



# L'apport de la génétique dans la compréhension de l'évolution des populations de rats laveurs

*Mésocarnivore d'origine nord-américaine, listé comme espèce exotique envahissante prioritaire, le raton laveur est en expansion constante en France tout comme dans le reste de l'Europe. L'utilisation d'approches multiples en génétique permet d'affiner les connaissances de terrain et de confirmer l'existence de trois sous-populations établies à partir d'un faible nombre d'individus.*

**JEAN-FRANÇOIS MAILLARD<sup>1</sup>,  
JULIETTE BERGER<sup>2</sup>,  
PASCALE CHEVRET<sup>2</sup>,  
SANDRINE RUETTE<sup>3\*</sup>,  
TIM ADRIAENS<sup>4</sup>,  
VINCIANE SCHOCKERT<sup>5</sup>,  
FRANÇOIS LÉGER<sup>3\*\*</sup>,  
GÉRALDINE VERON<sup>6</sup>,  
GUILLAUME QUENEY<sup>7</sup>,  
SÉBASTIEN DEVILLARD<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>OFB, Direction de la recherche et de l'appui scientifique, Unité Prédateurs, animaux déprédateurs et exotiques, Équipe espèces exotiques envahissantes – Nantes.

<sup>2</sup>Université Claude Bernard Lyon 1, CNRS, Laboratoire de biométrie et biologie évolutive – Villeurbanne.

<sup>3</sup>OFB, Direction de la recherche et de l'appui scientifique, Unité Prédateurs, animaux déprédateurs et exotiques, Équipe petits et moyens carnivores – \*Birieux, \*\*Gerstheim.

<sup>4</sup>Research Institute for Nature and Forest (INBO) – Bruxelles, Belgique.

<sup>5</sup>Université de Liège, Department of Environmental Sciences and Management – Belgique.

<sup>6</sup>Institut de systématique, évolution, biodiversité (ISYEB), Muséum national d'histoire naturelle, CNRS, Sorbonne Université, EPHE, Université des Antilles – Paris.

<sup>7</sup>Antagene – La Tour-de-Salvagny.

Contact : [jean-francois.maillard@ofb.gouv.fr](mailto:jean-francois.maillard@ofb.gouv.fr)

En France, les premières observations en nature du raton laveur, avec des cas de reproduction avérés, datent des années 1960 (Léger, 1999). Cette espèce a été introduite à partir d'animaux captifs puis échappés ou relâchés. Depuis, elle a fait souche dans plusieurs régions et se trouve en expansion constante, comme on l'observe aussi dans d'autres pays européens (García *et al.*, 2012 ; Mori *et al.*, 2015 ; Salgado, 2018 ; Louppe *et al.*, 2019).

Le suivi de sa répartition géographique, qui est réalisé à partir d'enquêtes de terrain (voir l'**encadré**), est complété ici par l'étude génétique de ses populations qui en précise les origines ancestrales, la diversité génétique et les éventuels effets fondateurs. Ainsi, à partir d'échantillons de tissus ou de poils prélevés sur des individus représentatifs, cette étude vise : 1) à comprendre l'histoire de l'introduction du raton laveur en France et à retracer les potentielles introductions multiples, 2) à étudier la structuration génétique spatiale et les éventuels flux de gènes, donc d'animaux, entre les trois populations françaises, et 3) à évaluer les flux de gènes avec la population belgo-allemande, avec laquelle les contacts semblent établis.

## Une récolte d'échantillons

Entre début 2017 et mi-2018, 235 échantillons biologiques ont pu être collectés dans les différents noyaux de populations sauvages de ratons laveurs, tant en France qu'en Belgique, de même que sur des individus captifs (**carte 1**). Cet échantillonnage a été effectué auprès des réseaux de piègeurs, chasseurs et naturalistes, des services territoriaux de l'OFB, des agents du Département de la nature et des forêts de Wallonie et de l'Agence nature et forêts de Flandre, de partenaires scientifiques et de parcs zoologiques. Ainsi, 81 échantillons sont issus de la population historique de l'Aisne, 25 de Belgique, 1 du Bas-Rhin, 71 de la population établie en Auvergne, 33 du foyer de la Gironde, et 15 ont été prélevés sur des animaux captifs (8 d'un même parc zoologique dans la Sarthe, 3 de la ménagerie du Jardin des plantes à Paris et 4 à partir d'une même saisie dans le cadre d'une détention illégale dans le Bas-Rhin). Quatre échantillons d'individus capturés en nature et dont le rattachement à une population n'est pas évident ont été inclus : 1 de la Haute-Vienne, 1 de la Saône-et-Loire, 1 du Tarn et 1 de l'Aveyron. Ces échantillons proviennent du piégeage et de la chasse, ou de dépouilles victimes de la circulation routière. Un autre échantillon est issu de la population introduite

### ► Encadré • Description géographique des populations de ratons laveurs en France

La dernière enquête nationale (Léger & Ruetter, 2014) décrit trois sous-populations.

La plus ancienne, fondée après mars 1966, est issue d'animaux relâchés ou fugitifs depuis l'ancienne base aérienne militaire de l'Otan, à Laon-Couvron (Aisne), où le raton laveur était présent comme animal de compagnie. Depuis cette source et au fil des décennies, des individus se sont dispersés dans les départements voisins : d'abord dans l'Oise et dans la Marne, puis dans les Ardennes, localement dans la Somme et dans le Nord, pour gagner ensuite d'autres départements où la colonisation se poursuit comme c'est le cas dans l'Aube, la Seine-et-Marne, la Haute-Marne, la Meuse et la Meurthe-et-Moselle. L'espèce a également gagné du terrain vers la Belgique à l'ouest de la Meuse. Les données issues des enquêtes laissent penser que ce vaste foyer de présence est en contact, via la Wallonie mais aussi l'Alsace et les Vosges, avec la population introduite en Allemagne dès les années 1930 (plusieurs foyers d'introduction). Cette même population allemande, qui a colonisé les Länder du Bade-Wurtemberg et de Rhénanie-Palatinat, gagne en effet depuis les années 2000 des secteurs frontaliers situés dans les départements français de la Moselle, du Bas-Rhin et du Haut-Rhin.

Un second foyer a fait souche en Auvergne au sud-ouest du Puy-de-Dôme, probablement à la fin des années 1990, pour s'étendre dans ce département et gagner par expansion l'Allier, la Haute-Loire et le Cantal au cours des décennies suivantes. Ce foyer poursuit son développement : les dernières observations, postérieures à l'enquête publiée en 2014, attestent d'une présence de l'espèce dans le Cher vers le nord-ouest, dans l'Aveyron et la Lozère en direction du sud, dans la Loire vers l'est, et dans la Creuse et la Corrèze vers l'ouest.

Le troisième et dernier foyer s'est constitué en Gironde au sud de Bordeaux dans les années 2007-2008, probablement à partir d'animaux échappés d'un parc zoologique. Ce foyer poursuit actuellement son développement dans le département et des premières observations sont également notées dans des départements limitrophes.

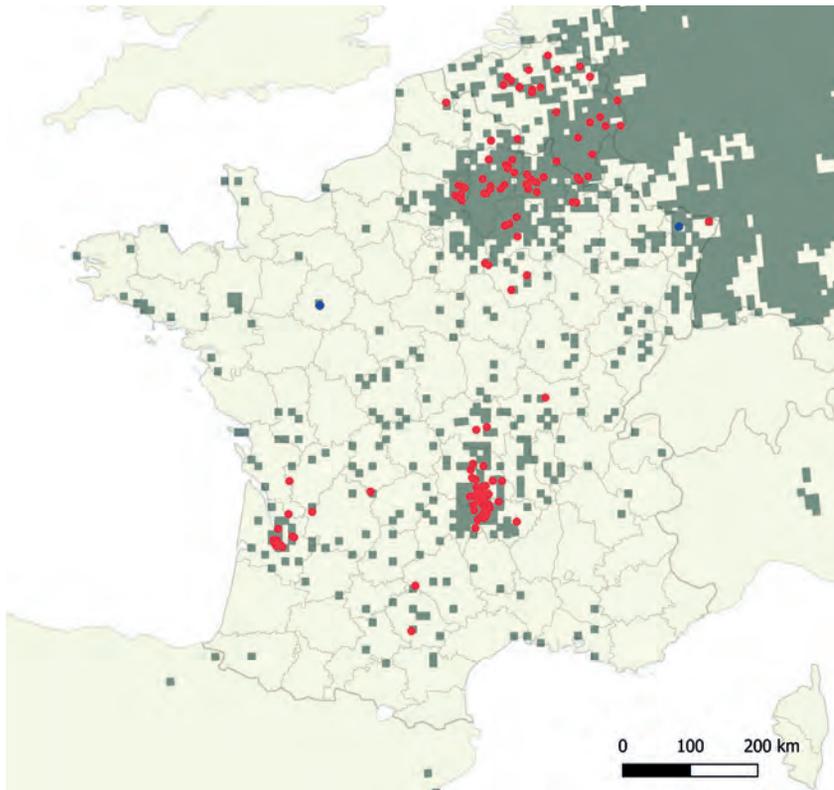
Enfin, il est à noter que des signalements ponctuels ont également été faits ici et là en France, correspondant probablement à des échappés de captivité qui n'ont *a priori* pas fondé de populations sauvages pérennes (**carte 1**).

En Belgique, ce n'est qu'au début des années 1980 que les premiers individus ont été observés en Flandre (Verkem *et al.*, 2003), et seulement à partir de 1986 dans l'est de la Wallonie (Libois, 1987). La reproduction de l'espèce est attestée depuis 2005 et le nombre d'observations augmente rapidement en raison de l'expansion de la population allemande, mais aussi de celle établie dans l'Aisne (Schockert, 2017).



▲ Depuis la dernière enquête publiée en 2014, les foyers français de ratons laveurs ont poursuivi leur développement.

**Carte 1** Répartition des échantillons de tissus de rats laveurs (nature : points rouges ; captivité : points bleus) superposée à la distribution de référence de l'espèce par maille de 10 x 10 km (carrés gris) en France (Léger & Ruetten, 2014) et dans le reste de l'ouest de l'Europe (Tsiamis *et al.*, 2017).



en Martinique. Enfin, cet échantillonnage comporte également 1 échantillon provenant de l'aire native américaine de l'espèce et 4 issus d'une espèce proche, le raton crabier *Procyon cancrivorus* de Guyane française. Chaque prélèvement est constitué de 1 cm<sup>2</sup> de tissu (généralement du tissu de l'oreille conservé dans un tube Eppendorf rempli d'éthanol à 95°). Pour les animaux captifs, le prélèvement a consisté à arracher une touffe de poils avec leurs bulbes.

### L'utilisation d'approches multiples en génétique pour caractériser les populations de rats laveurs

Deux types d'approches génétiques complémentaires ont été utilisés : le suivi génétique des populations et la phylogéographie.

Le suivi génétique repose sur des marqueurs microsatellites, dont l'évolution rapide met en évidence celle du polymorphisme à courte échelle de temps. Les microsatellites constituent une séquence d'ADN du noyau des cellules, formée par des motifs répétés de centaines de milliers de nucléotides, dont la transmission héréditaire provient à 50 % de la mère et à 50 % du père. Les résultats issus de ce suivi

nous informent sur les processus démographiques et évolutifs tels que le nombre d'introductions, la structuration, la diversité ou la connectivité entre les popu-

lations de rats laveurs. Le génotypage des échantillons a nécessité au préalable de développer 26 marqueurs génétiques spécifiques du raton Laveur (25 microsatellites et 1 marqueur de sexe) à partir de 30 échantillons répartis sur le territoire national. Ces marqueurs microsatellites ont été retenus pour présenter un polymorphisme élevé (nombreux allèles pour un même marqueur). Sur les 235 échantillons, 191 ont été choisis pour leur représentation géographique et ont été génotypés sur ce panel de marqueurs. Ces deux étapes ont été conduites au sein du laboratoire français Antagene.

L'approche par la phylogéographie permet quant à elle d'inférer l'histoire de l'introduction des rats laveurs en France. C'est une méthode fondée sur des marqueurs de l'ADN mitochondrial (ADNmt), qui évoluent plus lentement que les microsatellites et dont les processus évolutifs sont observables à une plus grande échelle de temps. Transmis uniquement par la mère, l'ADNmt se révèle informatif quant à l'ascendance des individus de la population échantillonnée. Les similarités et différences d'ADNmt entre populations sont utilisées pour les caractériser. Ainsi, un fragment d'ADNmt de 566 paires de bases correspondant à une partie de la D-loop (région de contrôle à l'origine de la réplication de chaque brin d'ADN) a été amplifié par le Laboratoire de biométrie et biologie évolutive de l'université Claude Bernard Lyon 1 pour chacun des 235 échantillons.



▲ Pour réaliser cette étude génétique, des échantillons biologiques ont été collectés dans les populations sauvages de rats laveurs auprès des piégeurs agréés notamment.

## Des populations de rats laveurs en France génétiquement différenciées mais peu diversifiées...

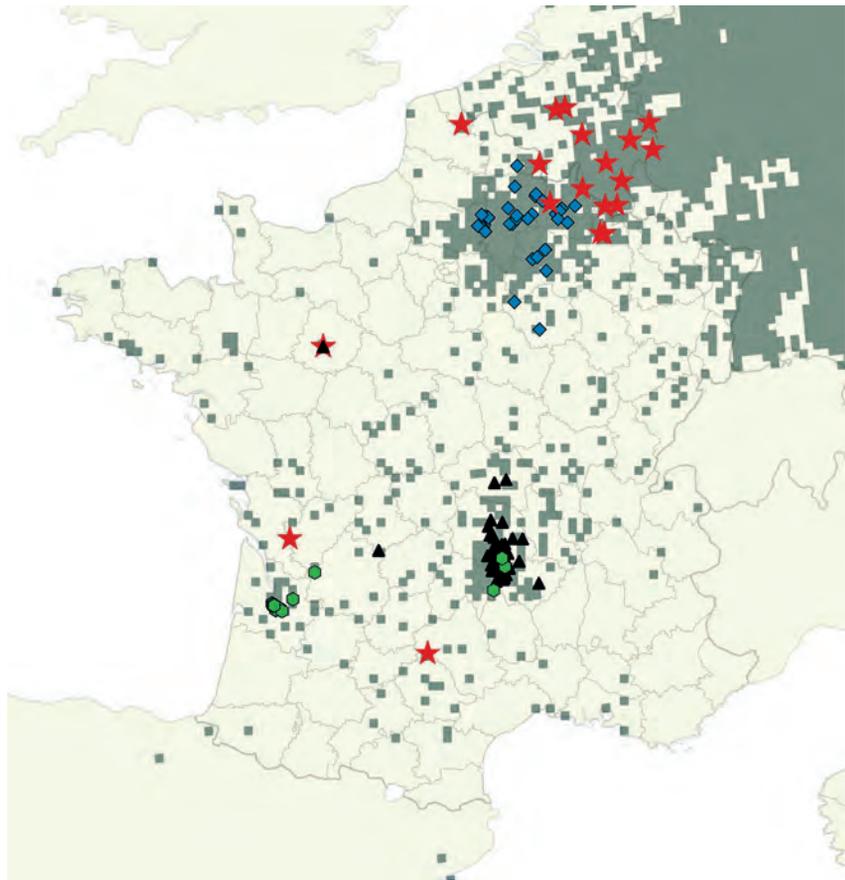
Le premier travail a été de se pencher sur les enseignements issus des résultats de l'étude des microsattélites. Dans une première approche, ils indiquent que pris ensemble, les individus échantillonnés ne forment pas une seule et unique population (Fis de 0,225 ; moyenne d'hétérozygotie observée significativement différente de celle attendue :  $H_o = 0,48$  vs  $H_e = 0,63$ ). L'analyse des échantillons regroupés en 4 sous-populations, définies *a priori* à partir des connaissances de terrain (foyers de l'Aisne, de l'Auvergne, de la Gironde et de la Belgique), révèle l'existence d'une forte structuration à l'intérieur de chaque sous-population (Fst autour de 0,15 par paires de populations sur tous les loci) et témoigne de l'absence ou d'un faible flux de gènes entre elles. Ainsi, bien que les foyers de l'Aisne et de la Belgique présentent une forte proximité géographique, il apparaît qu'ils ne forment pas une unique sous-population malgré les évidences de contacts entre eux.

Les indices Fst et Fis nécessitent d'affecter les individus à des populations géographiques connues *a priori*. Trois autres méthodes statistiques (Structure, DAPC et Snapclust) ont été utilisées pour déterminer au mieux le regroupement des individus en clusters (*i.e.* groupes génétiques homogènes), cette fois sans *a priori*. Ces trois méthodes proposent une assignation de la majorité des individus (à plus de 80 %) dans l'une des quatre sous-populations identifiées (**carte 2**). Les probabilités d'assignation ont été fortes pour la majorité des individus de l'Auvergne, de l'Aisne et de la Belgique, tandis qu'elles étaient moins élevées pour les individus de la Gironde. À de rares exceptions près, la cohérence spatiale a été très bonne pour les individus issus de la même population géographique se retrouvant dans le même groupe génétique, soulignant encore une fois la forte structuration génétique en 4 sous-populations.

Les diversités au sein de chaque sous-population sont faibles avec 2,27 allèles par locus pour la Gironde, 2,9 pour l'Aisne et 3,07 pour l'Auvergne ; ce qui apparaît par ailleurs limité en comparaison de la population belge (5,99). La plus grande richesse allélique en Belgique provient probablement d'une origine plus diversifiée des individus colonisateurs, avec au moins 3 populations sources dont 2 en provenance d'Allemagne et celle issue de l'Aisne et de l'Oise (Schockert *et al.*, 2016).

Toutefois, en France comme en Belgique, la richesse allélique est bien

**Carte 2** Les quatre groupes génétiques de rats laveurs identifiés en France et en Belgique par les méthodes de regroupement (DAPC, Snapclust, Structure) et leur cohérence géographique. Seuls les individus fortement assignés (> 80 %) sont représentés.



inférieure à celle retrouvée au sein des populations de rats laveurs américains, avec une moyenne de 9,9 allèles par locus et une hétérozygotie observée de  $H_o = 0,8$  (Cullingham *et al.*, 2008 ; Santonastaso *et al.*, 2012). Ces patterns de diversité se retrouvent dans d'autres populations introduites, comme c'est le cas en Allemagne (richesse allélique :  $A_r = 4,35$  et  $H_o = 0,59$ ) et en Espagne ( $A_r = 3,676$  et  $H_o = 0,629$ ) – (Fischer *et al.*, 2017).

### ... et constituées à partir d'un faible nombre d'individus fondateurs...

Un effet fondateur, correspondant à la perte de variation génétique qui se produit lorsqu'une nouvelle population est établie à partir d'un très petit nombre d'individus, a été détecté dans les populations d'Auvergne et de Gironde mais pas dans celle de l'Aisne, car elle est plus ancienne et reçoit des apports ponctuels de diversité génétique depuis la Belgique, le Luxembourg, l'Alsace et les Vosges.

Les 3 sous-populations françaises sont chacune caractérisées par un haplotype (un ensemble d'allèles spécifiques

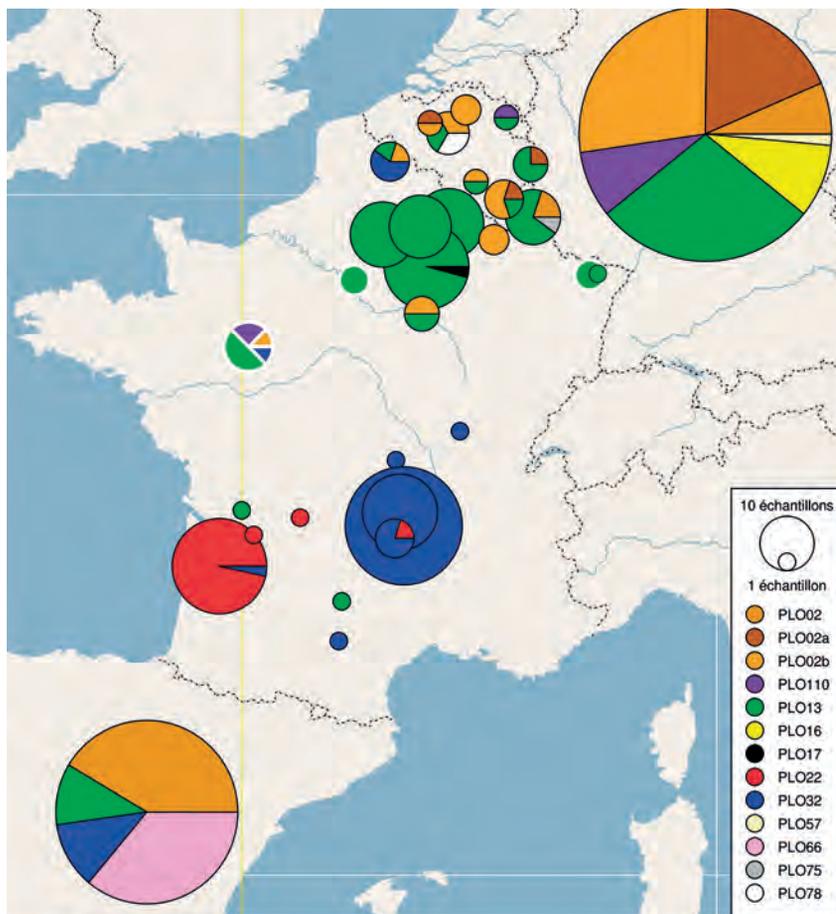
habituellement transmis ensemble) dominant, ce qui témoigne là encore d'un apport génétique provenant de peu d'individus lors de leur établissement en nature (**carte 3**). Plus précisément, la France comprend 7 haplotypes, alors que la Belgique en compte 5 dont 2 partagés avec la France. La Gironde et l'Auvergne sont composées des deux mêmes haplotypes. Ces deux populations diffèrent cependant par leur fréquence haplotypique. En effet, elles ont toutes deux un haplotype dominant : en Auvergne, 99 % des individus possèdent l'haplotype PLO32 (en bleu sur la **carte 3**), tandis que les individus de la Gironde possèdent principalement l'haplotype PLO22 qui est présent à 97 % (en rouge sur la **carte 3**). La population du Nord possède 4 haplotypes, dont un en commun avec la Gironde et l'Auvergne (PLO32) et 2 autres partagés avec la Belgique (PLO2b et PLO13) ; le dernier haplotype correspond au PLO17, qui est très faiblement représenté dans la population avec 2 %. Cette population contient également un haplotype dominant, PLO13 (en vert sur la **carte 3**).



© J. Bruyère

▲ L'analyse génétique confirme l'existence de trois sous-populations géographiques de rats laveurs bien distinctes en France.

**Carte 3** Distribution des haplotypes français, belges, espagnols et allemands (d'après Fischer *et al.*, 2017 pour ces deux derniers pays) déterminés à partir des séquences de D-loop. Les populations d'animaux issus de captivité en France sont entourées en blanc.

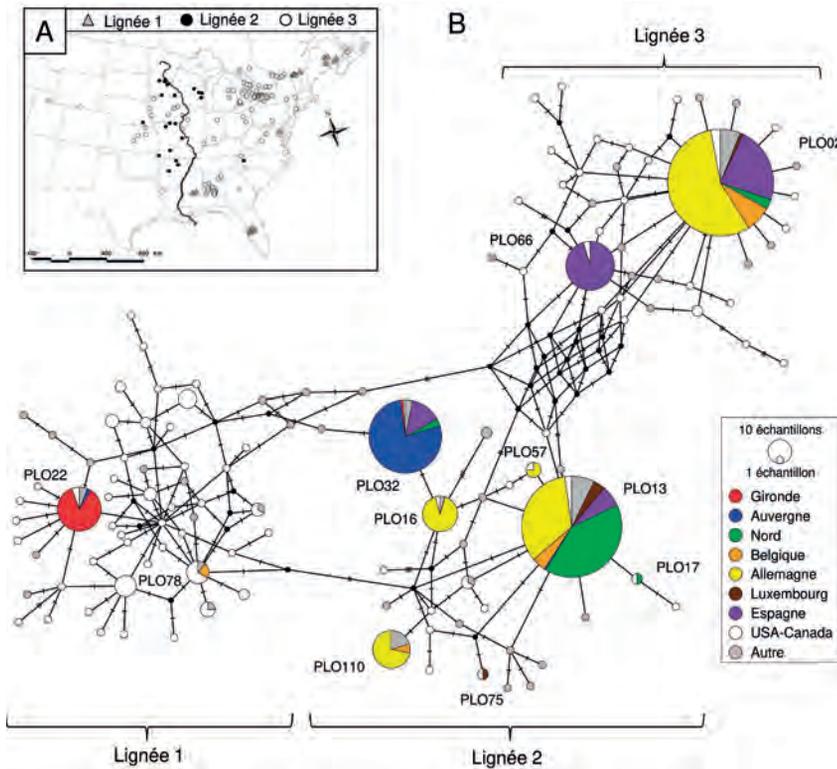


### ... issus de lignées ancestrales différentes

L'approche phylogéographique, à partir du fragment de l'ADNmt, a permis d'éclaircir partiellement l'origine américaine de chacune des populations de rats laveurs échantillonnées. Le nombre d'haplotypes retrouvés en France métropolitaine est relativement faible au regard des 76 haplotypes identifiés dans l'aire native américaine du raton laveur (Cullingham *et al.*, 2008). Néanmoins, comparée à la diversité des haplotypes relevée sur l'ensemble des 16 populations de rats laveurs introduites et identifiées dans le reste de l'Europe, qui ne s'élève pas à plus de 8 avec par exemple 4 en Espagne et 6 en Europe de l'Est (Alda *et al.*, 2013 ; Fischer *et al.*, 2017), la diversité des fondateurs en France apparaît plus importante. Cela pourrait résulter d'une diversité plus grande des sources ayant constitué les populations françaises.

En approfondissant la phylogénie des lignées ancestrales des populations de rats laveurs présentes en France parmi l'alignement des haplotypes mondiaux, les résultats permettent de retrouver partiellement les lignées ancestrales américaines desquelles les individus fondateurs descendraient. On retrouve une grande majorité des individus de la Gironde et certains d'Auvergne dans la lignée présente

**Figure** A) Répartition des 3 lignées génétiques mises en évidence par Cullingham *et al.* (2008) aux États-Unis. Le fleuve Mississippi est en surgras. B) Réseau d'haplotypes reconstruit à partir des séquences de D-loop. La taille des cercles est proportionnelle au nombre d'individus partageant le même haplotype. Un tiret le long des lignes reliant les haplotypes représente une mutation. Les noms des haplotypes sont indiqués pour les populations d'Europe de l'Ouest ; ils correspondent à des haplotypes décrits dans Cullingham *et al.* (2008) et Frantz *et al.* (2013).



aux États-Unis du Mississippi au Maine, en passant par la Floride (lignée 1 sur la *figure*). À l'inverse, on trouve une majorité d'individus d'Auvergne et une minorité de Gironde dans la lignée présente le long de la rivière Mississippi (lignée 2 sur la *figure*). Enfin, les individus de la population issue de l'Aisne se rapprochent de deux lignées présentes du Mississippi aux Grands Lacs (lignées 2 et 3 sur la *figure*).

(Frantz *et al.* – données non pub.). Ces 2 haplotypes sont majoritaires en Allemagne (Frantz *et al.*, 2013), qui présente également PLO110, moins fréquent en Europe de l'Est mais également présent en Belgique. L'Allemagne partage donc la moitié de ses haplotypes à forte fréquence avec la Belgique. Ce pattern suggère une

probable expansion des populations allemandes vers la Belgique de façon ponctuelle à partir des années 1980, période des premières observations, puis plus massivement à partir des années 2000 avec l'expansion importante de la population allemande. De plus, les individus de Belgique montrent des signes de mixité avec la population issue de l'Aisne, et suggèrent également une continuité dans les flux provenant d'Allemagne jusque dans le nord de la France.

Présentant des patterns de diversité haplotypique communs, les populations issues de l'Aisne et de la Belgique sont probablement au début de leur mélange. Paradoxalement, ces deux groupes diffèrent par leur diversité allélique microsatellite. En effet, la Belgique possède une richesse allélique deux fois plus importante que le foyer de l'Aisne. De plus, la différenciation basée sur les fréquences haplotypiques est plus faible entre la Belgique et le noyau de l'Aisne ( $F_{st} = 0,37$ ) en comparaison de celle observée entre les autres populations de France ( $F_{st} = 0,77$  entre les noyaux de l'Aisne et de l'Auvergne, et  $F_{st} = 0,76$  entre les noyaux de l'Aisne et de la Gironde). Cela suggère une homogénéisation naissante entre les populations belges et de l'Aisne. À noter que le renforcement de la diversité génétique d'une espèce par le croisement d'individus issus de plusieurs populations peut potentiellement augmenter son adaptabilité (Fischer *et al.*, 2017), ce qui est loin d'être une bonne nouvelle pour la gestion d'une espèce exotique envahissante telle que le raton laveur. Ce problème de renforcement de la diversité génétique avait déjà été souligné par Léger & Ruetten (2014) pour les populations de rats laveurs d'Alsace et de Picardie.

### Des premiers signaux de contact entre populations du Nord-Est et de la Belgique

Bien que les flux de gènes semblent encore faibles entre la population ayant colonisé la Belgique et le Luxembourg d'une part, et la population de l'Aisne d'autre part, les échantillons provenant de Belgique comptent 5 haplotypes dont 2 partagés avec la France, PLO13 et PLO02b (*carte 3*). Deux interprétations sont possibles : soit les individus originels partageaient les mêmes haplotypes, soit les haplotypes se sont diffusés dans les populations suite à des mixages. Cette dernière hypothèse semble être privilégiée par des analyses complémentaires réalisées par les collègues du Luxembourg



▲ Les résultats de l'étude suggèrent que les populations de rats laveurs de l'Aisne et de la Belgique seraient au début de leur mélange.

## Retracer les origines captives des populations

Le raton laveur est une espèce intelligente dont le maintien en captivité est difficile à assurer. L'origine des individus de l'Aisne a été documentée (Léger, 1999), mais celle des autres populations françaises reste à éclaircir. Les enseignements des études génétiques suggèrent des événements indépendants à partir d'un faible nombre de fondateurs, tout particulièrement en Gironde et en Auvergne. L'hypothèse la plus plausible est qu'ils proviennent d'échappés depuis des parcs zoologiques ou des particuliers, mais le manque d'échantillons en captivité ne permet pas de la valider. Néanmoins, quelques enseignements peuvent alimenter le débat, bien qu'ils nécessitent de plus amples investigations. Par exemple, le zoo de la Sarthe montre une grande diversité avec 4 haplotypes partagés avec chacune des populations en nature : 2 sont partagés avec la Gironde et l'Auvergne, 3 avec le Nord et 3 autres avec la Belgique, cette diversité révélant la constitution du cheptel depuis différentes sources. À l'inverse, le parc zoologique du Jardin des plantes à Paris ne possède qu'un seul haplotype commun aux populations d'Auvergne, de Gironde et du Nord (*carte 3*).

Un haplotype (PLO32), présent dans les 3 sous-populations françaises, est également présent en Galice (Espagne). Il représente l'haplotype le plus fréquent en France et le plus majoritaire en Auvergne. Cet haplotype commun serait peut-être issu d'un partage d'individus entre les parcs zoologiques d'Espagne et d'Auvergne, qui se seraient ensuite échappés. Les autres haplotypes français et belges ne sont retrouvés nulle part

ailleurs en Europe. Ils sont probablement issus d'individus importés d'Amérique et échappés de parcs zoologiques.

Les particuliers ne sont pas en reste et peuvent également être à l'origine de plusieurs échappés. Les individus saisis dans le Bas-Rhin montrent une signature génétique identique à celle de la population de l'Aisne (*carte 2*), dont ils peuvent provenir par capture en nature. Enfin, des individus isolés, comme dans l'Aveyron et en Charente, présentent également une signature génétique les rapprochant de l'Aisne, suggérant un transfert d'individus depuis cette population.

## Conclusion

Cette étude apporte une meilleure compréhension sur l'origine des populations de ratons laveurs introduites en France ou la colonisant à partir d'autres régions des pays voisins. Le monitoring génétique a mis en évidence des caractéristiques typiques d'une introduction récente : une diversité faible pour chacune des populations et un effet fondateur fort en Gironde et en Auvergne. L'analyse par phylogéographie a permis de retracer partiellement les origines ancestrales et de caractériser les types d'introduction des populations.

L'appréciation des processus en cours constitue une base essentielle pour l'établissement d'un plan de surveillance ciblé et l'identification de programmes de gestion susceptibles de contrôler cette espèce envahissante. Le raton laveur, malgré une faible diversité fondatrice, a montré une très bonne capacité d'expansion, soulignant une plasticité écologique qui lui permet de surpasser cette faible diversité originelle. Les échanges en

cours entre les deux sous-populations de l'Aisne et de la Belgique sont de nature à accroître la variabilité génétique de l'espèce et son potentiel d'adaptation (Dlugosch & Parker, 2008).

Bien que le flux de gènes n'ait pas pu être investigué avec les ratons laveurs provenant de la population allemande depuis les Länder du Bade-Wurtemberg, de la Sarre et de la Rhénanie-Palatinat, ou de la population luxembourgeoise, elle-même issue d'Allemagne, la population de l'Aisne ne pourra pas être gérée indépendamment de la grande population belgo-allemande. Des efforts de coordination entre les régions frontalières sont à rechercher en conséquence.

Le contrôle des populations est actuellement peu coordonné et local, effectué par la chasse et le piégeage, en particulier là où il y a des nuisances socio-économiques. Notons une exception d'actualité, à savoir le périmètre où sévit l'épidémie de peste porcine africaine en zone frontalière entre les Ardennes, la Meuse, la Meurthe-et-Moselle et le sud de la province de Luxembourg en Wallonie. Un piégeage intensif de ratons laveurs y a été réalisé (> 1 500 individus prélevés en 2019) en raison de l'accaparement par ces derniers des cages-pièges dévolues à la capture des sangliers (source : DEMNA et OFB). La mesure de la vitesse de recolonisation de cet espace par le raton laveur sera également un indicateur utile à sa gestion.

Enfin, en réponse au nouveau règlement européen (EU 1143/2014), la France et la Belgique envisagent une combinaison de stratégies de gestion (Adriaens *et al.*, 2019) avec la nécessité d'une réaction rapide lors de la détection de nouveaux foyers, comme c'est le cas en Flandre notamment avec des observations sporadiques (Van Den Berge & Gouwy, 2009) ou encore en Gironde où l'espèce semble plus établie (Léger & Ruetten, 2014). Pour cette dernière population, qui ne semble pas encore être connectée à celle de l'Auvergne, il apparaît primordial de tenter un isolement en détectant et en capturant les quelques individus observés dans sa périphérie, tout en redoublant les efforts de captures en son sein.

La seule gestion des ratons laveurs en nature aura un succès limité, en particulier dans les territoires où il n'est pas implanté, si elle n'est pas associée à un strict contrôle de sa captivité, désormais limitée aux seuls parcs zoologiques dûment autorisés. Des normes de captivité plus rigoureuses, pouvant aller jusqu'à la stérilisation des individus et à la bancarisation de leur signature génétique, pourraient être mises en place en France.



▲ Vue d'un milieu colonisé par le raton laveur dans les Ardennes. Les échanges génétiques en cours avec le noyau belge pourraient augmenter encore son potentiel d'adaptation.



## Remerciements

Nos remerciements vont tout particulièrement aux contributeurs à la collecte d'échantillons : l'Union nationale des piégeurs agréés de France, les associations des piégeurs agréés et leurs adhérents de Gironde et du Puy-de-Dôme, les fédérations départementales des chasseurs et leurs adhérents de Haute-Loire, de la Meuse, du Puy-de-Dôme, du Bas-Rhin et de l'Aube, l'association Cistude Nature et le Groupe mammalogique d'Auvergne, le bureau d'étude GREGE, les collègues de l'Université de Liège et de l'INBO, François Catzeflis pour ses échantillons de Guyane, des Antilles françaises et des États-Unis, l'Office national des forêts, le Muséum national d'histoire naturelle et les agents de l'ex-ONCFS des départements où se faufile le raton laveur, ainsi que l'Association des parcs zoologiques de France et ses adhérents. ●

▲ Plus de 1 500 ratons laveurs ont été prélevés en 2019 dans la zone frontalière belge où sévit la peste porcine africaine.

## Bibliographie

- Adriaens, T., Branquart, E., Gosse, D., Reniers, J. & Vanderhoeven, S. 2019. *Feasibility of eradication and spread limitation for species of Union concern sensu the EU IAS Regulation (EU 1143/2014) in Belgium*. Report prepared in support of implementing the IAS Regulation in Belgium. Institute for Nature and Forest Research, Service Public de Wallonie, National Scientific Secretariat on Invasive Alien Species, Belgian Biodiversity Platform. DOI: <https://doi.org/10.21436/17033333>
- Alda, F., Ruiz-López, M.J., García, F.J., Gompper, M.E., Eggert, L.S. & García, J.T. 2013. Genetic evidence for multiple introduction events of raccoons (*Procyon lotor*) in Spain. *Biological Invasions* 15: 687-698. <https://doi.org/10.1007/s10530-012-0318-6>
- Cullingham, C.I., Kyle, C.J., Pond, B.A. & White, B.N. 2008. Genetic structure of raccoons in eastern North America based on mtDNA: implications for subspecies designation and rabies disease dynamics. *Canadian Journal of Zoology* 86: 947-958.
- Dlugosch, K.M. & Parker, I.M. 2008. Founding events in species invasions: genetic variation, adaptive evolution, and the role of multiple introductions. *Molecular Ecology* 17: 431-449. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03538.x>
- Fischer, M.L., Salgado, I., Beninde, J., Klein, R., Frantz, A.C., Heddergott, M., Cullingham, C.I., Kyle, C.J. & Hochkirch, A. 2017. Multiple founder effects are followed by range expansion and admixture during the invasion process of the raccoon (*Procyon lotor*) in Europe. *Diversity and Distributions* 23: 409-420. <https://doi.org/10.1111/ddi.12538>
- Frantz, A.C., Heddergott, M., Lang, J., Schulze, C., Ansoerge, H., Runge, M., Braune, S., Michler, F.-U., Wittstatt, U., Hoffmann, L., Hohmann, U., Michler, B.A., Van Den Berge, K. & Horsburgh, G.J. 2013. Limited mitochondrial DNA diversity is indicative of a small number of founders of the German raccoon (*Procyon lotor*) population. *European Journal of Wildlife Research* 59: 665-674. <https://doi.org/10.1007/s10344-013-0719-6>
- García, J.T., García, F.J., Alda, F., González, J.L., Aramburu, M.J., Cortés, Y., Prieto, B., Pliego, B., Pérez, M., Herrera, J. & García-Román, L. 2012. Recent invasion and status of the raccoon (*Procyon lotor*) in Spain. *Biological Invasions* 14: 1305-1310. <https://doi.org/10.1007/s10530-011-0157-x>
- Heddergott, M., Steinbach, P., Schwarz, S., Anheyer-Behmenburg, H.E., Sutor, A., Schliephake, A., Jeschke, D., Striese, M., Müller, F., Meyer-Kayser, E., Stubbe, M., Osten-Sacken, N., Krüger, S., Gaede, W., Runge, M., Hoffmann, L., Ansoerge, H., Conraths, F.J. & Frantz, A.C. 2020. Geographic Distribution of Raccoon Roundworm, *Baylisascaris procyonis*, Germany and Luxembourg. *Emerging Infectious Diseases* 26(4): 821-823. <https://doi.org/10.3201/eid2604.191670>
- Léger, F. 1999. Le raton laveur en France. *Bull. Mens. ONC* n° 241 : 16-37.
- Léger, F. & Ruetten, S. 2014. Raton laveur et chien viverrin : le point sur leur répartition en France. *Faune sauvage* n° 302 : 9-16.
- Louppe, V., Leroy, B., Herrel, A. & Veron, G. 2019. Current and future climatic regions favourable for a globally introduced wild carnivore, the raccoon *Procyon lotor*. *Scientific Reports* 9: 9174.
- Mori, E., Mazza, G., Menchetti, M., Panzeri, M., Gager, Y., Bertolino, S. & Di Febraro, M. 2015. The masked invader strikes again: the conquest of Italy by the Northern raccoon. *Hystrix, the Italian Journal of Mammalogy* 26(1): 47-51. <https://doi.org/10.4404/hystrix-26.1-11035>
- Salgado, I. 2018. Is the raccoon (*Procyon lotor*) out of control in Europe? *Biodiversity and Conservation* 27: 2243-2256. <https://doi.org/10.1007/s10531-018-1535-9>
- Santonastaso, T.T., Dubach, J., Hauver, S.A., Graser, W.H. & Gehrt, S.D. 2012. Microsatellite analysis of raccoon (*Procyon lotor*) population structure across an extensive metropolitan landscape. *Journal of Mammalogy* 93: 447-455. <https://doi.org/10.1644/10-MAMM-A-410.1>
- Schockert, V., Lambinet, C. & Libois, R. 2016. Convention SPW/ULg sur 15 espèces de mammifères protégés ou concernés par la Convention de Berne et sur 2 espèces exotiques envahissantes : 29-32. *Rapport d'activités 2015-2016*.
- Schockert, V. 2017. Risk analysis of the Raccoon, *Procyon lotor*. *Risk analysis report of non-native organisms in Belgium*. 67 p.
- Tsiamis, K., Gervasini, E., Deriu, I., D'amico, F., Nunes, A.L., Addamo, A.M. & Cardoso, A.C. 2017. *Baseline Distribution of Invasive Alien Species of Union concern*. Ispra (Italy): Publications Office of the European Union; 2017, EUR 28596 EN. <https://doi.org/10.2760/772692>
- Van Den Berge, K. & Gouwy, J. 2009. Exotic carnivores in Flanders: area expansion or repeated new input? *Poster and abstract book Science Facing Aliens Conference, 11 May 2009, Brussels*.
- Verkem, S., De Maeseneer, J., Vandendriessche, B., Verbeylen, G. & Yskout, S. 2003. Zoogdieren in Vlaanderen. Ecologie en verspreiding van 1987 tot 2002. Natuurpunt Studie en JNM-Zoogdierenwerkgroep, Mechelen en Gent, België.