

Variation génétique et statut subsppécifique du loup gris (*Canis lupus*) en Arabie Saoudite



ELSEVIER

Contents lists available at ScienceDirect

Mammalian Biology

journal homepage: www.elsevier.com/locate/mambio

Short Communication

Genetic variation and subspecific status of the grey wolf (*Canis lupus*) in Saudi Arabia

Timothy C. Bray^{a,*}, Osama Badri Mohammed^a, Thomas M. Butynski^{b,c,1},
Torsten Wronski^d, Mohamed Abdelkader Sandouka^{b,c}, Abdulaziz Nasser Alagaili^{a,e}

^a KSU Mammals Research Chair, Department of Zoology, College of Science, King Saud University, P.O. Box 2455, Riyadh 11451, Saudi Arabia

^b King Khalid Wildlife Research Centre, Saudi Wildlife Authority, Thumamah, P.O. Box 61681, Riyadh 11575, Saudi Arabia

^c Conservation Programmes, The Zoological Society of London, Regents Park, London NW1 4RY, United Kingdom

^d Department of Wildlife & Aquatic Resources Management, College of Agriculture, Animal Sciences and Veterinary Medicine, University of Rwanda, P.O. Box 57, Nyagatare, Rwanda

^e Saudi Wildlife Authority, P.O. Box 61681, Riyadh 11575, Saudi Arabia

Mammal. Biol. (2014), <http://dx.doi.org/10.1016/j.mambio.2014.06.005>

Résumé

Cette étude représente la plus vaste étude génétique du loup gris (*Canis lupus* Linnaeus, 1758) en Arabie et la première à prendre en compte des données génétiques provenant de plusieurs sites en Arabie Saoudite. La suggestion précédente de l'existence de deux sous-espèces de loups en Arabie n'est pas soutenue par cette étude. Les preuves génétiques suggèrent que les loups d'Arabie Saoudite sont génétiquement variables et plus étroitement liés au groupe des loups Eurasiens *Canis lupus* (chien inclus) qu'au loup indien *C. l. pallipes*. La diversité génétique observée pour *C. lupus* en Arabie Saoudite indique que le statut subsppécifique *C. l. arabs* devrait être retenu pour le loup arabe. On ne sait toujours pas dans quelle mesure l'introgession génétique à partir des chiens domestiques a influencé la composition et l'intégrité de *C. lupus* en Arabie Saoudite.

La diversité du loup gris, ainsi que la validité et les distributions des nombreuses sous-espèces décrites, sont loin d'être résolues (Rueness et al., 2011 ; Gaubert et al., 2012). Cela est dû en partie à la très large distribution de *C. lupus* ainsi qu'aux interactions entre les sous-espèces (UICN, 2013). Des preuves suggèrent que *C. lupus* a été le premier animal à être domestiqué par les humains (Clutton-Brock, 1995) et de multiples origines de domestication ont été suggérées, plus récemment en Asie du Sud-Est (Pang et al., 2009) ainsi qu'au Moyen-Orient et en Europe (vonHoldt et al., 2010). Les plus anciens restes de chien (*C. l. familiaris*) dans les archives archéologiques ont été décrits en Belgique, au Moyen-Orient et en Russie occidentale il y a 12-31 000 ans (Dayan, 1999 ; Germonpré et al., 2009). En raison de la divergence récente entre les populations sauvages de *C. lupus* et de chiens, la similarité génétique est élevée (~99,4% d'identité du génome mitochondrial ; Arnason et al., 2007). Cela est probablement attribuable au flux génétique continu entre les loups sauvages et les chiens domestiques (Khosravi et al., 2013). Il n'est pas surprenant que *C. l. familiaris* s'hybride avec ses géniteurs sauvages dans un paysage de plus en plus dominé par l'homme (Anderson et al., 2009), bien qu'il y ait une absence notable d'introgession génétique évidente de *C. l. familiaris* sur certains sites (par exemple, en Lituanie ; Baltrunaite et al., 2013). Avec l'augmentation des populations humaines (et, par association, de *C. l. familiaris*), les possibilités d'introgession génétique sont de plus en plus nombreuses et érodent la diversité des populations

sauvages de *C. lupus*, comme on l'observe chez le chat sauvage (*Felis sylvestris*) (par exemple, Beaumont et al., 2001).

Des recherches génétiques approfondies ont été menées dans le monde entier sur les populations de *C. lupus*, mais il est difficile de comparer les études en raison de l'utilisation d'un seul des deux gènes mitochondriaux (plutôt que les deux) : la région de contrôle (CR), ou le cytochrome *b* (*cytb*), ou l'un des nombreux microsatellites nucléaires disponibles. Même lorsqu'il existe des installations permettant d'utiliser des microsatellites, le grand nombre disponible signifie qu'il n'y a régulièrement aucun loci chevauchant entre les études (par exemple, Baltrunaite et al., 2013 ; Cohen et al., 2013 ; Khosravi et al., 2013 ; = 52 loci non chevauchants).

Canis lupus est le grand carnivore sauvage le plus commun en Arabie saoudite ; un chiffre putatif situe la taille de la population à >500 individus (Mech et Boitani, 2004). Il existe une incertitude quant au statut subsppécifique de *C. lupus* en Arabie Saoudite. Certaines sources indiquent la présence du loup Indien (*C. l. pallipes* ; Sharma et al., 2004 ; Rueness et al., 2011) en Arabie Saoudite, tandis que d'autres indiquent la présence du loup Eurasien (*C. l. lupus* ; Vilà et al., 1997). Harrison et Bates (1991) suivent Pocock (1934) en assignant *C. lupus* d'Arabie Saoudite à une troisième sous-espèce, le loup arabe *C. l. arabs*, mais certains chercheurs ne reconnaissent pas cette sous-espèce (par exemple, Mech et Boitani, 2004 ; Rueness et al., 2011 ; Gaubert et al., 2012). Cela conduit à la question de savoir quelle(s) sous-espèce(s) de *C. lupus* est/sont présente(s) en Arabie saoudite à l'heure actuelle. À ce jour, les données de séquences de *C. lupus* publiées et attribuées à l'Arabie saoudite se limitent à deux études portant sur les quatre mêmes individus, toutes d'origine inconnue (Ellegren et al., 1996 ; Sharma et al., 2004).

Nous appliquons ici deux des régions génétiques mitochondriales les plus couramment utilisées pour répondre aux questions suivantes : (i) Y a-t-il une composante géographique à la distribution de la variation génétique de *C. lupus* à travers l'Arabie Saoudite ? (ii) Quelles sous-espèces de *C. lupus* sont présentes en Arabie Saoudite ?

Des peaux sèches de *C. lupus* tués sur la route ou braconnés ($n = 88$ échantillons), et des échantillons de sang d'individus captifs ($n = 15$ échantillons) ont été collectés à travers l'Arabie Saoudite (Fig. 1). La provenance des 15 animaux vivants et captifs n'est pas connue. L'approbation éthique pour la collecte des échantillons de sang des 15 individus vivants a été donnée par l'Autorité Saoudienne de la faune sauvage par le biais de son approbation des plans de recherche annuels du King Khalid Wildlife Research Centre.

L'extraction de l'ADN a été réalisée à l'aide de réactifs d'extraction Qiagen et de colonnes de spin séparées (Epoch Life Science, TX, USA). Une section d'~800 paires de bases (pb) du gène mitochondrial du cytochrome *b* (*cytb*) a été amplifiée à l'aide des amorces MOLCIT/MVZ (Racey et al., 2007). En cas d'échec, un fragment plus court (~400 pb) a été amplifié en utilisant GVL/H15149 (Irwin et al., 1991 ; Gaubert et al., 2011). Un fragment ~300 pb de la région de contrôle mitochondriale (CR) a également été amplifié à l'aide des amorces CTRL/H (Palomares et al., 2002). La PCR a été exécutée pendant 40 cycles à des températures de recuit de 48°C et 50°C pour *cytb* et CR, respectivement. Les données de séquences GenBank pour d'autres canidés ont été utilisées pour la construction de la phylogénie, y compris tous les *C. lupus* disponibles sauf *C. l. familiaris*. Les représentants des chiens ont été limités à un de chaque **clade** majeur identifié dans

Pang et al. (2009) et un exemple d'Égypte (numéros d'accession dans le Tableau 1). Les produits PCR, provenant des régions cytb et CR, ont été séquencés par Macrogen.

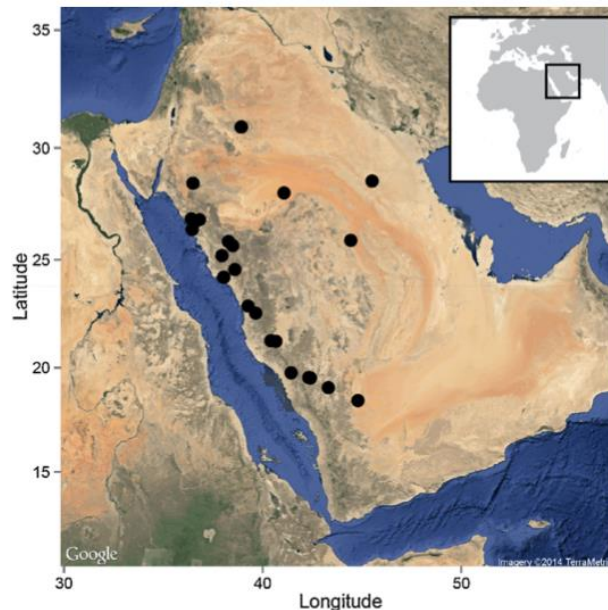


Fig. 1. Lieux d'échantillonnage en Arabie Saoudite pour lesquels des données génétiques de *Canis lupus* ont été obtenues ($n = 37$; image générée par le package ggmap de R)

Les données de séquence ont été confirmées et alignées dans BIOEDIT (version 7.0.5 ; Hall, 2005). Un réseau d'haplotype de parcimonie maximale a été calculé en utilisant les données combinées pour les deux gènes dans l'application TCS (Clement et al., 2000). Les mesures de diversité ont été calculées à l'aide de DNASP (version 5.10.01 ; Librado et Rozas, 2009). Les deux fragments de gènes ont été utilisés pour construire une phylogénie combinée dans MRBAYES 3.1 (Ronquist et Huelsenbeck, 2003). Les modèles par défaut ont été utilisés pour les partitions de gènes, en paramétrant MRBAYES pour inférer le biais de codage en supposant que seuls les caractères variables peuvent être observés pour les deux (« CODING = VARIABLE »). Les analyses bayésiennes ont été effectuées à l'aide de quatre séries indépendantes, chacune utilisant un arbre de départ aléatoire et 1×10^6 générations avec une chaîne froide et trois chaînes chauffées, en échantillonnant les arbres toutes les 100 générations. Les arbres ont été dérivés d'un consensus des 9901 derniers arbres pour le premier des quatre passages indépendants (en supprimant les 100 premiers).

Sur les 40 échantillons amplifiés avec succès pour le fragment cytb, 20 comprenaient 401 pb et 20 comprenaient 790 pb. Il y avait six sites variables dans les 401 premières pb, et 13 dans les séquences de 790 pb. Un fragment de la région de contrôle comprenant 282 pb a été récupéré chez 41 individus, dont 17 bases variables. Le mauvais état des échantillons de peau sèche a entraîné un échec de l'amplification pour un ou les deux gènes dans 66 échantillons.

Un ensemble de données concaténées des 37 individus communs pour les deux fragments de gènes a été construit, donnant 683 bases de séquence comparable. Pour chacune des régions cytb et témoin, la diversité des haplotypes était de 0,887 et 0,961, et la diversité des nucléotides de 0,018 et 0,012 respectivement. Ces résultats ont été utilisés pour produire un réseau d'haplotypes du loup d'Arabie avec trois autres représentants conspécifiques pour référence (Fig. 2). Nous avons trouvé 20 haplotypes pour le gène cytb, 13 pour la région de contrôle, et 24 dans le fragment combiné. La

majorité des haplotypes du loup arabe sont étroitement associés aux autres représentants de *C. l. lupus*, mais on observe au moins un **haplogroupe divergent** (25% des haplotypes présentant une divergence de séquence d'au moins 2% par rapport au représentant du chien). Une phylogénie MRBAYES consensuelle a été construite pour l'ensemble des données combinées (Fig. 3). Cette phylogénie présente un soutien élevé (>0,8) pour tous les taxons, à l'exception d'un groupe comprenant tous les *C. l. lupus* (y compris les échantillons d'Arabie Saoudite), *C. l. familiaris*, *C. l. campestris* et l'un des échantillons de *C. l. chanco*.

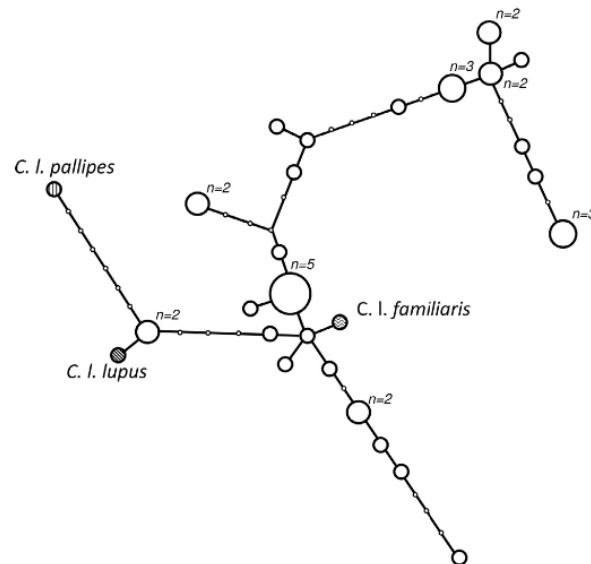


Fig. 2. Réseau de jonction médian combiné de la région de contrôle et de l'haplotype cytb avec 37 échantillons de *Canis lupus* provenant d'Arabie Saoudite et un échantillon représentatif de *C. l. pallipes* (Inde), *C. l. lupus* (Suède) et *C. l. familiaris* (Égypte) (numéros d'accension GenBank AY333749, NC009686 et JQ088658/JQ088677, respectivement)

Y a-t-il une composante géographique dans la distribution de la variation génétique de *C. lupus* en Arabie Saoudite ?

Au sein de l'Arabie Saoudite, les échantillons de *C. lupus* ne montrent pas de discontinuité génétique claire. Ceci n'est pas inattendu pour un animal aussi fortement vagabond ; les données pour *C. lupus* dans un habitat comparable suggèrent un domaine vital allant jusqu'à 60 km² (Afik et Alkon, 1983), avec une dispersion allant jusqu'à 200 km (Hefner et Geffen, 1999).

Quelles sous-espèces de *C. lupus* sont présentes en Arabie Saoudite ?

Alors que la contribution Saoudienne à la phylogénie de *C. lupus* est répartie sur l'ensemble du territoire, il existe deux groupes principaux : l'un ne contenant aucun autre type et l'autre contenant l'échantillon de chien Égyptien (chien Égyptien marqué d'un astérisque ; Fig. 3). Bien que peu étayés, ces deux groupes pourraient au moins représenter des sous-populations pour de futures études sur *C. lupus* en Arabie Saoudite. Les échantillons utilisés dans cette étude proviennent principalement d'animaux tués sur la route ou abattus. En tant que tel, il est possible (bien que peut-être improbable) que l'ensemble de données ait un biais vers les *C. lupus* qui ont été associés à des humains et, par conséquent, à *C. l. familiaris*.

Malgré l'expansion humaine croissante dans une grande partie de l'Arabie saoudite, il existe encore de vastes zones où la faune sauvage est séparée de l'homme. Alors qu'une partie de la variation génétique observée dans cette étude peut être attribuée au croisement avec *C. l. familiaris*, il semble y avoir un élément considérable qui est distinct de cette influence. **Nos résultats indiquent que les**

C. lupus échantillonnés dans cette étude ne sont pas des *C. l. pallipes*, mais qu'ils se situent dans le spectre de diversité du groupe des *C. l. lupus* d'Eurasie.

Tableau 1. Numéros d'accession GENBANK et détails des séquences du gène du Cytochrome *b* et de la région de contrôle des canidés utilisés dans cette étude

Species	Identifiser	Origin/clade represented	GenBank accession no. Cytb/CR	Reference
<i>C. adustus</i>	<i>C.adustus01</i>	Guinea	JQ088650/JQ088669	Gaubert et al. (2012)
<i>C. adustus</i>	<i>C.adustus02</i>	Guinea	JQ088651/JQ088670	Gaubert et al. (2012)
<i>C. adustus</i>	<i>C.adustus03</i>	Guinea	JQ088652/JQ088671	Gaubert et al. (2012)
<i>C. adustus</i>	<i>C.adustus04</i>	Guinea	JQ088653/JQ088672	Gaubert et al. (2012)
<i>C. adustus</i>	<i>C.adustus05</i>	Guinea	JQ088654/JQ088673	Gaubert et al. (2012)
<i>C. adustus</i>	<i>C.adustus06</i>	Benin	JQ088655/JQ088674	Gaubert et al. (2012)
<i>C. aureus</i>	<i>C.aureus.01</i>	Senegal	JQ088656/JQ088675	Gaubert et al. (2012)
<i>C. aureus</i>	<i>C.aureus.02</i>	Senegal	JQ088657/JQ088676	Gaubert et al. (2012)
<i>C. l. familiaris</i>	<i>Cl.famEGY01</i>	Egypt	JQ088658/JQ088677	Gaubert et al. (2012)
<i>C. lupaster</i>	<i>Cl.lupast01</i>	Algeria	JQ088659/JQ088678	Gaubert et al. (2012)
<i>C. lupaster</i>	<i>Cl.lupast02</i>	Algeria	JQ088660/JQ088679	Gaubert et al. (2012)
<i>C. lupaster</i>	<i>Cl.lupast03</i>	Algeria	JQ088661/JQ088680	Gaubert et al. (2012)
<i>C. lupaster</i>	<i>Cl.lupast04</i>	Algeria	JQ088662/JQ088681	Gaubert et al. (2012)
<i>C. lupaster</i>	<i>Cl.lupast05</i>	Algeria	JQ088663/JQ088682	Gaubert et al. (2012)
<i>C. lupaster</i>	<i>Cl.lupast06</i>	Senegal	JQ088664/JQ088683	Gaubert et al. (2012)
<i>C. lupaster</i>	<i>Cl.lupast07</i>	Mali	JQ088665/JQ088684	Gaubert et al. (2012)
<i>C. lupus</i>	<i>C0012</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>C0027</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>C0028</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>C0034</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>C0035</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>C0044</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>C0124</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>C0125</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>W02</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>W06</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>W07</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>W09</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>W110</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>W121</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>W30</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>W41</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>W42</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>W51</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>W74</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>W75</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>W83</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>W84</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>W88</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>W96</i>	Saudi Arabia	To be confirmed	This study
<i>C. lupus</i>	<i>Cl.NC009686</i>	Sweden	NC009686	Arnason et al. (2007)
<i>C. himalayensis</i>	<i>C.himalay...</i>	India	AY291431/AY289995	Aggarwal et al. (2007)
<i>C. indica</i>	<i>C.indica...</i>	India	AY291432/AY289984	Aggarwal et al. (2007)
<i>C. l. pallipes</i>	<i>C.l.palli01</i>	India	AY333749/AY333746	Sharma et al. (2003)
<i>C. l. pallipes</i>	<i>C.l.palli02</i>	India	AY333749/AY333745	Sharma et al. (2003)
<i>C. l. pallipes</i>	<i>C.l.palli03</i>	India	AY333749/AY333744	Sharma et al. (2003)
<i>C. l. pallipes</i>	<i>C.l.palli04</i>	India	AY333749/AY333743	Sharma et al. (2003)
<i>C. simensis</i>	<i>C.simensis...</i>	Ethiopia	L29416/AY562107	Gotelli et al. (2004)
<i>C. l. lupus</i>	<i>Cl.SPAIN...</i>	Spain	NC_008092	Bjornerfeldt et al. (2006)
<i>C. lupus</i>	<i>Cl.W2.....</i>	Saudi Arabia	EU789787	Pang et al. (2009)
<i>C. lupus</i>	<i>Cl.W5.....</i>	Saudi Arabia	EU789788	Pang et al. (2009)
<i>C. l. lupus</i>	<i>Cl.canada...</i>	Canada	DQ480508	Bjornerfeldt et al. (2006)
<i>C. lupus</i>	<i>Cl.saudi2...</i>	Saudi Arabia	DQ480507	Bjornerfeldt et al. (2006)
<i>C. lupus</i>	<i>Cl.saudi1...</i>	Saudi Arabia	DQ480506	Bjornerfeldt et al. (2006)
<i>C. l. lupus</i>	<i>Cl.SPAIN1...</i>	Spain	DQ480505	Bjornerfeldt et al. (2006)
<i>C. l. lupus</i>	<i>Cl.sweden...</i>	Sweden	DQ480504	Bjornerfeldt et al. (2006)
<i>C. l. lupus</i>	<i>Cl.russia...</i>	Russia	DQ480503	Bjornerfeldt et al. (2006)
<i>C. l. lupus</i>	<i>Cl.japan...</i>	Japan	AB499825	Ishiguro N (unpublished)
<i>C. l. lupus</i>	<i>Cl.china...</i>	China	KC461238	Zhang et al. (2013)
<i>C. l. familiaris</i>	<i>Cl.famil01.</i>	a1	EU789698	Pang et al. (2009)
<i>C. l. familiaris</i>	<i>Cl.famil02.</i>	a2	EU789678	Pang et al. (2009)
<i>C. l. familiaris</i>	<i>Cl.famil03.</i>	a3	EU789672	Pang et al. (2009)
<i>C. l. familiaris</i>	<i>Cl.famil04.</i>	a4	EU789759	Pang et al. (2009)
<i>C. l. familiaris</i>	<i>Cl.famil05.</i>	a5	EU789669	Pang et al. (2009)
<i>C. l. familiaris</i>	<i>Cl.famil06.</i>	a6	EU789668	Pang et al. (2009)
<i>C. l. familiaris</i>	<i>Cl.famil07.</i>	b1	EU789785	Pang et al. (2009)
<i>C. l. familiaris</i>	<i>Cl.famil08.</i>	b2	EU789651	Pang et al. (2009)
<i>C. l. familiaris</i>	<i>Cl.famil09.</i>	c1	EU789660	Pang et al. (2009)
<i>C. l. familiaris</i>	<i>Cl.famil10.</i>	c2	EU789772	Pang et al. (2009)
<i>C. l. campestris</i>	<i>Cl.campest.</i>	Mongolia	KC896375	Zhang et al. (2013)
<i>C. l. chanco</i>	<i>Cl.chanco01</i>	China	NC_010340	Meng et al. (unpublished)
<i>C. l. chanco</i>	<i>Cl.chanco02</i>	China	EU442884	Meng et al. (unpublished)
<i>C. l. chanco</i>	<i>Cl.chanco03</i>	China	GQ374438	Chen L and Zhang HH (unpublished)
<i>C. l. laniger</i>	<i>Cl.laniger...</i>	Tibet	NC_011218	Pang et al. (2009)
<i>C. latrans</i>	<i>C.latrans01</i>	USA	EU789789	Bjornerfeldt et al. (2006)
<i>C. latrans</i>	<i>C.latrans02</i>	USA	DQ480511	Bjornerfeldt et al. (2006)
<i>C. latrans</i>	<i>C.latrans03</i>	USA	DQ480510	Bjornerfeldt et al. (2006)
<i>C. latrans</i>	<i>C.latrans04</i>	USA	DQ480509	Meng et al. (2009)
<i>Cuon alpinus</i>	<i>Cuon.alpinus</i>	China	NC_013445	Wayne et al. (1997) and Marsden et al. (2012)
<i>Lycaon pictus</i>	<i>Lycaon.pictus</i>	Africa	AF028147/JQ282690	

Des taxonomies récentes ont subsumé le *C. l. arabs* dans le *C. l. lupus* (Rueness et al., 2011 ; Gaubert et al., 2012). La variabilité génétique unique observée dans cette étude indique cependant que le *C. lupus* d'Arabie Saoudite devrait être maintenu au sein de *C. l. arabs* (Pocock, 1934 ; Harrison et Bates, 1991) jusqu'à ce qu'une évaluation plus approfondie soit faite. Nous ne pouvons pas affirmer catégoriquement que *C. l. pallipes* est absent d'Arabie Saoudite, en effet aucun des loups échantillonnés ne s'aligne sur cette sous-espèce.

Un résultat de cette analyse phylogénétique est la forte distinction entre *C. lupus* d'Arabie Saoudite et *C. l. pallipes*, et l'étroite association avec *C. l. lupus* (Fig. 3). Alors qu'il pourrait y avoir un argument pour une introgression extensive à partir de *C. l. familiaris* résultant en une proximité artificielle avec le groupe Eurasiatique de *C. l. lupus* plutôt qu'avec *C. l. pallipes*, la variation génétique élevée trouvée chez *C. lupus* d'Arabie Saoudite suggère soit une introgression extensive à long terme, soit une introgression récente combinée à une coancestrie récente. Plusieurs lignées des échantillons d'Arabie Saoudite sont distinctes de tous les *C. l. familiaris* inclus ici. Bien que cela ne soit pas bien étayé, cela suggère une variation génétique distincte des sources connues de *C. l. familiaris* et un isolement important dans certaines lignées.

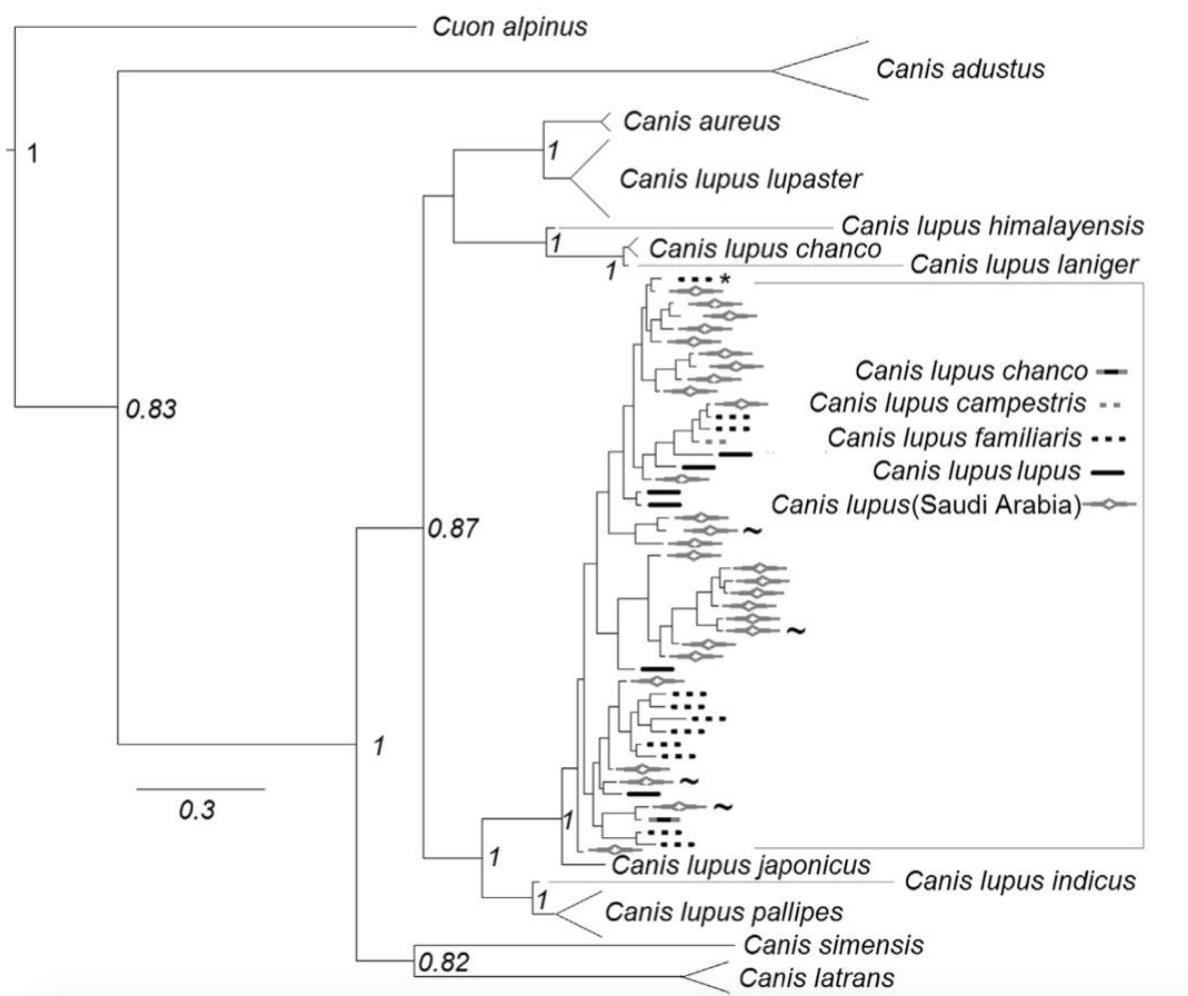


Fig.3. Les quatre échantillons supplémentaires de loups arabes d'origine inconnue sont marqués d'un tilde, l'échantillon de chien égyptien est marqué d'un astérisque. Seules les valeurs de soutien bootstrap pour les nœuds supérieurs à 0,8 sont indiquées

Contrairement à la phylogénie la plus récente de *C. lupus* pour cette région (Gaubert et al., 2012), cette étude a révélé que les représentants GenBank de *Canis lupus* ne donnent pas une phylogénie

bien tranchée. Au moins un représentant du loup Tibétain (*C. l. chanco*) fait partie du groupe Eurasienn de *C. l. lupus*, et la phylogénie MRBAYES suggère que l'échantillon du Japon est distinct de *C. l. lupus*. Un échantillonnage plus équilibré de chaque sous-région de *C. l. lupus*, ainsi qu'une représentation plus étendue des régions génétiques nucléaires et mitochondriales, permettront de mieux résoudre le puzzle *C. l. lupus*.

La disponibilité des données génétiques pour la comparaison est limitée chez *C. lupus* en Arabie Saoudite. Cela est dû, en partie, à l'indisponibilité d'une grande partie des informations importantes (par exemple, Savolainen et al., 2002). La majorité des données concernant *C. lupus* en Arabie Saoudite qui ont été utilisées dans des études antérieures sont notamment non référencées et ne sont plus disponibles pour une analyse plus approfondie (voir Vilà et al., 1999 ; Sharma et al., 2004). Des études récentes (par exemple, Cohen et al., 2013) mentionnent des données pour *C. l. arabs*, mais celles-ci sont basées sur des distributions d'espèces putatives et des aires de répartition historiques.

Nous avons fait un certain chemin vers la description de la variation génétique de *C. lupus* en Arabie Saoudite en utilisant les régions génétiques les plus couramment employées. Néanmoins, une application consensuelle de microsatellite, des SNP, et/ou d'un autre ensemble de marqueurs génétiques comparables et très variables, est nécessaire pour cette espèce. En particulier, pour considérer l'hybridation, les marqueurs nucléaires et mitochondriaux sont essentiels. S'il semble probable qu'il y ait un chevauchement entre les pools génétiques de *C. lupus arabs* et de *C. lupus familiaris* en Arabie Saoudite, il reste à déterminer si c'est la source de la diversité génétique relativement élevée observée dans cette région. Un ensemble de données de marqueurs nucléaires à évolution rapide permettrait également d'obtenir une autre estimation de la taille de population suggérée d'~500 individus (Mech et Boitani, 2004), ainsi qu'un aperçu indispensable des changements de la taille de la population au fil du temps, de l'un des derniers grands carnivores d'Arabie Saoudite.