

Contribution à l'étude du Pigeon à couronne blanche (*Patagioenas leucocephala*)
en Guadeloupe : Recensement de la population et différenciation génétique à
l'échelle des Antilles



Christopher Cambrone, Blandine Guillemot, Etienne Bezault

© L. Kee

Décembre 2017

SOMMAIRE

INTRODUCTION.....	1
I. Comparaison des deux méthodes de détection.....	3
II. Analyse de la structure et de la diversité génétique.....	5
III. Conclusion et perspectives.....	7
Références bibliographiques.....	9

LISTE DES FIGURES

Figure 1: Aire de distribution du Pigeon à couronne blanche.....	1
Figure 2: Carte de Guadeloupe représentant les neufs circuits prospectés durant l'étude.....	3
Figure 3: Méthodologie pour la comparaison des méthodes de détection.....	3
Figure 4: Nombre moyen de pigeons à couronne blanche détectés.....	4
Figure 5: Réseaux haplotypique (Minimum spanning network).....	5

INTRODUCTION

Le suivi des populations d'espèces à valeur cynégétique est crucial afin de déterminer leur évolution et de détecter, le cas échéant, un déclin significatif de la population. Ces suivis permettent ainsi de proposer des plans de gestion adaptés. Afin de pérenniser la ressource, la taille de population est l'un des principaux déterminants du risque d'extinction (Reed & Frankham 2003). Parallèlement, une étude sur la structure et la diversité génétique d'une population permet d'évaluer plus précisément son risque d'extinction (Frankham 2005). Une perte de diversité génétique induit généralement une réduction, sur le long-terme, de la capacité d'adaptation en réponse aux changements environnementaux, et, par la même, une augmentation de la probabilité d'extinction (Reed & Frankham 2003; Spielman *et al.* 2004; Frankham 2005).



Figure 1: Aire de distribution du Pigeon à couronne blanche - © Neotropical Birds – Cornell University

Le pigeon à couronne blanche, *Patagioenas leucocephala*, est une espèce à forte valeur cynégétique et patrimoniale, endémique de la partie Nord du Bassin Caraïbéen (Figure 1). L'espèce utilise principalement la mangrove et la forêt marécageuse comme habitat de reproduction, mais s'alimente aussi dans les forêts de feuillus situées plus à l'intérieur des terres. Frugivore, l'espèce consomme des fruits de différentes espèces d'arbres. Elle est ainsi un agent important de dissémination de graines, participant à la régénération des communautés d'arbres tropicaux caribéens (Strong & Bancroft 1994; Ware 1997; Strong & Johnson 2001). Le caractère erratique et la capacité de vol de l'espèce (150 km sans repos ;

Bancroft *et al.* 2000; Bancroft & Bowman 2001) favorisent aussi la dispersion des graines à large échelle. Les principales menaces identifiées pour l'espèce à l'échelle régionale (Hay 2008) sont la destruction anthropique de l'habitat (del Hoyo *et al.* 1997) et la chasse, incluant le braconnage (Hay 2008; Rivera-Milán *et al.* 2016).

En Guadeloupe, le Pigeon à couronne blanche est traditionnellement chassé. Depuis la saison de chasse 2017, un plan de gestion spécifique à l'espèce a été développé avec une restriction des prélèvements accompagnée de dispositifs de marquage pour en assurer le contrôle, sans toutefois être basé sur de véritables études scientifiques. Dans ce contexte, la présente étude vise, dans un premier temps, à proposer une méthode de comptage pour procéder à des suivis annuels de l'espèce. Pour ce faire, deux méthodes de détection ont été comparées, la méthode dite *passive* qui consiste à détecter les oiseaux à partir de leurs comportements spontanés (chants, déplacements) et la méthode dite *de la repasse* qui consiste à diffuser le chant de l'espèce afin d'induire une réponse comportementale (réponses par le chant ou par des mouvements). Chez une espèce du même genre, le Pigeon à queue barrée, *Patagioenas fasciata fasciata*, la méthode de la repasse apparaît plus efficace que la méthode passive pour détecter les individus, notamment en réduisant le problème de fausse absence (Kirkpatrick *et al.* 2007). Dans un second temps, l'étude vise à réaliser une première analyse de la structure et de la diversité génétique de l'espèce.

I. Comparaison des deux méthodes de détection

Neuf circuits de comptages ont été réalisés au niveau du Grand-Cul-de-Sac marin en Guadeloupe (Figure 2), où il existe une forte concentration de mangroves et de forêts marécageuses.

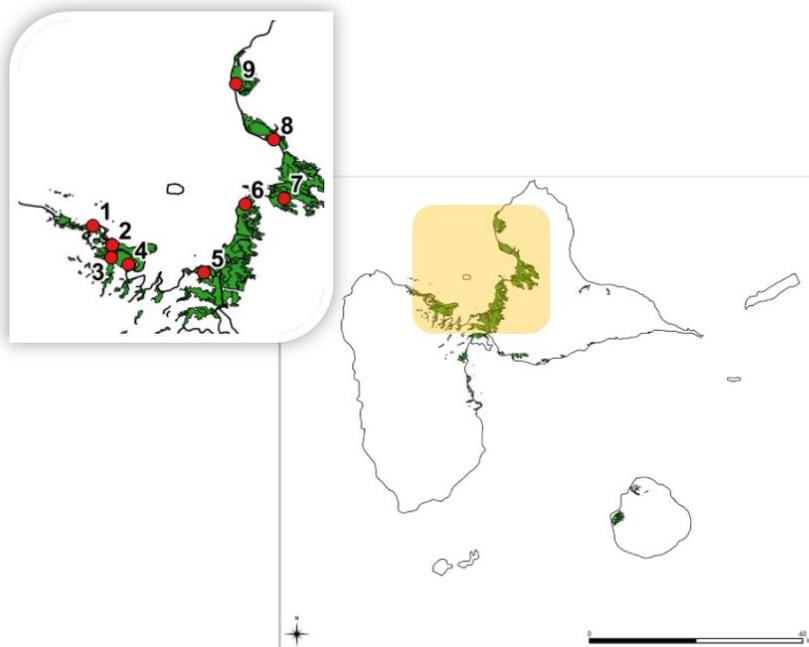


Figure 2: Carte de Guadeloupe représentant les neuf circuits prospectés durant l'étude. Les zones vertes correspondent aux mangroves, forêts marécageuses et prairies inondées. La zone comprise dans l'encadré jaune est grossie. 1- Welch, Sainte-Rose ; 2- Bésia, Sainte-Rose ; 3- Darase, Le Lamentin ; 4- Blachon, Le Lamentin ; 5- Baie à chat, Baie-Mahault ; 6- Babin, Morne-à-l'eau ; 7- Sauvia, Morne-à-l'eau ; 8- Beautiran, Petit-Canal ; 9- Souffleur, Port-Louis.

Les comptages ont été réalisés du 1^{er} Mai 2017 au 14 Juillet 2017. Chacun des 9 circuits était constitué de 10 points d'écoute, espacés l'un de l'autre de 300 mètres (Thomas *et al.* 2010). Les circuits ont été visités trois fois le matin, au lever du soleil, et trois fois l'après-midi, au coucher du soleil. A chaque point d'écoute, les deux méthodes de détections ont été utilisées successivement (Figure 3).

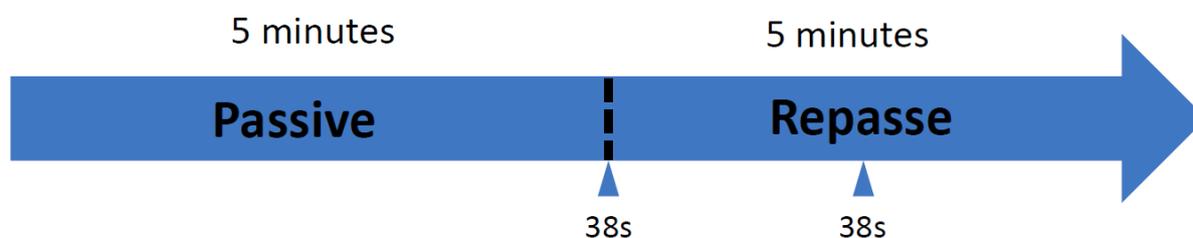


Figure 3: Méthodologie pour la comparaison des méthodes de détection, le chant de pigeon à couronne blanche est diffusé à deux reprises, symbolisées par les triangles bleus.

Les chants ont été diffusés à l'aide d'un haut-parleur nomade Bluetooth d'une puissance de sortie de 4 Watts (Philips BT2600). Ils provenaient d'un CD intitulé "Oiseaux des Antilles"

(CEBA / Fremaux et Associés) et étaient diffusés à volume maximal. Chaque Pigeon à couronne blanche vu ou entendu a été comptabilisé.

Le nombre total de pigeons détectés en fonction de la méthode employée (59 en écoute passive contre 134 avec repasse), le taux de détection (0.109 ± 0.027 en écoute passive contre 0.248 ± 0.046 avec repasse), le nombre moyen de pigeons détectés sur chaque transect (Figure 4) et le nombre de pigeons détectés à chaque session de comptage (χ^2 de Friedman=26.133, d.d.l.=1, $P < 0.001$) indiquent que la méthode de la repasse est plus efficace que la méthode passive pour détecter les pigeons à couronne blanche lors des comptages par point d'écoute. De plus, cette méthode permet de détecter l'espèce quand la méthode passive ne le permet pas (χ^2 de Mc Nemar=10.083, d.d.l.=1, $P=0.002$).

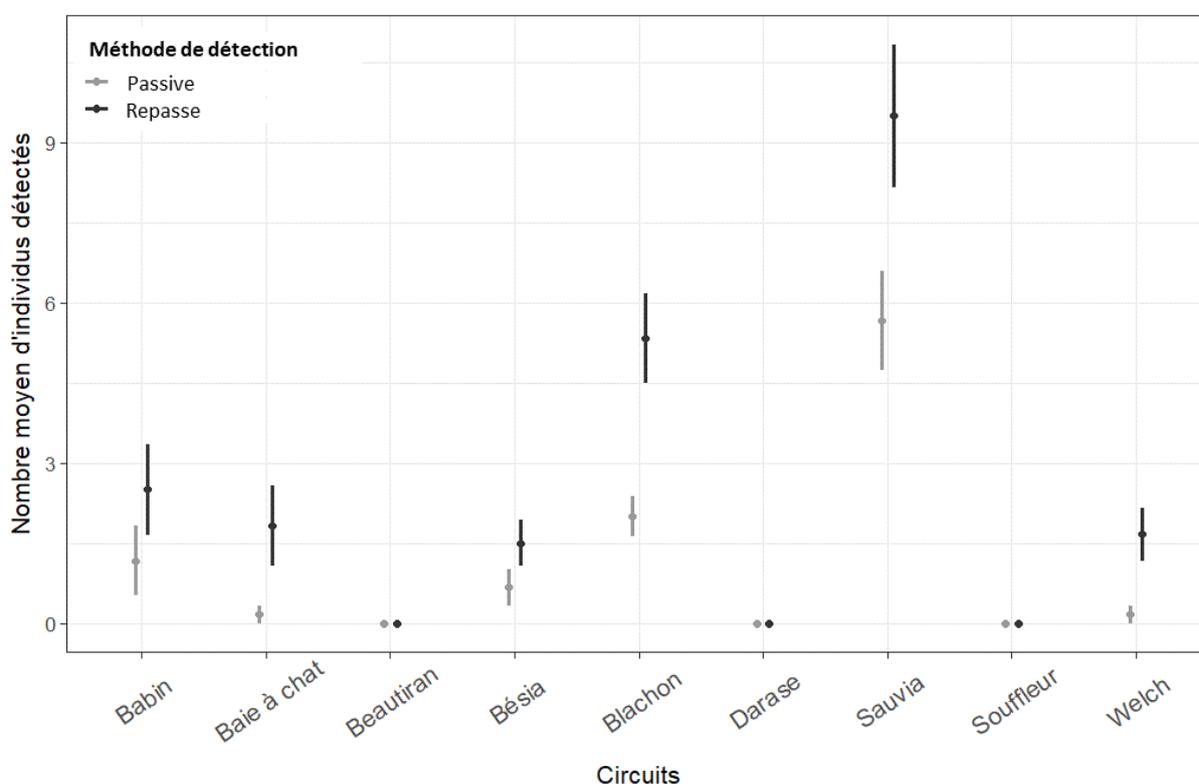


Figure 4: Nombre moyen de pigeons à couronne blanche détectés sur chaque circuit de comptage en fonction de la méthode de détection employée. Les barres d'erreur correspondent à l'erreur standard.

Par conséquent, la méthode de la repasse permet de significativement détecter plus de pigeons à couronne blanche et réduit aussi le problème de « fausse absence ». On peut ainsi affirmer que cette méthode améliore la détectabilité de l'espèce, c'est-à-dire notre capacité à détecter un individu quand il est réellement présent sur le point d'écoute (Brewster & Simons 2009). Ce paramètre est important pour l'estimation d'une abondance (e.g. Bart & Earnst 2002;

Royle & Nichols 2003; Alldredge *et al.* 2006, 2007; Buckland *et al.* 2008) et ne peut pas être ignoré quand l'objectif est de comparer spatialement (entre populations différentes) ou temporellement (suivi d'une même population au cours du temps) plusieurs abondances (Sutherland *et al.* 2004; Alldredge *et al.* 2007), car un changement en termes de détectabilité et un changement en termes d'abondance se traduisent quantitativement de la même manière. Négliger cet aspect peut conduire à la mise en place de protocoles de gestion de la faune sauvage et à des prélèvements cynégétiques inappropriés, ce qui peut avoir des conséquences néfastes (Blanco *et al.* 2014).

II. Analyse de la structure et de la diversité génétique

Des échantillons biologiques ont été collectés par le SMPE (ONCFS/AFB) auprès des chasseurs durant la saison de chasse de 2016, en Guadeloupe. Au total, 39 échantillons de plumes et de doigts ont été prélevés. L'ADN a été préférentiellement extrait des doigts en utilisant le kit d'extraction NucleoSpin (Macherey-Nagel, Düren, Allemagne). Par amplification d'ADN par PCR (*Polymerase Chain Reaction*), deux gènes mitochondriaux ont été étudiés : le Cytochrome b (*Cyt b* – 852 pb) et le Cytochrome Oxydase subunit I (*COI* – 652 pb). Dans la littérature scientifique, deux séquences de *Cyt b* provenant de pigeons originaires de Floride (Johnson & Clayton 2000; Sorenson *et al.* 2003) et deux séquences de *COI* provenant de Panama (Schindel *et al.* 2011) ont été trouvées et utilisées dans cette présente étude comme représentant de la partie Nord de l'aire de répartition du Pigeon à couronne blanche (appelé *North-Caribbean*).

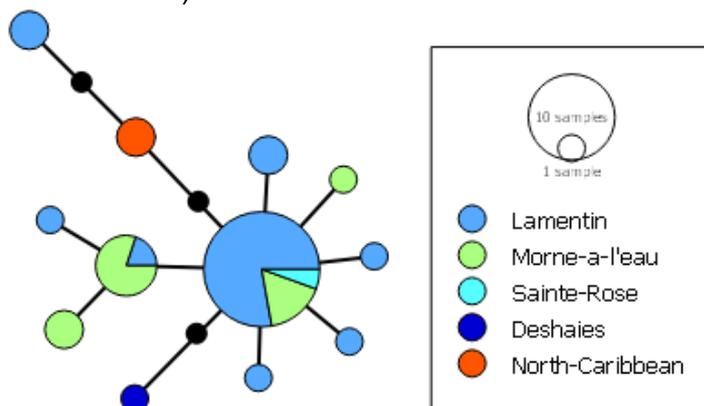


Figure 5: Réseaux haplotypique (*Minimum spanning network*) construit à partir de 37 haplotypes pour une séquence d'ADN mitochondriale de 1504 pb (*COI* et *Cyt b* concaténées). Chaque cercle représente un haplotype et leur taille est proportionnelle au nombre d'individus partageant l'haplotype. Les cercles noirs ne sont pas des haplotypes, ils indiquent le nombre de différences nucléotidiques ou mutation entre deux haplotypes. En ce sens, un segment continu correspond à une différence nucléotidique et un segment portant un cercle noir, deux différences nucléotidiques. Les couleurs correspondent à l'origine géographique des individus et leur proportion, l'abondance relative des individus partageant le même haplotype et originaire de la même zone géographique. Tous les haplotypes, sauf celui en orange, sont issus de pigeons échantillonnés en Guadeloupe.

Le réseau haplotypique (Figure 5) révèle douze haplotypes différents dont un majoritaire partagé par 18 individus de l'échantillon de départ (49%). Onze haplotypes sont exclusivement guadeloupéens et un est exclusivement originaire de la partie Nord Caribéenne de l'aire de répartition de l'espèce (*North-Caribbean*). Les individus guadeloupéens présentent une assez haute diversité haplotypique ($h = 0.839$) comparé à d'autres

espèces de colombidés endémiques de milieux insulaires plus ou moins menacées (Tableau 1). Ces comparaisons suggèrent que le Pigeon à couronne blanche n'a pas subi de récent goulot d'étranglement et/ou d'effet de fondation. Ces premiers résultats tendent à suggérer que le pigeon à couronne blanche posséderait une assez haute diversité génétique en Guadeloupe et probablement à l'échelle de l'ensemble de l'aire de répartition de l'espèce.

Tableau 1: Diversité haplotypique (h) et statut de conservation d'espèces de colombidés endémiques de milieux insulaires, comme le Pigeon à couronne blanche de cette présente étude (Colonne grisée).

Espèce	Colombine turvert, <i>Chalcophaps indica</i>	Pigeon à couronne blanche, <i>Patagioenas leucocephala</i>	Pigeon simple, <i>Patagioenas inornata inornata</i>	Pigeon simple, <i>Patagioenas wetmorei</i>	Pigeon rose, <i>Columba mayeri</i>	Pigeon violet, <i>Columba janthina nitens</i>
Diversité haplotypique (h)	0.940	0.839	0.590	0.480	0.450	0.120
Statut de conservation (UICN)	Préoccupation mineure (LC)	Quasi-menacé (NT)	Quasi-menacé (NT)	Quasi-menacé (NT)	En danger (EN)	En danger critique d'extinction (CR)
Evènements biogéographiques connus	-	-	-	Goulot d'étranglement et/ou effet de fondation	Goulot d'étranglement et/ou effet de fondation	Goulot d'étranglement et/ou effet de fondation
Auteurs	Kirchman & Franklin 2007	Cette étude	Young & Allard 1997	Young & Allard 1997	Swinnerton <i>et al.</i> 2004	Ando <i>et al.</i> 2014

On peut aussi voir que l'haplotype « *North-Caribbean* », en orange sur la figure 5, apparaît inclus dans l'ensemble des haplotypes guadeloupéens. De plus, l'haplotype le plus différent, c'est-à-dire le plus éloigné par rapport l'haplotype majoritaire est guadeloupéen. Ceci suggérerait l'existence d'une unique population de pigeons à couronne blanche à l'échelle de la Caraïbe. Ce qui signifierait que les différentes colonies réparties sur les différentes îles de l'aire de répartition de l'espèce échangeraient suffisamment d'individus pour homogénéiser les génotypes (migration efficace).

III. Conclusion et perspectives

La présente étude met en évidence certaines informations à prendre en compte pour l'ajustement du statut de conservation, et par la même l'établissement d'un plan de gestion cohérent de l'espèce en Guadeloupe et à l'échelle caribéenne :

- **La possible existence d'une unique population à l'échelle caribéenne** montrerait qu'un plan de gestion de l'espèce ne peut pas être totalement efficace, si ce dernier n'est pas appliqué, de la même manière, dans les différents territoires et états caribéens inclus dans l'aire de répartition de l'espèce.
- **Une diversité génétique relativement élevée** est encourageante pour le devenir de l'espèce mais doit encore être confirmée à une échelle spatiale plus large.
- **La méthode de la repasse s'avère la plus efficace** et permet d'avoir une représentation plus juste des fluctuations démographiques au cours du temps. Cette méthode est donc recommandée pour les futurs suivis de l'espèce.

L'étude soulève aussi d'intéressantes questions qui seront en partie abordées durant une thèse de doctorat de Christopher Cambrone intitulée « Biologie et génétique des populations du Pigeon à couronne blanche, *Patagioenas leucocephala* : applications à la gestion et la conservation de l'espèce » sous la direction d'Etienne Bezault (UMR 7208 BOREA, Université des Antilles) et Frank Cézilly (UMR 6282 Biogéosciences, Université Bourgogne-Franche Comté). Cette thèse doit être cofinancée et soutenue par l'Office National de la Chasse et de Faune Sauvage, la Région Guadeloupe et l'association Caribaea Initiative. Elle comporte trois volets d'étude :

- 1) **Estimer plus précisément l'effectif de la population caribéenne de pigeons à couronne blanche en combinant les données démographiques et génétiques** : La taille de population est l'un des principaux déterminants du risque d'extinction (Reed *et al.* 2003), qu'il convient donc de pouvoir estimer de façon fiable. La combinaison de données génétiques et démographiques est nécessaire à une bonne estimation de l'effectif des populations naturelles et de ses variations à différentes échelles spatiales et temporelles (Lande 1988, Frankham 1996, Pruett *et al.* 2011, Calderon *et al.* 2016).
- 2) **Etablir le degré de connectivité des populations via l'étude des déplacements des individus (GPS-tracking) et du flux de gènes entre populations des différentes îles** : La dispersion des individus contribue fortement à la dynamique démographique des populations, au flux de gènes entre population et à leur persistance dans le temps et l'espace (Clobert *et al.* 2001). La conservation d'une

espèce sensible comme le Pigeon à couronne blanche implique donc de documenter les déplacements des individus au sein de l'aire de répartition de l'espèce, d'estimer les flux de gènes qui en résultent et d'établir le niveau de structuration génétique de la population globale. Une telle démarche nécessite de nouveau de combiner les données de suivi d'individus marqués avec les données génétiques (Pearce & Talbot 2006, Lowe & Allendorf 2010).

- 3) **Comparer la diversité génétique présente et passée de l'espèce** : Les avancées dans l'extraction de l'ADN à partir de spécimens anciens conservés dans des muséums permettent aujourd'hui d'analyser directement les changements de diversité génétique dans l'espace mais aussi dans le temps, fournissant ainsi une information précieuse sur l'histoire démographique de l'espèce et ses populations, et ainsi permettre le développement de mesures de conservation efficace et, potentiellement, de stratégies de réintroduction (Murata *et al.* 2004, Draheim *et al.* 2012, D'Elia *et al.* 2016).

Références bibliographiques

- Allredge, M. W., Simons, T. R., & Pollock, K. H. (2007). A field evaluation of distance measurement error in auditory avian point count surveys. *Journal of Wildlife Management*, 71(8), 2759–2766.
- Allredge, M.W., Pollock, K.H., Simons, T.R. (2006). Estimating Detection Probabilities From Multiple-Observer Point Counts. *Auk* 123:1172.
- Ando, H., Ogawa, H., Kaneko, S., Takano, H., Seki, S.-I., Suzuki, H., Horikoshi, K., & Isagi, Y. (2014). Genetic structure of the critically endangered Red-headed Wood Pigeon *Columba janthina nitens* and its implications for the management of threatened island populations. *Ibis*, 156(1), 153–164.
- Bancroft, G.T., Bowman, R. (2001). White-crowned Pigeon (*Patagioenas leucocephala*). In: *The Birds North America Online*.
- Bancroft, G.T., Bowman, R., Sawicki, R.J. (2000). Rainfall, fruiting phenology, and the nesting season of white-crowned pigeons in the upper florida keys. *Auk* 117:416.
- Bart, J., Earnst, S. (2002). Double sampling to estimate density and population trends in birds. *Auk* 119:36–45.
- Blanco, G., Frías, Ó., Cuevas, J. a., González, J. L., & Martínez, F. (2014). Commonness of not-so-common birds: the need for baseline knowledge of actual population size for the validation of population size predictions. *Bird Study* 61:351–60.
- Brewster, J.P., Simons, T.R. (2009). Testing the importance of auditory detections in avian point counts. *Journal of Field Ornithology* 80:178–182.
- Buckland, S.T., Marsden, S.J., Green, R.E. (2008). Estimating bird abundance: making methods work. *Bird Conservation International* 18:91–108.
- Calderon, L., Campagna, L., Wilke, T., Lormee, H., Eraud, C., Dunn, J.C., Rocha, G., Zehtindjiev, P., , Bakaloudis, D.E., Metzger, B., Cecere, J.G., Marx, M. & Quillfeldt, P. (2016). Genomic evidence of demographic fluctuations and lack of genetic structure across flyways in a long distance migrant, the European turtle dove. *BMC Evolutionary Biology* 16: 237.
- Clobert, J., Danchin, E., Dhondt, A.A. & Nichols, J.D. (eds) (2001). *Dispersal*. Oxford University

Press, Oxford, UK.

D'Elia, J., Haig, S.M., Mullins, T.D. & Miller, M.P. (2016). Ancient DNA reveals substantial genetic diversity in the California Condor (*Gymnogyps californianus*) prior to a population bottleneck. *The Condor* 118: 703-714.

del Hoyo J, Elliott A, Sargatal J, Cabot J (1997). Sandgrouse to cuckoos. Lynx Edicions

Draheim, H. M., Baird, P. & Haig, S.M. (2012). Temporal analysis of mtDNA variation reveals decreased genetic diversity in Least Terns. *The Condor* 114: 145–154.

Frankham, R. (1996). Relationship of genetic diversity to population size in wildlife. *Conservation Biology* 10: 1500-1508.

Frankham, R. (2005). Genetics and extinction. *Biological Conservation* 126:131–140.

Hay, D.B. (2008). Report of the White-Crowned Pigeon (*Patagioenas leucocephala*) working group. *Journal of Caribbean Ornithology* 21:110–112.

Johnson, K.P., Clayton, D.H. (2000). Nuclear & mitochondrial genes contain similar phylogenetic signal for pigeons & doves (*Aves: Columbiformes*). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 14:141–151.

Kirchman, J. J. & Franklin, J. D. (2007). Comparative phylogeography and genetic structure of Vanuatu birds: Control region variation in a rail, a dove, & a passerine. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 43(1), 14–23.

Kirkpatrick, C., Conway, C.J., Hughes, K.M., Devos, J.C. (2007). Probability of detecting Band-tailed pigeons during call-broadcast versus auditory surveys. *Journal of Wildlife Management* 71:231–237.

Lande, R. (1988). Genetics and demography in biological conservation. *Science* 241: 1455-1460.

Lowe, W.H. & Allendorf, F.W. (2010). What can genetics tell us about population connectivity? *Molecular Ecology* 19: 3038-3051.

Murata, K., Satou, M., Matsushima, K. Satake, S. & Yamamoto, Y. (2004). Retrospective estimation of genetic diversity of an extinct Oriental White Stork (*Ciconia boyciana*) population in Japan using mounted specimens & implications for reintroduction programs. *Conservation Genetics* 5: 553–560.

- Pearce, J.M. & Talbot S.L. (2006). Demography, genetics & the value of mixed messages. *The Condor* 108: 474-479.
- Pruett, C.L., Johnson, J.A., Larsson, L.C., Wolfe, D.H. & Patten, M.A. (2011). Low effective population size & survivorship in a grassland grouse. *Conservation Genetics* 12: 1205-1214.
- Reed, D.H., Frankham, R. (2003). Correlation between fitness & genetic diversity. *Conservation Biology* 17:230–237.
- Rivera-Milán, F.F., Boomer, G.S., Martínez, A.J., (2016). Sustainability assessment of Plain Pigeons & White-crowned Pigeons illegally hunted in Puerto Rico. *The Condor* 118:300–308.
- Royle, J.A., Nichols, J.D., (2003). Estimating abundance from repeated presence–absence data or point counts. *Ecology* 84:777–790.
- Schindel, D. E., Stoeckle, M. Y., Milensky, C., Trizna, M., Schmidt, B., Gebhard, C., & Graves, G., (2011). Project description: DNA barcodes of bird species in the National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, USA. *ZooKeys*, (152), 87.
- Sorenson, M. D., Oneal, E., García-Moreno, J., & Mindell, D. P., (2003). More taxa, more characters: the hoatzin problem is still unresolved. *Molecular Biology and Evolution*, 20(9), 1484–1498.
- Spielman, D., Brook, B.W., Frankham, R. (2004). Most species are not driven to extinction before genetic factors impact them. *Proceedings of National Academy of Sciences* 101:15261–15264.
- Strong, A.M., Bancroft, G.T. (1994). Postfledging dispersal of White-crowned pigeons: implications for conservation of deciduous seasonal forests in the Florida keys. *Conservation Biology* 8:770–779.
- Strong, A. M. & Johnson, M. D. (2001). Exploitation of a seasonal resource by nonbreeding plain and white-crowned pigeons : implications for conservation of tropical dry forests. *Wilson Bulletin*, 113(1), 73–77.
- Sutherland, W.J., Newton, I., Green, R.E. (2004). *Bird Ecology & Conservation: A Handbook of Techniques*
- Swinerton, K. J., Groombridge, J. J., Jones, C. G., Burn, R. W., & Mungroo, Y. (2004).

Inbreeding depression & founder diversity among captive & free-living populations of the endangered Pink Pigeon *Columba mayeri*. *Animal Conservation*, 7(4), 353–364.

Thomas, L., Buckland, S.T., Rexstad, E.A., *et al.* (2010) Distance software: design & analysis of distance sampling surveys for estimating population size. *Journal of Applied Ecology* 47:5–14.

Ware, D.M. (1997). White-crowned pigeon north of its known range. *Florida Field Naturalist* 25:141–142

Young, D. L. & Allard, M. W. (1997). Conservation genetics of the Plain Pigeon *Columba inornata* in Puerto Rico and the Dominican Republic. *Molecular Ecology*, 6, 877–879.



Office National de la Chasse et de la Faune Sauvage
Cellule Technique
Chemin de Boyer – Section Boisbert
97129 LAMENTIN
Tél : 05.90.99.23.52