



**HAL**  
open science

## **Premiers éléments de connaissances sur l'introggression entre le Cerf élaphe et le Cerf sika en nature en France**

Aurélie Barboiron, Christine Saint-Andrieux, Jean-François Maillard, Maryline  
Pellerin

### ► **To cite this version:**

Aurélie Barboiron, Christine Saint-Andrieux, Jean-François Maillard, Maryline Pellerin. Premiers éléments de connaissances sur l'introggression entre le Cerf élaphe et le Cerf sika en nature en France. 2022. <hal-05600523>

**HAL Id: hal-05600523**

**<https://ofb.hal.science/hal-05600523v1>**

Preprint submitted on 23 Apr 2026

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons CC BY 4.0 - Attribution - International License

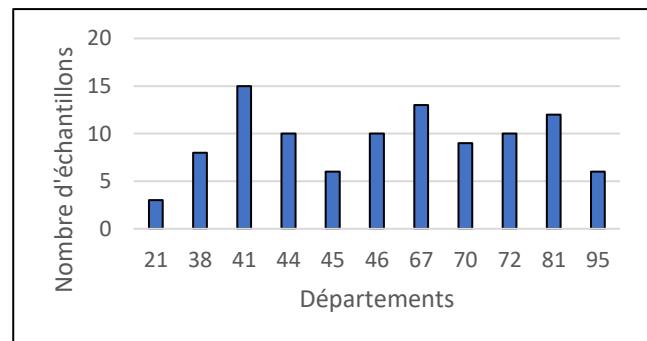
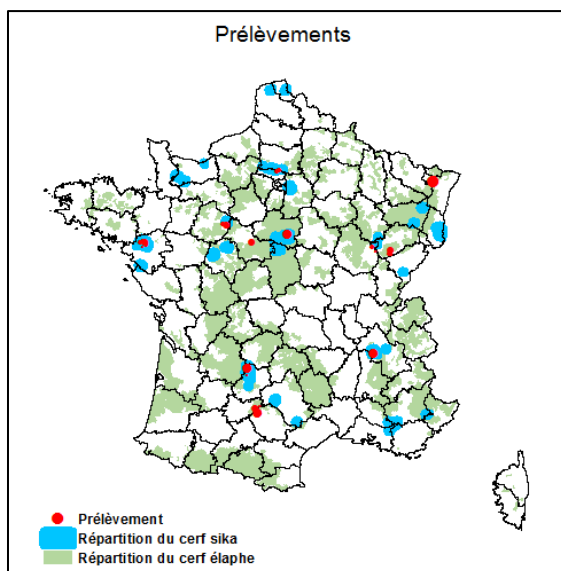
## Premiers éléments de connaissances sur l'introggression entre le Cerf élaphe et le Cerf sika en nature en France

Aurélien BARBOIRON, Christine SAINT-ANDRIEUX, Jean-François MAILLARD, Maryline PELLERIN

Le Cerf sika est une espèce d'Asie dont la distribution passée et actuelle est étroitement liée à sa captivité en tant qu'espèce d'agrément, espèce gibier (en enclos de chasse) ou encore comme animal élevé pour sa viande. Bien que cela semble être un événement plutôt rare dans des populations où les deux espèces sont présentes, des mâles sika peuvent féconder de jeunes femelles élaphe et produire des faons qui pourront avoir une descendance fertile. Le rétrocroisement avec d'autres cerfs élaphe engendrera une introgression de quelques gènes de cerfs sika dans les populations de Cerf élaphe.

Dans le reste de l'Europe, les premiers hybrides ont été détectés dans des parcs et enclos et s'observent désormais en nature en Grande Bretagne, en Allemagne et en Tchéquie (Apollonio 2009<sup>1</sup>). En France, une première étude prospective a été initiée en 2020 par l'OFB en faisant appel au Réseau « Ongulés sauvages OFB-FNC-FDC » pour collecter des tissus de Cerf élaphe dans les populations « libres » ayant des contacts, ou ayant eu des contacts possibles au cours des trente dernières années, avec des cerfs sika.

En 2020 (n = 12) et en 2021 (n = 92), 102 échantillons de tissus d'oreille de Cerf élaphe ont été récoltés par les membres du réseau dans 11 départements et 27 communes.



Par convention, les échantillons ont été transmis à l'équipe du Pr. Pemberton de l'Université d'Edimbourg en Ecosse spécialisée dans la génétique des ongulés et en particulier du Cerf élaphe et du Cerf sika.

<sup>1</sup> Apollonio M., Andersen R. et Putman R. 2009. European Ungulates and their Management in the 21 st Century. Cambridge University Press, UK, 604 p.

Les premiers résultats obtenus par l'analyse la plus conservatrice du lot de 102 échantillons (celle qui valorise et tend à surestimer les cas d'hybridation) indiquent que :

- tous les individus de Cerf élaphe montrent un génome conforme au moins à 97 % au génotype type Cerf élaphe choisi dans le cadre de cette étude.

- 62 individus (soit 61 % de l'échantillonnage) sont évalués comme étant des cerfs élaphe purs.

- 40 individus (soit 39 % de l'échantillonnage) ressortent de l'analyse comme étant des animaux présentant des traces d'introgression passée. À ce stade, celle-ci ne peut être « datée » (c.à.d. évaluer le nombre de générations suivant l'hybridation) et rien ne permet de savoir si l'hybridation a été un évènement unique ou répété.

Par ailleurs, il est constaté que, tout en restant rares, les valeurs d'introgression sont variables d'un territoire à l'autre : selon les sites de provenance des échantillons analysés, certains sites ne présentent aucune trace d'introgression alors que d'autres semblent avoir un nombre d'individus introgressés détectés plus important.

Les résultats de cette première analyse exploratoire indiquent donc que des évènements d'hybridation entre les 2 espèces ont eu lieu et ont eu pour conséquence l'introgression de gènes de Cerf sika dans le génome des cerfs élaphe français en raison de rétrocroisements répétés depuis les évènements d'hybridation élaphe / sika.

Mais attention, **il est très important de rappeler que ces conclusions sont encore pour l'instant que très partielles et non entièrement validées** en raison de biais méthodologiques qui pourraient impacter plus ou moins les résultats obtenus :

- l'échantillonnage réalisé est trop faible et trop restreint pour être représentatif de la population de Cerf en France.

- de plus cet échantillonnage a été ciblé sur les zones spécifiques où Cerf élaphe et Cerfs sika ont coexisté avec des densités, des périodes et des durées très variables selon les sites.

- le génome de référence pour le Cerf élaphe a été celui du génome du Cerf élaphe écossais et irlandais qui présente de légères différences avec notre Cerf élaphe.

- de même l'ADN de référence pour le Cerf sika pur a été obtenu à partir d'individus écossais qui potentiellement peuvent avoir une origine différente des populations de Cerf sika introduites en France.

**En conclusion générale, cette première étude prospective semble indiquer que de rares évènements d'hybridation ayant amené à l'introgression de gènes de Cerf sika dans certaines populations de Cerf élaphe ont eu lieu en France.**

**Il apparaît désormais intéressant de préciser ce résultat en poursuivant les recherches et en complétant les échantillonnages** pour des analyses génétiques complémentaires (précision sur les niveaux d'introgression, appréciation de la fréquence d'hybridation, nombre de rétrocroisements, etc.).

Actuellement, ce travail exploratoire reste donc à préciser en raison de quelques biais présentés ci-avant pouvant amener à quelques confusions sur les génotypes des cerfs élaphe analysés (erreur de discrimination en particulier). Ainsi, il est recommandé de prendre ces informations avec précaution. En matière de gestion notamment, aucune mesure ne peut être définie à partir de ce travail jusqu'à ce que plus de données et d'analyses soient disponibles car si certains animaux testés dans le cadre de cette étude semblent présenter une très petite quantité d'introgression de Cerf sika, il se peut aussi que tous ces individus puissent être complètement purs au regard des mises en garde évoquées ci-dessus. Par ailleurs, il serait impossible de discriminer visuellement sur le terrain les individus avec de

l'hybridation ancienne. Enfin, il peut être rappelé que le Cerf sika est classé comme espèce exotique envahissante par l'arrêté du 14 février 2018<sup>2</sup> et que des mesures visant à assurer sa gestion existent et peuvent être mises en œuvre.

Pour aller plus loin, ce programme de recherche va se poursuivre en 2023 et une réflexion sur l'échantillonnage va être menée afin d'étoffer les résultats et les conclusions de cette étude.

### Quelques définitions :

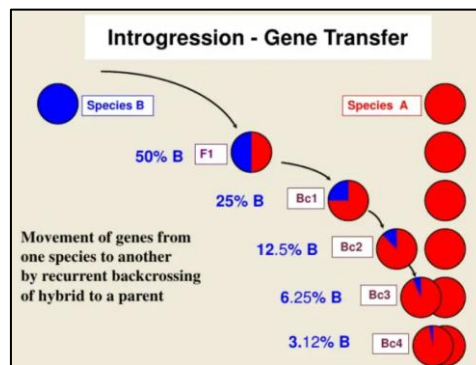
#### Hybridation

En génétique, un hybride est un organisme issu du croisement de deux individus de deux variétés, sous-espèces (croisement intraspécifique), espèces (croisement interspécifique) ou genres (croisement intergénérique) différents. L'hybride présente un mélange des caractéristiques génétiques des deux parents (notamment, pour ce qui est de la sélection végétale, dans le cas des hybrides F1).

#### Introgression

Le mot introgression désigne la dispersion des gènes d'une espèce, à l'intérieur du pool génétique d'une autre espèce génétiquement assez proche pour qu'il puisse y avoir interfécondation.

Cette dispersion de flux de gènes se fait via l'hybridation interspécifique, suivie de rétrocroisements successifs avec des représentants de l'espèce du parent local.



#### Rétrocroisement

En génétique, un rétrocroisement est le croisement d'un hybride avec l'un de ses parents ou avec un individu similaire sur le plan génétique à l'un de ses parents, de manière à obtenir un descendant ayant une identité génétique plus proche de celle du parent.

<sup>2</sup> <https://www.legifrance.gouv.fr/loda/id/JORFTEXT000036629851/>