

Apport de la génétique pour la conservation
du Chat forestier d'Europe *Felis silvestris
silvestris* Schreber, 1777 dans le Nord de la France

Baptiste BOUTILLEUX,
Anaïs BEAUMARIAGE & Johan MICHAUX



DIRECTEUR DE LA PUBLICATION / *PUBLICATION DIRECTOR*: Gilles Bloch,
Président du Muséum national d'Histoire naturelle

RÉDACTEUR EN CHEF / *EDITOR-IN-CHIEF*: Jean-Philippe Siblet

ÉDITRICE TECHNIQUE (SUIVI ÉDITORIAL) / *DESK EDITOR (EDITORIAL PROCESS)*: Sarah Figuet (naturae@mnhn.fr)

ÉDITRICES TECHNIQUE (PRODUCTION) / *DESK EDITORS (PRODUCTION)*: Sarah Figuet; Emmanuelle Kozaczka; Audrina Neveu

COMITÉ SCIENTIFIQUE / *SCIENTIFIC BOARD*:

Luc Barbier (Parc naturel régional des caps et marais d'Opale, Colémbert)
Aurélien Besnard (CEFE, Montpellier)
Hervé Brustel (École d'ingénieurs de Purpan, Toulouse)
Damien Combrisson (Parc national des Écrins, Gap)
Thierry Dutoit (UMR CNRS IMBE, Avignon)
Éric Feunteun (MNHN, Dinard)
Romain Garrouste (MNHN, Paris)
Grégoire Gautier (DRAAF Occitanie, Toulouse)
Frédéric Gosselin (Irstea, Nogent-sur-Vernisson)
Patrick Haffner (PatriNat, Paris)
Frédéric Hendoux (MNHN, Paris)
Xavier Houard (MNHN, Paris)
Isabelle Le Viol (MNHN, Concarneau)
Francis Meunier (Conservatoire d'espaces naturels – Hauts-de-France, Amiens)
Serge Muller (MNHN, Paris)
Francis Olivereau (DREAL Centre, Orléans)
Laurent Poncet (PatriNat, Paris)
Nicolas Poulet (OFB, Vincennes)
Jean-Philippe Siblet (PatriNat, Paris)
Julien Touroult (PatriNat, Paris)

COUVERTURE / *COVER*:

Chat forestier d'Europe *Felis silvestris silvestris* Schreber 1777 en Forêt Domaniale de Mormal (59). Crédit photo: Éric Penet.

Naturae est une revue en flux continu publiée par les Publications scientifiques du Muséum, Paris
Naturae is a fast track journal published by the Museum Science Press, Paris

Les Publications scientifiques du Muséum publient aussi / *The Museum Science Press also publish*:
Adansonia, Zoosystema, Anthrozoologica, European Journal of Taxonomy, Geodiversitas, Cryptogamie sous-sections *Algologie, Bryologie, Mycologie, Comptes Rendus Palevol*.

Diffusion – Publications scientifiques Muséum national d'Histoire naturelle
CP 41 – 57 rue Cuvier F-75231 Paris cedex 05 (France)
Tél.: 33 (0)1 40 79 48 05 / Fax: 33 (0)1 40 79 38 40
diff.pub@mnhn.fr / <https://sciencepress.mnhn.fr>

Les articles publiés dans *Naturae* sont distribués sous [licence CC-BY 4.0](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/) / *Articles published in Naturae are distributed under a CC-BY 4.0 license*.
ISSN (électronique / electronic) : 2553-8756

Apport de la génétique pour la conservation du Chat forestier d'Europe *Felis silvestris silvestris* Schreber, 1777 dans le Nord de la France

Baptiste BOUTILLEUX

Groupe ornithologique et naturaliste (agrément régional Hauts-de-France),
5 rue Jules de Vicq, F-59800 Lille (France)
baptiste.boutilleux@gon.fr (auteur correspondant)

**Anaïs BEAUMARIAGE
Johan MICHAUX**

Université de Liège, laboratoire de Génétique de la Conservation,
Institut de Botanique (Bâtiment B22), quartier Vallée 1,
chemin de la Vallée 4, B-4000 Liège (Belgique)
anais.beaumariage@gmail.com
johan.michaux@uliege.be

Soumis le 18 avril 2025 | Accepté le 25 septembre 2025 | Publié le 17 avril 2026

Boutilleux B., Beaumariage A. & Michaux J. 2026. — Apport de la génétique pour la conservation du Chat forestier d'Europe *Felis silvestris silvestris* Schreber, 1777 dans le Nord de la France. *Naturae* 2026 (5): 107-122. <https://doi.org/10.5852/naturae2026a5>

RÉSUMÉ

Face aux multiples menaces pesant sur le Chat forestier d'Europe (*Felis silvestris silvestris* Schreber, 1777), notamment l'hybridation avec le chat domestique, la fragmentation de l'habitat, le braconnage et les collisions routières, ainsi qu'à ses faibles capacités de développement dans la zone étudiée par manque de milieux favorables, il est essentiel d'actualiser les connaissances génétiques sur ses populations du département du Nord (59) afin de mettre en place des stratégies de conservation adaptées. Pour cela, un échantillonnage génétique non invasif a été réalisé en 2022-2023 à l'aide de leurres olfactifs à base de Valériane officinale (*Valeriana officinalis* L.), associés à des pièges à poils et au piégeage photographique, au sein des forêts domaniales de Mormal et de l'Abbé-Val-Joly. D'après nos connaissances, ces forêts accueillent le plus de Chats forestiers d'Europe du département. Malgré des aprioris sur son efficacité, cette méthode a permis d'obtenir un taux de capture supérieur à d'autres études européennes. De plus, 51 échantillons de poils ont été collectés et analysés. Les résultats génétiques confirment la présence de Chats forestiers « purs » au sein des forêts étudiées, ainsi que celle d'un individu hybride de deuxième génération et de trois chats domestiques. Par ailleurs, l'analyse suggère l'existence d'un flux génétique entre les deux sites étudiés. Ces résultats soulignent l'importance de localiser et d'améliorer les corridors écologiques, dans un contexte de modification et de simplification des milieux, afin de restaurer la connectivité entre les différentes sous-populations. Une meilleure connexion entre les habitats permettrait d'assurer des niveaux suffisants d'immigration et de flux génétique au sein de la population régionale, garantissant ainsi sa viabilité à long terme.

MOTS CLÉS
Piège photographique,
piège à poils,
suivi non-invasif des
populations,
échantillonnage
génétique.

ABSTRACT

Genetic contribution to the conservation of the European Wildcat Felis silvestris silvestris Schreber, 1777 in the north of France.

Given the multiple threats facing the European wildcat (*Felis silvestris silvestris* Schreber, 1777), including hybridization with domestic cat, habitat fragmentation, poaching, and road collisions, as well as its limited development capacity in the studied region due to lack of favourable environments, it is essential to update genetic knowledge on its populations in the Nord department (59) to implement appropriate conservation strategies. To this end, a non-invasive genetic sampling was conducted in 2022-2023 using valerian-based (*Valeriana officinalis* L.) olfactory lures, combined with hair traps and camera trapping, within the national forests of Mormal and Abbé-Val-Joly. According to our knowledge, these forests are hosting the highest number of European wildcats in the department. Although its effectiveness had been questioned, this method yielded a capture rate higher than that reported in other European studies. Moreover, 51 hair samples were collected and analyzed. Genetic results confirm the presence of “pure” wildcats within the studied forests, as well as the presence of a single hybrid individual and three domestic cats. Additionally, the analysis suggests the existence of gene flow between the two forest massifs. These findings highlight the importance of identifying and improving ecological corridors, in a context of modification and simplification of environments, to restore connectivity between different subpopulations. Strengthening habitat connections would help ensure sufficient levels of immigration and genetic exchange within the regional population, thereby securing its long-term viability.

KEY WORDS

Camera trap,
hair trap,
non-invasive population
monitoring,
genetic sampling.

INTRODUCTION

Emblématique des milieux forestiers français et plus largement européens, le Chat forestier d'Europe *Felis silvestris silvestris* Schreber, 1777 (Fig. 1) a connu une forte régression en France à partir du XVIII^e siècle alors que son aire de répartition couvrait l'ensemble du territoire métropolitain (Riols 1984). Aujourd'hui, la situation est à l'amélioration et son aire de répartition a tendance à s'étendre, permettant à la France d'accueillir quelques-unes des plus belles populations européennes (Leger *et al.* 2008; Germain *et al.* 2024). Son statut de conservation a suivi la même trajectoire avec un classement récent dans la catégorie « préoccupation mineure » dans la dernière *Liste rouge nationale* (UICN France *et al.* 2017).

Cependant, les populations du Nord de la France se situent en limite septentrionale de l'aire de répartition nationale (Leger *et al.* 2008) et dans un contexte de développement limité réduit aux rares habitats disponibles (Germain *et al.* 2024). En effet, aujourd'hui, le Chat forestier ne se cantonne, dans le Nord et le Pas-de-Calais, que principalement aux massifs forestiers de l'Avesnois (Mormal et Fagne de Trélon) ainsi qu'à quelques petits bois satellites (Lys & Taquet 2000) (d'après la base de données régionale Sirf: <https://gon.fr/sirf/>, dernière consultation le 10 avril 2025). Cette espèce a donc été ciblée, légitimement, comme espèce prioritaire par le Conseil régional du Nord-Pas-de-Calais en 2014 pour la réalisation d'un Plan régional de Restauration (PRR) (Poirson & Dutilleul 2014). Afin de répondre aux objectifs d'amélioration des connaissances de ce PRR, des études ont permis de préciser la taille de la population fréquentant la forêt domaniale de Mormal, bastion important pour la dispersion de l'espèce en dehors de l'Avesnois, la situant entre 31 et 40 individus (Beaudoin 2017, 2020).

Toutefois, pour affiner ces estimations, une étude génétique s'avère nécessaire afin d'évaluer le taux d'hybridation avec le Chat domestique *Felis catus* Linnaeus, 1758. En effet, les conséquences négatives de l'hybridation ont été largement reconnues comme l'une des principales causes du déclin de l'espèce (Hubbard *et al.* 1992; Rhymer & Simberloff 1996; O'Brien *et al.* 2009; Beugin *et al.* 2020; Gaudio *et al.* 2022) avec des niveaux qui semblent varier d'une région à une autre (Beaumont *et al.* 2001; Herwig *et al.* 2009; Macdonald *et al.* 2010; Say *et al.* 2012; Steyer *et al.* 2018; Tiesmeyer *et al.* 2020). De plus, aucun critère morphologique fiable ne peut être retenu pour identifier avec certitude un Chat forestier, notamment lorsqu'il s'agit d'individus aux phénotypes intermédiaires, correspondant probablement à des hybrides. Les analyses génétiques apparaissent donc indispensables pour identifier ces hybrides (Ruelle *et al.* 2011; Devillard *et al.* 2013). Une étude génétique permettrait également de préciser les possibles connectivités entre nos deux noyaux (forêt de Mormal et massif forestier de Trélon) afin d'orienter d'éventuelles mesures de conservation comme des corridors écologiques entre ceux-ci (Portanier *et al.* 2022). La fragmentation des habitats favorables par l'intensification de l'agriculture et l'artificialisation des milieux est en effet reconnue comme source majeure de mortalité (Hartmann *et al.* 2013; Anile *et al.* 2019; Bastianelli *et al.* 2021; Villar *et al.* 2022), ce qui favorise également l'hybridation avec le Chat domestique (Steyer *et al.* 2018; Beugin *et al.* 2020).

En parallèle, l'utilisation de piège photographique apparaît particulièrement pertinente notamment pour étudier le phénotype des chats capturés ainsi que leurs comportements. Les pièges photographiques sont des outils flexibles, largement utilisés sur le terrain, et sont devenus un instrument standard, utilisé professionnellement pour la recherche



Fig. 1. — Chat forestier d'Europe *Felis silvestris silvestris* Schreber, 1777 en forêt domaniale de Mormal. Crédit photo : Éric Penet.

scientifique dans un grand nombre d'études (Rovero & Zimmermann 2016). Malgré la difficulté d'identification du Chat forestier à partir d'images, les pièges photographiques représentent toujours un outil idéal pour collecter des données sur l'espèce (Viviani *et al.* 2024).

C'est pourquoi, le développement des analyses génétiques couplées au piégeage photographique a permis d'améliorer considérablement la connaissance de certaines populations de Chat forestier en Europe notamment pour estimer la densité des populations (Kery *et al.* 2011), étudier l'intérêt de ponts faunistique pour traverser les autoroutes (Pirr *et al.* 2011), analyser l'effet de potentielles barrières écologiques (Hartmann *et al.* 2013), étudier l'histoire phylogéographique de l'espèce (Mattucci *et al.* 2013), suivre l'introgession de gènes domestiques dans les populations sauvages (Weber *et al.* 2008; Say *et al.* 2012; Nussberger *et al.* 2014b) ou encore étudier la distribution et le chevauchement spatial entre Chats forestiers et Chats domestiques (Beutel *et al.* 2017). De plus, il a également été possible de détecter la présence de Chats forestiers dans des zones faiblement peuplées ou récemment colonisées (Steyer *et al.* 2012; Velli *et al.* 2015; Catello *et al.* 2021; Belaud *et al.* 2021; Petisco *et al.* 2024) mais aussi d'identifier une population reproductrice là où l'espèce était considérée comme éteinte (Gerngross *et al.* 2021).

Ces avancées scientifiques montrent l'importance des analyses génétiques couplées au piégeage photographique pour approfondir nos connaissances sur le Chat forestier et affiner les stratégies de conservation. Dans cette optique, notre

étude vise à déterminer les taux d'hybridation avec les chats domestiques, étudier le sexe-ratio des populations étudiées, identifier la lignée génétique des Chats forestiers vivants dans la zone étudiée, et évaluer une possible structuration des populations au sein de la forêt de Mormal et de l'Abbé-Val-Joly. Ces analyses permettront de mieux comprendre la dynamique des populations locales et d'orienter plus efficacement les actions de gestion et de conservation de l'espèce.

MATÉRIEL ET MÉTHODES

ZONE D'ÉTUDE

L'étude a été menée sur deux sites distincts formant deux noyaux de populations à l'échelle du Nord-Pas-de-Calais. Les Forêts domaniales de Mormal et de l'Abbé-Val-Joly (Fig. 2) sont tous deux situées dans l'Avesnois, dans le département du Nord (59) en région Hauts-de-France. Il s'agit des principaux massifs forestiers du département avec une surface respective de 9163 ha et 1794 ha. Au sein du Parc naturel régional de l'Avesnois, ces entités forestières, en lien avec un territoire encore riche en bocage, constituent aujourd'hui un haut lieu du patrimoine naturel régional. On y retrouve notamment la seule population de Cerf élaphe *Cervus elaphus* Linnaeus, 1758 de l'ancienne région administrative, la Martre des Pins *Martes martes* (Linnaeus, 1758) ou encore la Cigogne noire *Ciconia nigra* (Linnaeus, 1758). Ces entités forestières constituent également un des bastions régionaux du Pouillot siffleur

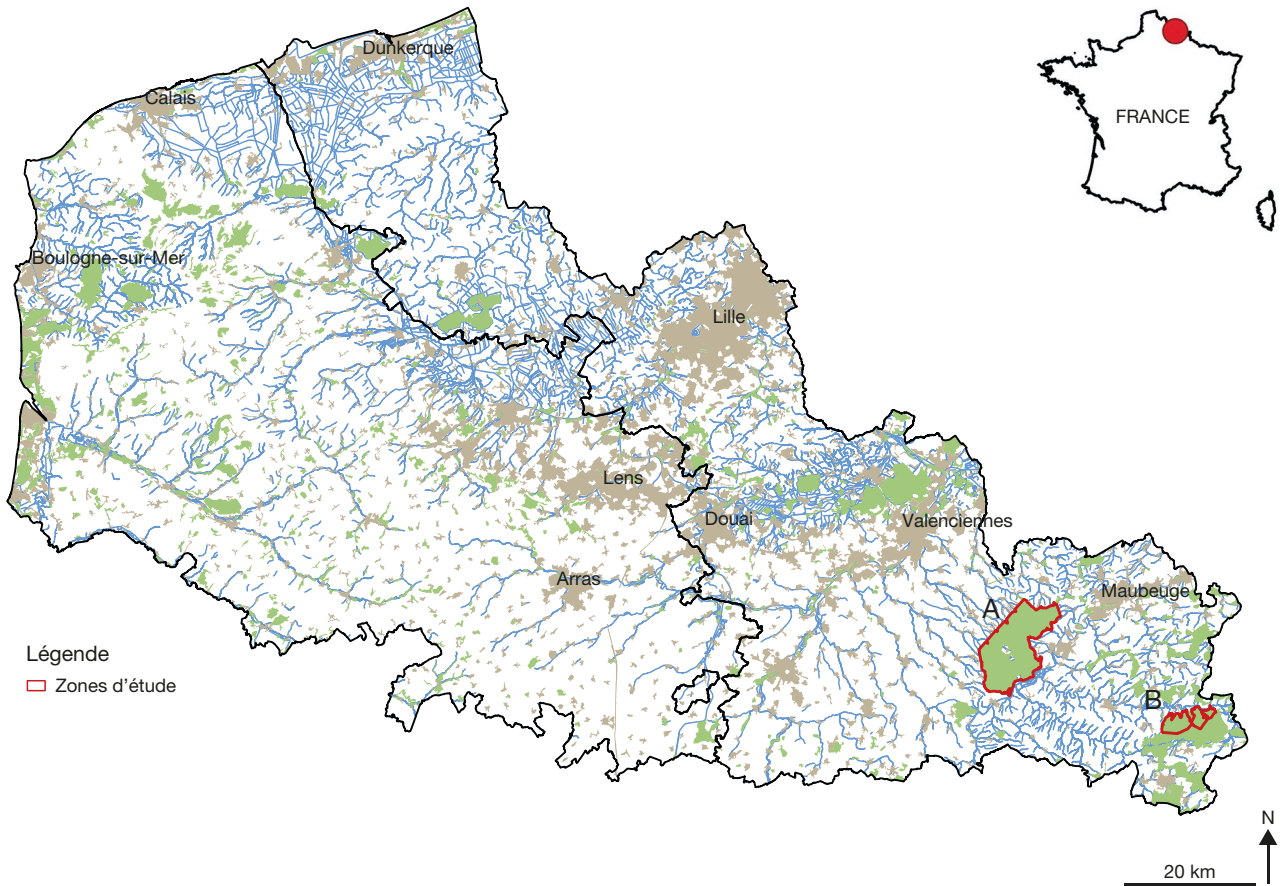


Fig. 2. — Localisation des forêts étudiées: A, forêt de Mormal; B, forêt de l'Abbé-Val-Joly. Réalisation: GON (2025). Sources de données: CORINE LAND COVER (CLC2012), SANDRE.

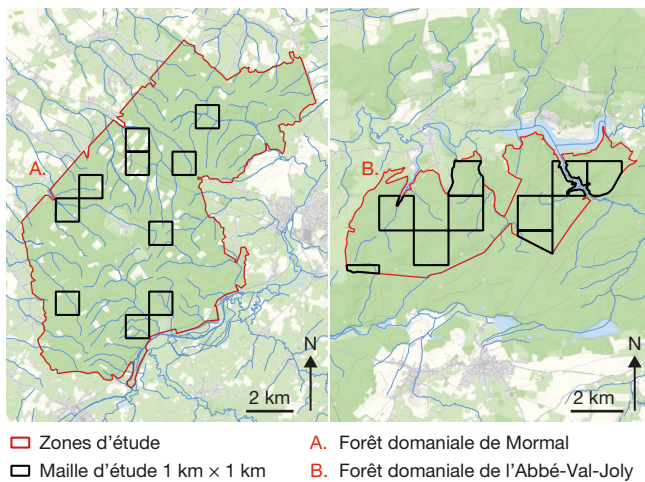


Fig. 3. — Localisation des mailles et zones d'étude. Réalisation: GON (2025). Sources de données: OSM, SANDRE.

Phylloscopus sibilatrix (Bechstein, 1793). Les forêts, constituées majoritairement de peuplements jeunes, ont subi une exploitation intensive, d'abord lors de la première guerre mondiale, entraînant une coupe quasi totale, puis à nouveau durant la

seconde guerre mondiale. Elles ont ensuite été reconstituées par des plantations et des opérations de gestion sylvicole (ONF 2014). Suite à ces séquelles, elles présentent aujourd'hui un peuplement homogène principalement constitué de futaie de Chêne pédonculé *Quercus robur* L. et de Chêne sessile *Quercus petraea* (Matt.) Liebl. Ces forêts possèdent aussi la particularité d'être traversées par un important réseau de cours d'eau constituant des habitats favorables au bon déroulement du cycle biologique de diverses espèces et permettant en outre la présence de nombreux passages à faune, ciblés pour cette étude.

MÉTHODE D'ÉCHANTILLONNAGE

Pour répondre aux défis liés à l'étendue des zones d'étude ainsi qu'aux contraintes matérielles et logistiques qui ne permettaient pas d'assurer un suivi exhaustif du Chat forestier sur l'ensemble des deux stations étudiées, les boisements ont été divisés en mailles de un kilomètre de côté. Un échantillonnage aléatoire simple a permis de sélectionner 10 mailles pour chacune des forêts étudiées (Fig. 3). Un piège photographique associé à un piège à poils a été déployé pour chaque maille et placé en son centroïde, conformément au protocole de la méthode classique (Steyer *et al.* 2012) et en accord avec l'Office national des Forêts. Pour les mailles « partielles », situées en bord de la zone d'étude de la forêt domaniale de l'Abbé-Val-Joly,

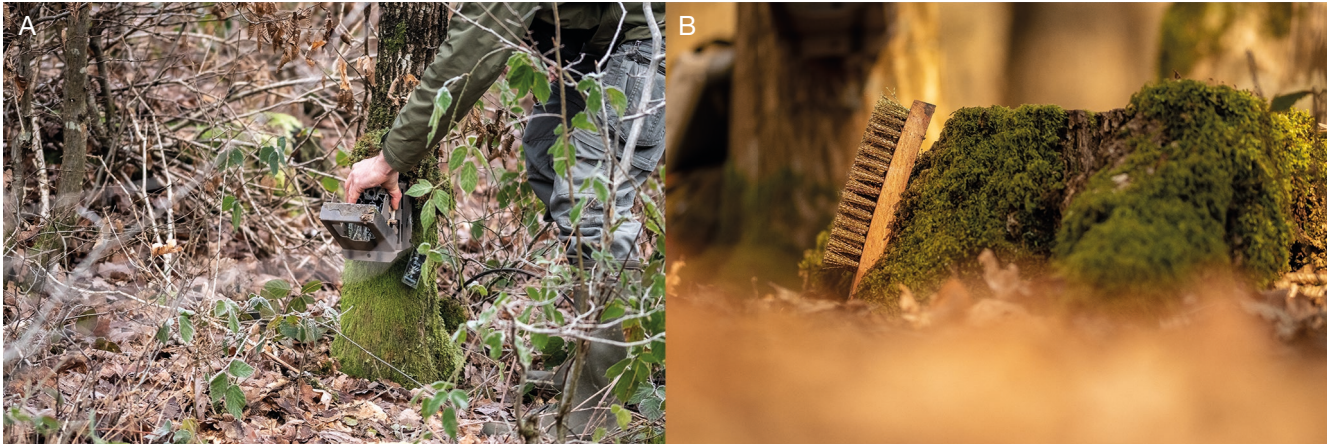


Fig. 4. — Relevé d'un piège photographique (A) et piège à poils fixé sur une souche (B). Crédits photos : Théo Treels.

le dispositif de pièges a été placé au centre de ces dernières en restant au sein du périmètre strict de la forêt domaniale. De plus, un affluent du lac du Val-Joly (le Voyon) sépare une maille en deux entités distinctes. En effet, nous considérons que cet affluent constitue une barrière naturelle pour le Chat forestier, permettant par conséquent de caractériser deux mailles distinctes. Durant la phase de récolte, les pièges photographiques et les pièges à poils étaient relevés tous les 15 jours. Lorsqu'un piège photographique s'avérait négatif (absence de chat) pendant une période d'un mois consécutif (= deux relevés), il était systématiquement déplacé sur une maille de réserve sélectionnée également aléatoirement. Cet évènement s'est produit à trois reprises, uniquement sur la forêt domaniale de Mormal.

Dix pièges photographiques ont été utilisés pour couvrir dix mailles en simultanément. Les modèles utilisés étaient des Cuddeback® C1 (5) et des Browning® Advantage (5 ; Fig. 4A), les deux modèles étant complémentaires. Chaque duo piège photographique / piège à poils était disposé à l'endroit le plus susceptible de rencontrer un chat : tronc ou branche couché au sol ou surplombant un ruisseau.

Conformément à l'amélioration de la méthode par Belaud *et al.* (2021), le piquet en bois traditionnellement utilisé a été remplacé par une brosse métallique à manche en bois et à fil d'acier dur. Cette dernière est préalablement enduite d'un macérât huileux à base de Valériane officinale *Valeriana officinalis* L., puis vissée à très faible hauteur sur un support naturel (Fig. 4B). La Valériane officinale est un attractif puissant sur les Chats forestiers (Monterroso *et al.* 2011), grâce au rejet d'allomones dont les profils chimiques seraient proches des hormones émises par les femelles (Hill *et al.* 1976). Ces substances sémi-chimiques suscitent également des comportements de frottement, notamment en période de rut (Hupe & Simon 2007). D'après nos observations ainsi que celles de Belaud *et al.* (2021), le Chat forestier se frotte plus volontiers à faible hauteur et la texture de la brosse semble avoir un effet attracteur et collecteur plus important qu'un piquet en bois. Des morceaux de racine de Valériane officinale sont ensuite disposés au pied de la brosse afin d'augmenter le pouvoir attractif de l'appât.

À chaque passage, toutes les photos et vidéos obtenues sont téléchargées et inspectées directement sur le terrain afin de vérifier l'absence ou la présence de chat. Les échantillons de poils, lorsqu'ils sont présents, sont collectés de manière standardisée à l'aide d'une pince puis mis dans un tube d'échantillonnage avec de l'éthanol à 95 % (un tube = un piège à poils positif dans les 15 jours précédant la collecte) afin d'être envoyé au laboratoire de génétique de la conservation. La brosse est ensuite stérilisée à l'aide d'un chalumeau en vue d'un prochain passage de chat et l'appât odorant est renouvelé.

ANALYSES DES PHOTOS/VIDÉOS

Un évènement de captures d'images a été défini comme correspondant à l'ensemble des photos/vidéos récoltées durant le passage d'un individu ou d'un groupe d'individus dans un intervalle de temps inférieur ou égal à 30 minutes. Pour chaque évènement de capture, l'espèce a été identifiée et le comportement face au leurre a été analysé (indifférence, défiance, curiosité, frottage).

En complément, pour chaque évènement de capture de chat, une analyse phénotypique a été réalisée. Elle repose sur un système de notation du pelage défini par Kitchener *et al.* (2005) et divisé en deux scores : le *Seven Pelage Score* (7PS) complété par le *Eight additional Pelage Characters* (8PC). En fonction des scores de pelage, les chats sont classés comme « Chat forestier », « Chat hybride », « Chat domestique » ou « Chat indéterminé » lorsqu'il n'y a pas assez de critères visibles. Le comportement et les proportions du corps sont également pris en compte afin d'émettre une hypothèse sur le sexe de l'individu.

ANALYSES GÉNÉTIQUES

L'ADN des échantillons de poils a été extrait à l'aide du QIAamp® DNA Mini Kit (Qiagen), selon les recommandations du fabricant. Deux panels distincts de 96 SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism* – types de marqueurs utilisés) ont été utilisés pour les analyses moléculaires. Un panel de SNPs désigne un ensemble de polymorphismes nucléotidiques utilisés comme marqueurs génétiques pour détecter des différences génétiques entre individus ou populations. Le premier panel,

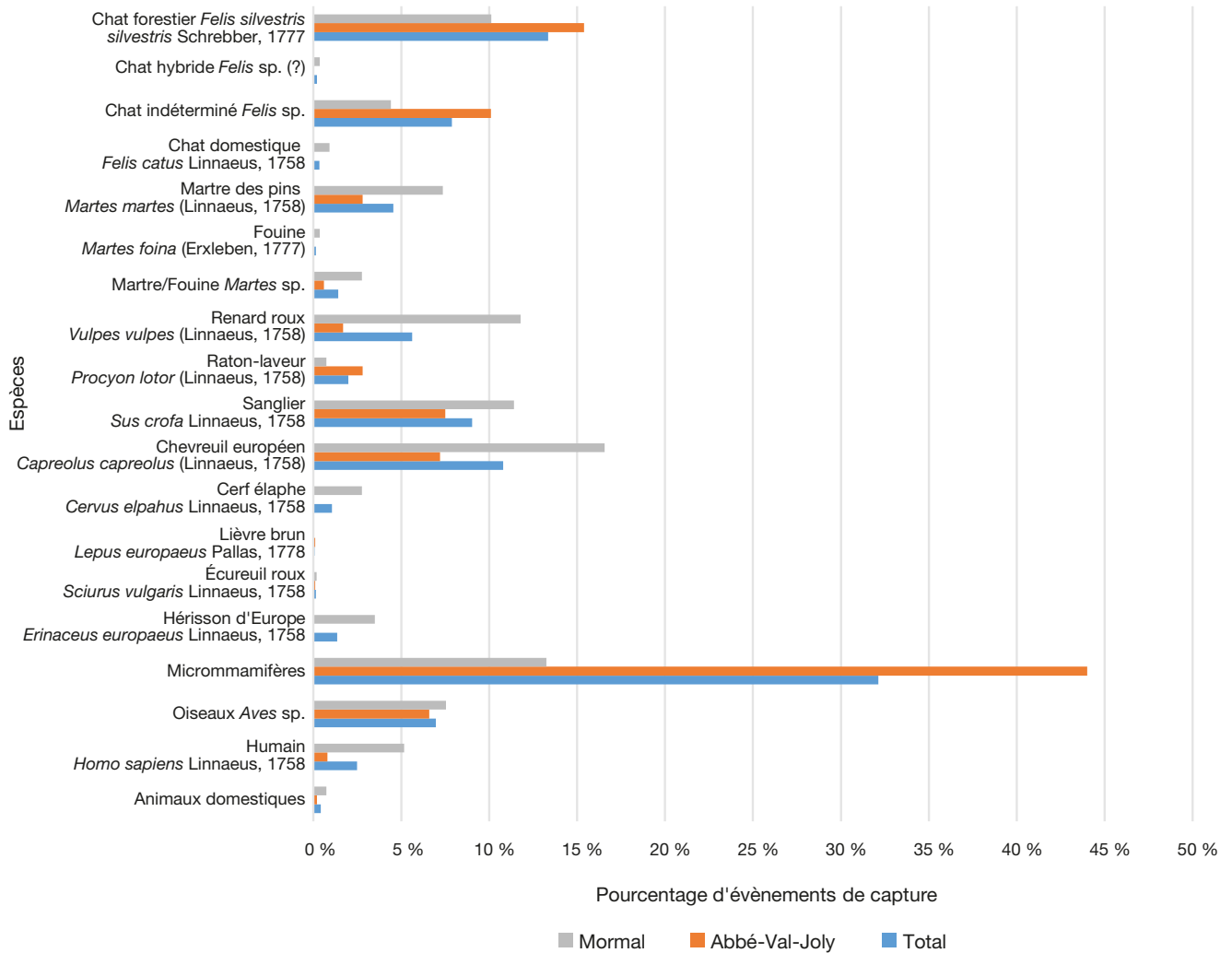


FIG. 5. — Pourcentage du nombre total d'événements de capture des différentes espèces identifiées (N = 1407).

développé par Nussberger *et al.* (2014a), est optimisé pour détecter les hybrides entre chats domestiques et chats forestiers, en estimant précisément les niveaux d'introgession. Le second panel, conçu par Von Thaden *et al.* (2020), se base sur une sélection de SNPs plus informatifs pour explorer la structure de population et la diversité des lignées génétiques chez le Chat forestier. Ce dernier panel permet de distinguer des groupes génétiques régionaux avec une meilleure résolution.

Les échantillons présentant plus de 30 % de données manquantes ont été exclus des analyses pour assurer la qualité des données. Deux marqueurs SNP ont été utilisés pour le sexage des individus. Afin de détecter d'éventuelles recaptures, le script ConGenR (Lonsinger & Waits 2015) sous RStudio (Version 3.4.0) a été appliqué, considérant comme identiques les échantillons présentant un maximum de six différences sur les 96 loci. L'assignation des individus à une catégorie génétique a été effectuée sur base des résultats du premier panel (Nussberger *et al.* 2014a), avec le logiciel NewHybrids V1.1 (Anderson & Thompson 2002), avec un seuil de probabilité $\geq 0,90$ pour valider l'affectation à une classe. Six catégories génétiques ont été considérées : Chat forestier pur,

Chat domestique pur, hybride de première génération (F1, issu d'un croisement direct entre un chat forestier pur et un chat domestique pur), hybride de seconde génération (F2, descendant du croisement entre deux individus F1), rétro-croisement vers le Chat forestier (descendant d'un hybride croisé avec un individu forestier pur), et rétro-croisement vers le Chat domestique (descendant d'un hybride croisé avec un domestique pur).

Sur base des résultats du second panel (Von Thaden *et al.* 2020), la structuration génétique de la population a été analysée à l'aide du logiciel STRUCTURE v2.3.4 (Pritchard *et al.* 2000), qui repose sur une approche bayésienne de clustering génétique. Cette méthode permet d'estimer la probabilité d'appartenance de chaque individu à un ou plusieurs groupes génétiquement différenciés, tout en identifiant une éventuelle structuration locale. Elle a également été utilisée ici pour évaluer l'affiliation des individus aux principales lignées génétiques françaises connues chez le Chat forestier. Les simulations ont été réalisées avec une phase de *burn-in* de 50 000 itérations, suivie de 500 000 itérations de Monte Carlo par chaînes de Markov (MCMC), pour des valeurs



FIG. 6. — Exemple de Chat forestier *Felis silvestris silvestris* Schreber, 1777 se frottant abondamment sur un piège à poils en forêt domaniale de l'Abbé-Val-Joly. Crédit photo : Baptiste Boutilleux.



FIG. 7. — Brosse sur laquelle le Chat forestier *Felis silvestris silvestris* Schreber, 1777 s'est frotté abondamment. Crédit photo : Théo Treels.

de K (nombre de groupes génétiques) variant de un à dix. Le nombre de clusters le plus probable (K optimal) a été déterminé à l'aide de la méthode d'Evanno *et al.* (2005), basée sur la détection du changement du taux de variation de la vraisemblance entre les différentes valeurs de K.

La diversité génétique et la consanguinité ont été évaluées à partir des génotypes SNP issus du panel développé par Von Thaden *et al.* (2020), sur les échantillons identifiés comme Chat forestier pur uniquement. Les analyses ont été menées à l'aide du package *diveR*sity (Keenan *et al.* 2013) sous RStudio (version 2021.09.0). Les indices calculés incluent :

- indice de consanguinité (Fis), indiquant l'excès ou le déficit d'hétérozygotes par rapport à l'attendu sous Hardy-Weinberg; il peut être interprété comme un proxy indirect de la consanguinité;
- richesse allélique (Ar) : proxy du nombre d'allèles uniques observés par locus dans chaque groupe, utilisé comme indicateur de diversité génétique;
- flux de gènes (G'st) : mesure de différenciation génétique normalisée entre deux populations. Une valeur proche de 0 indique une faible différenciation (donc des flux de gènes importants), tandis qu'une valeur proche de 1 signale un isolement fort.

Les comparaisons ont été réalisées entre deux groupes correspondant aux deux forêts étudiées : la forêt domaniale de Mormal (n = 19) et la forêt de l'Abbé-Val-Joly (n = 13). Il est important de noter que l'interprétation des résultats est limitée par la taille relativement faible et inégale des échantillons.

RÉSULTATS

Au total, 23 mailles ont été prospectées durant cette étude, comprenant dix mailles en forêt domaniale de Mormal (ajoutées de trois mailles de secours) et dix mailles en forêt domaniale de l'Abbé-Val-Joly. Les prospections ont eu lieu sur deux périodes, du 2 février 2022 au 2 mai 2022, soit 90 jours, pour la forêt domaniale de Mormal, puis du 19 décembre 2022 au 28 février 2023, soit 72 jours, pour la forêt domaniale de l'Abbé-Val-Joly. Le total de jours-pièges (nombre total de jours

de piégeage permettant d'évaluer l'effort de piégeage, calculé comme suit : n jours d'étude × n pièges) sur l'ensemble de l'étude s'élève à 1620 jours-pièges.

Un total de 1407 événements de capture a été obtenu durant l'étude dont près de 21,8 % concernent des chats. Au moins 12 espèces de mammifères sauvages (hors micromammifères regroupés sous le même groupe), trois espèces de mammifères domestiques et 23 espèces d'oiseaux ont été identifiées (Fig. 5). Le nombre de passages humains a également été comptabilisé.

TAUX DE CAPTURE ET FROTTAGE

Les photos/vidéos obtenues à l'aide des pièges-photos nous permettent de constater que les chats réagissent dans la grande majorité (61 %) à la brosse en se frottant généralement de manière abondante (Fig. 6), laissant au passage une quantité de poils allant de quelques unités à quelques centaines d'unités (Fig. 7) suivant l'intensité du frottage.

Pour la forêt domaniale de Mormal, sur un total de 900 jours-pièges, nous avons obtenu 55 événements de captures d'image de chats phénotypés forestiers sur 86 événements de capture d'image de chats. Le taux de capture d'image de chats phénotypés forestiers s'établit à 6,10 événements de capture d'image pour 100 jours-pièges. En prenant en compte l'ensemble des événements de capture de chats, ce taux s'élève à 9,56.

Sur les 55 événements de capture de chats phénotypés forestiers, au moins 22 ont donné lieu à un comportement de frottage, permettant la récolte d'un échantillon de poils. Le taux de frottage s'établit donc à 0,4, avec un taux de capture de poils de 2,44 pour 100 jours/pièges. Sur les 86 événements de capture d'image de chats, ce taux s'élève à 0,49, avec un taux de capture de poils de 4,67 pour 100 jours/pièges.

Pour la forêt domaniale de l'Abbé-Val-Joly, sur un total de 720 jours-pièges, nous avons obtenu 133 événements de captures d'image de chats phénotypés forestiers sur 221 événements de capture d'image de chats. Le taux de capture d'image de chats phénotypés forestiers s'établit à 18,47 événements de capture d'image pour 100 jours-pièges. En prenant en compte l'ensemble des événements de capture de chats, ce taux s'élève à 30,69.

TABLEAU 1. — Synthèse des résultats de captures de l'étude.

		Effort de piégeage (en jours-pièges)	Taux de capture image (pour 100 jours-pièges)	Taux de frottage	Taux de capture poils (pour 100 jours- pièges)
Forêt domaniale de Mormal	Chats phénotypés forestiers	900	6,1	0,44	2,44
	Total Chats		9,56	0,49	4,67
Forêt domaniale de l'Abbé-Val-Joly	Chats phénotypés forestiers	720	18,47	0,79	14,58
	Total chats		30,69	0,67	20,28
Ensemble de l'étude	Chats phénotypés forestiers	1620	11,6	0,68	7,94
	Total chats		18,95	0,61	11,6

TABLEAU 2. — Résultats de l'identification des hybrides et des catégories pures de Chats forestiers *Felis silvestris silvestris* Schreber, 1777, avec le sexage.

Identification	Sexe	Effectifs
<i>F. silvestris silvestris</i>	Mâle	30
	Indéterminé	2
<i>F. catus</i> Linnaeus, 1758	Mâle	3
Hybride F2	Mâle	1

Sur les 133 événements de capture de chats phénotypés forestiers, au moins 105 ont donné lieu à un comportement de frottage, permettant la récolte d'un échantillon de poils. Le taux de frottage s'établit donc à 0,79, avec un taux de capture de poils de 14,58 pour 100 jours/pièges. Sur les 221 événements de capture d'image de chats, ce taux s'élève à 0,67, avec un taux de capture de poils de 20,28 pour 100 jours/pièges.

Ainsi pour l'ensemble des deux sites d'étude (Tableau 1), le taux de capture d'image de chats phénotypés forestiers s'établit à 11,60 pour 100 jours-pièges. En prenant en compte l'ensemble des événements de captures de chats, ce taux s'élève à 18,95. Le taux de frottage pour les chats phénotypés forestiers s'établit à 0,68 et s'élève à 0,61 pour l'ensemble des événements de capture de chats. Enfin, le taux de capture de poils pour les chats phénotypés forestiers s'établit à 7,84 pour 100 jours-pièges et s'élève à 11,60 pour l'ensemble de captures de chats.

ÉCHANTILLONS POUR ANALYSES GÉNÉTIQUES

La campagne de piégeage a permis de récolter 51 échantillons de poils (29 en forêt domaniale de Mormal et 22 en forêt domaniale de l'Abbé-Val-Joly). Les analyses ont été réalisées par le laboratoire de Génétique de la Conservation de l'université de Liège (Belgique) et ont fait l'objet d'un rapport (Beaumariage & Michaux 2024).

HYBRIDATION, SEXAGE ET RECAPTURES

Les analyses d'hybridation, de sexage ainsi que des recaptures ont été réalisées sur bases des données obtenues avec le panel SNP de Nussberger *et al.* (2014a). Le sexage repose sur deux SNPs ciblant les chromosomes sexuels. Parmi les 51 échantillons analysés, 32 ont été identifiés comme des Chats forestiers

purs sans signe d'hybridation, tandis que trois correspondaient à des Chats domestiques et un à un hybride de deuxième génération (F2) (Tableau 2). Sachant que les échantillons correspondant aux chats domestiques ainsi qu'à l'hybride F2 ont tous été prélevés dans la forêt de Mormal. Quinze individus ont été exclus des analyses ultérieures en raison d'une absence de signal pour au moins 30 % des SNPs ou d'une probabilité d'appartenance inférieure à 90 % à l'une des catégories. Par ailleurs, 64,7 % des individus identifiés étaient des mâles, tandis que les autres n'ont pas pu être sexés par absence de signal génétique pour ces marqueurs sexuels. Enfin, aucune recapture d'individu n'a été détectée.

En comparant les résultats avec les analyses des photos/vidéos, la plupart des échantillons étaient en accord avec les diagnostics phénotypiques, à quelques exceptions près. Quatre individus ont été identifiés comme des femelles de Chat forestier, mais les analyses génétiques indiquent en réalité des mâles de Chat forestier. Ces divergences pourraient s'expliquer par l'âge des individus.

STRUCTURATION GÉNÉTIQUE

L'analyse bayésienne de structuration génétique réalisée avec le logiciel STRUCTURE, sur la base des 96 SNPs sélectionnés par Von Thaden *et al.* (2020), met en évidence une organisation en deux grands groupes génétiques. Ces groupes correspondent aux deux principales lignées génétiques historiques décrites chez *Felis silvestris silvestris* en France : la lignée pyrénéenne (Sud) et la lignée lorraine (Nord). Ces lignées ont été précédemment identifiées sur la base de travaux comparatifs à large échelle (J. M., comm. pers.) et reflètent probablement des patrons de divergence biogéographique. Dans notre jeu de données, l'ensemble des individus de l'Avesnois, tout comme ceux provenant du Luxembourg et de la Belgique, montrent une forte appartenance à la lignée Nord (Fig. 8: bâtonnets violets). Cette structuration est cohérente avec leur localisation géographique actuelle dans la partie nord-orientale du bassin parisien.

À une échelle plus locale, une structure plus fine est détectée (Fig. 9) dans l'Avesnois. Les individus des forêts domaniales de Mormal et de l'Abbé-Val-Joly tendent à former deux sous-groupes génétiques partiellement différenciés, correspondant globalement aux deux forêts étudiées. Toutefois, cette

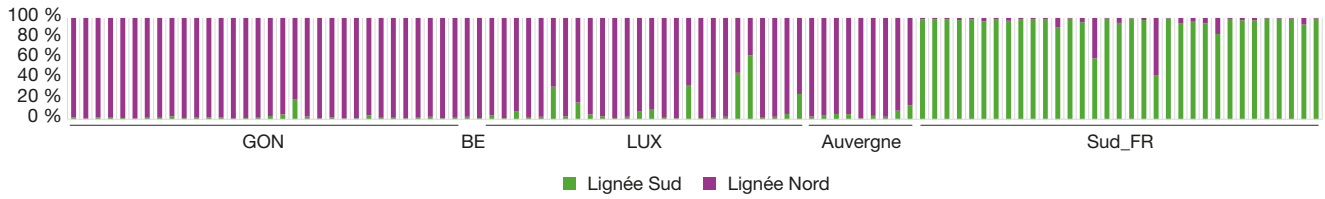


FIG. 8. — Probabilité d'appartenance aux deux lignées génétiques de Chats forestiers *Felis silvestris silvestris* Schreber, 1777. Chaque bâtonnet représente la portabilité d'appartenance d'un échantillon aux deux lignées. Abréviations: **BE**, Belgique; **GON**, groupe ornithologique et naturaliste; **LUX**, Luxembourg; **Sud_FR**, Sud de la France.

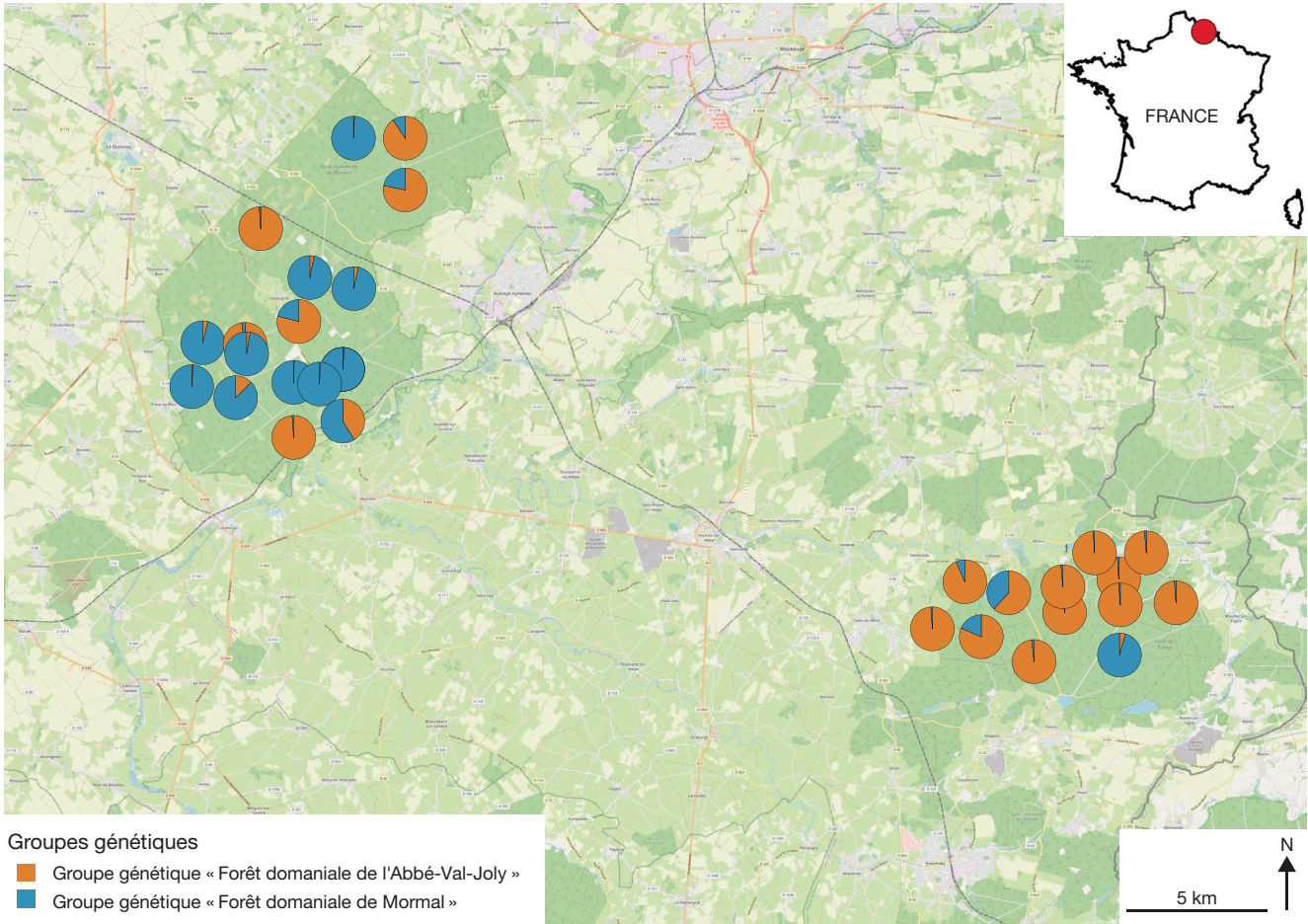


FIG. 9. — Représentation de l'affiliation moyenne de chaque échantillon à chacun des deux groupes génétiques. Chaque camembert représente le pourcentage d'appartenance aux deux groupes, d'après les résultats de l'analyse STRUCTURE. Source: OpenStreetMap. Crédit: Anaïs Beaumariage, 2024.

différenciation n'est pas absolue: plusieurs individus prélevés à Mormal présentent un profil génétique plus proche de celui du groupe de l'Abbé-Val-Joly, et inversement. D'autres individus présentent un profil admixé, traduisant une affiliation mixte. Ces résultats suggèrent qu'un flux de gènes persiste entre ces deux forêts, malgré la structuration observée. Ce flux pourrait s'expliquer par l'existence de corridors écologiques ou de passages boisés résiduels dans le paysage bocager de l'Avesnois. La détection de cette structuration locale, superposée à l'appartenance commune à la lignée Nord, met en évidence une hiérarchie des niveaux de structuration génétique: un patron profond (Nord/Sud à l'échelle nationale) et un

patron plus récent et local (entre forêts). Cette organisation est typique d'espèces forestières à populations fragmentées et territoriales comme le chat forestier, pour lesquelles la dynamique spatiale et les interactions de voisinage façonnent la structure génétique à plusieurs échelles.

DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE, CONSANGUINITÉ ET FLUX DE GÈNES
 Les analyses de diversité génétique, de consanguinité et de flux de gènes ont également été réalisées sur la base des 96 SNPs sélectionnés par Von Thaden *et al.* (2020), sur les échantillons identifiés comme chat forestier pur uniquement. La richesse allélique moyenne (A_r) est plus

TABLEAU 3. — Synthèse des résultats de capture obtenus sur différentes études menées sur le Chat forestier d'Europe *Felis silvestris silvestris* Schreber, 1777 en Europe (d'après Sforzi & Viviani 2024). Abréviation: nr, non renseigné.

Référence	Pays	Type	Effort de piégeage	Taux de capture d'image	Taux de frottage	Taux de capture poils
Hupe & Simon 2007	Allemagne	Teinture Valériane	7680	nr	nr	0,31
Weber <i>et al.</i> 2008	Suisse	Teinture Valériane	48100	nr	nr	1,09
Pirr <i>et al.</i> 2011	Luxembourg	Teinture Valériane	11638	nr	nr	1,05
Anile <i>et al.</i> 2012	Italie	Teinture Valériane	1080	4,1	0	0
Steyer <i>et al.</i> 2012	Allemagne	Huile Valériane	35300	nr	nr	0,09
Hartmann <i>et al.</i> 2013	Allemagne	Huile Valériane	17100	nr	nr	0,4
Kilshaw <i>et al.</i> 2014	Écosse	Teinture Valériane	500	0,4	0	0
Littlewood <i>et al.</i> 2014	Écosse	Teinture Valériane	7499	0,8	nr	0,16
Monterosso <i>et al.</i> 2014	Espagne	Valériane + Urine de Lynx	nr	nr	0	0
Nussberger <i>et al.</i> 2014b	Suisse	Teinture Valériane	9450	nr	nr	0,96
Carotenuto <i>et al.</i> 2014	Italie	Teinture Valériane	6200	0,08	0	0
Velli <i>et al.</i> 2015	Italie	Teinture Valériane	8415	3,1	nr	0,23
Brix <i>et al.</i> 2016	Roumanie	Extrait Valériane	8200	nr	nr	1,16
Dietz <i>et al.</i> 2016	Allemagne	Teinture Valériane	11500	nr	nr	0,43
Beutel <i>et al.</i> 2017	Allemagne	Huile Valériane	880	0,06	nr	1,02
Belaud <i>et al.</i> 2021	France	Huile Valériane	2128	2,7	0,3	0,8
Cascini <i>et al.</i> 2021	Italie	Teinture Valériane	1416	0,07	0	0
Catello <i>et al.</i> 2021	Italie	Teinture Valériane	727	0,8	nr	0,83
Gerngross <i>et al.</i> 2021	Autriche	Teinture Valériane	5725	2,5	nr	0,56
Velli <i>et al.</i> 2021	Italie	Teinture Valériane	4170	3,1	nr	0,94
Viviani 2022	Italie	Huile Valériane	1370	0,7	0	0
Viviani <i>et al.</i> 2024	Italie	Valériane + Herbe à chat	2602	1,04	0,19	nr

élevée à Mormal (1,54) qu'à l'Abbé-Val-Joly (1,18), ce qui suggère une diversité génétique légèrement supérieure dans la forêt de Mormal. L'indice de consanguinité (Fis) est légèrement plus élevé à l'Abbé-Val-Joly (0,217; intervalle de confiance: - 0,077; 0,446) qu'à Mormal (- 0.093; intervalle de confiance: - 0,26; 0,048), bien que cette différence ne soit pas statistiquement significative. Concernant les flux de gènes, l'indice G'st entre les deux forêts est de 0,15, ce qui indique une différenciation modérée et suggère que des échanges génétiques entre les deux forêts sont encore possibles. Ces données sont cohérentes avec l'observation d'individus génétiquement admixés dans les deux sites (Fig. 9), traduisant une certaine perméabilité du paysage.

DISCUSSION

EFFICACITÉ ET COMPLÉMENTARITÉ DES MÉTHODES DE SUIVI
 Une méthode de détection couplant piégeage photographique et collecte de poils grâce à un appât odorant a été développée en Allemagne et fait aujourd'hui référence (Hupe & Simon 2007; Steyer *et al.* 2012; Sforzi & Viviani 2024). Cette méthode a montré son efficacité sur les populations à forte densité en Europe de l'Ouest (Hartmann *et al.* 2013), bien que le nombre de poils dans les échantillons collectés s'avère parfois insuffisant pour les analyses génétiques (Steyer *et al.* 2012). En revanche, elle montre ses limites sur des populations aux densités faibles (Sforzi & Viviani 2024) et s'avère même totalement inefficace sur certaines populations de Chat forestier européenne, même à forte densité, pour lesquelles l'appât olfactif ne semble pas provoquer d'attraction particulière (Kilshaw & Macdonald 2011; Anile *et al.* 2012; Carotenuto *et al.* 2014; Monterosso *et al.* 2014; Cascini

et al. 2021; Viviani 2022). Les Chats forestiers de l'Avesnois n'échappent pas à cette inefficacité et apparaissent particulièrement non réceptifs au premier abord (Beaudoin 2017). Suite à la parution d'une amélioration de la méthode des appâts olfactifs réalisée en Montagne noire (Belaud *et al.* 2021) permettant d'accroître significativement les résultats de capture, le Groupe ornithologique et naturaliste (agrément Hauts-de-France) a décidé de réaliser à l'instar de cette dernière, une étude appliquant cette nouvelle méthode à la population de l'Avesnois afin de tester la réelle efficacité de celle-ci face à une population jusqu'alors non réceptive. Depuis, cette méthode améliorée a également été mise en place avec succès en Italie (Viviani *et al.* 2024) mais aussi ailleurs en France (Bourges 2022; Ricci 2023; Parc naturel régional de l'Aubrac 2024).

De nombreuses études font état de la grande variabilité dans l'efficacité et l'applicabilité de la Valériane officinale comme appât olfactif (Hupe & Simon 2007; Steyer *et al.* 2012; Kilshaw *et al.* 2014; Velli *et al.* 2015, 2021). Cependant, comme l'ont montré Belaud *et al.* (2021), il est prématuré d'affirmer que certaines populations de Chat forestier d'Europe sont insensibles à la Valériane officinale. Comme suggéré par ces auteurs, en réitérant l'expérience sur les individus de la forêt domaniale de Mormal (Beaudoin 2017) et ceux de l'Abbé-Val-Joly, en appliquant leur méthode améliorée, nous obtenons des résultats très intéressants. En effet, comme en témoigne la comparaison de nos résultats avec ceux obtenus au cours d'études similaires en Europe (Tableau 3 d'après Sforzi & Viviani 2024), nous avons obtenu des taux de capture d'image et de poils bien au-delà de ces dernières, en particulier en forêt domaniale de l'Abbé-Val-Joly.

Il convient de préciser que la quantité de poils collectés par une brosse lors d'un évènement de frottage était également relativement importante (Fig. 6), comme pour Belaud *et al.*

(2021), tandis qu'elle peut s'avérer limitante en terme de nombres d'échantillons collectables par la méthode classique (Steyer *et al.* 2012). Il s'agit d'une variable importante car plus le nombre de poils est élevé, meilleurs sont les rendements d'extraction ADN, eux-mêmes directement liés à la qualité des génotypes et au nombre d'échantillons conservés pour les analyses bio-informatiques. L'effet attracteur de la Valériane officinale sur les Chats forestiers est clairement démontré lors de notre étude, bien que ce ne soit pas le cas partout, notamment sur les populations méditerranéennes (Sforzi & Viviani 2024). Cet effet est notamment renforcé grâce à la solution huileuse permettant de fixer l'odeur sur le support. Et bien que moins impressionnant qu'en période de rut (forêt domaniale de l'Abbé-Val-Joly), la Valériane semble également avoir de l'effet hors saison de reproduction comme l'attestent les résultats obtenus sur la forêt domaniale de Mormal, contrairement à ce qu'avaient démontré Hupe & Simon (2007). Une réaction à l'appât olfactif a également été observé chez d'autres espèces notamment chez le Renard roux *Vulpes vulpes* (Linnaeus, 1758) et la Martre des pins avec des comportements de marquage. Un comportement similaire a été observé en Italie (Viviani *et al.* 2024) mais aussi en Suisse (Weber *et al.* 2008) où une méthode similaire a ensuite été utilisée pour détecter la présence de Martre des pins (Burki *et al.* 2010).

Alors que nous avons un grand effectif de « chats indéterminés » par l'utilisation des pièges photographiques (pouvant être améliorés en systématisant l'utilisation du piégeage vidéo), l'échantillonnage génétique non invasif peut surmonter ces limites de l'identification phénotypique, en fournissant des informations génétiques sur les populations étudiées tout en augmentant le nombre d'observations certaines. Ces méthodes permettent d'obtenir des données précises sur une population sauvage sans nécessiter de capture ou de manipulation des individus (Hupe & Simon 2007). Elles sont particulièrement adaptées aux espèces rares ou difficiles à identifier sur le terrain (Burki *et al.* 2010), comme le Chat forestier d'Europe (Sforzi & Viviani 2024).

HYBRIDATION, STRUCTURATION ET SANTÉ GÉNÉTIQUE

Un seul individu hybride F2 (c'est-à-dire de seconde génération) a été détecté, ce qui confirme un taux d'hybridation extrêmement faible, comparable à celui relevé ailleurs en Europe (Steyer *et al.* 2016; Beugin *et al.* 2020; Tiesmeyer *et al.* 2020; Nussberger *et al.* 2023). L'absence d'hybrides F1 ou de rétro-croisements (*backcross*) suggère que les flux génétiques entre Chat domestique et Chat forestier sont très limités, voire sporadiques (Tiesmeyer *et al.* 2020). Ces résultats doivent néanmoins être interprétés avec précaution en raison d'un biais sexuel probable dans la détection. Les mâles semblent plus enclins à interagir avec les dispositifs de piégeage non invasif, notamment les pièges à poils odorants. Ce phénomène a déjà été observé dans d'autres études menées par le laboratoire de Génétique de la conservation (données non publiées). Une hypothèse classique pour expliquer ce biais sexuel est liée au comportement de marquage territorial plus fréquent et plus intense chez les mâles, notamment par frottements et dépôts d'urine, ce qui les rend plus susceptibles d'entrer en contact

avec les dispositifs attractifs. Une autre hypothèse repose sur les différences de comportement spatial entre les sexes : chez de nombreuses espèces, dont le Chat forestier, les mâles ont des domaines vitaux plus étendus et sont plus mobiles, ce qui augmente mécaniquement leur probabilité de rencontre avec les pièges (Liberg *et al.* 2000). Ensuite, les femelles, particulièrement lorsqu'elles ont des jeunes, adoptent des comportements plus discrets, ce qui peut entraîner une sous-représentation dans les données collectées. Enfin, la sensibilité aux odeurs utilisées comme appâts pourrait également varier entre sexes et individus (Kitchener 1991; Steyer *et al.* 2012), ce qui ajoute un biais comportemental potentiellement non aléatoire dans les schémas de détection. Ce biais méthodologique rappelle l'importance de dispositifs de suivi mieux équilibrés entre sexes et classes d'âge. Une sous-détection systématique de certains groupes (par exemple, les femelles ou les subadultes) pourrait déséquilibrer les résultats. Il est donc essentiel de concevoir des dispositifs de suivi équilibrés entre sexes et classes d'âge.

Nos analyses révèlent que les chats forestiers dans l'Avesnois appartiennent majoritairement à la grande lignée génétique Nord (ou lignée lorraine), conformément aux structurations génétiques décrites à l'échelle nationale (J. M., comm. pers.). Cette lignée s'étend largement au nord de la France, en Belgique, au Luxembourg et dans certaines zones du Massif Central, contrairement à la lignée pyrénéenne, plus méridionale. Ces deux lignées principales pourraient représenter des schémas de divergence vraisemblablement hérités de la fragmentation postglaciaire. Cette hypothèse est appuyée par le fait que les grands groupes biogéographiques européens se sont différenciés à la fin du Pléistocène ou au début de l'Holocène, et que nos deux lignées s'inscrivent dans le groupe d'Europe centrale identifié par Mattucci *et al.* (2015).

Notre étude constitue également un apport nouveau, notamment en documentant pour la première fois la structure génétique locale du Chat forestier dans le nord de la France, à une échelle infra-régionale. En effet, les analyses bayésiennes de STRUCTURE ont permis de détecter une structuration fine entre les individus issus de la forêt domaniale de Mormal et ceux de la forêt de l'Abbé-Val-Joly, suggérant l'existence de sous-populations partiellement différenciées.

La diversité génétique est légèrement plus élevée et l'indice de consanguinité (Fis) plus faible chez les individus de la forêt de Mormal que chez ceux de la forêt de l'Abbé-Val-Joly. Bien que ces différences ne soient pas significatives sur le plan statistique, elles apportent des éléments de réflexion intéressants quant aux dynamiques démographiques et paysagères propres à chaque forêt. Les résultats doivent être interprétés avec prudence en raison des limites méthodologiques, notamment la taille réduite et inégale des échantillons conservés pour cette analyse (N = 19 pour Mormal, N = 13 pour l'Abbé-Val-Joly). La richesse allélique, par exemple, est sensible à la taille de l'échantillon et peut donc être sous-estimée dans le groupe de l'Abbé-Val-Joly. Néanmoins, la diversité plus élevée observée à Mormal pourrait refléter une dynamique de dispersion accrue dans un paysage plus morcelé, favorisant localement le brassage génétique par des individus en mouvement, notamment les jeunes en phase de dispersion.

À l'inverse, la plus faible diversité génétique et le F_{is} plus élevé à l'Abbé-Val-Joly pourraient indiquer une population moins dynamique. Concernant les flux de gènes entre les deux forêts, le G_{st} de 0,15 suggère que des échanges génétiques sont encore possibles entre les deux populations, bien qu'ils soient probablement limités. L'observation de plusieurs individus présentant des profils génétiques intermédiaires ou admixés entre les deux groupes (Fig. 9) confirme l'existence d'un flux génétique bidirectionnel. Ce flux semble suffisant pour prévenir une isolation génétique complète entre les deux populations. Toutefois, cette connectivité reste fragile et pourrait se détériorer rapidement sans politiques de gestion paysagère appropriées. Les indices de diversité génétique sur un nombre d'échantillon plus élevé pourraient apporter des informations sur une réduction potentielle de connectivité écologique. La diversité génétique étant connue pour provoquer une érosion génétique menaçant la viabilité à long terme des populations (Frankham *et al.* 2011). La persistance de flux génétiques pourrait être permise par des échanges ponctuels via des corridors écologiques résiduels (bocage, haies, bandes boisées) ou par des déplacements à longue distance, notamment chez les mâles. Cette dynamique évoque un fonctionnement de type métapopulation, où la connectivité partielle retarde l'érosion génétique. Notre travail fournit donc un point de référence pour suivre l'évolution de ces paramètres génétiques dans l'Avesnois à l'avenir.

IMPACTS POUR LA CONSERVATION DU CHAT FORESTIER DANS L'AVESNOIS

Dans cette région du nord de la France et d'après nos résultats, l'hybridation semble un phénomène rare à ce jour. En revanche, il convient de noter que le risque d'hybridation pourrait être plus élevé dans les populations de Chats forestiers en expansion, particulièrement sur le front d'expansion de l'espèce (Nussberger *et al.* 2018). Du point de vue spatial, l'unique individu clairement classé comme hybride F2 a été détecté dans la forêt domaniale de Mormal, ainsi que les trois échantillons identifiés génétiquement comme Chats domestiques. Cette localisation spatiale conjointe pourrait témoigner d'une zone de contact potentielle entre les deux espèces dans cette forêt. En effet, plusieurs facteurs pourraient expliquer cette asymétrie apparente par rapport à la forêt de l'Abbé-Val-Joly. D'une part, le morcellement prononcé de Mormal fragmente les habitats forestiers continus et augmente la probabilité de contacts avec les zones agricoles et urbaines. D'autre part, cette forêt est entourée de communes rurales avec une densité urbaine plus importante dans les communes périphériques (Bavay, Locquignol) et potentiellement, une présence plus élevée de chats errants ou domestiques libres. Par ailleurs, des échantillons présentant des profils génétiquement admixés entre les deux groupes forestiers ont également été majoritairement retrouvés dans Mormal, ce qui pourrait refléter une perméabilité écologique plus forte, facilitant les flux de gènes à la fois intra-forestiers et potentiellement exogènes. À l'inverse, la forêt de l'Abbé-Val-Joly bénéficie d'une meilleure connectivité forestière, étant intégrée dans un corridor biogéographique continu vers le massif ardennais, ce qui pourrait expliquer une moindre exposition aux facteurs de mélange génétique.

En dehors des interactions avec le Chat domestique, les principales menaces pesant sur la conservation du Chat forestier dans la zone étudiée sont la mortalité routière (Bastianelli *et al.* 2021), le braconnage (Lozano & Malo 2012 ; Bastianelli *et al.* 2021) et la fragmentation de l'habitat (Anile *et al.* 2019 ; Gil-Sanchez *et al.* 2020), qui nuisent au flux génétique. Le secteur d'étude n'échappe pas aux pressions anthropiques affectant la connectivité écologique, comme en témoignent les cartes anciennes révélant un paysage forestier historiquement plus continu à l'époque de la Révolution française. La forêt domaniale de Mormal, par exemple, bien qu'étendue, est aujourd'hui isolée des grands massifs forestiers de l'Est et de l'Ardenne, et cet isolement géographique régional constitue une contrainte majeure pour le maintien de flux génétiques à large échelle. En interne, cette forêt est subdivisée en 101 parcelles (Dubois 1973 ; ONF 2014) et traversée par plusieurs routes forestières et infrastructures liées à l'exploitation. Si ces éléments ne semblent pas constituer des barrières infranchissables, en particulier pour une espèce aussi mobile que le Chat forestier, ils peuvent toutefois engendrer des effets plus subtils, notamment une augmentation du risque de collisions routières, des perturbations comportementales, ou encore une modification des dynamiques de dispersion, en particulier pour les jeunes individus. Il est vrai que certains aménagements, comme les chemins de débardage, peuvent créer des lisières favorables à l'abondance de proies (e.g., micromammifères) et ainsi localement favoriser l'habitat du Chat forestier. Néanmoins, leur effet positif potentiel doit être mis en balance avec les risques qu'ils posent en termes de dérangement, de pollution sonore et de modification des cycles d'activité. En outre, l'effet cumulatif de la fragmentation écologique, du recul du bocage, de l'intensification agricole et de l'urbanisation croissante dans l'Avesnois reste préoccupant à moyen terme (Dumouch 2010). Ainsi, bien que des échanges génétiques soient encore observés entre les deux zones d'étude, la connectivité fonctionnelle reste fragile et probablement insuffisante pour compenser à long terme l'isolement régional de la forêt de Mormal. Ces constats appellent à une gestion intégrée du paysage visant à maintenir les continuités écologiques à plusieurs échelles. Ce phénomène d'insularisation écologique ne semble cependant pas encore concerner la forêt de l'Abbé-Val-Joly, qui fait partie du massif forestier de la Fagne de Trélon, lui-même intégré dans le vaste corridor forestier du massif ardennais, bénéficiant ainsi d'une connectivité paysagère plus favorable.

IMPLICATIONS POUR LA GESTION DES HABITATS

L'intensification agricole et l'homogénéisation du paysage impactent directement le comportement spatial du Chat forestier d'Europe, en augmentant significativement la taille de son domaine vital (Villar *et al.* 2022). Par conséquent, l'augmentation des déplacements dans des habitats inadaptés pourrait également augmenter la mortalité (Bastianelli *et al.* 2021). Les hybrides apparaissent d'ailleurs comme plus flexibles dans leur choix d'habitat que les Chats forestiers (Germain *et al.* 2008). Ces différences pourraient influencer l'ampleur du phénomène d'hybridation et d'introgession. En outre, il apparaît nécessaire d'acquérir une meilleure connaissance des

axes de dispersion de l'espèce dans la zone étudiée, par un effort de surveillance supplémentaire, notamment dans les boisements périphériques des forêts étudiées, afin de mieux préciser les connectivités paysagères entre-elles dans l'objectif de concevoir une stratégie de conservation appropriée. Dans cette perspective, élargir l'étude à d'autres massifs environnants permettrait de mieux cerner la structuration génétique et les flux de gènes à l'échelle régionale. Une analyse approfondie de l'état de santé génétique des populations locales apporterait des informations précieuses sur leur résilience face aux pressions environnementales et sur la viabilité sur le long terme de population locale. Un suivi sur plusieurs années permettrait également de mieux comprendre l'évolution des populations et les effets de la fragmentation de l'habitat à long terme.

La prise en compte des caractéristiques linéaires du paysage (routes et rivières) est importante car elle détermine le flux génétique chez cette espèce (Hartmann *et al.* 2013; Westekemper *et al.* 2021). Le maintien d'un réseau fonctionnel de continuités boisées, d'une mosaïque d'habitats hétérogènes (Monterroso *et al.* 2009; Jerosch *et al.* 2018; Portanier *et al.* 2022), ainsi que la présence d'abris, principaux paramètres déterminants le flux génétique du Chat forestier (Portanier *et al.* 2022) permettrait de limiter l'isolement de la forêt de Mormal. Les massifs forestiers de l'Avesnois sont par ailleurs mentionnés dans les continuités écologiques d'importance nationale pour les milieux boisés (Poirson & Dutilleul 2014). Dès lors, les espaces boisés (hors peupleraies) et les connexions entre eux par un système bocager sont autant d'éléments à préserver et à valoriser sur le territoire pour que le Chat forestier se maintienne localement (Sordello 2012). Concrètement, plusieurs actions peuvent être mises en place pour améliorer la connectivité entre les massifs forestiers : restaurer et entretenir les haies bocagères, développer des trames vertes facilitant le déplacement des individus et aménager des passages à faune pour limiter la mortalité liée aux infrastructures. Par ailleurs, l'implication des acteurs locaux, notamment les agriculteurs et les gestionnaires d'espaces naturels, est essentielle pour promouvoir des pratiques de gestion favorisant la conservation de l'espèce.

CONCLUSION

Cette étude constitue, à notre connaissance, la première surveillance génétique du Chat forestier d'Europe dans le nord de la France en dehors des analyses sur les individus victimes de collision routière (OFB). Grâce à une méthodologie combinant pièges photographiques et pièges à poils avec appâts olfactifs à base de Valériane, nous avons obtenu des résultats de captures prometteurs, surpassant les performances de nombreuses études similaires en Europe. Un grand nombre d'individus de Chat forestier a été identifié, sans aucune recapture, ce qui révèle non seulement une population bien établie mais aussi une connectivité génétique dans l'Avesnois. Si cet état des lieux offre un espoir à court terme pour la pérennité de cette population, la sécurité à long terme du Chat forestier dépendra impérativement de l'implémentation d'une stratégie de conservation basée notamment sur l'identification, le

maintien, voire la restauration des corridors écologiques. Une surveillance continue de cette population serait nécessaire pour mettre à jour les connaissances sur l'évolution de sa distribution, détecter d'éventuelles hybridations et approfondir notre compréhension des dynamiques de connectivité. Ce suivi devra constituer la pierre angulaire des efforts de conservation pour garantir un avenir durable au Chat forestier, tant dans l'Avesnois qu'au-delà.

Remerciements

Nous remercions en premier lieu l'Office national des Forêts (notamment l'Unité territoriale de l'Avesnois) de nous avoir donné les autorisations nécessaires au bon déroulement de cette étude, ainsi que la DREAL Hauts-de-France et l'Agence de l'Eau Artois-Picardie pour leur soutien financier. Nous remercions grandement Théo Treels et Éric Penet pour la réalisation des photographies et l'utilisation de ces dernières afin d'illustrer cet article. Un grand merci à Maxime Belaud pour ses conseils pour la bonne réalisation de l'étude et à Frédéric Salgues pour ceux concernant les pièges-photos. Enfin, merci à Jean-François Arnaud et Patrick Haffner pour leurs relectures avisées de cet article.

RÉFÉRENCES

- ANDERSON E. C. & THOMPSON E. A. 2002. — A model-based method for identifying species hybrids using multilocus genetic data. *Genetics* 160 (3): 1217-1229. <https://doi.org/10.1093/genetics/160.3.1217>
- ANILE S., ARRABITO C., MAZZAMUTO M. V., SCORNAVACCA D. & RAGNI B. 2012. — A non-invasive monitoring on European wildcat (*Felis silvestris silvestris* Schreber, 1777) in Sicily using hair trapping and camera trapping: does scented lure work? *Hystrix* 23 (2): 44-49. <https://doi.org/10.4404/hystrix-23.2-4657>
- ANILE S., DEVILLARD S., RAGNI B., ROVERO F., MATTUCCI F. & LO VALVO M. 2019. — Habitat fragmentation and anthropogenic factors affect wildcat (*Felis silvestris silvestris*) occupancy and detectability on Mt. Etna. *Wildlife Biology* 1: 1-13. <https://doi.org/10.2981/wlb.00561>
- BASTIANELLI M. L., PREMIER J., HERMANN M., ANILE S., MONTEROSO P., KUEMMERLE T., DORMANN C. F., STREIF S., JEROSH C., GÖTZ M., SIMON O., MOLÉON M., GIL-SANCHEZ J. M., BIRO Z., DEKKER J., SEVERON A., KRANNICH A., HUPE K., GERMAIN E., PONTIER D., JANSSEN R., FERRERAS P., DIAZ-RUIZ F., LOPEZ-MARTIN J. M., URRÁ F., BIZZARRI L., BERTOS-MARTIN E., DIETZ M., TRINZEN M., BALLESTEROS-DUPERON E., BAREA-AZCON J. M., SFORZI A., POULLE M.-L. & HEURICH M. 2021. — Survival and cause-specific mortality of European wildcat (*Felis silvestris*) across Europe. *Biological Conservation* 261: 109-239. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2021.109239>
- BEAUDOIN C. 2017. — *Suivi par piégeage photographique de trois espèces emblématiques de la forêt domaniale de Mormal (59): la Cigogne noire Ciconia nigra, le Chat forestier Felis silvestris silvestris et la Martre des pins Martes martes – État des lieux 2017*. GON, Lille, 19 p.
- BEAUDOIN C. 2020. — *Estimation de la population de Chat forestier Felis silvestris de la forêt domaniale de Mormal*. GON, Lille, 13 p.
- BEAUMARIAGE A. & MICHAUX J. 2024. — *Analyse génétique des échantillons de Chats forestiers (Felis silvestris) dans les forêts de l'Avesnois*. Université de Liège, GeoCoLab, Liège, 5 p.

- BEAUMONT M., BARRAT E. M., GOTTELLI D., KITCHENER A. C., DANIELS M. J., PROTCHARD J. K. & BRUFORD M. W. 2001. — Genetic diversity and introgression in the Scottish wildcat. *Molecular Ecology* 10 (2): 319-336. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2001.01196.x>
- BELAUD M., DAUFRESNE T., BEGUIN M., CATIL J.-M., DELMAS N., GAYRAL L., LE ROUX B., POMPIDOR J.-P., SALGUES F., XERIDAT P. & BARTHE L. 2021. — Amélioration de la méthode de suivi du Chat forestier (*Felis silvestris silvestris* Schreber, 1775) par la méthode des appâts olfactifs à base de Valériane: application à la population de la Montagne noire (Tarn, Aude). *Plume de naturalistes* 5: 61-76.
- BEUGIN M.-P., SALVADOR O., LEBLANC G., QUENEY G., NATOLI E. & PONTIER D. 2020. — Hybridation between *Felis silvestris* and *Felis silvestris catus* in two contrasted environments in France. *Ecology and Evolution* 10 (1): 263-276. <https://doi.org/10.1002/ece3.5892>
- BEUTEL T., REINEKING B., TIESMEYER A., NOWAK C. & HEURICH M. 2017. — Spatial patterns of co-occurrence of the European wildcat *Felis silvestris silvestris* and domestic cats *Felis silvestris catus* in the Bavarian Forest National Park. *Wildlife Biology* 2017 (1): 1-8. <https://doi.org/10.2981/wlb.00284>
- BOURGES A. 2022. — « La génétique pourra-t-elle livrer les origines et la souche à laquelle se rattache le seul félin sauvage du Sancy? ». La Montagne, 1^{er} janvier 2022. https://www.lamontagne.fr/clermont-ferrand-63000/actualites/la-genetique-pourra-t-elle-livrer-les-origines-et-la-souche-a-laquelle-se-rattache-le-seul-felin-sauvage-du-sancy_14069737/, dernière consultation le 3 mars 2025.
- BRIX M., DOMOKOS C., HEGYELI Z., RAMOS L., TIESMEYER A. & NOWAK C. 2016. — Assessing the status of the European wildcat by hair traps, in, *Proceedings of the 10th Hungarian Conference on Conservation Biology (HCCB)*. Hungarian Biological Society, Mórahalom, 1 p. <https://doi.org/10.13140/RG.2.1.1663.3206>
- BURKI S., ROTH T., ROBIN K. & WEBER D. 2010. — Lure sticks as a method to detect pine martens *Martes martes*. *Acta Theriologica* 55: 223-230. <https://doi.org/10.4098/j.at.0001-7051.023.2009>
- CAROTENUTO L., CELLETTI S., GELSOMINI G., PALOMBI A., PAPI R. & PIAZZAI M. 2014. — Non-invasive wildcat surveying in northern Latium (Central Italy): lessons from five years of sampling. *Proceedings of the IX Italian Congress of Theriology*. ISPRA, Civitella Alfedena (AQ), 1 p. <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.11909.55529>
- CASCINI V., MARCHIANÒ V., OTTONE E., POERIO G., ROTONDARO F., SANGIULIANO A., SERRONI P., TEDESCO C. & VOLPONI S. 2021. — The European wildcat in the Pollino National Park: work in progress. *Atti del Museo di Storia Naturale della Maremma* 25: 93-101. <https://doi.org/10.5281/zenodo.5947054>
- CATELLO M., TORMEN G., DEON R. & LOSSO C. 2021. — The use of hair trapping and camera traps for monitoring the European wildcat (*Felis silvestris silvestris* Schreber, 1777) in the eastern venetian Prealps (Italy). *Atti del Museo di Storia Naturale della Maremma* 25: 55-61. <https://doi.org/10.5281/zenodo.6104955>
- DEVILLARD S., JOMBART T., LÉGER F., PONTIER D., SAY L. & RUETTE S. 2013. — How reliable are morphological and anatomical characters to distinguish European wildcats, domestic cats and their hybrids in France? *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research* 52 (2): 154-162. <https://doi.org/10.1111/jzs.12049>
- DIETZ M., LANG J., RÜTH K., KRANNICH A. & SIMON O. 2016. — Wiederbesiedlung und Habitatpräferenzen der Europäischen Wildkatze im Rothaargebirge. *Naturschutz Und Landschaftsplanung* 48: 337-344.
- DUBOIS J.-J. 1973. — Influences humaines sur l'évolution des paysages et des limites de la Forêt de Mormal. *Hommes et Terres du Nord* (2): 73-106.
- DUMOUCHE R. 2010. — *L'origine du bocage de l'Avesnois-Thiérache*. Université d'Artois, Arras, 39 p.
- EVANNO G., REGNAUT S. & GOUDET J. 2005. — Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. *Molecular ecology* 14 (8): 2611-2620. <https://doi.org/10.1111/J.1365-294X.2005.02553.X>
- FRANKHAM R., BALLOU J. D., ELDRIDGE M. D., LACY R. C., RALLS K., DUDASH M. R. & FENSTER C. B. 2011. — Predicting the probability of outbreeding depression. *Conservation Biology* 25 (3): 465-75. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2011.01662.x>
- GAUDIANO L., CORRIERO G., VILLANI M. & ANILE S. 2022. — Gone before it's know? Camera-trapping showed alarming levels of putative hybrids in the wildcat (*Felis silvestris*) population of Gargano National Park (southern Italy). *Mammalia* 86 (6): 581-584. <https://doi.org/10.1515/mammalia-2021-0125>
- GERMAIN E., BENHAMOU S. & POULLE M. L. 2008. — Spatio-temporal sharing between the European wildcat, the domestic cat and their hybrids. *Journal of Zoology* 276 (2): 195-203. <https://doi.org/10.1111/j.1469-7998.2008.00479.x>
- GERMAIN E., RUETTE S. & LEGER F. 2024. — *Felis silvestris* Schreber, 1775, in SAVOURE-SOUBELET A., AULAGNIER S., HAFFNER P., MAILLE A., MOUTOU F., RICHARD-HANSEN C., RUETTE S. & VERON G. (éds), *Atlas des Mammifères de France: Carnivores et Primates*. MNHN, Paris ; OFB, Vincennes: 106-115 (Patrimoines naturels; 3).
- GERNGROSS P., SLOTTA-BACHMAYR L. & HAGENSTEIN I. 2021. — Ist die Europäische Wildkatze (*Felis silvestris*) zurück in Österreich? *Säugetierkundliche Informationen* 58: 51-62.
- GIL-SANCHEZ J. M., BAREA-AZCON J. M., JAMARILLO J., HERRERASANCHEZ F. J., JIMENEZ J. & VIRGOS E. 2020. — Fragmentation and low density as major conservation challenges for the southernmost populations of the European wildcat. *PLoS ONE* 15 (1): e0227708. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0227708>
- HARTMANN S. A., STEYER K., KRAUS R. H. S., SEGELBACHER G. & NOWAK C. 2013. — Potential barriers to gene flow in the endangered European Wildcat (*Felis silvestris*). *Conservation Genetics* 14 (2): 413-426. <https://doi.org/10.1007/s10592-013-0468-9>
- HERWIG S., SCHWEIZER S., STEPANOW S., BÖLHE U.-R. & FISHER M. S. 2009. — Regionally high rates of hybridization and introgression in German wildcat populations. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research* 47 (3): 283-297. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0469.2009.00536.x>
- HILL J. O., PAVLIK E. K., SMITH G. L., BURGHARDT G. M. & COULSON P. B. 1976. — Species-characteristic responses to catnip by undomesticated felids. *Journal of Chemical Ecology* 2: 239-253. <https://doi.org/10.1007/BF00987747>
- HUBBARD A., MACORIST S., JONES T. W., BOID R., SCOTT R. & EASTERBEE N. 1992. — Is survival of European wildcats *Felis silvestris* in Britain threatened by interbreeding with domestic cats? *Biological Conservation* 61 (3): 203-208. [https://doi.org/10.1016/0006-3207\(92\)91117-B](https://doi.org/10.1016/0006-3207(92)91117-B)
- HUPE K. & SIMON O. 2007. — Die Lockstockmethode – eine nicht invasive Methode zum Nachweis der Europäischen Wildkatze (*Felis silvestris silvestris*). *Informationsdienst Naturschutz Niedersachsen* 27: 66-69.
- JEROSCH S., KRAMER-SCHADT S., GÖTZ M. & ROTCH M. 2018. — The importance of small-scale structures in an agriculturally dominated landscape for the European wildcat (*Felis silvestris silvestris*) in central Europe and implications for its conservation. *Journal for Nature Conservation* 41: 88-96. <https://doi.org/10.1016/j.jnc.2017.11.008>
- KEENAN K., MCGINNITY P., CROSS T. F., CROZIER W. W. & PRODÖHL P. A. 2013. — diveRsiy: an R package for the estimation and exploration of population genetics parameters and their associated errors. *Methods in Ecology and Evolution* 4 (8): 782-88. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12067>
- KÉRY M., GARDNER B., STOECKLE T., WEBER D. & ROYLE J. A. 2011. — Use of spatial capture-recapture modeling and DNA data to estimate densities of elusive animals. *Conservation Biology* 25 (2): 356-364. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2010.01616.x>

- KILSHAW K. & MACDONALD D. W. 2011. — The use of camera trapping as a method to survey for the Scottish wildcat. *Scottish Natural Heritage Commissioned Report No.* 479.
- KILSHAW K., JOHNSON P. J., KITCHENER A. C. & MACDONALD D. W. 2014. — Detecting the elusive Scottish Wildcat *Felis silvestris silvestris* using camera trapping. *Oryx* 49 (2): 207-215. <https://doi.org/10.1017/S0030605313001154>
- KITCHENER A. 1991. — *The Natural History of the Wild Cats*. Comstock Publishing Associates, New York, 304 p.
- KITCHENER A. C., YAMAGUCHI N., WARD J. M. & MACDONALD D. 2005. — A diagnosis for the Scottish wildcat (*Felis silvestris*): a tool for conservation action for a critically-endangered felid. *Animal Conservation* 8 (3): 223-237. <https://doi.org/10.1017/S1367943005002301>
- LEGER F., STHAL P., RUETTE S. & WILHEM J.-L. 2008. — La répartition du Chat forestier en France: évolution récente. *Faune sauvage* 280: 24-39.
- LIBERG Ö., SANDELL M., PONTIER D. & NATOLI E. 2000. — Density spatial organisation and reproductive tactics in the domestic cat and other felids, in TURNER D. C. & BATESON P. (éds), *The Domestic Cat: the Biology of its Behavior*. 2nd edition, Cambridge university press, Cambridge: 119-148.
- LITTLEWOOD N. A., CAMPBELL R. D., DINNIE L., GILBERT L., HOOPER R., IASON G., IRVINE J., KILSHAW K., KITCHENER A., LACKOVA P., NEWAY S., OGDEN R. & ROSS A. 2014. — *Survey and Scoping of Wildcat Priority Areas*. Scottish Natural Heritage Commissioned Report No. 768, Inverness, 155 p.
- LONSINGER R. C. & WAITS L. P. 2015. — ConGenR: rapid determination of consensus genotypes and estimates of genotyping errors from replicated genetic samples. *Conservation Genetics Resources* 4 (7): 841-843. <https://doi.org/10.1007/s12686-015-0506-7>
- LOZANO J. & MALO A. F. 2012. — Conservation of the European wildcat (*Felis silvestris*) in Mediterranean environments: a reassessment of current threats, in WILLIAMS G. S. (éd.), *Mediterranean Ecosystems: Dynamics, Management and Conservation*. Nova Science Publishers, Hauppauge: 1-31.
- LYS P. & TAQUET B. 2000 — Chat forestier *Felis silvestris*, in FOURNIER A. (éd.), *Les Mammifères de la région Nord-Pas-de-Calais*. Distribution et écologie des espèces sauvages et introduites: période 1978-1999. *Le Héron* 33: 62-64.
- MACDONALD D. W., YAMAGUCHI N., KITCHENER A., DANIELS M., KILSHAW K. & DRISCOLL C. 2010. — Reversing cryptic extinction: the history, present, and future of the Scottish Wildcat, in MACDONALD D. W. & LOVERIDGE A. J. (éds), *The Biology and Conservation of Wild Felids* Chapter 22. Oxford University Press, Oxford: 471-191.
- MATTUCCI F., OLIVEIRA L., BIZZARRI F., VERCILLO S., ANILE B., RAGNI B., LAPINI L., SFORZI A., ALVES P. C., LYONS L. A. & RANDI E. 2013. — Genetic structure of Wildcat (*Felis silvestris*) populations in Italy. *Ecology and Evolution* 3 (8): 2443-2458. <https://doi.org/10.1002/ece3.569>
- MATTUCCI F., OLIVEIRA R., LYONS L. A., ALVES P. C. & RANDI E. 2015. — European wildcat populations are subdivided into five main biogeographic groups: consequences of Pleistocene climate changes or recent anthropogenic fragmentation? *Ecology and Evolution* 6 (1): 3-22. <https://doi.org/10.1002/ece3.1815>
- MONTERROSO P., BRITO J. C., FERRERAS P. & ALVES P. 2009 — Spatial ecology of the European wildcat in a Mediterranean ecosystem: dealing with small radiotracking datasets in species conservation. *Journal of Zoology* 279 (1): 27-35. <https://doi.org/10.1111/j.1469-7998.2009.00585.x>
- MONTERROSO P., ALVES P. & FERRERAS P. 2011. — Evaluation of attractants for non-invasive studies of Iberian carnivore communities. *Wildlife Research* 38 (5): 446-454. <https://doi.org/10.1071/WR11060>
- MONTERROSO P., RICH L. N., SERRONHA A., FERRERAS P. & ALVES P. C. 2014. — Efficiency of hair snares and camera traps to survey mesocarnivore populations. *European Journal of Wildlife Research* 60: 279-289. <https://doi.org/10.1007/s10344-013-0780-1>
- NUSSBERGER B., WANDELER P. & CAMENISCH G. 2014a. — A SNP chip to detect introgression in wildcats allows accurate genotyping of single hairs. *European Journal of Wildlife Research* 60 (2): 405-410. <https://doi.org/10.1007/s10344-014-0806-3>
- NUSSBERGER B., WANDELER P., WEBER D. & KELLER L. F. 2014b. — Monitoring introgression in European wildcats in the Swiss Jura. *Conservation Genetics* 15: 1219-1230. <https://doi.org/10.1007/s10592-014-0613-0>
- NUSSBERGER B., CURRAT M., QUILODRAN C. S., PONTA N. & KELLER L. F. 2018. — Range expansion as an explanation for introgression in European wildcats. *Biological Conservation* 218: 49-56. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2017.12.009>
- NUSSBERGER B., BARBOSA S., BEAUMONT M., CURRAT M., DEVILLARD S., HEURICH M., HOWARD-MCCOMBE J., MATTUCCI F., NOWAK C., QUILODRAN C. S., SENN H., ALVES P. C., EUROWILDCAT CONSORTIUM, GÖTZ M., FERRERAS P., FISCHER D., FISCHER L., FRANGINI L., JANSSEN R. & TRINZEN M. 2023. — A common statement on anthropogenic hybridization of the European wildcat (*Felis silvestris*). *Frontiers in Ecology and Evolution* 11: 1156387. <https://doi.org/10.3389/fevo.2023.1156387>
- O'BRIEN J., DEVILLARD S., SAY L., VANHOMME H., LÉGER F., RUETTE S. & PONTIER D. 2009. — Preserving genetic integrity in a hybridising world: are European wildcats (*Felis silvestris silvestris*) in eastern France distinct from sympatric feral domestic cat? *Biodiversity and Conservation* 18: 2351-2360. <https://doi.org/10.1007/s10531-009-9592-8>
- OFFICE NATIONAL DES FORÊTS. 2014. — *Aménagement forestier de la forêt domaniale de Mormal 2014-2033*. ONF, Lille, 148 p.
- PARC NATUREL RÉGIONAL DE L'AUBRAC. 2024. — « *Le Chat forestier est-il présent en Aubrac?* ». <https://www.parc-naturel-aubrac.fr/actualites/le-chat-forestier-est-il-present-en-aubrac/>, dernière consultation le 3 mars 2025.
- PETISCO J. S.-E., SANCHEZ-CARRASCO P. & FERNANDEZ-GARCIA J. L. 2024. — The wildcat (*Felis silvestris silvestris*) in the Mediterranean forest: sighting through photo-trapping and non-invasive hair collection for genetics purposes. *Veterinary Research Communications* 48: 2309-2320. <https://doi.org/10.1007/s11259-024-10402-3>
- PIRR J. B., SCHAULS R., DIETZ M. & SIMON O. 2011. — Bedeutung von Wildbrücken zur Vernetzung von Wanderkorridoren für die Europäische Wildkatze (*Felis silvestris silvestris* Schreber, 1777) am Beispiel von Pettingen/Mersch (Luxemburg). *Bulletin de la Société des Naturalistes luxembourgeois* 112: 59-71.
- POIRSON C. & DUTILLEUL S. 2014. — *Plan régional de restauration du Chat forestier (Felis silvestris) et de la Martre des pins (Martes martes) en Nord-Pas-de-Calais*. CMNF, Vimy, 161 p.
- PORTANIER E., LEGER F., HENRY L., GAYET T., QUENEY G., RUETTE S. & DEVILLARD S. 2022. — Landscape genetic connectivity in European wildcat (*Felis silvestris*): a matter of food, shelters and demographic status of populations. *Conservation Genetics* 23: 653-668. <https://doi.org/10.1007/s10592-022-01443-9>
- PRITCHARD J. K., STEPHENS M. & DONNELLY P. 2000. — Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155 (2): 945-959. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>
- RHYMER J. D. & SIMBERLOFF D. 1996 — Extinction by hybridization and introgression. *Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics* 27 (1): 83-109.
- RICCI O. 2023. — « *Sur les traces du Chat forestier en Île-de-France!* ». Agence régionale de Biodiversité Île-de-France. <https://www.arb-idf.fr/sur-les-traces-du-chat-forestier-en-ile-de-france>, dernière consultation le 3 mars 2025.
- RIOLS C. 1984. — Le Chat sauvage *Felis silvestris*, in FAYARD A. (éd.), *Atlas des mammifères sauvages de France*. SFEPM, Paris: 134-135.
- ROVERO F. & ZIMMERMANN F. 2016. — *Camera Trapping for Wildlife Research*. Pelagic Publishing, London, 320 p.
- RUETTE S., GERMAIN E., LÉGER F., SAY L. & DEVILLARD S. 2011. — Identification du Chat forestier en France. Apport de la génétique pour détecter les « hybrides ». *Faune sauvage* 292: 10-16.

- SAY L., DEVILLARD S., LÉGER F., PONTIER D. & RUETTE S. 2012. — Distribution and spatial genetic structure of European Wildcat in France. *Animal Conservation* 15 (1): 18-27. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1795.2011.00478.x>
- SFORZI A. & VIVIANI L. 2024. — Use of lure sticks for non-invasive genetic sampling of European wildcat populations: lessons learnt and hints for future insights. *Mammals Review* 54 (3): 1-11. <https://doi.org/10.1111/mam.12375>
- SORDELLO R. 2012. — *Synthèse bibliographique sur les traits de vie du Chat forestier (Felis silvestris Schreber, 1775) relatifs à ses déplacements et à ses besoins de continuités écologiques*. MNHN, Paris, 10 p.
- STEYER K., SIMON O., KRAUS R. H. S., HAASE P. & NOWAK C. 2012. — Hair trapping with valerian-treated lure sticks as a tool for genetic wildcat monitoring in low-density habitats. *Journal of Wildlife Research* 59 : 39-46. <https://doi.org/10.1007/s10344-012-0644-0>
- STEYER K., KRAUS R. H. S., MÖLICH T., ANDERS O., COCCHIARARO B., FROSH C., GEIB A., GÖTZ M., HERRMANN M., HUPE K., KOHNEN A., KRÜGER M., MÜLLER F., PIR J. B., REINERS T. E., ROCH S., SCHADE U., SCHIEFENHÖVEL P., SIEMUND M., SIMON O., STEEB S., STREIF S., STREIT B., THEIN J., TIESMEYER A., TRINZEN M., VOGEL B. & NOWAK C. 2016. — Large scale genetic census of an elusive carnivore, the European wildcat (*Felis s. silvestris*). *Conservation Genetics* 17: 1183-1199. <https://doi.org/10.1007/s10592-016-0853-2>
- STEYER K., TIESMEYER A., MUNOZ-FUENTES V. & NOWAK N. 2018. — Low rates of hybridization between European wildcats and domestic cats in a human-dominated landscape. *Ecology and Evolution* 8 (4): 2290-2304. <https://doi.org/10.1002/ece3.3650>
- THADEN A. VON, NOWAK C., TIESMEYER A., REINERS T. E., ALVES P. C., LYONS L. A., MATTUCCI F., RANDI E., CRAGNOLINI M., GALIAN J., HEGYELI Z., KITCHENER A. C., LAMBINET C., LUCAS J. M., MÖLICH T., RAMOS L., SHOCKERT V. & COCCHIARARO B. 2020. — Applying genomic data in wildlife monitoring: development guidelines for genotyping degraded samples with reduced single nucleotide polymorphism panels. *Molecular Ecology Resources* 20 (3): 662-680. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13136>
- TIESMEYER A., RAMOS L., LUCAS J. M., STEYER K., ALVES P. C., ASTARAS C., BRIX M., CRAGNOLINI M., DOMOKOS C., HEGYELI Z., JANSSEN R., KITCHENER A. C., LAMBINET C., MESTDAGH X., MIGLI D., MONTERROSO P., MULDER J. L., SCHOCKERT V., YULATOS D., PFENNINGER M. & NOWAK C. 2020. — Range-wide patterns of human-mediated hybridisation in European wildcats. *Conservation Genetics* 21: 247-260. <https://doi.org/10.1007/s10592-019-01247-4>
- UICN FRANCE, MNHN, SFEPM & ONCFS 2017. — *La liste rouge des espèces menacées de France – Chapitre Mammifères de France métropolitaine*. UICN France, MNHN, SFEP, ONCFS, Paris, 16 p.
- VELLI E., BOLOGNA M. A., SILVIA C., RAGNI B. & RANDI E. 2015. — Non-invasive monitoring of the European wildcat (*Felis silvestris silvestris* Schreber, 1777): comparative analysis of three different monitoring techniques and evaluation of their integration. *European Journal of Wildlife Research* 61 (5): 657-668. <https://doi.org/10.1007/s10344-015-0936-2>
- VELLI E., SANTONI R., MATTUCCI F., FAZZI P. & LUCCHESI M. 2021. — Population survey of the European wildcat in the natural biogenetic reserve of the Foreste Casentinesi National Park (northern Apennines). *Atti del Museo di Storia Naturale della Maremma* 25: 73-81. <https://doi.org/10.5281/zenodo.5947106>
- VILLAR H. R., BASTIANELLI M., HEURICH M., ANILE S., DIAZ-RUIZ F., FERRERAS F., GÖTZ M., HERRMANN M., JEROSCH S., JUBETE F., LOPEZ-MARTIN J. M., MONTERROSO P., SIMON O., STREIF S., TRINZEN M., URRÁ F., LOPEZ-BAO J. V. & PALOMARES F. 2022. — Agriculture intensity and landscape configuration influence the spatial use of wildcats across Europe. *Biological Conservation* 277: 109854. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2022.109854>
- VIVIANI L. 2022. — *Il gatto selvatico europeo (Felis silvestris silvestris Schreber, 1777) nei parchi dell'Emilia orientale : distribuzione, metodi di studio e conservazione*. University of Parma, Parme, 52 p.
- VIVIANI L., MARZANO F. N., MATTUCCI F. & SFORZI A. 2024. — Non-invasive monitoring of the European Wildcat in a recently colonized area in the northern Apennines (Italy). *European Journal of Wildlife Research* 70 (22): 1-12. <https://doi.org/10.1007/s10344-024-01777-4>
- WEBER D., STOECKLE T. & ROTH T. 2008. — *Entwicklung und Anwendung einer neuen Wildkatzen Nachweis-methode*. Hintermann & Weber AG, Rodersdorf, 29 p.
- WESTEKEMPER K., TIESMEYER A., STEYER K., NOWAK C., SIGNER J. & BALKENHOL N. 2021. — Do all roads lead to resistance? State road density is the main impediment to gene flow in a flagship species inhabiting a severely fragmented anthropogenic landscape. *Ecology and Evolution* 11 (4): 8528-8541. <https://doi.org/10.1002/ece3.7635>

Soumis le 18 avril 2025;
 accepté le 25 septembre 2025;
 publié le 17 avril 2026.