcourue à vol d'oiseau

Source des données : réseau Loup-lynx
Fonds cartographiques : OMS Standard
Système de coordonnées : EPSG 2154
Réalisation : OFB, novembre 2024



Figure 12 : Déplacements détectés par les données génétiques de l'individu w1 S85-006.



Légende :

- PAYS
- ▨ Départements

Déplacements du loup w1 :

- S83-109 (GW2419m)

d > km distance minimale parcourue à vol d'oiseau

Source des données : réseau Loup-lynx
Fonds cartographiques : OMS Standard
Système de coordonnées : EPSG 2154
Réalisation : OFB, janvier 2025



Figure 13 : Déplacements détectés par les données génétiques de l'individu w1 S83-109.

En Isère (38), un individu w1 de nom de code **S86-093** est détecté en décembre 2023. Il est de nouveau identifié en janvier et février 2024 dans le même périmètre grâce à différents échantillons génétiques. Il n'était pas connu de la base de données des collaborateurs européens.

Habituellement, les loups de lignées w1 identifiés sont observés seuls et plutôt en front de colonisation, dans des secteurs peu ou pas fréquentés par d'autres loups. Dans le cas de cet animal, c'est la **première fois que l'on observe un individu sur une zone occupée par deux meutes** (Coulmes et Vercors nord).



Figure 14 : Photographie prise en Isère (38) en mai 2024 d'un loup qui pourrait correspondre à S86-093. © J-C.Dulith.

Enfin, le premier loup de lignée w2 détecté en France est échantillonné à Morey en Saône-et-Loire (71) en décembre 2023 (Figure 15). Le prélèvement de sang l'identifiant fait suite à un tir de défense.

L'individu **S86-014** (ou GW2488m) est de nouveau détecté en janvier 2024 grâce à des prélèvements de poils sur la commune de Marcilly-lès-Buxy (71). D'après les partenaires européens, il était déjà connu de leur base de données comme provenant d'une meute allemande de la commune de Rehburg, au centre de la Basse-Saxe. **Il y a été détecté par la génétique pour la première fois en octobre 2021.** Il a ensuite été repéré à plusieurs reprises dans le secteur de Drenthe aux Pays-Bas entre juillet et octobre 2022, puis en Belgique en novembre 2022 et enfin près de Troine au Luxembourg en janvier 2023, avant d'arriver en France. Son trajet est estimé à **plus de 860 km à vol d'oiseau** (Figure 16).



Figure 15 : Photographie du loup S86-014 en Saône-et-Loire (71) en janvier 2024 © OFB SD71.

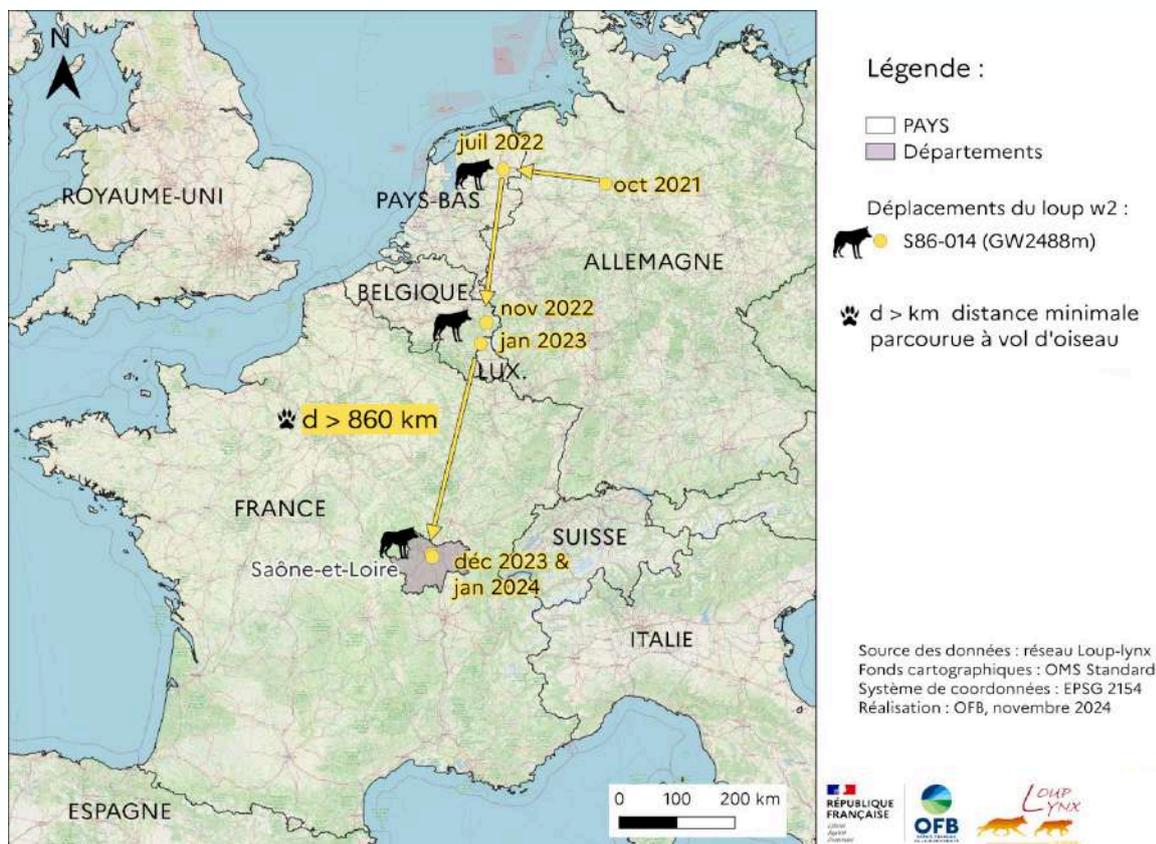


Figure 16 : Déplacements détectés par les données génétiques de l'individu w2 S86-014.

Loups détectés en 2024

Un cadavre retrouvé en janvier 2024 dans le Morbihan (56) est attribué à un loup de lignée w1, de nom de code **S86-202**. Suite à sa mort (par collision), il n'y a plus eu d'attaques dans la zone alors que des constats y étaient recensés depuis l'automne 2023. **L'individu n'a pas encore pu être identifié** dans les bases de données des partenaires européens.

Un loup d'haplotype w1 de code **S86-007** (ou GW3229m) a été retrouvé mort en Seine-Maritime (76) le 9 février 2024 dans le secteur de Manéglise. La découverte de la dépouille fait suite à une collision routière (Figure 3). L'animal serait a priori né en 2022 dans une meute des Hautes-Fagnes du Nord, en Belgique, près de la frontière allemande. **Le dernier contact confirmé par les équipes locales en charge du suivi en Belgique remonte à janvier 2023**. Son trajet est de plus de 430 km à vol d'oiseau (Figure 17).

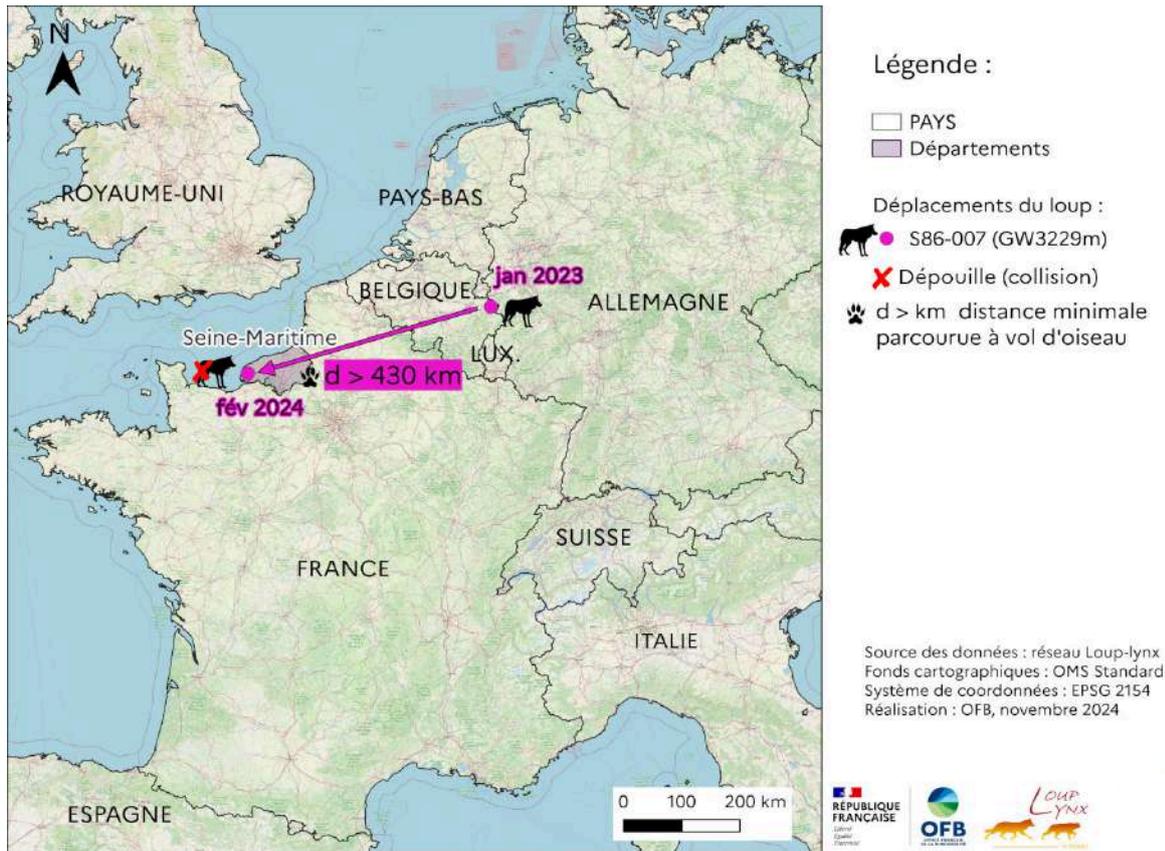


Figure 17 : Déplacements détectés par la génétique de l'individu w1 S86-007.

Un autre loup de lignée w1 est identifié en Corrèze (19) en juillet 2024 grâce à des prélèvements de sang récoltés dans le cadre d'un tir réglementaire. La présence en Corrèze de **S89-030** remonterait à juin 2024 d'après les dommages constatés et une observation visuelle en juillet. D'après les photographies, il était accompagné par un autre loup encore non génotypé. Les données génétiques n'ont pas encore été échangées avec les pays collaborateurs à son sujet.

Un dernier loup de lignée w1 est détecté dans les Ardennes (08) en avril 2024. **L'ADN récolté n'est pas de qualité suffisante pour être génotypé** ni par Antagene®, ni par les laboratoires des partenaires européens (icône orange « Génotypage impossible » Figure 4).

Les enjeux de conservation en lien avec l'arrivée de nouvelles lignées de loups

Un brassage génétique en perspective à l'échelle européenne

La rapidité de déplacement et la discrétion du loup font que l'espèce passe souvent inaperçue. Si les avancées de la génétique ont tout de même permis de **certifier la présence entre 2017 et 2024 de plusieurs loups w1 et w2** transitant

en France, il n'est pas à exclure que d'autres individus aient échappé aux radars. Ces loups, qui sont tous des mâles en dispersion, proviennent de la **population germano-polonaise**.

Le nom de cette population a été attribué en lien avec **son aire de répartition (Allemagne et Pologne)**. Cette dernière ne s'est constituée que très récemment, au gré des migrations et des reproductions des loups provenant du nord-est de la Pologne à la fin des années 1990 (DBBW-E, 2024). Très majoritairement représentés par les lignées w1 et w2, les individus germano-polonais sont génétiquement proches des loups présents dans la population balte (Hindrikson *et al.*, 2016). Elle s'est étendue ces dix dernières années aux Pays-Bas, au Danemark, en Belgique et en République-Tchèque.

Ces informations concernant les différentes lignées et les mouvements entre populations sont précieuses quant à l'évolution des populations de loups en Europe.

Le suivi de la reproduction entre lignées européennes

En France, aucun cas de reproduction n'est encore identifié entre des loups de lignée w1 ou w2 et les loups de lignée w22. Mais il faut souligner qu'il s'agit d'une information difficile à obtenir par les méthodes génétiques aujourd'hui employées. En effet, la lignée génétique est identifiée en laboratoire grâce à l'ADN mitochondrial (ADN mt) transmis uniquement par la mère. **Comme tous les individus w1 et w2 identifiés à ce jour sont des mâles, ils ne vont pas transmettre leur ADNmt à leur descendance, qui sera vraisemblablement de lignée w22 comme la mère.**

Des cas de reproduction entre ces lignées ont tout de même pu être suivis dans d'autres pays d'Europe. Des loups en dispersion de lignée w22, originaires de France ou d'Italie, sont de plus en plus régulièrement détectés dans les pays voisins et certains se sont installés au sein de meutes avec un loup de la population locale. Certains territoires sont devenus des **carrefours** entre différentes populations. Différents haplotypes provenant des populations italo-alpines, carpiennes, baltes et balkaniques sont régulièrement détectés depuis les années 2000 en Autriche (Marucco *et al.*, 2012).

À la frontière entre la République-Tchèque et l'Allemagne, en **forêts bavaroise et bohémienne**, deux meutes récemment constituées ont été étudiées. Elles sont composées de loups de lignée w1, excepté **un loup mâle de lignée w22** dans la plus grande meute. Ce mâle reproducteur a déjà donné **plusieurs descendants**. La transmission des gènes de lignée ne se faisant que via l'ADNmt maternel, ses descendants sont **de lignée w1**. Cependant, l'analyse poussée qui a pu être mise en œuvre lors de cette étude sur les séquences d'ADN nucléaire (d'origine biparentale) **montre bien une part de mélange génétique plus important dans la meute comprenant le mâle w22** (Hulva *et al.*, 2024).

On peut affirmer qu'**une reconexion entre les différentes populations européennes**, après plusieurs décennies d'isolement, s'est bel et bien amorcée en Europe. Le **brassage génétique** est un processus évolutif clé : la variabilité génétique intra-populationnelle confère une meilleure **résilience** et une meilleure **capacité d'adaptation** aux espèces. Ainsi, ce brassage pourrait être **particulièrement bénéfique aux populations de l'ouest de l'Europe, notamment aux populations italo-alpine et ibérique**, dont la variabilité génétique reste faible comparée aux autres populations européennes (Lucchini *et al.*, 2003 ; Hindrikson *et al.*, 2016 ; Dufresnes *et al.*, 2018).

D'après les partenaires européens, une meute mixte entre un **mâle de lignée w22 et une femelle w1 s'est formée en Wallonie**, en Belgique, près de la frontière allemande. Elle s'est **déjà reproduite en 2023**, donnant des louveteaux de lignée w1, comme la mère. Une autre portée a été recensée en 2024, cette fois côté allemand (Réseau Loup – Wallonie, 2024). D'autres individus w22 en dispersion sont présent en 2024 au sud-ouest de la région wallonne.

En Espagne, des loups en dispersion de lignée w22 traversent les Pyrénées depuis une vingtaine d'années (Salvoch I., 2021). Aucune constitution de meute avec les populations locales, situées plus à l'ouest, n'était jusqu'alors connue. Néanmoins, à **partir 2023**, une meute mixte est suivie près d'Alcañiz en Aragon (Castel L., 2023). Il s'agit d'un couple formé d'un loup **mâle italo-alpin de lignée w22 et d'une femelle ibérique**. Ces deux loups ont des caractères phénotypiques très différents, ce qui facilite leur suivi. Cependant, même si la femelle semblait en gestation en 2023, **aucun louveteau** n'est né cette année-là. D'après les autorités locales, elle est morte courant 2024, vraisemblablement de maladie (Defior E., 2024).

Quant au premier loup de lignée w1 détecté en Espagne, de nom de code **S80-093** (présenté page 8) il n'a pas été repéré ultérieurement. On ne sait donc pas s'il constituera une meute avec une femelle ibérique.

Conclusion

Au total, **douze loups provenant de la population germano-polonaise** (onze individus d'haplotypes w1 et un individu d'haplotype w2) ont été identifiées **entre 2017 et 2024** en France, chiffre qui devrait logiquement augmenter dans les années à venir. Cette tendance s'inscrit dans le cadre de la **reconquête des territoires par cette espèce protégée**, dont l'aire de répartition historique comprenait l'intégralité du territoire européen. Les politiques de conservation mises en œuvre à l'échelle européenne semblent porter leurs fruits, permettant la reconnexion entre des lignées génétiques longtemps isolées.

Cette série de cas montre le **potentiel dispersif et opportuniste de l'espèce**, capable d'explorer des territoires très lointains. On remarque que les loups de la population germano-polonaise détectés en France proviennent de l'**ouest de cette population, principalement de Basse-Saxe allemande**. C'est dans des régions très variées qu'ils ont ensuite été détectés en France, dans des zones où peu, voire aucun loup, n'était présent auparavant.

Ainsi, si **un axe est-ouest semble se dessiner** pour ces premiers loups w1 et w2 dans le cadre de leurs déplacements à grande distance, **les zones où ils décident de s'installer restent imprévisibles**.

Pour conclure, ces données montrent l'**importance du suivi génétique** mis en œuvre par le réseau Loup-lynx afin de suivre la dynamique des populations de loup. Elles servent par ailleurs au **suivi national et européen du loup**, puisque les données sont régulièrement partagées entre les équipes de recherche. **Cette collaboration est essentielle** afin de suivre les déplacements transfrontaliers des loups et de s'assurer parallèlement de l'efficacité des politiques de conservation à l'échelle du continent. **La poursuite des activités du réseau Loup-lynx**, à travers la collecte d'indices biologiques sur le terrain, est donc fondamentale au suivi de l'espèce.



©Jessica Barbet

Bibliographie

Ouvrage

Landry, Jean-Marc. *Le Loup*. Delachaux et Niestlé, 2017.

Articles scientifiques

de Beaufort, F. « Le loup en France : éléments d'écologie historique ». *Artois, M. and Delattre, P. [1]*, 1-32. 1987. Société Française pour l'Etude et la Protection des Mammifères. Encyclopédie des Carnivores en France. https://www.loupfrance.fr/wp-content/uploads/De-beaufort1987AtlasSFEPM_Loup-en-France.pdf

Dufresnes, Christophe, *et al.* « Howling from the Past: Historical Phylogeography and Diversity Losses in European Grey Wolves ». *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, vol. 285, n° 1884, août 2018, p. 20181148. DOI.org (Crossref), <https://doi.org/10.1098/rspb.2018.1148>

Fabbri, Elena, *et al.* « From the Apennines to the Alps: Colonization Genetics of the Naturally Expanding Italian Wolf (*Canis Lupus*) Population ». *Molecular Ecology*, vol. 16, no 8, avril 2007, p. 1661-71. DOI.org (Crossref), <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03262.x>

Hindrikson, Maris, *et al.* « Wolf Population Genetics in E Urope: A Systematic Review, Meta-analysis and Suggestions for Conservation and Management ». *Biological Reviews*, vol. 92, n° 3, août 2017, p. 1601-29. DOI.org (Crossref), <https://doi.org/10.1111/brv.12298>

Hulva, Pavel, *et al.* « Wolves at the Crossroad: Fission–Fusion Range Biogeography in the Western Carpathians and Central Europe ». *Diversity and Distributions*, *édité par Jeremy Austin*, vol. 24, n° 2, février 2018, p. 179-92. DOI.org (Crossref), <https://doi.org/10.1111/ddi.12676>

Hulva, Pavel, *et al.* « Genetic Admixture between Central European and Alpine Wolf Populations ». *Wildlife Biology*, mars 2024, p. e01281. DOI.org (Crossref), <https://doi.org/10.1002/wlb3.01281>

Lucchini, V., *et al.* « Evidence of Genetic Distinction and Long-term Population Decline in Wolves (*Canis Lupus*) in the Italian Apennines ». *Molecular Ecology*, vol. 13, n° 3, mars 2004, p. 523-36. DOI.org (Crossref), <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2004.02077.x>

Pilot, Małgorzata, *et al.* « Phylogeographic History of Grey Wolves in Europe ». *BMC Evolutionary Biology*, vol. 10, n° 1, 2010, p. 104. DOI.org (Crossref), <https://doi.org/10.1186/1471-2148-10-104>

Sites internet

DBBW-E. *Genetic monitoring of wolves*. DBBW- Documentation and Federal Advisory Council on topic wolf, <https://www.dbbw-wolf.de/wolf-management//genetic-investigations>. Consulté le 18 décembre 2024.

CEwolf consortium. *Genetic monitoring of wolves*, Senckenberg Society for Nature Research, <https://www.senckenberg.de/en/institutes/senckenberg-research-institute-natural-history-museum-frankfurt/division-river-ecology-and-conservation/cewolf-consortium/>. Consulté le 18 décembre 2024.

OFB , *Situation loup sur le territoire français* | Le loup en France. 9 octobre 2018, <https://www.loupfrance.fr/suivi-du-loup/situation-du-loup-en-france/>

Réseau Loup - Wallonie. *La biodiversité en Wallonie*. <https://biodiversite.wallonie.be/fr/les-loups-wallonie.includehtml?IDC=6456>. Consulté le 17 décembre 2024.

Rapports techniques et conférences

Antagène. *Rapport d'Expertise*. ONCFS, Unité Prédateurs - Animaux déprédateurs Direction de la Recherche et de l'Expertise, 7 juin 2018, https://www.loupfrance.fr/wp-content/uploads/ANTAGENE_Rapport-Loup_20180706.pdf

DR Occitanie - Unité grands prédateurs terrestres. *Présence du loup en Lozère, Chanac*. OFB, Unité grands prédateurs terrestres, 7 juillet 2021, https://www.lozere.gouv.fr/content/download/27018/193949/file/ofb_presentation_20210707.pdf

Réseau Loup-lynx. *Loup Flash info - Restitution des données génétiques collectées par les correspondants*. 14, OFB, Mai 2021, p. 53, https://www.loupfrance.fr/wp-content/uploads/FLASH_DONNEES_GENETIQUES_2021.pdf

Marucco, Duchamp et al. 2012. *Wolf monitoring in the Alps*, p. 22. https://www.alpconv.org/fileadmin/user_upload/downloads/downloads_en/2_organisation_en/organisation_thematicworkingbodies_en/Large_Carnivores_Wild_Ungulates_and_Society_Platform_WISO/Monitoring_of_wolves_in_the_Alps_Francesca_Marucco_27.4.2012.pdf

ONCFS - Direction de la Recherche et de l'Expertise Unité Prédateurs et Animaux Déprédateurs (PAD) et Direction régionale Occitanie - Cellule technique. *Note technique : Complément d'analyse génétique sur loup de lignée non italo-alpine - Lozère*. NT/2018/DRE/UPAD/11, Juillet 2018, p. 4, https://www.loupfrance.fr/wp-content/uploads/Note-Technique_Loup-non-italo-alpin_20180731.pdf

Articles de journaux

Castel, Laura. « La pareja de lobos de gran valor biológico sigue en Alcañiz ». *La Comarca*, 28 septembre 2023. <https://www.lacomarca.net/pareja-lobos-gran-valor-biologico-sigue-alcaniz/>

Chesseneau D., Coquelle M., Duchamp C., Steinmetz J. « Un mouvement de dispersion d'un loup *Canis lupus* à très grande distance détecté grâce au suivi génétique en Europe occidentale ». *Le loup en France*. 18 mars 2024. <https://www.loupfrance.fr/un-mouvement-de-dispersion-dun-loup-canis-lupus-a-tres-grande-distance-detecte-grace-au-suivi-genetique-en-europe-occidentale/>

Defior, Eva. « La loba de Alcañiz podría haber muerto tras sufrir varias patologías ». *La Comarca*, juin 2024. <https://www.lacomarca.net/loba-alcaniz-podria-haber-muerto-sufrir-varias-patologias/>

Schwoerer M-L. « Bilan du suivi du Loup gris dans le Grand Est ». *Le loup en France*. 18 février 2021. <https://www.loupfrance.fr/bilan-du-suivi-du-loup-gris-dans-le-grand-est/>

Salvoch, Iñigo. « El lobo se acerca a Navarra por el valle de Roncal ». *Diario de Navarra*, 17 août 2021. <https://www.diariodenavarra.es/noticias/navarra/sanguesa-merindad/2021/08/17/el-lobo-acerca-navarra-el-valle-roncal-497580-1010.html>

Remerciements

Nous tenons à remercier tous les membres du réseau et observateurs pour leur implication. Ce travail aura notamment permis d'illustrer ce numéro de Loup flash info.

Ont collaboré à ce numéro

Directeur de rédaction : Nicolas JEAN.

Rédaction : Jessica BARBET.

Relecture : Samuel DEMBSKY, Christophe DUCHAMPS, Fiona GAUMARD, Nicolas JEAN, Nathalie PFEIFFER, Marie-Laure SCHWOERER, Julien STEINMETZ et Franck VARAGNAT.

Cartographies (réalisés avec QGIS version 3.34.7) : Jessica BARBET.

Conception graphique et mise en page (réalisé avec Canva) : Jessica Barbet et Fiona GAUMARD.