



# PLAN NATIONAL D' ACTIONS (PNA) POUR LE RETABLISSEMENT DE L'IGUANE DES PETITES ANTILLES

2018 - 2023



Compte rendu

## Réunion d'experts

### Définition des objectifs et planification des études génétiques

dans le cadre du [Plan national d'actions \(PNA\)](#)  
[pour le rétablissement de l'Iguane des petites Antilles \(IPA\)](#)  
[2018-2023](#)

<https://www.iguanes-antilles.org/> dont [espace réservé](#) (mot de passe : *delicatissima*)

2 février 2023

Réunion d'experts PNA IPA Définition des objectifs et planification des études génétiques		
<b>Date et heure</b> : 2 février 2023 (11h-13h)		
<b>Lieu</b> : visioconférence (via <i>Teams</i> )		
<b>Participants</b> : cf. Annexe 1 : Liste des personnes présentes		
<b>Documents joints</b> : <ul style="list-style-type: none"> <li>- <a href="#">2023 - Support de présentation en séance de la réunion d'experts : définition des objectifs et planification des études génétiques</a></li> <li>- <a href="#">Pauwels 2023. État des lieux des connaissances génétiques des populations d'Iguane des petites Antilles, <i>Iguana delicatissima</i></a></li> </ul>		
<b>Rédacteurs compte-rendu</b> : <ul style="list-style-type: none"> <li>- Alexis GUILLEUX (ONF)</li> <li>- Nicolas PARANTHOËN (ONF)</li> </ul>		
Version du document	Date de diffusion	Liste de diffusion
Projet de compte-rendu – v1	23 mars 2023	Participants à la réunion
Version finale – vF	17 avril 2024	Réseau Iguane des petites Antilles
<b>Nombre de pages</b> : 12 + annexes		

**NB** : tous les [documents soulignés en bleu](#) cités dans ce compte-rendu sont accessibles et téléchargeables *via* des liens hypertextes.

# 1. Introduction

## 1.1 Contexte

**Réseau** : tour de table (cf. Annexe 1 : Liste des personnes présentes Annexe 1 – Liste des 22 participants, dont **6 experts en dynamique des population**).

**Nicolas PARANTHOËN (animation PNA)** accueille et remercie les participants pour leur présence à cette réunion d'experts organisée en visio-conférence. Il rappelle le contexte de cette réunion. La gouvernance du PNA IPA s'organise autour de deux comités techniques (COTEC, l'un Guadeloupe et St-Martin, l'autre Martinique). Ils ont pour objectif de présenter un bilan des actions réalisées sur l'année en cours, et de proposer les actions à poursuivre, à démarrer ou à arrêter sur l'année à venir. Le programme technique et budgétaire établi d'après les propositions des COTEC est ensuite présenté pour validation du comité de pilotage (COPIL). Il constitue dès lors la feuille de route des actions à réaliser dans le cadre du PNA IPA pour l'année à venir.

**Les derniers COTEC de décembre 2022<sup>1</sup> ont sollicité l'avis d'experts pour définir les objectifs d'études génétiques et leur planification dans le cadre du PNA, d'après l'état des lieux historique des connaissances génétiques qui a été diffusé<sup>2</sup>.**

Les études génétiques sont utiles à trois actions du PNA 2018-2022, dont **l'objectif global est d'assurer la conservation durable de l'iguane des petites Antilles et de ses habitats, et contribuer à prévenir son extinction** :

- Action I.5 « *Conserver la diversité génétique et augmenter le nombre de populations* »
- Action III.2 « *Étudier la phylogénie de l'iguane des petites Antilles* »
- Action III.3 « *Comprendre les mécanismes d'interactions entre l'iguane des petites Antilles et l'iguane commun* ».

<sup>1</sup> Cf. décision n°48 : [Compte-rendu des COTEC n°5 du PNA pour le rétablissement de l'iguane des petites Antilles](#) : « Les COTECs souhaitent obtenir l'avis du réseau d'experts quant à la définition des objectifs d'études génétiques et leur planification dans le cadre du PNA. Les COTECs proposent les points suivants : **(i)** réaliser une étude génétique des individus de phénotype *delicatissima* rencontrés en Guadeloupe continentale et aux Saintes afin d'orienter les mesures de conservation du prochain PNA ; **(ii)** réaliser une étude génétique, biologique et morphologique sur les iguanes invasifs capturés dans le cadre des réseaux de veille en Martinique et en Guadeloupe, afin de comprendre la dynamique de colonisation et les capacités reproductrices selon la lignée à laquelle ils appartiennent (*I. iguana* ou *I. iguana rhinolopha*). L'animation du PNA diffuse le [rapport d'état des lieux des connaissances génétiques](#) au réseau d'experts, en amont d'une réunion d'experts qui se tiendra de façon commune aux deux territoires le 2 février. La planification des études génétiques dès 2023 dépendra donc des avis du réseau d'experts, validés en COPIL du 9 février [NDLR : finalement le 22 mars] ».

<sup>2</sup> [Pauwels 2023. État des lieux des connaissances génétiques des populations d'iguane des petites Antilles, \*Iguana delicatissima\*](#)

## 1.2 Objectifs

Il s'agit de bien définir les objectifs de recherche génétique pour répondre aux objectifs de conservation du PNA. L'animation du PNA s'essaie à les définir ainsi :

1. **Conserver les populations viables de l'espèce**
  - a. vérifier l'absence d'hybridation avec les iguanes invasifs, sinon le faible niveau d'introggression avec des allèles d'iguanes invasifs
  - b. vérifier si les populations en déclin démographique subissent un effet fondateur avec consanguinité et dérive génétique
2. **Conserver la diversité génétique de l'espèce**
  - a. connaître la diversité génétique de chaque population, donc de l'espèce
  - b. évaluer la contribution respective de chaque population à la diversité génétique globale de l'espèce
  - c. conserver la diversité génétique de l'espèce
3. **Créer (ou participer à la création) de nouvelles populations viables pour l'espèce**
  - a. participer à la création ou au renforcement des nouvelles populations viables

4

## 1.3 Questions posées

Considérant les objectifs fixés, l'état des lieux des travaux et connaissances génétiques<sup>2</sup>, **il est attendu du réseau d'expert qu'il conseille le COTEC et le COPIL du PNA IPA sur la pertinence et les limites des études génétiques pour répondre aux objectifs listés**. Il s'agit le cas échéant de répondre aux questions suivantes :

- Quelle méthode est la plus adaptée pour connaître la diversité (=polymorphisme) génétique de l'espèce ?
- Quelle méthode est la plus adaptée pour vérifier l'absence d'hybridation, i.e. le niveau d'introggression ?
- Quelle méthode est la plus adaptée pour vérifier l'effet fondateur, la consanguinité, la dérive génétique ?

## 2. Échanges

### État des connaissances génétiques

Un état des lieux des connaissances génétiques des populations d'Iguane des petites Antilles a été réalisé par Julie PAUWELS<sup>2</sup> et transmis aux participants en amont de cette réunion. L'objectif de cet état des lieux est (i) de synthétiser les connaissances génétiques acquises à travers les études publiées ou non, (ii) de lister les échantillons biologiques prélevés et disponibles selon leur lieu et conditions de stockage, et (iii) de lister les données d'analyses génétiques réalisées et leur état de bancarisation. Le rapport décrit également de manière vulgarisée les différentes méthodes d'analyses qui ont été employées, et fournit des recommandations en matière de gestion. L'ensemble constitue **un outil d'aide à la décision afin de mieux identifier les objectifs de recherche, planifier les futures études génétiques, et rédiger des cahiers des charges précis en termes de prélèvements, d'analyse et de résultats attendus**. L'objectif n'était pas de définir les objectifs de recherche en tant que tels, d'où l'objet de cette réunion.

De façon très succincte, les études génétiques sur les populations d'*Iguana delicatissima* ont véritablement débuté à la fin des années 1990. Elles décrivent une très faible variabilité génétique sur les marqueurs étudiés, à l'échelle de l'aire de répartition de l'espèce.

D'après Michel BREUIL, les résultats des publications de Malone et al., 2000 et Martin et al., 2015 sont à prendre avec précaution car (i) ils sont basés sur un nombre très faible d'échantillons, (ii) qui ont été analysés avec des moyens technologiques moins développés qu'aujourd'hui. Depuis, de nouvelles analyses, dont les résultats ne sont pas publiés, semblent indiquer un polymorphisme relativement important au sein de l'espèce *Iguana delicatissima* :

- Îlets Frégate et Fourchue à Saint-Barthélemy : une étude portant sur plus de 70 échantillons d'individus de *I. delicatissima* montrerait une grande variabilité génétique au sein des populations des deux îlets. Bien que la population relictuelle de Fourchue ait bénéficié du renforcement de nouveaux individus, la population actuelle semble faire face à un effet de fondation et une dérive génétique. Ce phénomène de diminution du polymorphisme est tout à fait normal dans ce contexte où quelques individus ne peuvent pas posséder toute la variabilité de la population d'origine.
- Guadeloupe : une étude réalisée par David SCHIKORSKI dans le cadre du projet de translocation à Kahouanne s'est intéressée à la population relictuelle d'*I. delicatissima* de la Basse-Terre, et indique également un polymorphisme important (découverte de plusieurs haplotypes non publiés).

Un projet en cours, piloté par Matthijs VAN DEN BURG (*Burg Biologica*) avec l'Université de Wageningen, le Muséum d'Histoire naturelle de Madrid et Michel BREUIL notamment, prévoit le séquençage complet du génome mitochondrial de *I. delicatissima* à partir d'échantillons prélevés sur l'ensemble de son aire de répartition.

### Comparaison des méthodes d'analyse génétique

Plusieurs méthodes sont envisageables pour répondre aux questions posées (cf. 1.3). Globalement, les experts font la distinction entre les **méthodes dites « traditionnelles » (analyse des marqueurs nucléaires, mitochondriaux et microsatellites)** et une méthode dite « moderne » (RAD-Seq).

Quelle que soit la méthode utilisée et les questions posées, il apparaît **indispensable de constituer une base génétique de référence pour *I. delicatissima* sur l'ensemble de son aire de répartition mais aussi pour les sous-espèces *I. iguana* (*I. i. iguana*, *I. i. rhinolopha*, *I. i. santaluciae*, *I. i. melanoderma*, *I. i. insularis*)**. Seule une analyse comparative du génome du genre *Iguana* permettra d'identifier des allèles caractéristiques d'une espèce (ou sous-espèce), et *in fine* de disposer de véritables marqueurs diagnostiques, nécessaires pour répondre aux questions posées. Une telle étude n'a jamais été réalisée. **En l'état actuel des connaissances, il est audacieux/hasardeux d'identifier des marqueurs diagnostiques pour les microsatellites**. Leur utilisation pour l'hybridation demande à connaître la variabilité génétique de toutes les populations *delicatissima*. La séquence mitochondriale ND4 est quant à elle parfaitement diagnostique pour différencier une lignée maternelle *delicatissima* quel que soit le génotype nucléaire d'une lignée non-*delicatissima*. Enfin, les séquences nucléaires Cmos et NT3 restent parfaitement adaptés à des analyses d'hybridations.

Selon Michel BREUIL, certains marqueurs initialement identifiés et décrits dans la littérature scientifique se sont avérés inadaptés plus tard pour caractériser l'espèce *I. delicatissima*.

**Plusieurs éléments remettent en question la performance des méthodes « traditionnelles »** pour apporter des réponses aux questions posées :

- l'identification de marqueurs microsatellites diagnostiques, pour une espèce ou sous-espèce du genre *Iguana*, est incertaine en l'absence d'une analyse comparative (cf. ci-dessus) ;
- la diversité des marqueurs (i.e. nucléaires, mitochondriaux ou microsatellites) utilisés complexifie la comparaison des résultats des études réalisées ;
- en ce qui concerne les marqueurs microsatellites, il est nécessaire de réaliser une calibration des machines pour comparer les résultats d'analyses issues de différents laboratoires.

**La méthode de séquençage RAD-seq (Restriction site Associated DNA tag sequencing)** permettrait également, d'après Hugo CAYUELA, de répondre aux trois questions posées (cf. 1.3). Cette méthode moderne de séquençage dite « haut débit » permet d'identifier des milliers de marqueurs nucléaires (SNP<sup>3</sup>) de façon plus ou moins aléatoire tout au long du génome d'une espèce (ou sous-espèce). L'approche RAD-Seq a déjà été utilisée dans le cadre de la mise en œuvre d'autres Plans Nationaux d'Actions, tels que PNA Sonneur à ventre jaune ou PNA Pélobate Brun.

D'après Etienne BEZAULT, la méthode de séquençage RAD-Seq s'avère très utile pour disposer de **banques de référence robustes** et ainsi **quantifier/hierarchiser la diversité génétique** des différentes populations d'un genre, d'une espèce ou d'une sous-espèce. Cette méthode moderne augmente considérablement les capacités d'étude (production d'un gros volume de données), mais aussi le temps d'analyses nécessaires ; ce point est souvent négligé. **Ce type d'étude est à envisager sur le long terme (5-10 ans)**, or cette échelle de temps n'est pas nécessairement cohérente avec la durée d'un PNA.

---

<sup>3</sup> Un Polymorphisme d'un Seul Nucléotide (SNP, ou *single nucleotide polymorphism* en anglais) est la variation d'une seule paire de base du génome nucléaire entre individus d'une même espèce. La variation doit être située à un endroit spécifique du génome et apparaître sur une proportion supérieure à 1 % de la population pour être caractérisée comme SNP. Certaines associations de SNP peuvent permettre de caractériser une population. Les SNP s'appliquent aussi au génome mitochondrial.

Sur le plan financier, les analyses via les méthodes traditionnelles coutent en moyenne 1,5 \$US pour 1 marqueur séquencé ; la méthode RAD-Seq coute en moyenne 60 \$US pour des centaines, voire des milliers de marqueurs.

David SCHIKORSKI précise qu'il faut identifier entre **300 à 500 marqueurs de type SNP** pour constituer un panel de qualité, voire davantage si possible. Une fois ce panel créé, n'importe quel laboratoire pourra procéder aux analyses de polymorphisme ou d'évaluation du degré d'introggression d'une population. Le nombre de marqueurs à séquencer n'influencera pas le prix des analyses.

**Relevé de proposition du comité d'experts : méthode d'analyse pour répondre aux questions posées**

**01.** Combiner deux approches : **(i)** poursuivre les études avec les **méthodes traditionnelles** d'analyse pour améliorer la **connaissance du polymorphisme génétique** sur la base des marqueurs nucléaires (ex : C-mos, NT3), mitochondriaux (ex : Cyt C, ND4) et microsatellites décrits dans la littérature scientifique, afin de capitaliser les travaux antérieurs et disposer de **résultats à court-terme** ; **(ii)** débiter une **étude internationale de type RAD-Seq** de manière à établir une banque de références pour l'ensemble des espèces et sous-espèces du genre *Iguana*, et ainsi constituer un panel de marqueurs de référence (300 à 500 *single nucleotide polymorphism* SNP) pour *I. delicatissima*. Les résultats d'analyses à partir des méthodes traditionnelles seront ainsi **réévalués à long terme** (5 à 10 ans).

7

**Prélèvements d'échantillons biologiques**

Quelles que soient les méthodes utilisées, il sera nécessaire de réaliser de nouveaux prélèvements sur les différentes populations de *I. delicatissima*. En effet, l'exploitation d'échantillons anciens (i.e. prélevés et stockés depuis plusieurs années) n'est pas recommandée par les experts. La qualité des résultats obtenus dépend d'une combinaison de facteurs : type de prélèvements (muscle, épine dorsale, sang, salive, etc.), moyen de conservation (alcool, congélation, etc.) et ancienneté de l'échantillon. Concrètement, plus les échantillons sont frais et meilleurs seront les résultats des analyses. En effet, les séquences ADN d'échantillons anciens sont généralement plus courtes et très altérées comparativement à celles d'échantillons fraîchement prélevés. **Si l'objectif est de constituer des bases de références, il est fortement recommandé de prélever entre 30 à 50 nouveaux échantillons sur chaque population, et ce peu importe la ou les méthode(s) d'analyse retenue(s).** Les échantillons « anciens » ne sont pas à écarter ou à détruire : ils peuvent faire l'objet d'analyses complémentaires aux études en cours.

De la même façon, si un effet fondateur, de la consanguinité ou une dérive génétique sont suspectés chez une population, de nouveaux échantillons prélevés de manière régulière sont obligatoires pour évaluer la viabilité de la population dans le temps. Ces prélèvements peuvent être réalisés en même temps que les missions de Capture-Marquage-Recapture (CMR).

David SCHIKORSKI recommande **conserver les échantillons dans de l'alcool à 95°, qui contrairement à la congélation n'altère pas les séquences ADN**. Concernant le type de prélèvements, les experts recommandent plutôt de **prélever des échantillons issus de tissus vivants (ex : épines dorsales coupées à la base) ou du sang**. L'animation du PNA questionne les experts sur l'utilisation des cartes



FTA Whatman<sup>4</sup> pour sécuriser les échantillons. Il semble que cette technique ne soit pas encore démocratisée sur ce type d'analyse.

#### Relevé de proposition du comité d'experts : prélèvement d'échantillons biologiques

**02. Réaliser 30 à 50 nouveaux échantillons sur chaque population** quelle que soit la ou les méthode(s) d'analyse retenue(s). Conserver les échantillons « anciens » pour d'éventuelles analyses complémentaires. Préférer la conservation des échantillons dans de l'alcool à 95° qui n'altère pas les séquences ADN contrairement à la congélation.

#### Hybridation et introgression

Le terme de « pureté » génétique d'une population ou d'une espèce – indiquant qu'une population n'a pas été introgressée – est à éviter pour certains experts. Comme le montrent *I. delicatissima* et *I. iguana*, deux espèces distinctes peuvent être interfécondes et engendrer une descendance fertile. La séparation entre ces deux lignées évolutives n'est pas franche, avec **probablement une partie du génome en commun**. Ce point conforte la nécessité d'établir les bases de références pour l'ensemble des espèces et sous-espèce du genre *Iguana*, en identifiant la variabilité génétique des différentes espèces dans les populations où l'on est sûr qu'il n'y a pas eu d'introgression récente (La Désirade est exclue à ce titre).

**Lors d'une hybridation entre espèces, une introgression est observée dans le génome des descendants.** Il s'agit d'un flux de gènes d'une espèce vers une autre. Dans les échantillons analysés jusqu'à présent, il est tout à fait probable que des allèles identifiés comme rares ou diagnostiques correspondent à des allèles issus d'hybridations anciennes (cas particulier des microsatellites).

De manière contre intuitive, l'hybridation contribue au polymorphisme génétique d'une espèce, et ne doit pas nécessairement être considérée comme défavorable pour l'espèce à préserver. Une dilution des gènes dits « introgressés » (ou hérités) pourra être observée, et ces gènes seront soumis au processus de sélection naturelle. Etienne BEZAULT émet un point de vigilance sur l'élimination systématique des individus identifiés comme hybrides d'après des critères génétiques uniquement : cela pourrait s'apparenter à une contre-sélection de l'espèce, et contribuer progressivement à son extinction.

Michel BREUIL rappelle que certains individus identifiés phénotypiquement comme *I. delicatissima* se sont révélés, suite à analyse génétique, être des hybrides. Ces individus disposaient en effet de marqueurs nucléaires diagnostiques de *I. iguana*. Ces hybridations n'étaient pas récentes (hybridation F2, F3, F4 voire plus anciennes).

Dans la mesure où le génotypage de tous les individus des populations d'*I. delicatissima* est inenvisageable, les décisions quant au devenir des individus hybrides doivent être prises sur la base de critères morphologiques, donc phénotypiques. **La définition d'un seuil ou d'un taux d'introgression du génome d'*I. delicatissima* par *I. iguana* au-delà duquel on pourrait statuer sur le retrait ou l'euthanasie de l'individu hybride apparaît être une solution difficile à mettre en œuvre et pourrait *in fine* nuire à la survie de *I. delicatissima*.**

<sup>4</sup> Les cartes FTA Whatman permettent de collecter de l'ADN à partir d'une goutte de sang ou d'un échantillon de tissus vivants (à tamponner sur la carte). Les cartes FTA peuvent être conservées à température ambiante à l'abri de la lumière pour stockage temporaire, toutefois il est recommandé de les stocker à des températures comprises entre + 4°C et – 20°C pour des stockages prolongés.



### **Relevé de proposition du comité d'experts : hybridation et introgression**

**03.** Évaluer un taux d'introgression du génome *I. delicatissima* par *I. iguana* impliquerait le génotypage d'un nombre considérable d'individus dans toutes les populations. Ce n'est pas réalisable techniquement ni souhaitable éthiquement : les gènes dits « introgressés » sont soumis au processus de sélection naturelle et peuvent représenter un avantage évolutif pour l'espèce à préserver. Les experts s'accordent sur le fait de **ne pas éliminer systématiquement des individus présentant un phénotype *I. delicatissima* typique, même s'ils possèdent une part de génome introgressé par *I. iguana*.** En revanche, tout individu présentant des caractères morphologiques d'hybridation marquée entre les deux espèces doit être retiré de la population et donc euthanasié. Les critères morphologiques prévalent.

9

### **Variations morphologiques au sein de l'espèce *Iguana delicatissima***

Les populations de *I. delicatissima* présentent des variations morphologiques importantes en fonction de leurs habitats. En effet, les individus présents en forêt humide (Nord Martinique, Dominique) sont en moyenne plus massifs (taille et poids) que les individus présents sur des îlets secs (Chancel, Petite-Terre, Désirade). Aucune étude explique cette diversité morphologique au sein de l'espèce, ni si elle se traduit également par une différenciation génétique.

Florian DESIGAUX poursuit l'exploitation de la base de données *delicatissima* dans le cadre de sa thèse (CNRS-UA), mais rencontre des difficultés compte tenu du manque d'informations sur les caractéristiques des queues notamment.

### **Relevé de proposition du comité d'experts : variations morphologiques chez *I. delicatissima***

**04.** Conduire une étude sur les variations morphologiques, biologiques et génétiques chez les populations de *I. delicatissima*.

### **Régulation de *Iguana iguana***

La principale menace pour la conservation d'*I. delicatissima* reste la présence et la cohabitation avec *I. iguana* ; cette dernière ayant un taux d'accroissement démographique plus élevé (fécondité, compétitivité, etc.), et tout particulièrement pour la sous-espèce *I. i. rhinolopha* d'après Michel BREUIL. La mise en œuvre d'actions de régulation contre *I. iguana* est un point clé pour la conservation d'*I. delicatissima*. À l'échelle des petites Antilles, plusieurs cas témoignent de la disparition (ou substitution) d'*I. delicatissima* au profit d'*I. iguana*, sur une courte échelle de temps en l'absence d'actions entreprises pour réguler ou éradiquer les iguanes invasifs. Cet historique alarmant justifie d'engager des **actions de lutte contre *I. iguana*, notamment pour contenir cette espèce invasive en dehors des dernières populations d'*I. delicatissima*.** L'absence d'un Plan de lutte contre l'Iguane commun (PLIC) validé en Guadeloupe est perçue comme inquiétante pour la conservation des populations d'*I. delicatissima* de la Désirade et Petite-Terre.

### **Relevé de proposition du comité d'experts : régulation de *I. iguana***

**05.** Poursuivre les opérations de régulation voire d'éradication des espèces d'iguanes invasifs. Les experts encouragent la validation du PLIC en Guadeloupe.

### **Translocation d'individus *I. delicatissima***

Les experts s'accordent sur la nécessité de **constituer des bases de références des espèces et sous-espèces du genre *Iguana* avant tout projet de translocation**. Qu'il s'agisse de renforcement de population ou de création d'une nouvelle population, il est nécessaire de procéder à un génotypage des individus préalablement à toute translocation. La caractérisation de l'espèce basée uniquement sur le phénotype n'est, dans ce cas précis, pas suffisante.

#### **Relevé de proposition du comité d'experts : projet de translocation**

**06.** Le génotypage des individus concernés par un projet de translocation est indispensable : la caractérisation de l'espèce basée uniquement sur le phénotype n'est pas suffisante dans ce cas précis.

10

### **Périmètre d'étude approprié**

Bien que le PNA soit focalisé à l'échelle des Antilles françaises (Guadeloupe, Martinique et Saint-Martin dans une moindre mesure), les résultats obtenus doivent être comparables à l'échelle de l'aire de répartition de l'espèce. Il est donc primordial que les futures études génétiques soient réalisées en collaboration avec les acteurs d'autres pays de la Caraïbes (Dominique, Saint-Eustache, Anguilla, etc.). **Les généticiens s'accordent sur la pertinence de construire un projet d'étude à l'échelle régionale et envisagent plusieurs pistes de financement (ANR, FEDER, INTERREG, Life, etc.)**. Ce point demande réflexion et aucune décision n'est prise sur le montage d'un projet.

### **Conclusions**

Les études génétiques sont pertinentes pour répondre aux objectifs du PNA, en particulier pour **(i)** vérifier si les populations en déclin démographique ont subi un goulot d'étranglement, ou **(ii)** si les populations transloquées subissent un effet fondateur avec consanguinité et dérive génétique, et **(iii)** préalablement à tout projet de translocation pour renforcer ou créer de nouvelles populations d'*I. delicatissima*.

Une étude génétique comparative, plutôt de type RAD-seq, est un préalable primordial pour **constituer des marqueurs de référence sur l'ensemble des espèces et sous-espèces du genre *Iguana* et à l'échelle des petites Antilles**. Cette vaste étude est à envisager sur le long terme (5-10 ans) et en collaboration avec des partenaires caribéens. Sur le principe, cette étude ne serait pas portée par l'animation du PNA mais par des acteurs tiers, tels que des universités ou instituts de recherche, voire des bureaux d'études.

En l'absence de base de référence, il est tout de même possible d'utiliser la génétique au sein d'une population d'*I. delicatissima* notamment pour **(1) évaluer ou suivre l'évolution de l'effet fondateur, de la consanguinité et de la dérive génétique**, et **(2) mesurer et suivre l'évolution de l'introgession des gènes *I. iguana***. Ces analyses génétiques peuvent être réalisées au moyen des méthodes dites « traditionnelles », et reprendre les marqueurs génétiques historiquement décrits dans la littérature scientifique.

Pour toute nouvelle étude génétique sur les populations *I. delicatissima*, il semble **inévitables de réaliser de nouveaux prélèvements biologiques sur les populations cibles**. La réutilisation d'échantillons biologiques « anciens » n'est pas à privilégier car la probabilité que les échantillons soient peu ou pas exploitables est forte.

**Les actions de régulation de *I. iguana* doivent être poursuivies** pour réguler ses populations et limiter les possibilités d'invasion sur les îles ou territoires abritant les dernières populations viables d'*I. delicatissima*. Les individus présentant des caractères morphologiques évidents d'hybridation entre les deux espèces seront euthanasiés, sans avoir à réaliser des études génétiques préalables. Des biopsies de ces individus, associées à des photographies des profils de tête, du cou, du corps et de la queue seraient toutefois utiles à des études génétiques visant à améliorer les connaissances des relations phénotypes/génotypes et les conséquences morphologiques des sens de croisement.

Au regard des éléments discutés, des actions de conservation adéquates pour les **individus *I. delicatissima* de Basse-Terre (Guadeloupe) et la population du Nord Montagne Pelée (Martinique)** ont jusqu'à présent été difficiles à mettre en œuvre en raison de plusieurs contraintes :

- **Absence de barrière naturelle** : contrairement aux populations de la Désirade, Petite Terre ou Chancel, l'aire de répartition des populations de Basse Terre et du Nord Martinique n'est pas délimitée par une barrière physique. Ces populations ne sont donc pas isolées de celles d'*I. iguana*, et sont ou risquent d'être prochainement en contact.
- **Accès restreint aux individus** : ces populations évoluent souvent en forêts denses humides, où les individus sont difficilement détectables ou accessibles pour effectuer des prélèvements d'échantillons biologiques. La collecte d'échantillons sur 30 ou 50 individus est plus ardue dans ces populations.
- **Manque de connaissance** : ces populations ont peu été étudiées, et restent à l'heure actuelle largement méconnues (aire de répartition, densité, évolutions démographiques, sites de reproductions, polymorphisme génétique, etc.), même si elles semblent constituer un réservoir de variabilité génétique de l'espèce.
- **Translocation** : en l'absence d'une étude génétique globale, il n'est pas possible d'évaluer la contribution de ces populations au polymorphisme global de l'espèce. De plus, aucun seuil d'introggression n'est actuellement établi pour statuer sur l'intérêt ou non de transloquer un individu au sein d'une population en déclin.
- **Viabilité après translocation** : actuellement, les sites d'accueil potentiels pour les translocations sont des îles sèches, de basse altitude et abritant une végétation sèches. Les populations de Basse-Terre et du Nord Martinique évoluent en forêts denses humides et à moyenne altitude ; il n'y a aucune certitude que les individus survivent à une translocation sur une île sèche.
- **Hébergement temporaire** : manque de recul sur les capacités de survie des individus en captivité, le temps d'obtenir les résultats des études génétiques avant prise de décision sur la translocation.

En l'état actuel des connaissances, il apparaît plus aisé de concentrer les efforts conservation et études sur les populations d'*I. delicatissima* situées sur la Désirade, Petite-Terre et Chancel. En définitive, des études et des moyens (humains et financiers) conséquents sont nécessaires pour envisager des solutions – possiblement novatrices pour les territoires français – pour envisager d'intégrer à la conservation de l'espèce les individus *I. delicatissima* de Basse-Terre (Guadeloupe) et du Nord Montagne Pelée (Martinique). Si un prochain PNA voit le jour, il devra s'intéresser particulièrement aux cas des populations localisées en forêt dense, dont les individus **et le patrimoine génétique** sont vouées à disparaître si aucune action de conservation concrète n'est mise en œuvre en leur faveur.

### 3. Clôture de la réunion d'experts

Le temps d'échange a été épuisé.

**N. PARANTHOËN (animation PNA)** remercie l'ensemble des participants. La réunion d'expert à l'échelle des Antilles françaises a pour vocation de favoriser les échanges directs entre les gestionnaires, les acteurs du réseau Iguane des Petites Antilles Guadeloupe/Martinique et les scientifiques au niveau national. Il indique que les projets de compte-rendu, relevés de décisions et la présentation seront transmis aux participants pour relecture et validation.

**Annexe 1 : Liste des personnes présentes (en gras, intervenants en qualité d'experts)**

Structure	Prénom NOM	Fonction	Contact
Agence territoriale de l'environnement St Barthélemy (ATE)	Karl QUESTEL	Chargé de mission milieu terrestre	<a href="mailto:karl.questel@agencedelenvironnement.fr">karl.questel@agencedelenvironnement.fr</a> 06 90 58 40 22
<b>ANTAGENE (laboratoire)</b>	<b>Vincent GUILLOT</b>	<b>Ingénieur biodiversité</b>	<a href="mailto:vguillot@antagene.com">vguillot@antagene.com</a> <b>06 32 92 45 05</b>
<b>ANTAGENE (laboratoire)</b>	<b>Cécile KAERLE</b>	<b>Ingénieure cheffe de projet R&amp;D</b>	<a href="mailto:ckaerle@antagene.com">ckaerle@antagene.com</a>
AQUASEARCH & Consultante indépendante	Nathalie DUPORGE	Cheffe de projet	<a href="mailto:n.duporge@aquasearch.fr">n.duporge@aquasearch.fr</a> 06 68 51 31 13
ARDOPS Environnement	Baptiste ANGIN	Gérant	<a href="mailto:ardops.environnement@gmail.com">ardops.environnement@gmail.com</a> 06 90 27 59 08
	<b>Michel BREUIL</b>	<b>Chercheur généticien</b>	<a href="mailto:breuil.michel@gmail.com">breuil.michel@gmail.com</a> <b>06 10 47 09 38</b>
DEAL Guadeloupe	Donatien CHARLES	Service Ressources Naturelles / Pôle Biodiversité / Chargé de mission biodiversité terrestre	<a href="mailto:donatien.charles@developpement-durable.gouv.fr">donatien.charles@developpement-durable.gouv.fr</a> 05 90 99 43 53
DEAL Martinique	Pauline BASCOLE	Chargée de mission espèces exotiques envahissantes et chauves-souris	<a href="mailto:eee972@developpement-durable.gouv.fr">eee972@developpement-durable.gouv.fr</a> 06 96 21 82 41
DEAL Martinique	Bruno LAZZARINI	Chef du pôle Biodiversité, Nature et Paysages	<a href="mailto:bruno.lazzarini@developpement-durable.gouv.fr">bruno.lazzarini@developpement-durable.gouv.fr</a> 06 96 36 22 73
Le Carouge (association)	David BELFAN	Président	<a href="mailto:d_belfan@hotmail.com">d_belfan@hotmail.com</a> 06 96 22 47 04
Le Gaïac (association)	Fortuné GUIOUGOU	Président de l'association	<a href="mailto:legaiac@orange.fr">legaiac@orange.fr</a> 06 90 45 32 22
OFB	Fabian RATEAU	Chef de l'Unité technique & connaissance Antilles françaises (UTC)	<a href="mailto:fabian.rateau@ofb.gouv.fr">fabian.rateau@ofb.gouv.fr</a> 06 96 45 93 17
ONF	Cédric BAUDRAN	Expert animateur du réseau herpétofaune	<a href="mailto:cedric.baudran@onf.fr">cedric.baudran@onf.fr</a> 06 12 87 10 33
ONF Guadeloupe	Jérôme LABRY	Chargé d'appui à l'animation PNA pour la Guadeloupe et St-Martin	<a href="mailto:jerome.labry@onf.fr">jerome.labry@onf.fr</a> 06 90 99 60 73
ONF Guadeloupe / Martinique	Nicolas PARANTHOËN	Coordinateur interrégional des PNA	<a href="mailto:nicolas.paranthoen@onf.fr">nicolas.paranthoen@onf.fr</a> 06 90 47 37 32

Structure	Prénom NOM	Fonction	Contact
ONF Martinique	Alexis GUILLEUX	Animateur territorial des PNA pour la Martinique	<a href="mailto:alexis.guilleux@onf.fr">alexis.guilleux@onf.fr</a> 06 96 26 69 62
ONF Martinique	Linsay VINCENTI	Chargée d'appui à l'animation PNA pour la Martinique	<a href="mailto:linsay.vincenti@onf.fr">linsay.vincenti@onf.fr</a> 06 90 26 74 51
PAUWELS Julie	Julie PAUWELS	Écologue indépendante	<a href="mailto:jul.pauwels@hotmail.com">jul.pauwels@hotmail.com</a> 06 33 33 98 21
<b>QUALYSE</b> (laboratoire départemental)	David SCHIKORSKI	Responsable d'Unité Génomique	<a href="mailto:david.schikorski@qualyse.fr">david.schikorski@qualyse.fr</a> 06 62 69 21 55
Université des Antilles	Etienne BEZAULT	Maître de conférence	<a href="mailto:etienne.bezault@univ-antilles.fr">etienne.bezault@univ-antilles.fr</a> 06 90 96 80 80
Université de Lyon	Hugo CAYUELA	Doctorant génomique amphibiens / reptiles	<a href="mailto:hugo.cayuela51@gmail.com">hugo.cayuela51@gmail.com</a>
Tite (association)	Léa SEBESI	Chargée de mission scientifique et police pour les Réserves Naturelles de Petite Terre et Désirade	<a href="mailto:leasebesi.tite@gmail.com">leasebesi.tite@gmail.com</a> 06 90 34 97 55