



Note sur le statut taxinomique de la Coronelle lisse *Coronella austriaca* Laurenti, 1768 (Reptilia: Serpentes: Colubridae) en Alsace

Jean-Pierre VACHER

Association BUFO
Musée d'Histoire naturelle et d'Ethnographie de Colmar
11 rue de Turenne, 68000 Colmar
jpvacher@gmail.com

Résumé – La Coronelle lisse est un serpent de l'Ouest-Paléarctique à très vaste répartition. Une récente étude biogéographique a montré que plusieurs lignées évolutives bien différenciées existent au sein de ce taxon nominal, qui devra certainement être séparé en plusieurs espèces à l'avenir. Des échantillons prélevés sur des spécimens provenant d'Alsace ont été inclus dans l'analyse, et se nichent au sein d'un clade qui comprend des spécimens proches de la localité type.

Mots-clés – phylogéographie, diversité cryptique, systématique, Colubridae, ARNr 16S, ADNmt Cyt-b, ADNmt COI.

Abstract – Note on the taxonomic status of the smooth snake *Coronella austriaca* Laurenti, 1768 (Reptilia: Serpentes: Colubridae) in Alsace (eastern France)

The smooth snake is widely distributed in the Western Palearctic with a rather low phenotypic variability across its range. Only two subspecies have been described so far, *Coronella austriaca fitzingeri* Bonaparte, 1840 in Southern Italy and Sicily, and *C. a. acutirostris* Malkmus, 1995 in north-eastern Iberian Peninsula. Recent biogeographic studies revealed an unsuspected genetic diversity, confirming the subspecific status of the above-mentioned populations, and also showing that several evolutionary lineages might in fact correspond to separate species, especially in the eastern part of the range. Samples from Alsace have been included in the phylogenetic analyses, and are all nested within a clade (Western 1) that is less than 3% genetically distant from the clade that contains specimens from the type locality (Central European). This indicates that in case of future taxonomic review, the smooth snakes from Alsace will probably remain within *Coronella austriaca* Laurenti, 1768 but might be assigned to a different subspecies.

Keywords – phylogeography, cryptic diversity, systematics, Colubridae, 16S rRNA, cyt-b mtDNA, COI mtDNA.

La Coronelle lisse *Coronella austriaca* Laurenti, 1768 occupe une très vaste aire de répartition dans l'Ouest-Paléarctique occidental (Engelmann 1993, Strijbosch 1997), mais seulement deux sous-espèces ont été décrites en plus de la sous-espèce nominale. Il s'agit de *C. austriaca fitzingeri* Bonaparte, 1840 présente seulement dans le sud de l'Italie et la Sicile et dont la validité taxinomique a été discutée et remise en question (Kramer *et al.* 1982, Engelmann 1993, Malkmus 1995), et *C. austriaca acutirostris* Malkmus, 1995 présente au nord-ouest de la péninsule Ibérique.

Une première étude de phylogéographie basée sur l'analyse d'un fragment de l'ADN mitochondrial (*cytochrome b*) de la Coronelle lisse a été publiée (Santos *et al.* 2008), et se concentre sur les populations de la péninsule Ibérique. Ces auteurs ont cependant intégré quelques échantillons du reste de l'aire, notamment à travers deux spécimens du centre de la France (Creuse) et un autre provenant du massif du Canigou (Pyrénées-Orientales). Leurs résultats montrent une large structuration génétique au sein de la péninsule Ibérique, avec trois clades bien séparés, dont l'un incluant l'exemplaire des Pyrénées-Orientales. Ils confirment aussi le statut subsppécifique attribué aux populations du nord-ouest (*C. austriaca acutirostris*). L'arbre phylogénétique produit suggère également que la population d'Italie du sud attribuée à *C. austriaca fitzingeri* pourrait former une lignée évolutive bien distincte. Cependant, la couverture

spatiale de l'échantillonnage utilisée dans cette étude n'est pas exhaustive et ne permet pas de conclure sur la variabilité intraspécifique au sein de l'ensemble de l'aire de répartition.

Plus récemment, Galarza *et al.* (2015) ont publié une autre étude de phylogéographie de l'espèce, avec un focus sur la population la plus nordique de l'île d'Åland. Ce travail, également basé sur des fragments de l'ADN mitochondrial (*cytochrome b*, *COI* et *16S*), englobe un échantillon plus large, avec notamment l'inclusion de cinq séquences de Coronelles lisses originaires d'Alsace (Figure 1), dont les prélèvements génétiques ont été fournis par l'association BUFO. Les résultats de cette nouvelle étude font apparaître une structuration génétique au sein de l'ensemble de l'aire de répartition, avec trois principaux clades, un à l'ouest, auquel appartiennent les échantillons alsaciens, un au centre et au nord, et un à l'est de l'Europe. Cependant, l'absence de résolution dans certaines parties de l'arbre présenté par les auteurs (Galarza *et al.* 2015 : fig. 1) ne permet pas d'établir des hypothèses robustes sur la structuration de la variabilité intraspécifique.

Jablonski *et al.* (2019) présentent une nouvelle étude phylogéographique basée sur le gène *cytochrome b* de l'ADN mitochondrial intégrant une taille d'échantillon encore plus importante et englobant la quasi-totalité de l'aire de répartition de l'espèce. Deux des spécimens alsaciens utilisés en 2015 ont été intégrés dans cette nouvelle étude qui identifie au total 14 lignées



Figure 1 – Mâle adulte de Coronelle lisse *Coronella austriaca* Laurenti, 1768 photographié au Bollenberg (Rouffach, Haut-Rhin) le 28 août 2010. © Jean-Pierre Vacher.

mitochondriales bien distinctes. La délimitation des clades du sud de l'Italie et du nord-ouest de la péninsule Ibérique semble congruente avec la définition des deux sous-espèces préalablement décrites dans ces régions. Les auteurs ont par ailleurs identifié de la structuration au sein de la population attribuée à *C. austriaca acutirostris*. De plus, ils ont mesuré entre certaines lignées des distances génétiques supérieures à celles séparant *Coronella girondica* (Daudin, 1803) et *C. austriaca*, ce qui suggère que certaines de ces lignées pourraient correspondre à des espèces distinctes. Cependant, malgré le large échantillonnage, plusieurs relations phylogénétiques entre les clades restent peu soutenues, ne permettant pas actuellement de dresser des conclusions sur la systématique de l'espèce.

Des études complémentaires de taxinomie intégrative incluant des marqueurs moléculaires complémentaires (ADN nucléaire) ainsi que d'autres caractères (morphologie, biologie) seraient nécessaires pour réviser entièrement la systématique de cette espèce. Malgré ces incertitudes, les Coronelles alsaciennes sont nichées dans un clade appelé *Western 1* (Jablonski *et al.* 2019 : fig. 2) qui inclut également des populations allemandes, suisses, de l'ouest de l'Autriche, du centre de la France, du nord de l'Italie et du sud de l'Angleterre. La localité type de l'espèce (Vienne, Autriche) se trouve dans un autre clade (*Central European*) qui est distant génétiquement de moins de 3% du clade *Western 1* (Jablonski *et al.* 2019 : fig. 2 & tab. 1). Cette valeur de 3% semble être le seuil supérieur de la variabilité génétique intraspécifique admis pour d'autres espèces de

serpents (Ursenbacher *et al.* 2008, Kindler *et al.* 2013). Ainsi, si une révision taxinomique était publiée dans les prochaines années, les coronelles d'Alsace resteraient probablement attribuées à *Coronella austriaca* Laurenti, 1768, mais peut-être rangées dans une nouvelle sous-espèce.

BIBLIOGRAPHIE

- Engelmann W.E. 1993. *Coronella austriaca* (Laurenti, 1768) – Schlingnatter, Glatt- oder Haselnatter. In: Böhme W. (Hrsg.) *Handbuch der Reptilien und Amphibien Europas. Band 3/I, Schlangen*, pp. 200-245. Aula Verlag, Wiesbaden, 479 pp.
- Galarza J.A., Mappes J. & Valkonen J.K. 2015. Biogeography of the smooth snake (*Coronella austriaca*): origin and conservation of the northernmost population. *Biological Journal of the Linnean Society*, 114 (2) : 426-435. doi:10.1111/bj.12424.
- Jablonski D., Nagy Z.T., Avci A., Olgun K., Kukushkin O.V., Safaei-Mahroo B. & Jandzik D. 2019. Cryptic diversity in the smooth snake (*Coronella austriaca*). *Amphibia-Reptilia*, 40 (2) : 179-192. doi:10.1163/15685381-20181025.
- Kindler C., Böhme W., Corti C., Gvoždík V., Jablonski D., Jandzik D., Metallinou M., Široký P. & Fritz U. 2013. Mitochondrial phylogeography, contact zones and taxonomy of grass snakes (*Natrix natrix*, *N. megaloccephala*). *Zoologica Scripta*, 42 : 458-472. doi:10.1111/zsc.12018.
- Kramer E., Linder A. & Mermillod B. 1982. Systematische Fragen zur europäischen Schlangenfauna. *Vertebrata Hungarica*, 21 : 195-201.
- Malkmus R. 1995. *Coronella austriaca acutirostris* subsp. nov. aus dem Nordwestern der Iberischen Halbinsel (Reptilia: Serpentes):

- Colubridae). *Zoologische Abhandlungen aus dem Staatlichen Museum für Tierkunde Dresden*, 48 (3) : 265-278.
- Mertens R. & Wermuth H. 1960.** *Die Amphibien und Reptilien Europas (Dritte Liste, nach dem Stand vom 1. Januar 1960)*. Frankfurt am Main: Verlag Waldemar Kramer, XI + 264 p.
- Santos X., Roca J., Pleguezuelos J.M., Donaïre D. & Carranza S. 2008.** Biogeography and evolution of the Smooth snake *Coronella austriaca* (Serpentes: Colubridae) in the Iberian Peninsula: evidence for Messinian refuges and Pleistocenic range expansions. *Amphibia-Reptilia*, 29 (1) : 35-47. doi:[10.1163/156853808783431541](https://doi.org/10.1163/156853808783431541).
- Strijbosch H. 1997.** *Coronella austriaca* Laurenti, 1768. In: Gasc J.-P., Cabela A., Crnobrnja-Isailović J., Dolmen D., Grossenbacher K., Haffner P., Lescure J., Martens H., Martinez Rica J.P., Maurin H., Oliveira M. E., Sofianidou T.S., Veith M. & Zuiderwijk A. (Eds.) *Atlas of Amphibians and Reptiles in Europe*, pp. 344-345. Societas Europaea Herpetologica & Muséum national d'Histoire naturelle (IEGB/SPN), Paris, 494 pp.
- Ursenbacher S., Schweiger S., Tomović L., Crnobrnja- Isailović J., Fumagalli L. & Mayer W. 2008.** Molecular phylogeography of the nose-horned viper (*Vipera ammodytes* (Linnaeus, 1758)): evidence for high genetic diversity and multiple refugia in the Balkan Peninsula. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 46 : 1116-1128. doi:[10.1016/j.ympev.2007.11.002](https://doi.org/10.1016/j.ympev.2007.11.002).

Soumis le 23 septembre 2019

Publié le 7 octobre 2019