

Strasbourg, 28 January 2022

T-PVS/Files(2022)17

CONVENTION ON THE CONSERVATION OF EUROPEAN WILDLIFE
AND NATURAL HABITATS

Standing Committee

42nd meeting
Strasbourg, 29 November - 2 December 2022

New complaint: 2021/6

**Conservation de la G linotte des bois (*Tetrastes bonasia rhenana*)
(France)**

- GOVERNMENT REPORT -

*Document prepared by
Government of France*

**Eléments de réponse faisant suite à la plainte déposée auprès du
secrétariat général de la
Convention de Berne concernant la Gelinotte des Bois**

I) Gelinotte des bois : cadre réglementaire et données disponibles

A) Statut de l'espèce

En France, l'espèce est répartie sur les reliefs de l'est de la France, des Alpes aux Ardennes et ponctuellement dans les Pyrénées et le nord du massif central.

En droit français, la Gelinotte des bois (*Tetrastes bonasia*) est une espèce considérée comme relevant du gibier au titre de l'arrêté du 26 juin 1987 « *fixant la liste des espèces de gibier dont la chasse est autorisée* ». Toutefois cette espèce n'est plus chassée que dans trois départements français (Haute-Savoie, Savoie et Isère). Au niveau européen, elle est inscrite sur les annexes I et II/2 de la directive Oiseaux et annexe III de la convention de Berne.

B) Démographie et suivi cynégétique

La Gelinotte ne bénéficie pas des mêmes modalités de suivi que la plupart des autres espèces de galliformes. En effet, sa grande discrétion et les milieux denses qu'elle occupe empêchent la mise en œuvre des méthodes classiques de dénombrement. Depuis 2002, une nouvelle méthode a été mise en place, la méthode IPPC (Indices de Présence sur Placettes Circulaires), méthode qui a pu démontrer son expansion dans les Alpes du sud où elle colonise progressivement les forêts de montagne.

Concernant les massifs vosgiens, une enquête de terrain menée par le réseau avifaune de l'Office National des Forêts révélait la fragilité du statut de la Gelinotte ; seul le sud du massif vosgien constituait une zone de présence régulière de l'espèce et celle-ci se cantonnait sur des secteurs restreints et distants les uns des autres (Ducruet S, 2017). Enfin, l'enquête décennale (2010-2020) menée par l'Observatoire des Galliformes de Montagne (OGM, 2021) a confirmé un déclin de l'espèce sur le massif vosgien.

Hormis les trois départements précédemment cités, l'espèce est soumise à un plan de chasse nul depuis plusieurs années dans deux départements où sa présence est confirmée, mais fragile. Dans les autres départements français, et notamment ceux qui couvrent le massif vosgien, la chasse de cette espèce est interdite par arrêté préfectoral.

C) Données disponibles relatives aux prélèvements de gélinottes dans les trois départements français où l'espèce est chassée

Année	Isère	Savoie	Haute-Savoie	Total
2015	16	16	7	39
2016	4	12	6	22
2017	12	7	6	25
2018	2	1	3	6
2019	11	2	3	16
2020	2	2	1	5

II) Eléments de réponse aux violations alléguées de la convention de Berne

A) Sur une violation possible des articles 7 de la convention de Berne.

L'article 7 de la convention dispose quant à lui que « chaque Partie contractante prend les mesures législatives et réglementaires appropriées et nécessaires pour protéger les espèces de faune sauvage énumérées dans l'annexe III ». Ce même article précise également que « toute exploitation de la faune sauvage énumérée dans l'annexe III est réglementée de manière à maintenir l'existence de ces populations hors de danger, compte tenu des dispositions de l'article 2 ».

En l'espèce, le requérant dans sa motivation soutient l'existence d'une sous espèce de gélinotte des bois, uniquement représentée en France dans le département des Vosges (*tetrastes bonasia rhenana*).

La France sur cette question voudrait rappeler qu'en premier lieu, une étude scientifique (document en pièce jointe du mail adressé) sur une possible différenciation génétique de la population vosgienne a conclu à **l'absence évidente de différenciation sur le territoire français entre les populations vosgiennes, jurassiennes et alpines**. Par ailleurs cette même étude conclut à l'absence de marqueur génétique disponible permettant d'identifier de manière fiable les individus de la sous-espèce *rhenana*. Enfin, elle vise à démontrer que la sous-espèce *rhenana* n'est pas issue d'une lignée évolutive différente des populations *styriaca* (Alpes) ou *rupestris* (Jura).

En conclusion il n'est donc pas possible d'assigner les individus vosgiens à l'une des sous-espèces sur la base des données génétiques disponibles. L'affirmation donc énoncée par le plaignant de l'existence dans le nord-est de la France d'une population de *T. b. rhenana* dans le massif vosgien n'est par conséquent pas fondée.

Concernant l'espèce elle-même, la Gélinotte n'est plus tirée que dans trois départements alpins depuis les années 2000 avec des prélèvements totaux inférieurs à 10 individus pour 2020.

Enfin, en ce qui concerne la région Grand Est, il a été décidé en concertation avec la DREAL Grand Est et le Conseil Régional du Grand Est, **la rédaction un Plan d'Urgence 2022-2031 en faveur de la Gélinotte des bois dans le Grand Est**. Ce Plan d'Urgence est en cours d'élaboration et servira de document cadre dans l'application du Programme Life intégré porté par la région Grand Est. Il servira également de document technique indispensable à la mise en œuvre d'un prochain Plan Régional d'Actions « Tétracidés » dans le Grand Est, de façon à mutualiser certaines actions de conservation similaires au Grand Tétrax et à la Gélinotte des bois sur le massif vosgien (ex : quiétude des sites, pression des ongulés sauvages, etc...).

En conséquence les autorités françaises considèrent que la violation par la France de l'article 7 de la Convention de Berne n'est pas démontrée.

B) Sur la violation de l'article 11a.

L'article 11a) de la convention précitée précise que « les Parties contractantes s'engagent à coopérer chaque fois qu'il sera utile de le faire, notamment lorsque cette coopération pourrait renforcer l'efficacité des mesures prises conformément aux autres articles de la présente Convention ».

A ce titre le requérant mentionne l'urgence d'un plan de sauvetage pour prévenir l'extinction de cette espèce dans cette région et le refus de la France de coopérer en permettant la collecte d'œufs pour une reproduction ex-situ, les derniers oiseaux connus de cette sous-espèce étant dans les Vosges d'après le requérant.

En réponse les autorités françaises souhaiteraient tout d'abord préciser qu'une

journée de réflexion sur l'avenir de la gélinotte dans le massif Vosgien s'est déroulée le 6 novembre 2020, en présence de nombreux représentants d'associations et de scientifiques étrangers. Cette journée a permis de communiquer de nombreuses informations scientifiques sur l'état de conservation de l'espèce et illustre la volonté de coopération des autorités françaises sur le sujet. Par ailleurs, au regard du rapport génétique mentionné ci-avant, le dispositif proposé par le requérant ne s'avère pas pertinent.

Par ailleurs, le prélèvements d'œufs sur la population de Gélinotte des bois du massif vosgien pourrait avoir un effet négatif sur cette population. D'après les études de Marc Montadert (spécialiste national de la Gélinotte) sur la sous-espèce *styriaca*, la ponte de remplacement serait 2 fois moindre que la

première (3,5 œufs en moyenne au lieu de 7,5). Si le taux de survie est faible sur une ponte complète, il est encore plus faible sur une ponte de remplacement.

Enfin, sur la conservation ex-situ pour les Gêlinottes des bois, il faut souligner que de très nombreuses réintroductions de tétraonidés en Europe à partir d'élevages ont toutes échouées. Ainsi, en ce qui concerne la gêlinotte, sur les essais de relâcher dans les forêts d'altitude du parc national des Cévennes, aucun individu n'a survécu (expert Christian Nappé, 135 individus relâchés entre 1991 et 1997). Dans la Harz, plus de 600 gêlinottes ont été lâchées entre 1986 et 1999. A l'exception de 11 individus sauvages, tous étaient issus de captivité. Cette opération a échoué. En Thuringe, un programme est en cours depuis 2001. Jusqu'en 2018, 255 oiseaux ont été lâchés dont 226 issus de captivité. A trois reprises seulement, des couvées ont été observées. In fine, ce projet risque d'impacter les derniers individus vosgiens pour un programme de réintroduction qui n'aurait que très peu de chances de réussite.

Ces informations ont été communiquées via un avis du Conseil Scientifique Régional du Patrimoine Naturel du Grand Est au collectif franco-allemand, piloté par le bureau de Protection des Oiseaux de Hesse, Rhénanie-Palatinat et Sarre, à l'origine de cette plainte.

Par conséquent nous estimons que les obligations de la France dans le cadre de cet article 11 ont été parfaitement remplies.

ANNEX I

Analyses génétiques de la Gélinoite des bois dans le nord-est de la France

Gwenaël Jacob¹, Francesco Foletti², Sylvain Ducruet³ & Marc Montadert⁴

Contexte

La Gélinoite des bois (*Tetrastes bonasia*) est un oiseau de la famille des Phasianidés et de la sous-famille des Tétraoninés. Il s'agit d'un groupe d'espèces qui se caractérise par ses adaptations morphologiques tout à fait particulières pour résister aux climats froids et/ou montagnards, tarsi et narines emplumés, plumes du corps doublées et doigts des pattes cornées pour constituer des sortes de « raquettes à neige » durant la période hivernale. Ces différentes adaptations valent à ces espèces d'être considérées comme de véritable « reliques glaciaire ».

Inféodée aux étendues forestières du paléarctique, onze sous-espèces sont décrites à travers cette large zone de répartition (Mathieu et al, 2021). En France, la Gélinoite des bois se situe en limite de son aire de répartition eurasiennne. Autrefois largement répandue jusqu'en plaine, la Gélinoite se cantonne aujourd'hui dans les massifs montagneux de l'est de la France. La récente enquête communale de l'Observatoire des Galliformes de Montagne (Dos Santos et al, 2021) considère en effet qu'il s'agit de l'espèce de Galliformes dont l'aire de distribution s'est la plus réduite au cours des cinquante dernières années avec la **disparition quasi complète des populations de basse altitude et une raréfaction dans certains massifs de moyenne altitude**. Cette contraction de l'aire de répartition affecterait en premier lieu la sous-espèce *T. b. rhenana*, inféodée jusqu'alors aux massifs forestiers des Vosges, des Ardennes voire de quelques secteurs isolés en périphériques. (Schreiber & Montadert 2019).

Par ailleurs, une enquête de l'Office National des Forêts menée entre 2016 et 2017 auprès des forestiers et des gestionnaires de milieux naturels sur le territoire national (Ducruet, 2017) a été complétée par des prospections de terrain en 2018 et 2019 sur différents massifs du quart nord-est de la France. **Les résultats de ces études ont révélé l'absence de données récentes de la plupart des massifs forestiers de la Région Grand Est**. En effet l'espèce n'est plus connue que sur quelques secteurs du massif vosgien La situation paraît donc critique en terme de survie de la population et il nous est apparu urgent de travailler à sa conservation et en premier lieu de déterminer le statut génétique des oiseaux encore présents afin de définir une stratégie d'action. En 2020, l'ONF a ainsi sollicité une subvention auprès de la DREAL Grand Est afin de pouvoir mettre en oeuvre cette étude génétique.

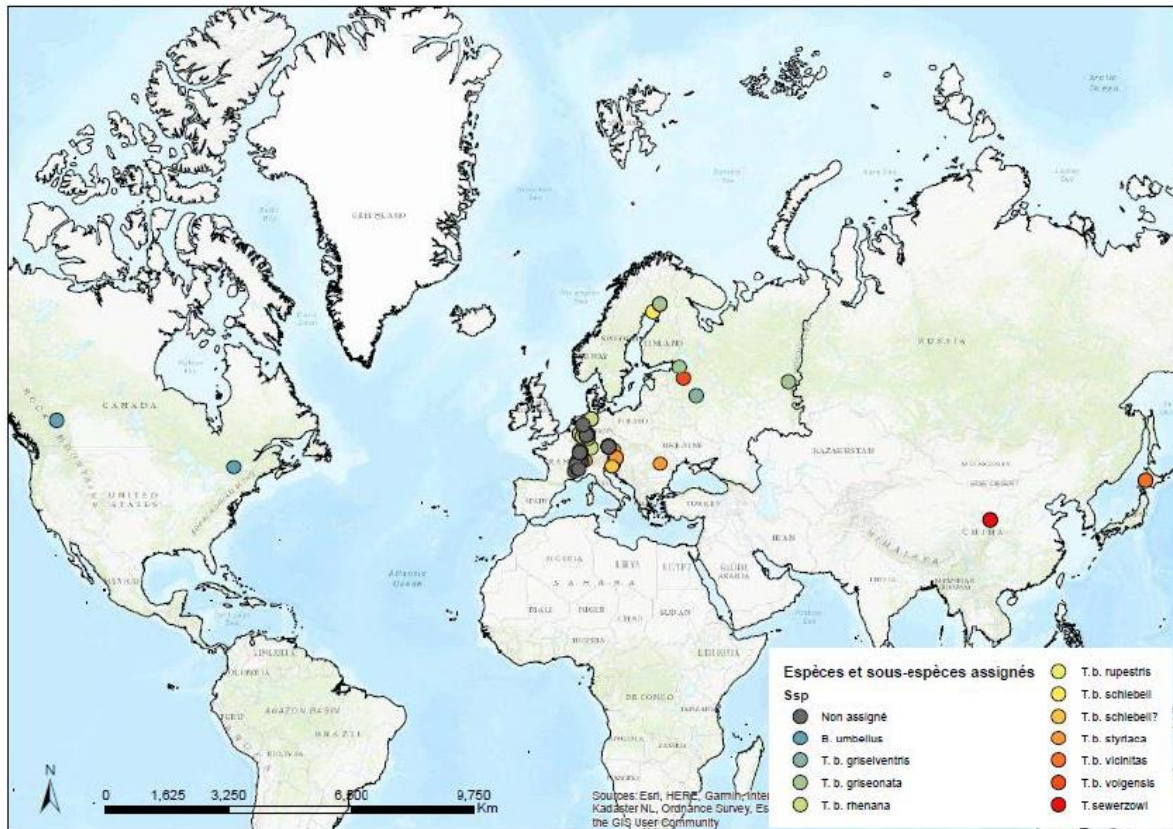
Le but de la présente étude est de déterminer le génotype de 81 échantillons collectés par différents partenaires dans le cadre d'un effort collectif pour étudier l'état de la population de Gélinoite des bois dans le quart nord-est de la France. Nous avons donc combiné l'analyse de marqueurs génétiques nucléaires, qui permettent d'identifier les individus et de les assigner à l'une des deux populations de références disponibles, à savoir 153 individus du Jura collectés dans le cadre de travaux de recherche entre 2015 et 2018, et une référence historique de la sous-espèce *T. b. rhenana*, reconstituée à partir des individus collectés dans différents musées européens et utilisés par Cocchiararo et al. (2012) pour une analyse d'ADN mitochondrial (Carte 1). Nous avons par ailleurs utilisé les mêmes fragments mitochondriaux pour inclure les individus détectés dans les Vosges aux données publiées dans l'étude de Cocchiararo et al (2012).

¹ Université de Fribourg, Département de Biologie, Chemin du Musée 10, CH-1700 Fribourg

² Université de Fribourg, Département de Biologie, Chemin du Musée 10, CH-1700 Fribourg

³ Office National des Forêts, Réseau Avifaune 49 ZA du Goutier 73470 Novalaise

⁴ Office français de la Biodiversité, Direction de la Recherche et de l'Appui Scientifique



Carte 1 : Localisation des échantillons utilisés. Sont représentés les échantillons appartenant à la Gélinotte huppée (*Bonasia umbellus*), à la Gélinotte de Chine (*Tetrastes sewerzowi*) et à la Gélinotte des bois (*Tetrastes bonasia*) et pour lesquels le morphotype des individus est connu et peut être assigné à l'une des sous-espèces décrites dans le paléarctique. Les échantillons collectés in situ en Europe occidentale figurent sous la mention « Non assigné » car ils concernent des crottes ou des plumes pour lesquels le morphotype des individus n'est pas connu.

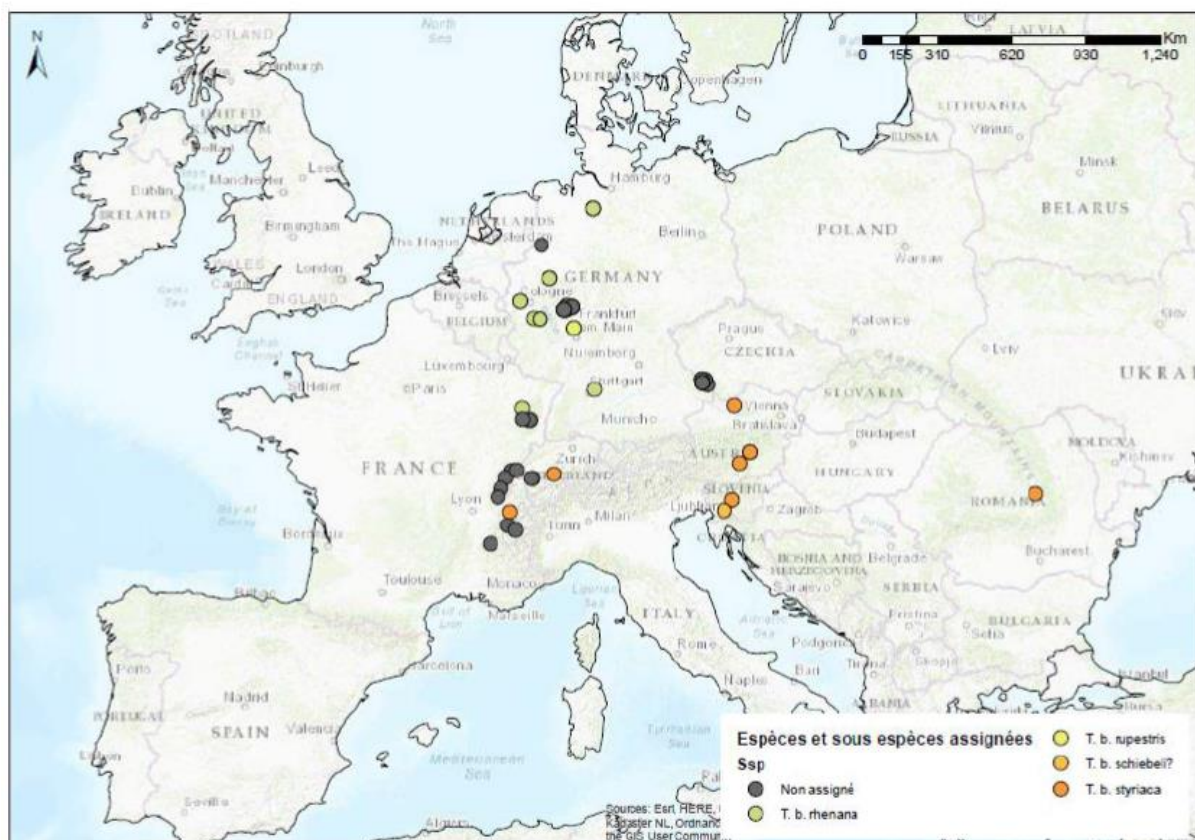
Matériel et méthodes

Collecte des échantillons

Durant les années 2018, 2019 et 2020, des prospections de terrain ont été ciblées à la fois sur des massifs forestiers de présence historique de l'espèce en plaine (Ardenne, Haute-Marne, Meuse) et sur différents secteurs de présence connue du massif vosgien. Plusieurs structures ont participé à ces recherches : le Groupe Tétràs Vosges, le réseau avifaune de l'Office National des Forêts et l'association LOANA (Lorraine Association Nature). Les prospections ont été menées la plupart du temps sur neige afin de maximiser les chances de découvertes d'indices (traces ou crottes) dans des secteurs présentant des milieux favorables à l'espèce. Aucune des prospections hors du massif vosgien n'a permis de découvrir d'indices pour l'analyse génétique. Sur le massif vosgien en revanche 81 échantillons ont pu être collectés sur 6 secteurs géographiques différents mais la plupart ont concerné un seul secteur avec 69 échantillons prélevés à la fois en hiver au printemps et en été.

De plus, 20 échantillons provenant de spécimens de musée assignés à la sous-espèce *Tetrastes bonasia rhenana* et collectés dans le cadre de travaux de recherche de Prof. Arnd Schreiber étaient disponibles grâce à la collaboration établie avec Carsten Nowak et Bernardino Cocchiararo (Institut Senckenberg, Francfort, Allemagne).

Ces échantillons ont été analysés dans le cadre d'une étude sur l'ADN mitochondrial (Cocchiararo et al. 2012) et ont permis de disposer d'une référence génétique de la sous-espèce *T. b. rhenana* pour déterminer l'origine de la population vosgienne de Gélinotte. (Carte2). Nous avons également utilisé des échantillons non assignés de crottes ou de plumes collectées in-situ (Tableau 1) pour les intégrer dans l'analyse de l'ADN mitochondrial.



Carte 2 : Localisation des échantillons de Gélिनotte des bois (Tetrastes bonasia) en Europe centrale et occidentale, assignés à l’une des sous-espèce présentes d’une part et les échantillons non-assignés utilisés pour l’analyse de l’ADN mitochondrial, d’après les données issues de Cocchiararo et al 2012.

IndID	Region	Massif	Y_Lat	X_Long	Annee_colle	Date_collecte	Observateur	Type_ech
BB057	Bayern	Nationalpark Bayerischer Wald	48.932	13.577	2010	24.02.2010	J. Müller	Feces
BB058	Bayern	Nationalpark Šumava	49.061	13.483	2010	26.03.2010	S. Rösner	Feces
BB059	Bayern	Nationalpark Bayerischer Wald	49.064	13.355	2011	31.01.2011	J. Müller	Feces
BB060	Bayern	Nationalpark Bayerischer Wald	48.984	13.379	2011	18.01.2011	J. Linner	Feces
BB061	Bayern	Nationalpark Bayerischer Wald	48.984	13.379	2011	18.01.2011	J. Linner	Feces
BB062	Bayern	Nationalpark Bayerischer Wald	48.984	13.379	2011	18.01.2011	J. Linner	Feces
BB063	Bayern	Nationalpark Bayerischer Wald	48.984	13.379	2011	18.01.2011	J. Linner	Feces
BB064	Bayern	Nationalpark Bayerischer Wald	49.064	13.355	2011	10.02.2011	J. Linner	Feces
BB065	Bayern	Nationalpark Bayerischer Wald	48.984	13.379	2011	28.02.2011	Englmeier	Feces
BB066	Bayern	Nationalpark Bayerischer Wald?	48.984	13.379				Feces
BBCH-FR_01	Fribourg	Préalpes	46.580	7.011	2020	16.02.2020	Vincent Grognez	Feces
BBCH-FR_02	Fribourg	Préalpes	46.574	6.978	2020	17.02.2020	Vincent Grognez	Feces
TbFR-26	Drôme	Alpes	44.873	5.449	2015	11.04.2015	Sylvain Ducruet	Plume
TbFR-38	Isère	Alpes	45.357	6.114	2018	29.06.2018	Pierre Pola	Plume
BBFR-39_01	Jura	Jura	46.773	6.250	2017	23.03.2017	Groupe Tétrás Jura	Feces
BBFR-39_02	Jura	Jura	46.600	6.036	2016	24.03.2016	Groupe Tétrás Jura	Feces
BBFR-39_03	Jura	Jura	46.321	5.839	2018	06.04.2018	Groupe Tétrás Jura	Feces
BBFR-39_04	Jura	Jura	46.787	6.430	2017	23.03.2017	Groupe Tétrás Jura	Feces
BBFR-39_05	Jura	Jura	46.099	5.733	2016	10.05.2016	Groupe Tétrás Jura	Feces
TbFR-73	Savoie	Alpes	45.234	6.394	2020	15.04.2020	Denis Python	Plume
BBFR-88_F1	Vosges	Vosges	48.066	6.914	2019	07.07.2019	Alain Laurent	Feces
BBFR-88_M1	Vosges	Vosges	48.067	6.915	2018	12.03.2018	Alain Laurent	Feces
BBFR-88_M2	Vosges	Vosges	48.066	6.912	2019	23.07.2019	Alain Laurent	Feces
BBFR-88_M3	Vosges	Vosges	48.068	6.910	2019	22.05.2019	Alain Laurent	Feces
BBFR-88_PI	Vosges	Vosges	48.083	6.655	1995	16.10.1995	Jean Poirrot	Plume

Tableau 1 : Listes des échantillons collectés in-situ dont le morphotype des oiseaux est inconnu et intégrés à l’analyse de l’ADN mitochondrial pour comparaison avec les travaux de Cocchiararo et al.

Extraction d'ADN

L'extraction d'ADN a été effectuée selon des protocoles standards. Nous avons prélevé environ 80 mg de chaque échantillon de crotte, mis à digérer dans 1,5 mL d'une solution de lyse (CTAB) à température ambiante durant la nuit. Après centrifugation (10' à 14000 g), nous avons prélevé 600 µL de la fraction liquide que nous avons homogénéisé dans un volume égal de phénol/chloroforme/isoamyl alcool (24/24/1) puis centrifugé (10' à 14000g) pour séparer la solution en deux phases. Nous avons répété cette étape deux fois avant d'ajouter 600 µL d'isopropanol qui entraîne la précipitation de l'ADN. Une dernière étape de centrifugation (10' à 14000 g) permet d'isoler l'ADN, que nous avons ensuite re-suspendu dans 100 µL de solution TE qui permet de conserver l'ADN après extraction. Toutes les étapes d'extraction ont été réalisées dans une pièce dédiée à l'extraction d'ADN et en suivant des procédures strictes visant à réduire le risque de contamination entre échantillons. Une plume collectée durant la même période a aussi été extraite en utilisant un protocole standard pour l'extraction d'ADN.

Génotypage et identification des individus

Les 80 échantillons collectés ont été amplifiés à 13 marqueurs microsatellites utilisés en routine pour les analyses génétiques de la Gélinoite dans le Jura (Foletti & Jacob 2018). Le même protocole a été utilisé par Carsten Nowak et Berardino Cocchiararo pour génotyper les 20 spécimens de musée disponibles. Toutes les amplifications ont été répliquées quatre fois afin de déterminer un génotype consensus et d'estimer la probabilité d'erreur de génotypage (Taberlet et al. 1996). Les échantillons présentant un génotype peu fiable ont été exclus. Nous avons comparé les paires d'échantillons différant à 1–3 loci afin d'éliminer des possibles erreurs de génotypage avec le programme GENALEX (Peakall & Smouse 2012). Nous avons aussi calculé la probabilité que deux individus dans la population partagent le même génotype, PI, et la probabilité que deux individus d'une même fratrie partagent le même génotype, Plsib (Taberlet & Luikart 1999). Une probabilité supérieure à 0.01 suggère que les marqueurs génétiques utilisés n'offrent pas assez de puissance pour identifier les individus sur la base de leur génotype (Mills et al. 2000).

Assignement des individus à une population

Nous avons utilisé le programme GENALEX (Peakall & Smouse 2012) pour déterminer la variabilité génétique des populations et pour réaliser les analyses d'assignement en utilisant la méthode décrite par Paetkau et al. (1995). Cette méthode permet d'assigner la population étudiée à l'une des deux populations de références, à savoir la population actuelle jurassienne et historique *rhenana*.

Assignement à l'espèce ou sous-espèce

Nous avons séquencé deux fragments d'ADN mitochondrial chez tous les échantillons (n = 82) en utilisant les paires d'amorces Bon5/Bon6 (Cocchiararo et al. 2012; Rutkowski et al. 2012) et GAF407/GAR627 (Speller et al. 2011) et en suivant le protocole d'amplification décrit par les auteurs.

Les séquences obtenues ont été alignées en utilisant le programme SEQUENCHER et BIOEDIT. Nous avons ensuite reconstruit un arbre phylogénétique (méthode de *maximum parsimony*) avec le package ADEGENET (Jombart 2008) en incluant les séquences utilisées par Cocchiararo et al (2012) afin d'assigner les échantillons collectés dans le cadre de cette étude à l'une des sous-espèces potentielles de Gélinoite.

Nous avons aussi inclus les séquences de deux Gélinoites de Chine (*T. severzowi*) disponibles sur une base de données publique (Genbank accession numbers KJ997914.1, AF532421.1, AF230166.1) afin d'enraciner l'arbre phylogénétique et de fournir une indication sur la datation des événements de divergence. Les deux espèces de Gélinoite du genre *Tetrastes* se sont séparés lors des glaciations du Würm (- 2 MA, Baba et al. 2002).

Nous avons estimé la fiabilité de l'arbre obtenu par une méthode de ré-échantillonnage. Seuls les noeuds avec une fiabilité supérieure à 80 % ont été retenus et sont indiqués sur l'arbre phylogénétique. Un indice de fiabilité inférieure à 80 % indique que le signal phylogénétique n'est pas assez puissant et suggère que les noeuds observés ne peuvent être interprétés.

Résultats et discussion

Succès de génotypage et nombre d'individus

Nous avons analysé 81 échantillons collectés dans les Vosges, dont 28 (35 %) présentait un génotype fiable. La probabilité que deux individus dans la population vosgienne partagent le même génotype était relativement élevée ($PI_{sib} = 2.2 \times 10^{-2}$), ce qui traduit la faible diversité génétique de la population et le fort degré de consanguinité entre individus.

Ces 28 échantillons ont été assignés à trois individus mâles et une femelle (Tableau 2). Le **mâle M1** est détecté 16 fois sur le secteur de Saint Jacques entre le 5/3/2018 et le 16/07/2018. La **femelle F1** est détectée deux fois sur le secteur de Saint Jacques entre le 18/4/2018 et le 23/7/2019. Le **mâle M2** a été détecté une seule fois le 23/7/2019 sur le secteur de Saint Jacques. Le **mâle M3** a été détecté deux fois le 23/7/2019 sur le secteur de Saint Jacques.

Parmi les 20 spécimens de musée analysés, sept (35 %) présentait un génotype fiable et ont ainsi permis de déterminer les fréquences alléliques de la population de références pour *T. b. rhenana*. Tous les individus de la population de référence *rhenana* présentaient des génotypes différant à au moins trois allèles.

Cas des échantillons collectés dans les Ballons Comtois

Deux échantillons collectés en 2019 dans les Ballons Comtois ont été assignés aux deux adultes reproducteurs, M1 et F1, ce qui suggère le déplacement des individus ou une erreur dans l'étiquetage ou la manipulation des tubes. Le déplacement aller-retour des deux individus entre le secteur de Saint Jacques et les Ballons Comtois, situé à une distance d'environ 50 km, semble improbable, et aucun déplacement sur une telle distance n'a été décrit chez la gélinotte (Montadert & Léonard 2007). Ces deux échantillons ont été ré-analysés, ce qui a permis d'exclure une erreur dans la manipulation des tubes lors des analyses génétiques à l'Université de Fribourg. L'hypothèse d'une erreur d'étiquetage pendant, ou d'inversion de tubes après la collecte, semble la plus vraisemblable, bien que non prouvée. Du fait de cette incertitude, nous avons exclus ces deux échantillons de l'étude.

IND	ADL142	ADL184	ADL230	BG10	BG15	BG16	BG18	BG6	LEI098	STUD1	STUD6	TUT1	TUT2	TUT3	TUT4	1237/P3	#OBS
M1	227/239	114/114	120/120	190/190	138/138	237/237	138/150	285/285	149/149	147/147	167/169	190/190	187/195	214/218	130/130	245/245	18
F1	227/239	114/114	120/120	190/190	NA	225/225	138/150	285/289	149/149	147/147	167/169	190/190	187/191	210/218	130/130	245/274	6
M2	227/227	114/114	120/120	190/190	NA	NA	150/150	285/285	149/149	147/147	167/169	190/190	191/195	214/218	130/130	245/245	1
M3	239/239	114/114	120/120	190/190	NA	NA	138/150	285/289	149/149	147/147	167/169	190/190	187/187	214/218	130/130	245/245	3
B0059	239/239	114/114	114/120	194/194	134/134	221/221	150/150	285/289	149/149	147/151	169/169	186/190	195/195	206/206	130/130	245/245	
B0056	243/243	114/114	114/122	190/190	134/134	225/225	138/150	289/297	149/149	151/151	169/169	194/194	199/199	218/218	130/130	245/274	
B0018	NA	114/114	112/120	190/190	134/134	NA	150/158	197/285	149/149	147/147	167/169	190/190	191/199	206/206	130/130	245/274	
B0034	223/223	114/116	112/112	190/190	NA	NA	138/138	193/205	147/149	147/151	169/169	186/190	175/175	206/206	158/162	245/245	
B0008	NA	114/114	112/124	NA	NA	229/233	146/146	NA	145/145	151/151	NA	198/198	191/195	206/206	130/130	245/245	
B0033	NA	114/114	120/124	190/190	162/166	NA	162/166	NA	NA	151/151	167/169	186/190	199/203	206/206	130/130	245/245	
B0006	NA	114/114	120/122	194/194	NA	NA	138/146	NA	NA	151/151	NA	190/190	175/195	210/210	130/130	245/245	

Tableau 2 : Génotypes des quatre individus vosgiens et des sept individus de la population de référence *rhenana* à 15 marqueurs microsatellites (colonnes 2–16) et au marqueur utilisé pour déterminer le sexe des individus (1237/P3), et nombre d'observations (#OBS). "NA" indique une absence d'information sur le génotype (échec des PCRs ou génotype peu fiable).

Séquençage d'ADN mitochondrial et relation entre sous-espèces de Gélinotte

Les échantillons pour lesquels nous n'avons observé aucune amplification en chaîne par polymérase, soit qu'il ne s'agissait pas de Galliformes ou que l'ADN était trop dégradé pour pouvoir être amplifié, ont été exclus du fait de la faible probabilité d'obtenir des séquences exploitables. Deux échantillons, 18-033 et 18-039, collectés à Longegoutte-Géhan le 24/8/2018 ont été identifiés comme provenant de Grand tétras (*Tetrao urogallus*). **Le mâle M1 porte un haplotype différent de la femelle F1 et des jeunes M2 et M3.**

Comme attendu, le premier noeud de la phylogénie est très robuste (Figure 1 ; 100 % de fiabilité) et décrit la divergence entre les deux espèces de Gélinotte du genre *Tetrastes*. On observe ensuite un second noeud

robuste (100 % de fiabilité) indiquant la divergence d'un groupe de quatre haplotypes provenant d'individus collectés en Roumanie et Slovénie et assignés aux sous-espèces *T. b. styriaca* et *T. b. schiebeli* (mention d'un doute sur l'assignement à cette sous-espèce dans le fichier disponible). Enfin le dernier noeud robuste (84 % de fiabilité) indique la divergence entre l'haplotype assigné à *T. b. vicinitas*, du Japon, et tous les autres haplotypes de Gélinothe des bois. Les noeuds suivants (événements de divergence plus récents) ont une fiabilité inférieure à 80 % et sont donc considérés non-fiables.

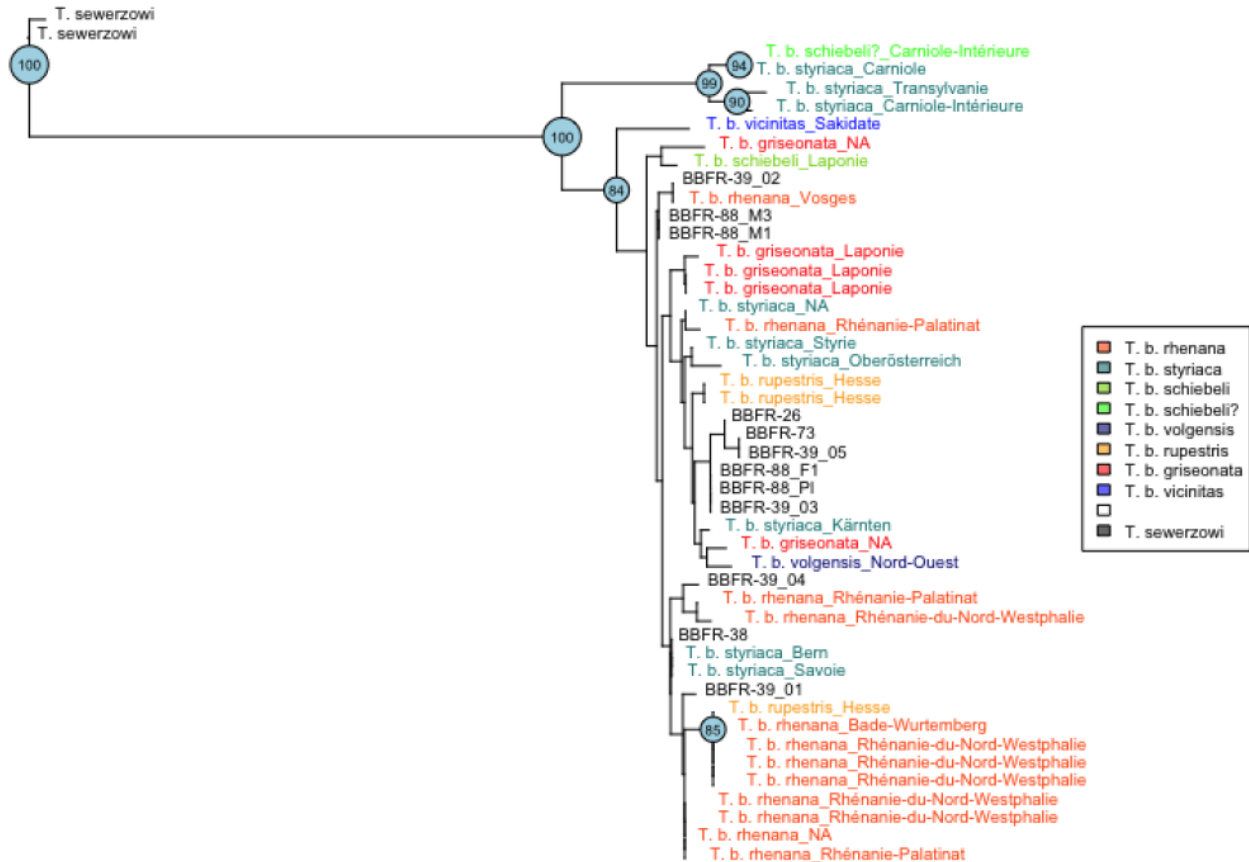


Figure 1: Relation génétique entre haplotypes mitochondriaux de Gélinothe de Chine (*Tetrastes severzowi*) et de Gélinothe des bois (*T. bonasia*) et assignés à l'une des six sous-espèces décrites en Eurasie. On peut noter la divergence de quatre haplotypes provenant de Roumanie et Slovénie, et l'absence de signal phylogénétique permettant de résoudre la relation génétique entre haplotypes assignés aux sous-espèces décrites en Europe centrale et orientale.

Relations de parenté entre individus vosgiens

La comparaison des génotypes des quatre individus identifiés suggère la présence d'un couple M1 (mâle, détecté 18 fois) et F1 (femelle, détectée 6 fois) et de leurs deux fils M2 (détecté 1 fois) et M3 (détectés 3 fois).

Assignement des individus vosgiens aux populations de référence

Pour comparer la diversité génétique entre populations, nous avons exclu les deux jeunes supposés. Les analyses incluant ces individus donnent des résultats similaires.

On mesure une nette différenciation génétique entre les populations de référence jurassienne actuelle et historique *rhenana* ($F_{ST} = 0.21$), ce qui est confirmé par les analyses d'assignement des individus (Figure 1). On observe des valeurs similaires de différenciation génétique entre la population vosgienne et les populations de référence jurassienne ($F_{ST} = 0.14$) et *rhenana* ($F_{ST} = 0.15$). L'assignement suggère

néanmoins que les individus vosgiens sont génétiquement plus proches de la population jurassienne que de la population historique *rhenana*.

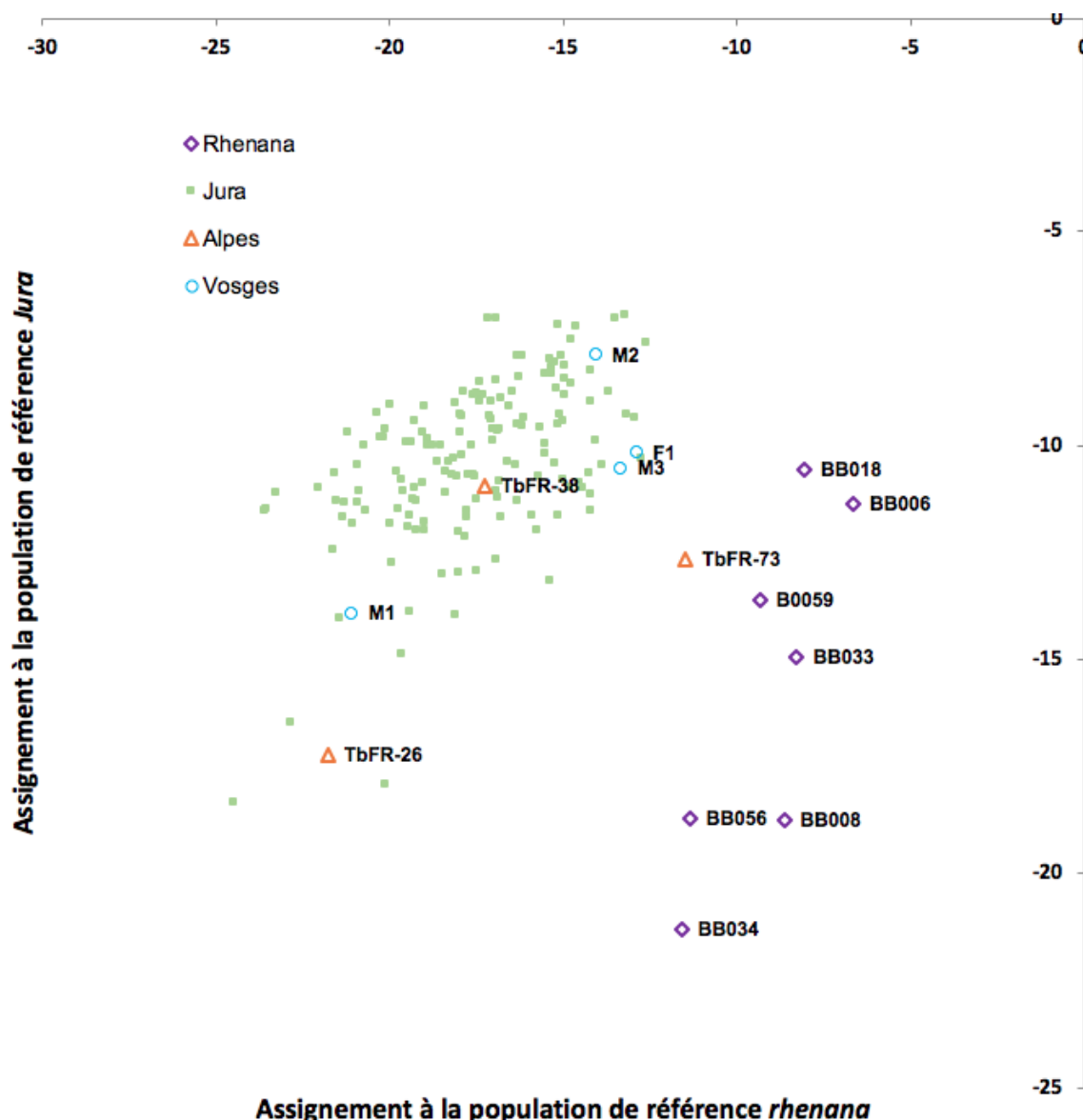


Figure 2 : Probabilité d’assignement des 4 individus vosgiens détectés aux populations de référence *rhenana* et aux population présentes dans le Jura (génotypée par Cocchiararo et Nowak). Par souci de clarté, les individus de la population jurassienne ne sont pas labellisés. On observe que les populations de référence *rhenana* et du Jura montrent des signatures génétiques différentes. Les individus vosgiens (M1, F1, M2 et M3) et Alpines (Tb_FR-26, TbFR-38 et TbFR-73) ne sont pas génétiquement différents des individus jurassiens.

Diversité génétique de la population vosgienne

La population vosgienne présentait un nombre d’allèles par locus ($N_A = 1.6$) inférieur aux populations de référence jurassienne actuelle ($N_A = 5.1$) et historique *rhenana* ($N_A = 3.5$). Ces valeurs ne sont cependant pas directement comparables entre les populations, du fait de la grande variation dans les effectifs échantillonnés. Le nombre effectif d’allèles, N_E , corrige partiellement pour ce biais et indique une diversité similaire entre les populations de référence ($N_E = 2.7$) et très supérieure à la population vosgienne ($N_E = 1.5$).

Les populations présentaient chacune 1–10 allèles privés, c’est-à-dire qu’on ne retrouve que dans une population. Ce résultat confirme la forte différenciation génétique entre les populations de référence

jurassienne et *rhenana*. Il est cependant surprenant d'observer un allèle privé dans la population vosgienne, au vu du faible nombre d'individus pris en compte ($n = 2$).

Les individus présentent un taux d'hétérozygotie observée ($H_o = 0.37$) relativement élevé par rapport aux populations de références jurassienne ($H_o = 0.46$) et *rhenana* ($H_o = 0.35$). Ces chiffres sont surprenants du fait de l'éloignement géographique et de l'apparent isolement génétique de la population vosgienne. En effet, le faible nombre d'individus reproducteurs tend à accélérer la perte de diversité génétique. **Ce phénomène d'érosion rapide de la diversité génétique au fil des générations est par ailleurs parfaitement illustré par le couple vosgien, dont les deux parents présentent des taux d'hétérozygotie (0.46 et 0.36) supérieurs à ceux des deux jeunes mâles (0.31 et 0.23).**

Conclusion

Les prospections menées sur le terrain en vue de notre étude ont confirmé la présence de la Gélinoite des bois sur seulement 6 localités différentes : le secteur de Saint Jacques (88), le massif du Grand Ventron (88), le massif de Noiregoutte (88), le massif du Petit Fossard (88) le massif de Longegoutte-Géhant (88) et les Ballons comtois – commune de Plancher-les-Mines (70). **Les prospections réalisées sur le massif vosgien depuis 2018 ont permis de collecter plus de 80 échantillons qui après analyse génétique permettent de retenir l'espèce Gélinoite pour 39 d'entre eux.** L'identification sur le terrain des indices de présence (crottes, plumes) pouvant comporter un risque de confusion avec des espèces proches de Galliformes, deux échantillons collectés (18-033 et 18-039) se sont révélés être en réalité imputable à l'espèce Grand Tétras sur le massif de Longegoutte-Géhant.

Pour la Gélinoite, le génotypage des individus n'a malheureusement fonctionné que pour les échantillons collectés sur le site de Saint Jacques. Sur les échantillons des autres sites l'état de conservation des crottes au moment de leur découverte n'a pas permis une extraction d'ADN.

Sur le site de Saint Jacques, on identifie ainsi quatre individus apparentés. Les individus détectés et échantillonnés dans les Vosges ont une faible diversité génétique, reflétant probablement des phénomènes de consanguinité. Le mâle porte un haplotype mitochondrial différent de la femelle et des deux jeunes.

D'un point de vue de l'analyse des génotypes de populations de référence, nos résultats indiquent la divergence (très fortement supportée par les données) de quatre individus de Roumanie et Slovaquie, qui semble avoir échappé à Cocchiararo et al. (2012). Cet événement a eu lieu après la divergence entre les deux espèces de Gélinoites du genre *Tetrastes* (- 2 MA) et avant la divergence de la sous-espèce *T. b. vicinitas* du Japon, soit durant les épisodes glaciaires quaternaires. Le même phénomène a été observé chez le Grand Tétras (Duriez et al. 2007) et plusieurs espèces forestières (Ducroz et al. 2005), et traduit la contraction de l'aire de répartition des forêts dans deux refuges quaternaires autour du bassin méditerranéen et en Sibérie orientale (Baba et al. 2002, Hewitt 2004, Taberlet et al. 1998). Nos résultats suggèrent **l'existence d'un clade méditerranéen chez la Gélinoite des bois**, ce qui a de profondes implications pour la conservation de l'espèce en Europe centrale. Par ailleurs, trois des quatre individus sont assignés à la sous-espèce *T. b. styriaca*, ce qui suggère **qu'un même morphotype peut regrouper plusieurs lignées mitochondriales, parfois très divergentes.**

Nos résultats montrent que l'arbre présenté par Cocchiararo et al. (2012) ne représente qu'une alternative. Les tests de fiabilité ont montré qu'il n'est pas possible de résoudre la relation entre les sous-espèces de Gélinoite des bois décrites en Europe centrale et orientale, à l'exception de la divergence de la sous-espèce *T. b. vicinitas* (Japon), déjà démontré par Baba et al. (2002). Ainsi, les données disponibles suggèrent que les populations d'Europe centrale et orientale, à l'exception des individus de Roumanie et de Slovaquie, sont issues de l'expansion de l'espèce depuis le refuge glaciaire sibérien. Contrairement à ce qui est suggéré par Cocchiararo et al. (2012), il n'existe pas de corrélation entre haplotype et morphotype. En l'état actuel des connaissances, nous pouvons affirmer que **la sous-espèce *rhenana* n'est pas issue d'une lignée évolutive différente des population *styriaca* (Alpes) ou *rupestris* (Jura).** La sous-espèce *T. b. rhenana* ne peut être caractérisée génétiquement, ni d'ailleurs les sous-espèces *T. b. rupestris* ou *T. b. styriaca*. **Il n'est donc pas possible d'assigner les individus vosgiens à l'une des sous-espèces sur la base des données génétiques disponibles.** Il est peu probable que ce résultat soit la conséquence d'un manque de puissance et que le séquençage de fragments d'ADN mitochondriaux ne permette de résoudre les relations génétiques entre sous-espèces. Le suivi d'individus par télémétrie a

montré que les mâles et femelles de Gélinothe des bois dispersent, parfois sur de longues distances. Il semble donc plus probable que la dispersion des femelles ait favorisé la diffusion des haplotypes mitochondriaux sur de longues distances et soit la cause de l'absence observée de corrélation entre haplotypes mitochondriaux et morphotypes. Ainsi, il est probable que les morphotypes décrits en Europe de l'Ouest à partir d'analyses de caractères morphologiques ou de coloration du plumage (Schreiber & Montadert 2019, Schreiber 2021) résultent d'un processus de sélection induit par des phénomènes naturels locaux tels que des zones à fort enneigement, ou la présence majoritaire de forêts caducifoliées, plutôt que de l'héritage d'un haplotype mitochondrial.

D'un point de vue des perspectives, un renforcement de population à partir d'individus prélevés dans les populations les plus proches géographiquement et en bon état de conservation permettrait d'améliorer le statut démographique et génétique de la population de Gélinothe qui persiste encore dans le massif vosgien.

Remerciement :

Nous tenons à remercier l'ensemble des personnes ayant participé à cette étude, en particulier Alain Laurent pour la collecte des échantillons sur le terrain, Nicolas Clouet pour l'élaboration des cartes et Pascal Denis pour sa relecture attentive du présent rapport.

Bibliographie

- Baba Y, Fujimaki Y, Klaus S, Butorina O, Drovetskii S, Koike H. 2002. Molecular population phylogeny of the hazel grouse *Bonasa bonasia* in East Asia inferred from mitochondrial control-region sequences. *Wildlife Biology* 8:251–259.
- Cocchiararo B, Harms V, Thorn S, Nowak C. 2012. Genetische Abgrenzung des letzten sicheren hessischen Haselhuhnbestandes (*Bonasa bonasia rhenana*) in den Haubergen. Pages 1–17 (Staatliche Vogelschutzbehörde für Hessen, editor). Frankfurt am Main.
- Ducroz J-F, Stubbe M, Saveljev AP, Heidecke D, Samjaa R, Ulevicius A, Stubbe A, Durka W. 2005. Genetic variation and population structure of the Eurasian beaver *Castor fiber* in eastern Europe and Asia. *Journal of Mammalogy* 86:1059–1067.
- Ducruet S. 2017. Enquête : La Gélinothe dans le quart nord-est de la France. Rapport du réseau avifaune de l'Office National des Forêts. 4 Pages
- Duriez O, Sachet J-M, Ménoni E, Pidancier N, Miquel C, Taberlet P. 2007. Phylogeography of the capercaillie in Eurasia: what is the conservation status in the Pyrenees and Cantabrian Mountains? *Conservation Genetics* 8:513–526.
- Dos Santos et al, 2021 : Dos Santos V, Bernard-Laurent A, Ménoni E, Montadert M, Novoa C, Amblard B, Gabrieli J, Milhau B. 2021. Suivi des Galliformes de montagne alpins et pyrénéens. Bilan de la décennie 2010-2019. OGM, 2021. 62 p.
- Foletti F, Jacob G. 2018. Estimation de la densité de gélinothe dans différentes zones du Jura français 2015–17. Pages 1–17. Groupe Tétrás Jura & Université de Fribourg.
- Hewitt GM. 2004. Genetic consequences of climatic oscillations in the Quaternary. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B-Biological Sciences* 359:183–195.
- Jombart T. 2008. adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics* 24:1403–1405.
- Mills LS, Citta JJ, Lair KP, Schwartz MK, Tallmon DA. 2000. Estimating animal abundance using noninvasive DNA sampling: promise and pitfalls. *Ecological Applications* 10:283–294.
- Mathieu B, Pfeiffer JJ, Montadert M. 2021 La Gélinothe des bois
Biotop Editions, 184 p.
- Montadert M, Léonard P. 2007. La dispersion post-natale de la gélinothe des bois dans les Alpes-de-Haute-Provence. Pages 38–44. Rapport scientifique 2007. ONCFS - Rapport scientifique 2007.

- Paetkau D, Calvert W, Stirling I, Strobeck C. 1995. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology* 4:347–354.
- Peakall R, Smouse PE. 2012. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research--an update. *Bioinformatics* 28:2537–2539.
- Rutkowski R, Keller M, Jagołkowska P. 2012. Population genetics of the hazel hen *Bonasa bonasia* in Poland assessed with non-invasive samples. *Central European Journal of Biology* 7:759–775.
- Schreiber A, Montadert M. 2019. La sous-espèce *rhenana* de la Gelinotte des bois. Pages 1–244 (Schreiber A, Montadert M, editors). *Pollichia Sonderveröffentlichung* Nr. 26.
- Schreiber A. 2021. Identification taxonomique de la Gélinoite des bois *Tetrastes bonasia* dans le nord-est de la France. *Aves* 58:25–49.
- Speller CF, Nicholas GP, Yang DY. 2011. Feather barbs as a good source of mtDNA for bird species identification in forensic wildlife investigations. *Investigative Genetics* 2:16–7. BioMed Central.
- Taberlet P, Griffin SS, Goossens B, Questiau SS, Manceau VV, Escaravage N, Waits LP, Bouvet J. 1996. Reliable genotyping of samples with very low DNA quantities using PCR. *Nucleic Acids Research* 24:3189–3194.
- Taberlet P, Fumagalli L, Wust-Saucy A-G, Cosson J-F. 1998. Comparative phylogeography and postglacial colonization routes in Europe. *Molecular Ecology* 7:453–464.
- Taberlet P, Luikart G. 1999. Non-invasive genetic sampling and individual identification. *Biological Journal of The Linnean Society* 68:41–55.

Annexe : Tableau de localisation des échantillons collectés dans les Vosges entre 2018 et 2019

Date	Commune	Indice	X (L93)	Y (L93)	Echantillon	Sites	Es-pèce	Individu
23/07/2019	Gérardmer	crotte	991471	6781344	1	Saint Jacques	NA	NA
23/07/2019	Gérardmer	crotte	991354	6781325	2	Saint Jacques	NA	NA
23/07/2019	Gérardmer	crotte	991354	6781325	3	Saint Jacques	NA	NA
23/07/2019	Gérardmer	crotte	991354	6781325	4	Saint Jacques	Bb	F1
23/07/2019	Gérardmer	crotte	991354	6781325	5	Saint Jacques	NA	NA
23/07/2019	Gérardmer	crotte	991354	6781325	7	Saint Jacques	NA	NA
23/07/2019	Gérardmer	crotte	991354	6781325	8	Saint Jacques	Bb	F1
23/07/2019	Gérardmer	crotte	991268	6781203	10	Saint Jacques	Bb	M3
23/07/2019	Gérardmer	crotte	991268	6781203	12	Saint Jacques	Bb	M2
23/07/2019	Gérardmer	crotte	991268	6781203	13	Saint Jacques	Bb	F1
23/07/2019	Gérardmer	crotte	991268	6781203	14	Saint Jacques	Bb	M3
07/07/2019	Gérardmer	crotte	991300	6780906	19	Saint Jacques	NA	NA
12/07/2019	Gérardmer	crotte	990487	6781687	1901	Saint Jacques	NA	NA
12/07/2019	Gérardmer	crotte	990712	6781640	1902	Saint Jacques	NA	NA
23/07/2019	Gérardmer	crotte	991327	6781450	1903	Saint Jacques	NA	NA
23/07/2019	Gérardmer	crotte	991314	6781405	1904	Saint Jacques	NA	NA
23/07/2019	Gérardmer	crotte	991409	6781315	1905	Saint Jacques	NA	NA
07/07/2019	Gérardmer	crotte	991468	6781307	16-1171	Saint Jacques	NA	NA
28/03/2019	Plancher les Mines	crotte	985833	6752831	16-827	Ballons Comtois	NA	NA
21/03/2018	Gérardmer	crotte	991351	6781328	18-001	Saint Jacques	Bb	NA
07/07/2019	Gérardmer	crotte	991324	6781035	18-002	Saint Jacques	NA	NA
07/07/2019	Gérardmer	crotte	991336	6781050	18-004	Saint Jacques	NA	NA
26/05/2018	Gérardmer	crotte	991349	6781099	18-006	Saint Jacques	Bb	NA
24/03/2019	Gérardmer	crotte	991354	6781006	18-007	Saint Jacques	NA	NA
18/04/2018	Gérardmer	crotte	991275	6781194	18-007A	Saint Jacques	NA	NA
07/07/2019	Gérardmer	crotte	991219	6781109	18-008	Saint Jacques	Bb	F1
30/04/2019	Miellin	crotte	981781	6751649	18-008	Ballons Comtois	Bb	F1
18/04/2018	Gérardmer	crotte	991467	6781373	18-009	Saint Jacques	NA	NA
12/03/2018	Gérardmer	crotte	991110	6781415	18-011	Saint Jacques	Bb	M1
07/07/2019	Gérardmer	crotte	991468	6781307	18-012	Saint Jacques	NA	NA
07/07/2019	Gérardmer	crotte	991468	6781307	18-013	Saint Jacques	NA	NA
07/07/2019	Gérardmer	crotte	991336	6781050	18-013	Saint Jacques	NA	NA
16/07/2018	Gérardmer	crotte	991378	6780939	18-014	Saint Jacques	NA	NA
07/07/2019	Gérardmer	crotte	991354	6781050	18-015	Saint Jacques	NA	NA
18/04/2018	Gérardmer	crotte	991480	6781198	18-016	Saint Jacques	Bb	M1
07/07/2019	Gérardmer	crotte	991383	6781012	18-017	Saint Jacques	NA	NA
12/09/2018	Cornimont	crotte	993302	6771231	18-018	Massif Grand Ventron	NA	NA
16/07/2018	Gérardmer	crotte	991355	6781040	18-019	Saint Jacques	Bb	M1
07/07/2019	Gérardmer	crotte	991383	6781012	18-019	Saint Jacques	Bb	M1
07/07/2019	Gérardmer	crotte	991324	6781035	18-020	Saint Jacques	NA	NA
09/09/2018	Saulxure	Crotte	982856	6765566	18-022	Longegoutte_Géhant	NA	NA

Date	Commune	Indice	X (L93)	Y (L93)	Echantillon	Sites	Es- pèce	Indi- vidu
07/07/2019	Gérardmer	crotte	991383	6781012	18-023	Saint Jacques	NA	NA
13/06/2018	Gérardmer	crotte	991432	6781100	18-024	Saint Jacques	Bb	M1
09/06/2018	Gérardmer	crotte	991383	6781012	18-026	Saint Jacques	Bb	M1
27/04/2018	Cornimont	crotte	993218	6771227	18-029	Massif Grand Ventron	NA	NA
13/06/2018	Gérardmer	crotte	991432	6781100	18-032	Saint Jacques	Bb	M1
24/08/2018	Saulxure	crotte	982811	6765671	18-033	Longegoutte_Géhant	Tu	NA
07/07/2019	Gérardmer	crotte	991468	6781307	18-036	Saint Jacques	Bb	F1
07/07/2019	Gérardmer	crotte	991383	6781012	18-037	Saint Jacques	Bb	NA
09/06/2018	Gérardmer	crotte	991351	6781038	18-038	Saint Jacques	Bb	M1
24/08/2018	Saulxure	crotte	982876	6765665	18-039	Longegoutte_Géhant	Tu	NA
13/06/2018	Gérardmer	crotte	991449	6781079	18-040	Saint Jacques	Bb	M1
22/05/2019	Gérardmer	crotte	991385	6781171	18-043	Saint Jacques	Bb	M3
16/07/2018	Gérardmer	crotte	991291	6781023	18-044	Saint Jacques	Bb	M1
22/05/2019	Gérardmer	crotte	991395	6781121	18-046	Saint Jacques	NA	NA
07/07/2019	Gérardmer	crotte	991259	6781101	18-046	Saint Jacques	Bb	NA
13/06/2018	Gérardmer	crotte	991466	6781059	18-047	Saint Jacques	Bb	F1
20/03/2019	Basse/Rupt	crotte	985503	6773465	18-056	Noire Goutte	NA	NA
20/03/2019	Basse/Rupt	crotte	985503	6773465	18-058	Noire Goutte	NA	NA
07/07/2019	Gérardmer	crotte	991259	6781101	18-146	Saint Jacques	NA	NA
05/03/2018	Gérardmer	crotte	991112	6781474	18-148	Saint Jacques	Bb	NA
21/03/2018	Gérardmer	crotte	991357	6781417	18-149	Saint Jacques	NA	NA
05/03/2018	Gérardmer	crotte	991075	6781503	18-150	Saint Jacques	Bb	NA
18/04/2018	Gérardmer	crotte	991400	6781228	18-153	Saint Jacques	NA	NA
05/03/2018	Gérardmer	crotte	991150	6781431	18-154	Saint Jacques	Bb	M1
27/04/2018	Gérardmer	crotte	991409	6781355	18-155	Saint Jacques	Bb	M1
18/04/2018	Gérardmer	crotte	991163	6781505	18-156	Saint Jacques	Bb	F1
05/03/2018	Gérardmer	crotte	991433	6781165	18-157	Saint Jacques	Bb	NA
21/03/2018	Gérardmer	crotte	991154	6781302	18-162	Saint Jacques	Bb	M1
05/03/2018	Gérardmer	crotte	991433	6781170	18-167	Saint Jacques	Bb	NA
05/03/2018	Gérardmer	crotte	991388	6781171	18-168	Saint Jacques	Bb	M1
22/09/2019	Saulxure	crotte	982241	6766145	19-584	Longegoutte_Géhant	NA	NA
05/08/2019	Tendon	crotte	974352	6782987	19-587	Petit Fossard	NA	NA
22/09/2019	Saulxure	crotte	982280	6766070	19-591	Longegoutte_Géhant	NA	NA
21/03/2019	Fresse (70)	crotte	978479	6747666	19-599	Ballons Comtois	Bb	M1
05/08/2019	Tendon	crotte	974364	6783172	19-601	Petit Fossard	NA	NA
17/08/2019	Gérardmer	crotte	991511	6781044	19-602	Saint Jacques	NA	NA
27/02/2018	Gérardmer	crotte	991442	6781248	GTV-17-112	Saint Jacques	NA	NA
05/03/2018	Gérardmer	crotte	991500	6781153	GTV-17-52	Saint Jacques	Bb	M1
27/02/2018	Gérardmer	crotte	990984	6781448	GTV-17-7	Saint Jacques	Bb	NA
05/03/2018	Gérardmer	crotte	991407	6781277	v15-378	Saint Jacques	Bb	M1
05/03/2018	Gérardmer	crotte	991470	6781269	v15-380	Saint Jacques	Bb	M1
05/03/2018	Gérardmer	crotte	991311	6781155	vis-333	Saint Jacques	NA	NA