

Impact du paysage sur la distribution spatiale et génétique des colonies de petits rhinolophes

Pierline Tournant

Sous la co-direction de Jean-Christophe Foltête (ThéMA) et Patrick Giraudoux (Chrono-Environnement)

Résumé

Le petit rhinolophe *Rhinolophus hipposideros* autrefois largement répandu dans le nord-ouest de l'Europe a connu une réduction drastique de ces effectifs au cours de la seconde moitié du XXème siècle. La destruction et la fragmentation des habitats favorables à cette espèce font parties des principales causes de ce déclin. Par conséquent nous supposons que la connectivité de ces habitats influence la distribution spatiale des gîtes de maternité. Dans un premier temps nous avons caractérisé la connectivité fonctionnelle de l'habitat de l'espèce et modélisé la distribution des colonies de maternité en Franche-Comté. La méthode des graphes paysagers a été appliquée afin d'extraire plusieurs métriques spatiales représentant la connectivité fonctionnelle paysagère à différentes échelles spatiales. Les résultats montrent à l'échelle locale que la présence de gîte dépend de la disponibilité en forêt à proximité de petites surfaces de bâti. A large échelle, la présence de gîte dépend de leur intégration à un réseau de connectivité à large échelle permettant les échanges d'individus entre gîte. La réduction des flux de gènes entre colonies due à la distribution hétérogène des gîtes peut conduire à la différenciation génétique des colonies distantes. Dans un second temps, à partir de l'échantillonnage de guano nous avons analysé à l'aide de huit microsattellites la différenciation et la structure génétique des colonies de maternité à l'échelle de la région en fonction de la structure paysagère. Malgré l'importante philopatrie des femelles, nos résultats révèlent une faible structure génétique entre les colonies. Cette structure génétique n'est ni expliquée par un isolement par la distance ni corrélée aux distances paysagères. Nous pouvons donc conclure que l'habitat du petit rhinolophe est bien connecté en Franche-Comté. Nos résultats suggèrent également que les échanges génétiques se produisent entre colonies proches probablement via la dispersion des mâles. Ces flux de gènes interviennent probablement en automne juste avant que les mâles et femelles se rejoignent dans le gîte d'hivernage.

Abstract

The lesser horseshoe bat, *Rhinolophus hipposideros* was formerly widespread and quite common in north-western Europe, but has undergone a dramatic decline from the 1960s. Habitat reduction and fragmentation have been suggested as main factors explaining the decline of this species. Following this assumption, we expected habitat connectivity to influence the spatial distribution of the maternity roosts. We firstly characterized the functional connectivity of the bat's habitat and modeled the distribution of its colonies in Franche-Comté region (France). We applied a landscape graph-based approach to extract several patch-level metrics representing the functional connectivity of the landscape at different spatial scales. Results showed that, at local scale, roost's presence depends on

the availability of wooded elements near small built areas. At broader scale, roost's presence depends on their spatial integration into a connected network allowing exchanges of individuals among them. Restricted gene flows among colonies due to the heterogeneous distribution of maternity roosts may lead to genetic differentiation between distant colonies. Based on bat droppings sampling and using eight microsatellite loci, we secondly examined the genetic differentiation of maternity colony at regional scale according to landscape structure. Despite strong female philopatry our results emphasized a weak genetic structure within maternity colonies. This genetic structure was neither related to isolation by distance nor to landscape measures. We could conclude that the Franche-Comté region presents a good overall connectivity for the lesser horseshoe bat. Our results also suggest that genetic exchanges occurred between geographically closed colonies, probably due to male dispersal events. Inter-colony gene flows might occur during mating in the fall, just before males and females gathering in winter roosts.