

Soutien génétique à l'unité de conservation discrète actuelle de la population de loups d'Europe centrale



Wildlife Biology 2021: wlb.00809

doi: 10.2981/wlb.00809

© 2021 The Authors. This is an Open Access article

Subject Editor: Bogdan Cristescu. Editor-in-Chief: Ilse Storch. Accepted 8 March 2021

Genetic support for the current discrete conservation unit of the Central European wolf population

Maciej Szewczyk, Carsten Nowak, Pavel Hulva, Joachim Mergeay, Astrid V. Stronen, Barbora Černá Bolfíková, Sylwia D. Czarnomska, Tom A. Diserens, Viktor Fenchuk, Michał Figura, Arjen de Groot, Andželika Haidt, Michael M. Hansen, Hugh Jansman, Gesa Kluth, Iga Kwiatkowska, Karolina Lubińska, Johan R. Michaux, Natalia Niedźwiecka, Sabina Nowak, Kent Olsen, Ilka Reinhardt, Maciej Romański, Laurent Schley, Steve Smith, Renata Špinkytė-Bačkaitienė, Przemysław Stachyra, Kinga M. Stępiak, Peter Sunde, Philip F. Thomsen, Tomasz Zwijacz-Kozica and Robert W. Mysłajek

Résumé

L'aire de répartition du loup gris *Canis lupus* en Europe centrale s'étend de manière dynamique, **reconnectant** des populations précédemment isolées. Ainsi, un article récent a proposé de fusionner les unités de gestion des loups de la Baltique et de l'Europe centrale, qui ne sont plus isolées par la distance. **Cependant, des découvertes génétiques récentes indiquent que ces deux populations ne sont pas génétiquement homogènes.** Nous passons ici en revue les données les plus récentes sur la structure génétique du loup en Europe centrale et montrons que, même si les loups d'Europe centrale et de la Baltique représentent la même lignée phylogéographique, leur histoire démographique a donné lieu à une structure génétique significative entre ces deux populations. **Bien que les groupes soient interconnectés par un flux génétique modéré, celui-ci n'est pas suffisamment élevé pour réduire le fort signal de fondateur observé dans la population de l'Europe centrale, ce qui suggère que la dynamique de la population dans l'aire de répartition du loup de l'Europe centrale est largement indépendante de celle de sa population d'origine (Baltique).** Par conséquent, une unité de gestion combinant les loups de l'Europe centrale et de la Baltique ne formerait pas une entité démographiquement cohérente. Nous recommandons donc que les unités de gestion de la conservation conservent leur statut distinct.

INTRODUCTION

Le rétablissement récent des grands carnivores en Europe (Chapron et al. 2014) a conduit à l'expansion de l'aire de répartition et à la reconnexion de populations précédemment isolées. La délimitation des populations en tant qu'unités pour la gestion de la conservation est difficile, en particulier chez les espèces dont les aires de répartition sont dynamiques et qui ont des propensions à se disperser, comme les grands carnivores Européens en général et les loups en particulier (Linnell et al. 2005, Blanco et Cortes 2007, Fabbri et al. 2007, Kojola et al. 2009, Andersen et al. 2015, Nowak et Mysłajek 2016, Ražen et al. 2016, Reinhardt et al. 2019). La subdivision actuelle de la population de loups en Europe est basée sur les « Lignes directrices pour les plans de gestion au niveau des populations » (Linnell et al. 2008) de

L'Initiative pour les grands carnivores en Europe (LCIE), un groupe de travail de la Commission de la sauvegarde des espèces de l'Union internationale pour la conservation de la nature. Ces lignes directrices ont été élaborées dans le contexte de la directive Habitats de l'UE et de la nécessité de gérer les grands carnivores comme des **unités biologiques entières**, c'est-à-dire au niveau d'une population plutôt qu'à l'intérieur des frontières d'un seul État membre ou même d'unités administratives plus petites. Les populations Européennes de grands carnivores ont été délimitées par Linnell et al. (2008), la continuité de la distribution étant un facteur discriminant clé. Comme le soulignent Linnell et al. (2008), les frontières des populations « doivent être réévaluées au fur et à mesure que les populations de carnivores s'étendent et se contractent, et que des données à plus petite échelle deviennent disponibles ».

L'aire de répartition du loup en Europe centrale s'étend de manière dynamique (Nowak et Myslajek 2016, Nowak et al. 2017, Hulva et al. 2018, Reinhardt et al. 2019, Szewczyk et al. 2019), ce qui justifie une réévaluation des frontières géographiques entre les populations actuellement définies. **Gula et al. (2020) ont récemment abordé cette question dans un article qui conclut que les populations de loups de la Baltique et de l'Europe centrale (ci-après CE) ne devraient plus être traitées comme des populations différentes.** Nous saluons la contribution de cet article au débat en cours et apprécions ses nouvelles perspectives sur la **connectivité** des paysages. Bien que nous soyons d'accord avec Gula et al. (2020) sur le fait que la distance n'isole plus la population de loups d'Europe centrale de la population de loups de la Baltique, nous ne sommes pas d'accord sur le fait qu'elles forment un continuum en termes de structure génétique. Leurs conclusions ne sont pas étayées par des résultats génétiques récents (Lesniak et al. 2017, Szewczyk et al. 2019) et représentent une interprétation biaisée des études antérieures sur la structure génétique des loups en Europe centrale. Gula et al. (2020) ont déclaré « qu'il est urgent de fournir des informations précises et actualisées sur la structure de la population de l'espèce », et nous nous concentrons ici sur les données les plus récentes, qui montrent une structure génétique significative entre ces deux populations. **Nous contestons également certaines de leurs interprétations des études antérieures de génétique moléculaire et des analyses des données sur la présence et la répartition des loups dans l'ouest de la Pologne avant et après 2000.** En outre, nous discutons brièvement d'autres facteurs - principalement socio-politiques - qui soutiennent la délimitation actuelle des unités de gestion des loups en Europe centrale.

Des données récentes de génétique moléculaire confirment la spécificité de la population de loups d'Europe centrale

L'affirmation de Gula et al. (2020) selon laquelle il n'y a pas de structuration génétique chez les loups à travers les plaines Polonaises est basée sur un bref examen de trois articles : une étude phylogéographique basée sur l'ADNmt par Pilot et al. (2010), une analyse à l'échelle Européenne utilisant un large panel de SNP (Stronen et al. 2013), et un article axé sur la structure de la population de loups à l'intérieur de la Pologne (Czarnomska et al. 2013). **Nous soutenons que le raisonnement de Gula et al. (2020) présente plusieurs failles.** **Premièrement**, les auteurs font une série **d'hypothèses discutables**, car la connectivité génétique n'est pas nécessairement égale à la connectivité démographique (discussion détaillée dans les informations complémentaires). **Deuxièmement**, comme Pilot et al. (2010) et Stronen et al. (2013) n'ont inclus qu'un seul échantillon de la zone située à l'ouest de la Vistule en Pologne, nous - y compris ceux d'entre nous qui ont coécrit ces articles - mettons

fortement en garde contre la possibilité de faire des déductions sur la structure génétique de la population de loups des zones situées à l'ouest et à l'est de la Vistule sur la base de ces résultats. Enfin, notre interprétation de Czarnomska et al. (2013) diffère des conclusions de Gula et al. (2020), comme nous le verrons plus loin. En outre, nous soulignons d'autres études récentes - omises par Gula et al. (2020) - qui fournissent des preuves de la structure génétique de la population de loups dans la partie basse de l'Europe centrale.

Les premiers résultats indiquant une structuration est-ouest dans la région ont été publiés par Lesniak et al. (2017) dans un article axé sur la richesse endoparasitaire des loups recolonisant l'Allemagne, qui ont génotypé 13 loci microsatellites de 53 loups Allemands morts inclus dans l'analyse parasitologique. Des analyses bayésiennes ultérieures de regroupement incluant des génotypes de référence des populations de loups des Alpes, des Carpates et de la Baltique ont montré que presque tous les loups Allemands formaient un seul groupe distinct de loups CE, ce qui suggère que cette population nouvellement établie est génétiquement séparée de sa population d'origine (vraisemblablement la Baltique). Il est intéressant de noter que sur 17 loups échantillonnés en Allemagne, mais non assignés à une meute locale (immigrants putatifs), un seul s'est regroupé avec les génotypes de référence de la Baltique, 13 ont été regroupés avec le groupe CE et trois ont montré des génotypes intermédiaires. Cela indique que 1) l'aire de répartition géographique du groupe génétique CE s'étend à l'est de la frontière Allemande et 2) qu'il existe une zone de contact entre les groupes génétiques CE et Baltes, probablement en Pologne. Cependant, la zone de contact ainsi que le taux et les schémas de flux génétique entre les deux groupes génétiquement séparés restent inconnus.

Ces questions ont été récemment abordées par Szewczyk et al. (2019). Cette étude était la première à couvrir l'ensemble de l'aire de répartition du loup en Pologne, y compris toutes les zones récemment recolonisées. Elle comprenait également des échantillons de référence provenant de l'ensemble de la Lituanie et de la majeure partie de la Slovaquie, ainsi que plusieurs échantillons provenant du Belarus, de l'Ukraine et de la République Tchèque. Les génotypes microsatellites basés sur le panel de Lesniak et al. (2017) ont été analysés à l'aide du regroupement bayésien spatial et non spatial et de l'analyse discriminante multivariée des composantes principales (DAPC). Tous les résultats étaient congruents, montrant une séparation claire de trois groupes génétiques, correspondant aux populations de loups de l'Europe centrale, de la Baltique et des Carpates. **La distribution spatiale des groupes génétiques identifiés correspondait à peu près aux populations de loups actuelles définies par Linnell et al. (2008) pour cette région (Fig. 1).** Une région du nord de la Pologne, à l'est de la Vistule, a été attribuée à la population de loups CE par le logiciel GENELAND, alors que dans les analyses DAPC et STRUCTURE, elle a été identifiée comme une population intermédiaire. Un autre point chaud de mélange a été identifié dans le centre-sud de la Pologne (à l'ouest de la Vistule), dans une zone de contact entre les populations de l'Europe centrale, de la Baltique et des Carpates. Dans d'autres régions, le mélange était relativement faible, la grande majorité des individus de l'ouest de la Pologne appartenant au groupe CE, et plus de 90% des loups de Lituanie, de Biélorussie et des régions Polonaises les plus à l'est appartenant au groupe Baltique. Ces résultats concordent avec les estimations du flux génétique, qui indiquent une dispersion presque sans entrave au sein de la population de loups CE et des niveaux d'immigration élevés dans les « zones de contact », mais un taux relativement faible de flux génétique sur de longues distances entre la Pologne occidentale et la population de loups de la Baltique (Szewczyk et al. 2019). En conséquence, les résultats de

Szewczyk et al. (2019) suggèrent que la dynamique de la population au sein de l'aire de répartition du loup CE est largement indépendante de celle de la population de loups de la Baltique.

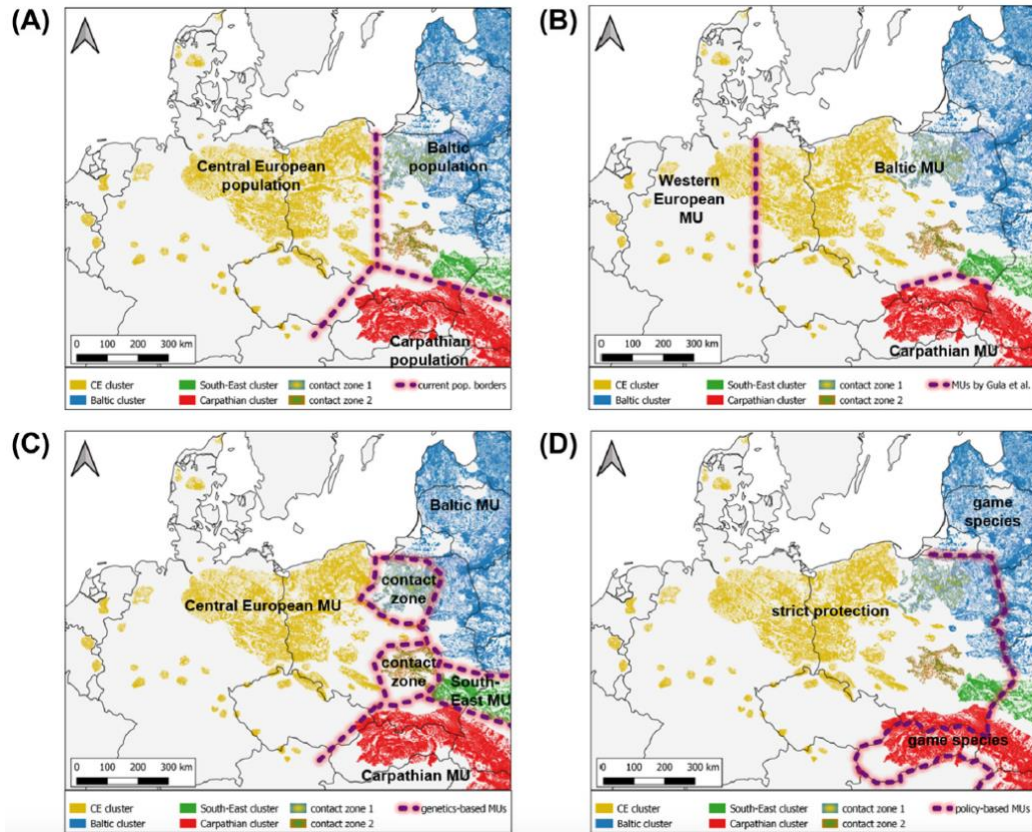


Figure 1. Répartition actuelle de la population de loups gris d'Europe centrale, des populations adjacentes en Europe de l'Est et des scénarios possibles de délimitation des unités de gestion des loups (MU) en Europe centrale dans le contexte de la répartition spatiale des groupes génétiques identifiés et de la politique de gestion. (A) Populations de loups actuelles (d'après Linnell et al. 2008, Chapron et al. 2014, Diserens et al. 2017, Boitani 2018). (B) MU réévaluées selon la proposition de Gula et al. (2020) N.B. : La ligne entre les unités de gestion d'Europe centrale et de la Baltique est indicative, car Gula et al. (2020) ne font pas de suggestion claire, mais déclarent simplement que la frontière « devrait être déplacée vers l'ouest ». (C) Unités de gestion hypothétiques suivant strictement les divisions génétiques. (D) Politiques de gestion du loup dans les pays d'Europe centrale. En dehors des zones de contact génétique indiquées sur les cartes (couleur mixte ; d'après Szewczyk et al. 2019), des points chauds de mélange plus petits et des enclaves de loups d'origine de plaine ont été identifiés en Slovaquie, au sein de l'UM des Carpates (Hulva et al. 2018), qui sont au-delà de la résolution de la figure. Dans le scénario C, nous avons supposé que les zones de contact/points chauds de mélange identifiés devaient être gérés séparément jusqu'à ce que l'on puisse déterminer s'ils ont évolué en sous-populations distinctes ou s'ils ont fusionné avec l'une des populations sources. Les divisions génétiques ont été basées principalement sur les résultats de regroupement de Szewczyk et al. (2019), mais ont également synthétisé des informations provenant de travaux antérieurs de Pilot et al. (2006, 2010), Czarnomska et al. (2013), Stronen et al. (2013), Lesniak et al. (2017) et Hulva et al. (2018). Les sources des données sur la répartition des loups sont énumérées dans les informations complémentaires. La répartition au Belarus, en Russie et en Ukraine est approximative et peut ne pas inclure les écarts de répartition à petite échelle et les éventuelles réductions récentes de l'aire de répartition. Les distributions des populations de loups Alpins, Dinariques-Balkaniques et Scandinaves, qui dépassent le cadre de cet article, ne sont pas représentées sur les cartes

La spécificité génétique des loups CE a été attribuée à un fort **effet fondateur** et au **surf allélicien** (Szewczyk et al. 2019), car les haplotypes de l'ADNmt et les modèles de diversité des microsatellites (par exemple, l'absence d'allèles privés) ont confirmé que les loups CE sont originaires de la population de loups de la Baltique, conformément aux résultats antérieurs de Czarnomska et al. (2013). Cependant, **l'événement fondateur** a fortement modifié les fréquences des allèles microsatellites, entraînant la divergence du groupe CE

(Szewczyk et al. 2019). Un événement similaire s'est produit lorsque les loups ont recolonisé les Alpes, ce qui a impliqué un effet fondateur important, entraînant une séparation génétique claire des loups Alpains de leurs ancêtres Apennins (Fabbri et al. 2007). Par conséquent, les loups Alpains sont désormais considérés comme une population distincte (Boitani 2018).

Les récentes conclusions de Szewczyk et al. (2019) contredisent-elles celles de Czarnomska et al. (2013) ? Selon nous, ces deux études offrent des perspectives temporelles distinctes sur le développement de la population CE (Informations complémentaires), et nous interprétons les résultats de Czarnomska et al. (2013) différemment de ceux de Gula et al. (2020). **Tout d'abord**, nous sommes perplexes quant à l'affirmation de Gula et al. (2020) selon laquelle les « résultats des analyses de 11 loci microsatellites de loups par Czarnomska et al. (2013) n'ont pas non plus montré de différenciation génétique au sein des loups habitant les plaines Polonaises ». C'est le contraire qui est vrai : Czarnomska et al. (2013) ont rapporté une nette sous-structuration des microsatellites et de l'ADN mitochondrial dans la région des plaines. **Deuxièmement**, Czarnomska et al. (2013) ont analysé des échantillons collectés entre 2001 et 2009, lorsque les loups de l'ouest de la Pologne et de l'Allemagne se présentaient sous forme de sous-populations ou de meutes uniques discontinues, pour la plupart petites, voire éphémères (Nowak et Myslajek 2016, Reinhardt et al. 2019). Ainsi, à ce stade relativement précoce de la croissance et de l'expansion de la population CE, le **signal** du fondateur peut avoir été beaucoup moins prononcé. Malgré tout, Czarnomska et al. (2013) ont rapporté des valeurs modérées et statistiquement significatives de F_{ST} par paire entre l'ouest de la Pologne et la plupart des régions de plaine de l'est, à l'exception de la zone que Szewczyk et al. (2019) ont plus tard identifiée comme la zone de contact des loups de l'CE et de la Baltique.

Notamment, Szewczyk et al. (2019) ont également détecté une subdivision au sein du groupe Baltique, où les loups des plaines du sud-est de la Pologne (région de « Roztocze ») formaient un quatrième groupe génétique, représentant probablement l'étendue la plus occidentale de la population dite de la « steppe Ukrainienne » ou « pontique » identifiée dans des études phylogéographiques antérieures (Pilot et al. 2006, 2010, Stronen et al. 2013). De manière concordante, ce groupe a également été identifié dans les analyses SAMOVA et GENELAND spatialement explicites de Czarnomska et al. (2013). Ainsi, d'un point de vue génétique, ces loups peuvent également être considérés comme une **population distincte**.

Il est intéressant de noter que les raisons de l'existence de populations de loups génétiquement bien séparées en Europe sont encore inconnues, compte tenu de la grande capacité de l'espèce à se disperser sur de longues distances et à adapter son comportement à un large éventail d'habitats. Il semblerait que les loups qui se dispersent sur de longues distances réussissent moins bien à se reproduire que les loups qui restent à proximité de leur territoire natal. Liberg et al. (2010) ont montré que la plupart des loups qui se dispersent sur de longues distances **n'ont pas réussi** à se reproduire. Reinhardt et al. (2019) ont supposé qu'au cours de la première phase de rétablissement de la population en Allemagne, seuls les disperseurs à longue distance qui ont établi leur territoire sur des zones d'entraînement militaire actif ont survécu et se sont reproduits avec succès. Par conséquent, la capacité à se disperser sur de longues distances ne se traduit pas nécessairement de manière proportionnelle par une connectivité génétique. Ce constat est corroboré par les études de Hulva et al. (2018) et de Szewczyk et al. (2019), qui ont montré peu de génotypes mélangés entre les populations d'Europe centrale et des Carpates. Leurs résultats soutiennent donc la

délimitation de la population par Linnell et al. (2008). À l'avenir, pour suivre la dynamique des frontières des populations de loups, l'état des populations de loups Européens devrait être évalué avec un suivi génétique utilisant une méthode harmonisée entre les régions et des études ciblant les processus adaptatifs.

Autres arguments en faveur d'une gestion séparée des populations de l'Europe centrale et de la Baltique

Idéalement, les unités de gestion des populations sont constituées d'entités démographiquement cohérentes : la gestion dans une région ne doit pas contrecarrer les efforts de gestion dans une autre région qui est démographiquement connectée, et les plans de gestion ne doivent pas non plus supposer que les actions de gestion locales sont équilibrées dans les zones démographiquement déconnectées (Mills 2007). **La meilleure approximation des entités démographiques chez le loup gris est celle des groupes génétiques de population.** Cependant, la division actuelle en Europe n'est pas basée sur la génétique. La subdivision de la population selon les lignes directrices de Linnell et al. (2008) est pragmatique et souvent basée sur les écarts de distribution et les caractéristiques géographiques. **À première vue, la proximité géographique actuelle des populations de l'Europe centrale et de la Baltique et leur connexion via des corridors de dispersion semblent justifier de les considérer comme une seule population continue. Cependant, comme l'ont montré les analyses génétiques, cette connexion ne se traduit pas automatiquement par des niveaux élevés de flux de gènes (Szewczyk et al. 2019), et ne se traduit donc pas par une continuité démographique.** En outre, une gestion appropriée ne devrait pas seulement être basée sur des facteurs démographiques et géographiques, mais devrait également tenir compte, par exemple, du fait que le rôle fonctionnel des grands carnivores peut varier selon les gradients environnementaux du paysage (Kuijper et al. 2016, 2019). En Europe centrale, il existe des différences notables dans les caractéristiques environnementales et anthropiques entre l'est de la Pologne et l'aire de répartition de la population de l'EC (ouest de la Pologne et Allemagne), par exemple dans la topographie, le climat, la structure et la propriété des forêts, les infrastructures de transport et l'urbanisation, pour ne citer que les plus importantes (Eurostat 2020). Ces facteurs, et en particulier les aspects anthropiques, ont un impact croissant sur la distribution spatiale, le succès de la reproduction et la mortalité des loups de l'EC (Nowak et Mysłajek 2016, Reinhardt et al. 2019).

En ce qui concerne les aspects sociopolitiques, Gula et al. (2020) affirment que les loups vivant dans les plaines des deux côtés de la Vistule ont des statuts de conservation, des régimes de gestion et des conflits avec l'homme similaires. Cependant, bien que cela soit quelque peu vrai au niveau national Polonais (malgré, par exemple, une déficience significative dans la couverture Natura 2000 de l'aire de répartition du loup dans l'ouest de la Pologne, comme indiqué par Diserens et al. 2017), ce n'est pas le cas pour l'unité de gestion de la Baltique proposée par Gula et al. (2020) dans son ensemble, qui s'étendrait de l'Estonie, de la Biélorussie et de la Russie jusqu'à l'est de l'Allemagne, couvrant des régimes de gestion très différents (Trouwborst 2018, Fig. 1). La gestion du loup en Pologne (protection légale) est similaire à celle de l'Allemagne, de la République Tchèque et des pays récemment recolonisés dans la partie occidentale de l'Europe centrale (Fig. 1D), ce qui diffère nettement de la gestion dans les États Baltes (espèces gibier, prélèvements importants) et surtout en Biélorussie et en Russie (persécution ; Jędrzejewski 2010). De plus, les pays habités par des loups CE ont des politiques similaires sur la gestion de l'hybridation loup-chien (WDH) (suivi

et élimination létale des hybrides identifiés génétiquement). Cependant, en Biélorussie et en Ukraine, la WDH n'est pas gérée (Salvatori et al. 2020), ce qui peut expliquer les taux d'introgression élevés dans certaines régions d'Europe de l'Est (Pilot et al. 2018). Ainsi, du point de vue de la gestion de la conservation, nous considérons qu'il n'y a pas de fondement pratique à la proposition de Gula et al. (2020) selon laquelle « la frontière entre les unités de gestion actuelles de l'Europe centrale et de la Baltique devrait être déplacée vers l'ouest [les auteurs ne précisent pas jusqu'où vers l'ouest] (...) tandis que les loups occupant l'ouest de la Pologne et peut-être l'est de l'Allemagne devraient être incorporés dans l'unité de la Baltique », ce qui pourrait en fait entraver la conservation efficace à long terme des loups et de leur fonction écologique dans la région.

Présence historique et actuelle des loups dans l'ouest de la Pologne

Les données historiques sur la présence des loups dans l'ouest de la Pologne (examinées par Nowak et Mysłajek 2017) contredisent les déclarations de Gula et al. (2020) selon lesquelles cette espèce était présente en permanence et se reproduisait régulièrement dans l'ouest de la Pologne depuis 1971, et que le rétablissement des loups dans cette région a commencé au début des années 1980. A notre avis, Gula et al. (2020) devraient clairement différencier la présence permanente et sporadique du loup en suivant les normes établies (Chapron et al. 2014). Chapron et al. (2014) ont traité les cellules des cartes de grille de référence de l'Agence Européenne pour l'environnement comme étant occupées en permanence par des loups si elles étaient occupées par l'espèce au moins 50% du temps sur trois ans ou plus et/ou s'il y avait soit une reproduction confirmée, soit la présence de femelles adultes résidentes. En revanche, les cellules avec une présence occasionnelle de loups (par exemple des disperseurs) et/ou sans reproduction ont été définies comme des « occurrences sporadiques ». Nowak et Mysłajek (2017) ont appliqué les normes de Chapron et al. (2014) aux mêmes données d'occurrence que celles utilisées par Gula et al. (2020), et ont constaté que de 1975 à 1997, sous l'exploitation de la chasse, la présence du loup était sporadique dans l'ouest de la Pologne, malgré des habitats de très bonne qualité et des densités élevées d'ongulés sauvages. Seuls des individus solitaires ou de petits groupes de loups éphémères étaient présents dans une à quatre parcelles forestières au maximum par an. La plupart de ces loups ont été abattus avant leur première reproduction. Une persistance plus longue incluant la reproduction (de 2 à 8 ans) a été enregistrée dans seulement trois meutes habitant trois parcelles forestières différentes, mais finalement toutes ont été abattues (Fig. 2 dans Nowak et Mysłajek 2017). Selon Nowak et Mysłajek (2017), la structure forestière simplifiée et un réseau régulier et dense de routes forestières sablonneuses dans l'ouest de la Pologne ont permis aux chasseurs de détecter et d'abattre facilement les loups. Cette activité de chasse a empêché le rétablissement des loups à travers l'ouest de la Pologne.

La rareté des loups dans l'ouest de la Pologne avant et juste après 2000 a été confirmée lors du premier recensement national des loups et des lynx (Jędrzejewski et al. 2002) et dans les études sur le rétablissement des loups dans l'ouest de la Pologne en 2001-2016 (Nowak et Mysłajek 2016, Nowak et al. 2017). Ces études ont été réalisées par des chercheurs expérimentés sur les loups et ont utilisé le suivi des loups tout au long de l'année, la détection des marques olfactives et des restes de proies des loups, la stimulation des hurlements, la génétique des loups et le piégeage par caméra. Ces données ont ensuite été analysées selon les normes internationales détaillées dans Reinhardt et al. (2015). Ces données d'occurrence ont utilisé les catégories dites C1 et C2, qui reflètent soit des preuves indéniables (preuves

photographiques ou génétiques, C1), soit des observations (visuelles, crottes, traces, C2) validées par un chercheur professionnel (Molinari-Jobin et al. 2012, Reinhardt et al. 2015). Gula et al. (2020), dans leur analyse des changements de l'aire de répartition du loup dans l'ouest de la Pologne entre 2001 et 2017 (Fig. 1, 2 et Tableau 1 dans Gula et al. 2020), ont principalement utilisé des données provenant de questionnaires remplis par des chasseurs et des forestiers, et des enregistrements dans l'Atlas des mammifères Polonais fournis par divers observateurs (dont la plupart n'étaient pas des experts en matière de loups). Étant donné le manque de vérification et de validation par des experts, de telles données devraient être catégorisées comme C3 (observation non confirmée), donc moins fiables (Molinari-Jobin et al. 2012, Reinhardt et al. 2015). **Par conséquent, la distribution récente des loups dans différentes régions de Pologne ainsi que les changements dans l'aire de répartition des loups présentés par Gula et al. (2020) sont discutables.**

CONCLUSIONS

La division actuelle des loups d'Europe centrale en populations CE et Baltique a été délimitée il y a 12 ans (Linnell et al. 2008) sur la base de critères non génétiques. Cependant, elle reflète assez bien les stratégies de gestion adoptées par différents pays Européens (Boitani 2018) et s'accorde avec la structure génétique révélée sur la base d'un échantillonnage génétique complet dans l'ensemble de l'aire de répartition des deux populations (Szewczyk et al. 2019, Fig. 1A). Nous encourageons la réalisation d'autres études à petite échelle sur la structure génétique et le flux génétique dans les unités de gestion de l'Europe centrale et de la Baltique, et l'inclusion des résultats génétiques ultérieurs dans les futures réévaluations de la structure de la population. En outre, pour faire des prédictions raisonnables sur les conséquences démographiques et génétiques de différents scénarios de gestion sur les populations de loups de l'Europe centrale et de la Baltique, il faudrait développer des modèles de population prédictifs robustes et fiables, explicites dans l'espace, qui intègrent les informations susmentionnées.

Bien que les loups de l'Europe centrale et de la Baltique représentent la même lignée phylogéographique, leurs histoires démographiques récentes ont donné lieu à des fréquences alléliques clairement divergentes (Szewczyk et al. 2019). Les populations sont connectées par des corridors écologiques (Huck et al. 2011, Gula et al. 2020), mais actuellement le flux génétique entre elles, peut-être entravé par la **dynamique puits-source** créée par la gestion létale dans les États Baltes, en Biélorussie et en Russie (Kaliningrad), n'est pas assez élevé pour réduire efficacement le fort **signal fondateur** observé dans la population de l'CE (Szewczyk et al. 2019). Par conséquent, les groupes sont dans une large mesure, démographiquement indépendants, ce qui suggère que, d'un point de vue biogéographique, ils devraient être considérés comme des populations parapatriques. **En ce sens, les groupes peuvent être considérés comme des populations distinctes telles que définies par Waples et Gaggiotti (2006) : « Un groupe d'individus de la même espèce vivant suffisamment près pour que tout membre du groupe puisse potentiellement s'accoupler avec n'importe quel autre membre »,** alors qu'une unité de gestion combinant les loups de l'Europe centrale et de la Baltique ne remplirait pas ce critère. Par conséquent, au moins pour le moment, il semble approprié pour la gestion de la conservation de continuer à considérer les populations de la Baltique et de l'Europe centrale comme des unités de gestion distinctes, en maintenant la frontière actuelle entre elles.