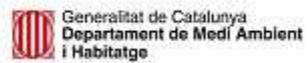




Action 3.4.4.

« Programme de conservation ex-situ de la Perdrix grise »



Action 3.4.4 « Programme de conservation ex-situ de la Perdrix grise »

Etat de conservation de la diversité génétique des populations sauvages de perdrix grises des Pyrénées et des perdrix grises de l'élevage d'Estერი d'Aneu (Pallars Sobirà, Catalogne)

Nicolas Bech⁽¹⁾, Jérôme Boissier⁽¹⁾, Aïda Tarragó Guarro⁽²⁾, Ramon Martinez-Vidal⁽²⁾ et Claude. Nova⁽³⁾

⁽¹⁾Université Perpignan Via Domitia, ⁽²⁾Generalitat de Catalunya, ⁽³⁾Office National de la Chasse et de la Faune Sauvage

I/ Introduction : lâchers et introgression génétique :

En Europe, la perdrix grise (*Perdix perdix*) représente l'une des espèces de petit gibier les plus prisées. Pour cette raison, des lâchers de perdrix grises d'élevages ont été entrepris dès le milieu du XX^{ème} siècle un peu partout en Europe [au Danemark (dans les années 1950), en Angleterre (dans les années 1960), en France (dès la fin des années 1960) ou encore en ex-Tchécoslovaquie (dans les années 1970)] (Birkan, 1971). Ces lâchers ont été effectués à des fins cynégétiques pour renforcer les populations naturelles.

La plupart des individus lâchés en milieu naturel sont très certainement voués à être tirés au cours de la saison de chasse suivante, mais le plus souvent, ces individus sont condamnés à mourir pendant la période hivernale à cause de leur mauvaise adaptation au milieu ou de leur incapacité à se nourrir (Guitart, Cassaing, 2000). Cependant, il arrive quelque fois que certains individus persistent dans le milieu et arrivent à s'intégrer au sein des populations autochtones sauvages. Apparaissent alors des descendants hybrides, premier signe véritable d'une introgression génétique de perdrix d'élevage dans les populations de perdrix sauvages.

D'un point de vue général, outre le fait que l'hybridation crée un risque majeur pour l'intégrité génétique des taxons concernés, l'hybridation est souvent perçue comme un mécanisme diminuant la valeur sélective des individus au niveau des zones d'hybridation (Barton, 2001). Ainsi, suite à des repeuplements à des fins cynégétiques, des introgressions génétiques chez la perdrix bartavelle (*Alectoris graeca*) et chez la perdrix rouge (*A. rufa*) par des perdrix choukars (*A. chukar*) ont été observées (Barilani *et al.*, 2007). La principale conséquence de ces introgressions génétiques serait une perte des adaptations locales augmentant les risques d'extinction.

Chez la perdrix grise, une hybridation, suite à des lâchers massifs à but cynégétique, a très certainement conduit à la disparition de la sous-espèce *Perdix perdix italica* (Liukkonen-

Anttila *et al.*, 2002). En France, des cas d'hybridation entre perdrix grises sauvages et perdrix grises d'élevages ont déjà été mis en évidence. En effet, sur la base de marqueurs allozymiques (Blanc *et al.*, 1986; Effenberger, Suchentrunk, 1999) ou mitochondriaux (Gomez-Moliner, 2007; Liukkonen-Anttila *et al.*, 2002; Martin *et al.*, 2003; Uimaniemi *et al.*, 1999), une introgression de gènes de perdrix d'élevage de plaine (*Perdix perdix armoricana*) a été détectée chez les perdrix sauvages des Pyrénées (*Perdix perdix hispaniensis*). Cependant, au début du présent travail, aucune étude utilisant les marqueurs nucléaires n'avait été réalisée sur la perdrix grise, faute de marqueurs (microsatellites) disponibles. Seule Selma Mautner avait défini 5 marqueurs microsatellites durant sa thèse de doctorat à l'Université de Vienne afin d'étudier la relation entre diversité génétique et valeur sélective chez des perdrix grises d'élevages (Mautner, 2001).

Les marqueurs nucléaires microsatellites sont considérés comme des marqueurs de choix dans l'étude génétique des populations (Frankham *et al.*, 2002). En effet, de part leur hérédité mendélienne par rapport aux marqueurs mitochondriaux (à hérédité uniquement maternelle), ou par rapport à leur degré de polymorphisme bien supérieur aux marqueurs allozymiques, les marqueurs microsatellites sont des marqueurs de premier choix pour le suivi d'une introgression génétique. De plus, ces marqueurs microsatellites sont également efficaces dans les analyses de structuration génétique des populations naturelles (Frankham *et al.*, 2002).

Le premier objectif de cette étude est d'établir, sur la base de marqueurs nucléaires microsatellites, un diagnostic de l'introgression génétique des perdrix grises des Pyrénées. Une estimation du taux d'introgression génétique des perdrix grises des Pyrénées ainsi que des analyses à la fois de la distribution de cette introgression et de son origine ont donc été entreprises à l'aide de l'outil moléculaire.

Le deuxième objectif est d'établir, à l'aide des mêmes marqueurs, un diagnostic de l'état de conservation de la diversité génétique des perdrix grises du centre d'élevage d'Esterrí d'Aneu (Pallars Sobirà, Catalogne).

II/ Développement de marqueurs nucléaires microsatellites :

Cette étude a tout d'abord fait l'objet de la mise au point de marqueurs nucléaires microsatellites amplifiables chez la perdrix grise. Sur plus de 150 marqueurs microsatellites testés en 'amplification croisée', seul un panel de 12 marqueurs a été retenu pour l'étude. Sur ces 12 marqueurs, 10 ont fait l'objet d'une publication dans la revue 'Genetics and Molecular Research' (Bech *et al.*, 2010).

Les résultats des analyses issues de ces marqueurs nucléaires sont venus compléter les travaux précédemment réalisés à l'aide des marqueurs moléculaires enzymatiques et mitochondriaux.

III/ Estimation de l'introgession génétique des perdrix grises sauvages des Pyrénées.

→ Échantillonnage :

Afin de réaliser cette étude nous avons extrait l'ADN de 703 échantillons d'ailes, de sang ou de plumes. Cet échantillonnage était constitué de 605 perdrix grises sauvages pyrénéennes (réparties en 17 populations) et de 98 perdrix grises d'élevages. Parmi ces dernières, 41 perdrix proviennent de 3 populations d'élevages français (ayant servi à repeupler les populations situées dans les Pyrénées Orientales françaises, en Andorre et sur le col de l'Aubisque). Les 57 autres perdrix grises d'élevage proviennent du centre d'élevage situé à Esterri d'Aneu (individus de 2003 à 2009). Ce centre d'élevage est connu pour être à la base de plusieurs opérations de repeuplement dans les Pyrénées Catalanes (Pallars Sobirà, Cerdagne...).

→ Comparaison entre perdrix grises d'élevages et sauvages :

Les premières analyses nous ont permis de relever une différence génétique significative entre les perdrix grises sauvages des Pyrénées et les perdrix grises d'élevages ($F_{st}=0.0625$, $P=0.017$). Cette différenciation est telle que les individus peuvent être classés en 2 ensembles génétiques: 'sauvages' et 'élevages' voir figure 1. Sur cette figure nous pouvons apercevoir que les individus (représenté par les colonnes) sauvages sont majoritairement associés à un ensemble génétique représenté par la couleur jaune alors que les individus d'élevages semblent plutôt assimilés à l'ensemble génétique représenté par la couleur rouge.

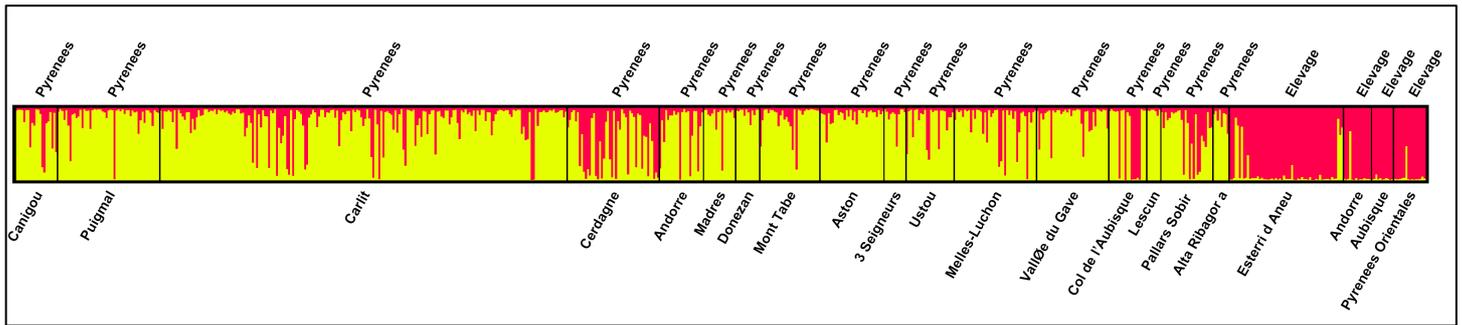


Figure 1 : Figure réalisée à partir du logiciel STRUCTURE (PRITCHARD *ET AL.*, 2000), chaque colonne de l’histogramme représente un individu. Chaque individu est assigné à une des 17 populations sauvages pyrénéennes ou à l’un des 4 différents élevages.

Il est à noter que certaines perdrix sauvages pyrénéennes sont fortement assignées au cluster ‘élevage’ (rouge). Ces assignations sont une conséquence d’une introgression de gènes de perdrix d’élevage dans les populations sauvages des Pyrénées.

➔ *Estimation de l’introgression génétique des perdrix grises pyrénéennes :*

Nous avons fait appel à des méthodes de statistiques qui nous ont permis de distinguer, au sein des populations sauvages pyrénéennes, les individus véritablement sauvages, les individus hybrides et les individus lâchés (et prélevés en nature), voir figure 2 a et b.

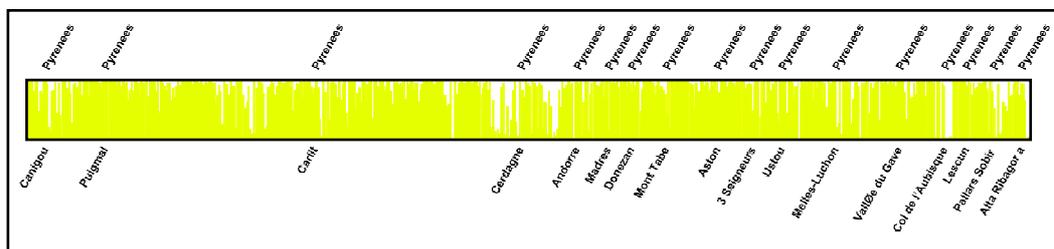


Figure 2a : Individus statistiquement sauvages au sein des 17 populations sauvages des Pyrénées.

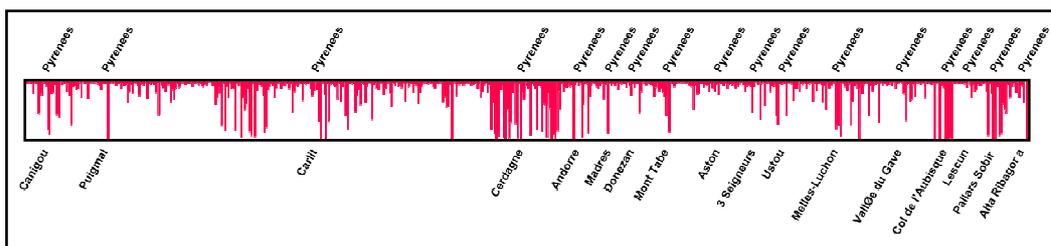


Figure 2b : Individus statistiquement hybrides ou lâchés au sein des 17 populations sauvages des Pyrénées.

Les individus potentiellement introgressés (n=229) se retrouvent dans toutes les populations sauvages dans des proportions variées. Ainsi, sur le massif Pyrénéen, près de 38% des individus sont introgressés par des gènes de perdrix d’élevages. Cette nouvelle estimation est supérieure au taux d’introgression génétique des perdrix grises des Pyrénées initialement estimé à 12,2% (Martin *et al.*, 2003).

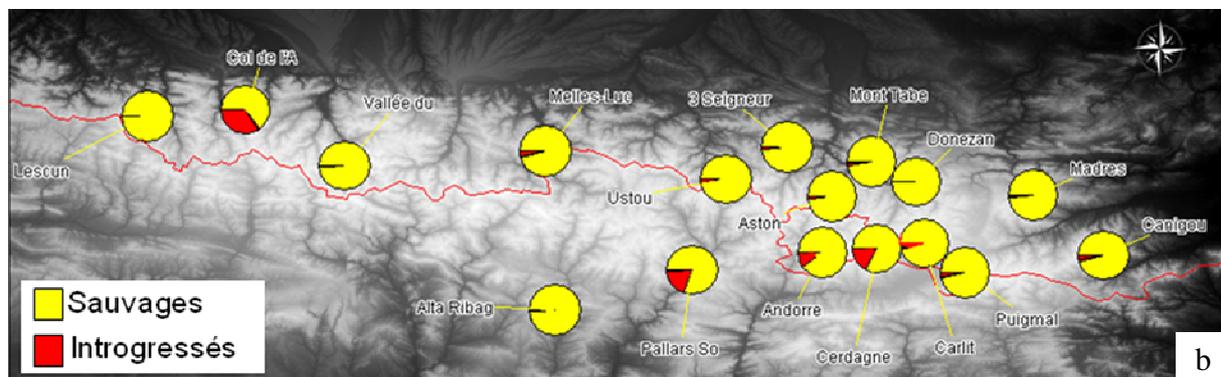
Cette différence est due au type de marqueurs moléculaires utilisés. En effet, les marqueurs mitochondriaux, employés dans l'étude de Martin et al. (2003), sont connus pour avoir une héritabilité exclusivement maternelle masquant ainsi le signal génétique de l'introgression sur les lignées mâles. L'estimation de l'introgression génétique s'en voit ainsi forcément sous-estimée.

La distribution géographique et les taux d'introgression génétique sont représentés dans la figure 3.

	Canigou	Puigmal	Carlit	Cerdagne	Andorre	Madres	Donezan	Mont Tabe	Aston	3 Seigneurs	Ustou
Sauvages	0.774	0.895	0.831	0.534	0.74	0.883	0.944	0.875	0.911	0.9	0.828
Elevages	0.226	0.105	0.169	0.466	0.26	0.117	0.056	0.125	0.089	0.1	0.172
N	21	51	203	46	22	16	12	30	32	11	24

	Melles-Luchon	Vallée du Gave	Col de l'Aubisque	Lescun	Pallars Sobirà	Alta Ribagorça
Sauvages	0.815	0.876	0.616	0.964	0.673	0.869
Elevages	0.185	0.124	0.384	0.036	0.327	0.131
N	41	36	19	7	26	8

a



b

Figure 3 : a. Distribution de l'introgression génétique (%) au sein des populations de perdrix grises des Pyrénées.
b. Représentation sur carte de cette introgression génétique.

Cependant, il existe une différence génétique significative entre les perdrix d'élevages espagnols et les perdrix d'élevages français (F_{st} moyen = 0.054, $P=0.05$). Ainsi nous avons représenté la part de chacun des deux élevages (français ou espagnol) dans chaque population sauvage des Pyrénées, voir figure 4.

	Canigou	Puigmal	Carlit	Cerdagne	Andorre	Madres	Donezan	Mont Tabe	Aston
Sauvages	0.947	0.962	0.944	0.816	0.896	0.979	0.989	0.964	0.974
Elevage Espagne	0.023	0.009	0.018	0.083	0.035	0.007	0.005	0.019	0.014
Elevage France	0.030	0.028	0.038	0.101	0.069	0.014	0.006	0.017	0.011
	3 Seigneurs	Ustou	Melles-Luchon	Vallée du Gave	Col de l'Aubisque	Lescun	Pallars Sobirà	Alta Ribagorça	
Sauvages	0.979	0.968	0.951	0.982	0.649	0.991	0.797	0.983	
Elevage Espagne	0.009	0.020	0.012	0.013	0.012	0.006	0.184	0.013	
Elevage France	0.012	0.012	0.036	0.005	0.339	0.003	0.019	0.004	a

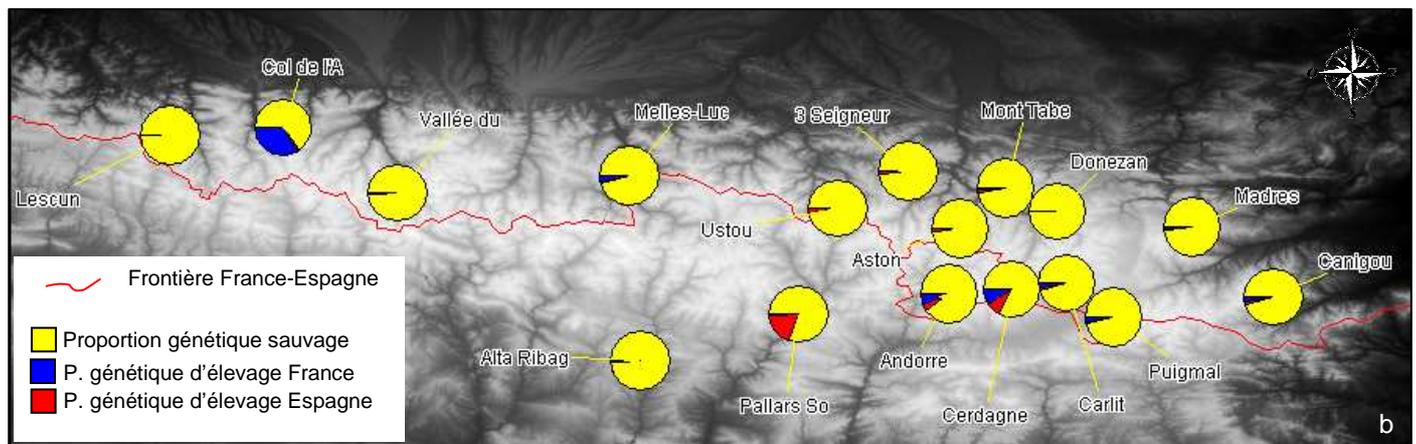


Figure 4 : a. Distribution de l'introgession génétique (%) au sein des populations de perdrix grises des Pyrénées.
b. Représentation sur carte de cette introgression génétique.

L'empreinte génétique des perdrix d'élevages se retrouve principalement dans les populations de Pallars Sobirà, Cerdagne, Andorre et sur le Col de l'Aubisque. Ces résultats sont concordants avec les pratiques de lâchers largement répandues jusqu'à récemment sur ces populations. Notons également que les populations situées en Andorre et en Cerdagne révèlent une introgression génétique venant à la fois des élevages espagnols et Français.

Il existe plusieurs facteurs permettant d'expliquer la faible proportion d'individus introgressés dans les autres populations : (1) la faible dispersion des perdrix grises qui limiterait en effet, la propagation des gènes d'élevage dans le milieu et (2) le faible taux de survie post-lâchers des oiseaux d'élevage (Guitart, Cassaing, 2000, Claude NOVOA Comm. Pers.), la contribution de ces oiseaux à l'introgession génétique des populations sauvages dépend surtout de la quantité d'oiseaux lâchés. Ceci pourrait expliquer les taux d'introgession élevés que l'on trouve au niveau des populations de l'Aubisque, Andorre, Cerdagne et Pallars Sobirà, populations connues pour faire l'objet de lâchers réguliers.

➔ *Origine de la différenciation entre perdrix d'élevages français et espagnols :*

La différenciation génétique entre les perdrix d'élevages français et les perdrix d'élevages espagnols s'explique par la proximité génétique des perdrix d'élevages français avec les perdrix grises sauvages situées dans le Bassin Parisien, voir figure 5. En effet, sur cette figure, il apparaît que les perdrix lâchées du côté français s'apparentent plus à des perdrix grises de plaine (*P.p. armoricana*) qu'à des perdrix grises de montagne (*P.p. hispaniensis*). Ces deux sous-espèces sont allopatriques et possèdent des exigences écologiques bien différentes. Ainsi, l'hybridation entre perdrix grises sauvages autochtones et perdrix grises d'élevage de plaine représente un risque majeur quant à l'intégrité génétique de la sous-espèce *P.p. hispaniensis*. En revanche, l'élevage d'Estერი d'Aneu à été réalisé, au moins pour partie, à partir de perdrix grises sauvages capturées en nature. Dans ce sens cet élevage ne présente pas de risque majeur pour l'intégrité génétique des perdrix grises sauvages repeuplées. Cependant, la position éloignée de ce centre d'élevage sur le plan factoriel de la figure 5 révèle une certaine divergence génétique des perdrix en captivité par rapport aux perdrix sauvages des Pyrénées. Cette divergence pourrait être due à une dérive génétique intrinsèque à l'élevage résultant potentiellement d'un effet de consanguinité.

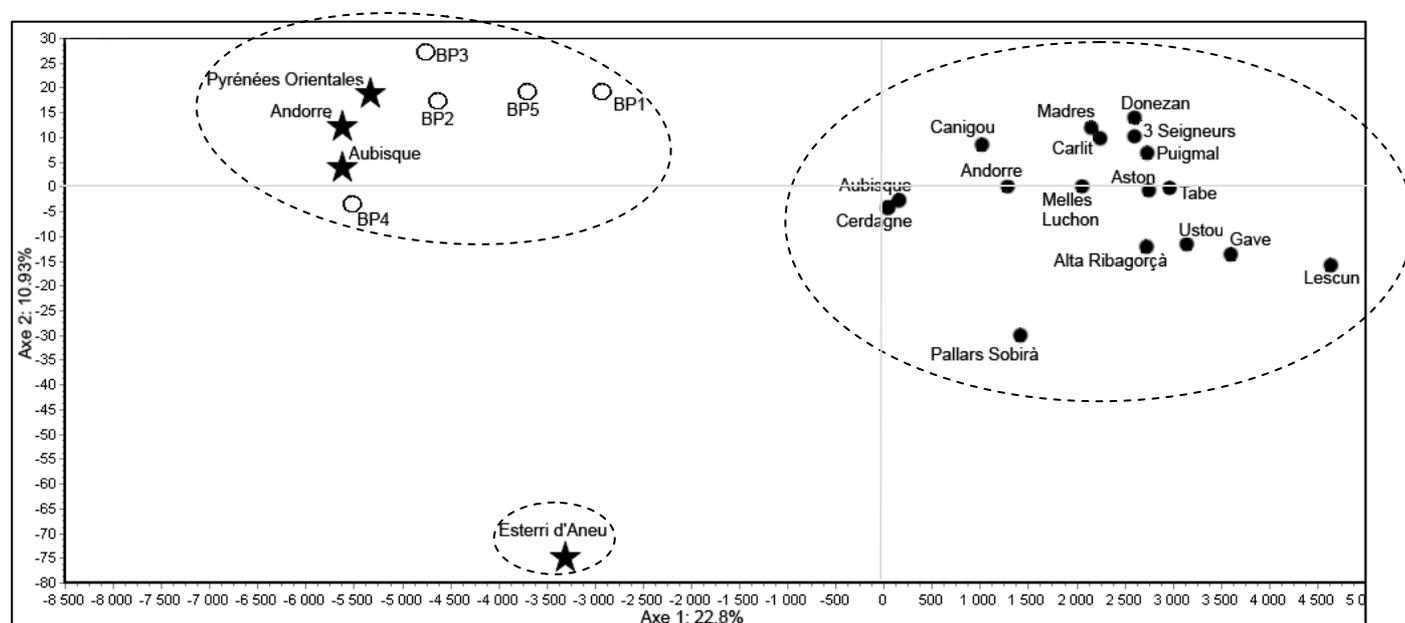


Figure 5 : Analyse Factorielle des Correspondances (AFC) réalisée avec le logiciel GENETIX (Belkhir *et al.*, 1996) sur la base de la distribution des génotypes de chaque individu. Les étoiles représentent les populations de perdrix grises lâchées dans les Pyrénées. Les cercles noirs représentent les populations de perdrix grises sauvages des Pyrénées. Les cercles blancs représentent les populations de perdrix grises sauvages situées dans le Bassin Parisien. Les ellipses ont été rajoutées *a posteriori* à l'aide d'une classification hiérarchique ascendante.

IV/ Structuration génétique des populations de perdrix grises sauvages dans les Pyrénées :

Les méthodes statistiques nous ayant permis de distinguer les individus sauvages des individus introgressés, nous avons pu lancer les analyses de structuration génétique des perdrix grises des Pyrénées sans tenir compte des individus introgressés. Les premiers résultats indiquent qu'il n'y a pas de différence significative dans la distribution de la diversité génétique au sein des populations pyrénéennes (He, test de Friedman, N=12, ddl=16, P=0.493), (AR, test de Friedman, N=12, ddl=16, P=0.452). En revanche, les analyses de structuration génétique révèlent des différenciations génétiques significatives entre certaines populations (Fst moyen de 0.041 ± 0.029). De plus, ces distances génétiques sont positivement corrélées avec les distances géographiques euclidiennes révélant un isolement par la distance, voir figure 6.

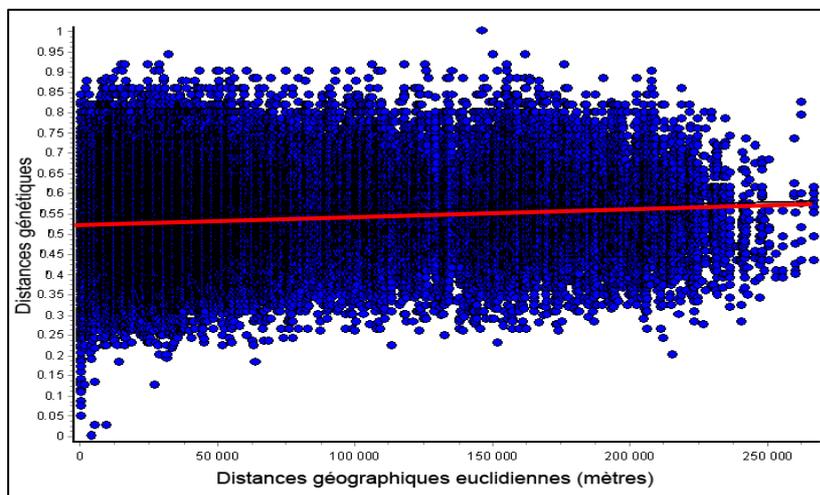


Figure 6 : Test de Mantel réalisé avec le logiciel ALLELE IN SPACE (Miller, 2005). Régression linéaire entre distances génétiques par paire d'individus et distances géographiques euclidiennes ($r^2= 0.0091$; $p=0.0009$)

L'isolement par la distance est connu chez de nombreux galliformes (Bech *et al.*, 2009; Caizergues *et al.*, 2003; Caizergues *et al.*, 2001). Cette structuration génétique spatiale, dite de 'voisinage', caractérisée par des flux géniques de proximité, est souvent expliquée par le comportement des oiseaux qui limitent leurs mouvements aux localités proches. Les distances de dispersion enregistrées par la télémétrie et évaluées à l'aide de l'outil génétique semblent confirmer ce résultat. En effet, dans l'état actuel des connaissances, les distances de dispersion post-natale des jeunes perdrix grises, déterminées par le radiopistage ou la génétique, ne dépasseraient pas 11 kilomètres.

V/ Etat de conservation de la diversité génétique des perdrix grises de l'élevage d'Estერი d'Aneu :

Pour réaliser le suivi de la diversité génétique des perdrix grises de l'élevage d'Estერი d'Aneu au cours du temps, nous avons scindé l'échantillonnage en deux ensembles. Ces ensembles ont été réalisés à partir de l'année de naissance de chaque individu. Ainsi, le premier ensemble englobe les perdrix nées entre 2003 et 2005 et le deuxième les perdrix nées entre 2007 et 2009.

La diversité génétique a été appréhendée à l'aide de deux indices de diversité génétique que sont : la richesse allélique (AR) et l'hétérozygotie (He).

Les premiers résultats indiquent qu'il y a une perte de diversité génétique significative entre les perdrix nées entre 2003 et 2005 et les perdrix nées entre 2007 et 2009. Cette appauvrissement génétique pourrait s'expliquer par un régime consanguin résultant de l'arrêt des 'retempages' (apport d'individus sauvages) au sein de l'élevage. Comparativement aux diversités génétiques moyennes calculées sur plusieurs centres d'élevages français (ayant servis à repeupler les populations de perdrix grises situées dans les Pyrénées et le Bassin Parisien) ainsi que sur des populations sauvages des Pyrénées, l'élevage d'Estერი d'Aneu présente aujourd'hui des diversités génétiques inférieures alors qu'entre 2003 et 2005 ces diversités génétique faisait partie des plus élevées, voir figure 7. Il est à noter cependant que le regroupement, au sein de l'échantillonnage initial, de perdrix issues de différents élevages a pu augmenter artificiellement la richesse allélique des populations d'élevages. Il en est de même pour les populations sauvages.

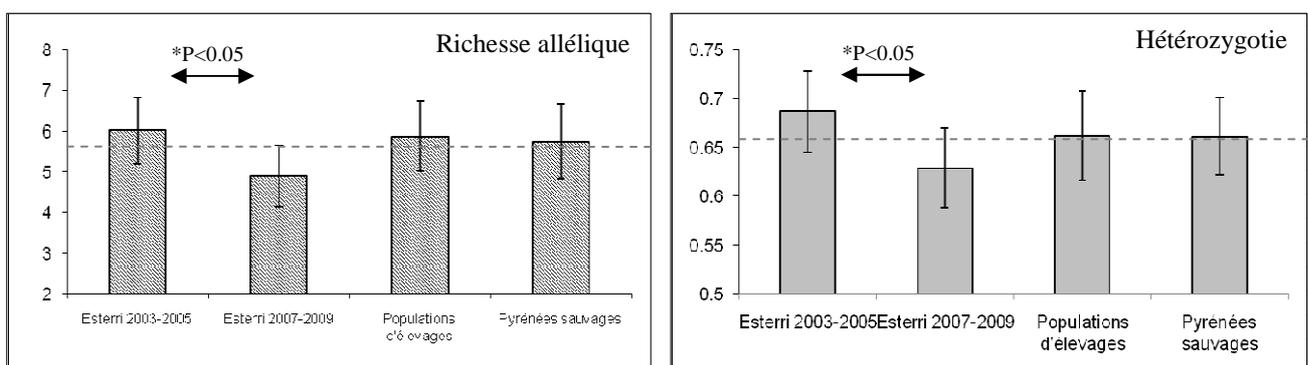


Figure 7 : indices de diversité génétique pour les populations d'Estერი 2003-2005, d'Estერი 2007-2009, de différents élevages et des perdrix pyrénéennes sauvages. Les lignes en pointillée gris représentent les moyennes de richesse allélique et d'hétérozygotie. La significativité du test entre Estერი 2003-2005 et Estერი 2007-2009 a été estimée à l'aide d'un test de Wilcoxon implémenté dans le logiciel SPSS.

Cet appauvrissement génétique entre 2003-2005 et 2007-2009 s'est accompagné d'une différenciation génétique significative. Cette différenciation a été estimée à environ 2% et serait due à une dérive génétique intrinsèque à l'élevage.

➔ *Conclusion :*

Situé au cœur des Pyrénées et fondé à partir de perdrix sauvages des Pyrénées le centre d'élevage d'Estერი d'Aneu représente un intérêt tout particulier pour les opérations de renforcement des populations de perdrix grises dans les Pyrénées. Cependant, sa position marginale sur le plan factoriel couplé à un appauvrissement génétique au cours des dernières années soulèvent des inquiétudes pour de futurs lâchers. En effet, même si les perdrix d'élevages actuelles sont les descendantes de perdrix sauvages pyrénéennes, il n'en est pas moins qu'elles sont devenues au cours du temps différentes génétiquement des perdrix sauvages actuelles. Ainsi, la poursuite des lâchers à partir de ce 'stock' d'élevage pourrait se traduire par une hybridation entre perdrix d'élevage lâchées et perdrix sauvages pouvant conduire à une perte des adaptations locales et à un risque d'appauvrissement des populations de perdrix sauvages.

Des préconisations peuvent être envisagées. La première préconisation consisterait à recréer un nouveau stock reproducteur à partir des quelques individus sauvages qui sont actuellement conservés au centre séparément des oiseaux d'élevage. Ce stock devrait être, autant que possible, retrempé régulièrement avec des individus sauvages afin d'éviter, comme précédemment, une divergence génétique intrinsèque à l'élevage.

Une autre préconisation pourrait être de reconstituer un stock reproducteur à partir des individus d'élevages les plus proches génétiquement des perdrix sauvages. Là aussi des « retrempages » réguliers à partir d'individus sauvages seraient déterminants pour le maintien de la diversité génétique de l'élevage.

Dans tous les cas, étant donné que toutes les populations naturelles de perdrix grises des Pyrénées comportent un certain niveau d'introgession, il ne sera pas possible de faire disparaître entièrement cette introgession de gène de perdrix d'élevages dans les populations sauvages comme celles d'élevages, un fond d'introgession génétique relictuel étant attendu. Néanmoins, nous pouvons nous attendre à un amortissement de ces taux d'introgession génétique au fil des générations si les perdrix d'élevages lâchées se rapprochent génétiquement d'un profil 'pyrénéen'.

Bibliographie

- Barilani M, Bernard-Laurent A, Mucci N, *et al.* (2007) Hybridisation with introduced chukars (*Alectoris chukar*) threatens the gene pool integrity of native rock (*A. graeca*) and red-legged (*A. rufa*) partridge populations. *Biological Conservation* **137**, 57-69.
- Barton NH (2001) The role of hybridization in evolution. *Molecular Ecology* **10**, 551-568.
- Bech N, Boissier J, Drovetski S, Novoa C (2009) Population genetic structure of rock ptarmigan in the 'sky islands' of French Pyrenees: implications for conservation. *animal conservation* **12**, 138-146.
- Bech N, Novoa C, Allienne JF, Boissier J (2010) Transferability of microsatellite markers among economically and ecologically important galliform birds. *Genetics and Molecular Research* **9**, 1121-1129.
- Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F (1996) GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. *Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier (France)*.
- Birkan M (1971) Réussite des lâchers de perdrix grise (*Perdix perdix*) et de perdrix rouge (*Alectoris rufa*) d'élevage. *Bulletin du Conseil Supérieur de la Chasse* **15** 44-56.
- Blanc P, Ledème P, blanc C-P (1986) variation géographique de la diversité génétique chez la perdrix grise (*Perdix perdix*). *Gibier Faune Sauvage* **3**, 5-41.
- Caizergues A, Bernard-Laurent A, Brenot JF, Ellison L, Rasplus JY (2003) Population genetic structure of rock ptarmigan *Lagopus mutus* in Northern and Western Europe. *Molecular Ecology* **12**, 2267-2274.
- Caizergues A, Dubois S, Mondor G, *et al.* (2001) Genetic structure of Black Grouse (*Tetrao tetrix*) populations of the French Alps. *Genetic Selection Evolution* **33 (Suppl. 1)**, S177-S191.
- Effenberger S, Suchentrunk F (1999) Population genetics of grey partridge (*Perdix perdix*) in Austria-preliminary results. *Hungarian small game bulletin* **5**, 179-181.
- Frankham R, Ballou J, Briscoe D (2002) Introduction to Conservation Genetics. *Cambridge: Cambridge University Press*.
- Gomez-Moliner BJ (2007) caracterizacion de las poblaciones de perdiz pardilla dal pirineo catalan mediante el analisis de ADN mitochondrial. *rapport de stage*.
- Guitart SS, Cassaing J (2000) Suivis de perdrix grises (*Perdix perdix*) d'élevage utilisées pour le renforcement de populations de montagne de *P.p. hispaniensis*. *vie et milieu* **50**, 39-43.
- Liukkonen-Anttila T, Uimaniemi L, Orell M, Lumme J (2002) Mitochondrial DNA variation and the phylogeography of the grey partridge (*Perdix perdix*) in Europe: from Pleistocene history to present day populations. *Journal of Evolutionary Biology* **15**, 971-982.
- Martin JF, Novoa C, Blanc-Manel S, Taberlet P (2003) Les populations de perdrix grise des Pyrénées (*Perdix perdix hispaniensis*) ont-elles subi une introgression génétique à partir d'individus d'élevage? Analyse du polymorphisme de l'ADN mitochondrial. *Les Actes du Bureau des Ressources Génétiques* **4**, 115-126.
- Mautner S (2001) Genetic variability, inbreeding risk and fertility in the grey partridge (*Perdix Perdix*). *PhD thesis Vienna university*.
- Miller MP (2005) Alleles In Space (AIS): Computer Software for the Joint Analysis of Interindividual Spatial and Genetic information. *Journal of Heredity* **96**, 722-724.
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* **155**, 945-959.
- Uimaniemi L, Lumme J, Putaala A, Hissa R (1999) Conservation status of the finnish grey partridge (*Perdix perdix lucida*). *Hungarian small game bulletin* **5**, 165-170.

Les partenaires / Los socios:



www.gallipyr.eu

