

Premiers loups au Luxembourg depuis 1893, originaires des populations Alpines et d'Europe centrale

DE GRUYTER

Mammalia 2021; 85(3): 193–197

Original study

Laurent Schley*, Marianne Jacobs, Sebastian Collet, Alexander Kristiansen and Jan Herr

First wolves in Luxembourg since 1893, originating from the Alpine and Central European populations

Résumé

Compte tenu de la propagation du loup gris (*Canis lupus*) en Europe au cours des 30 dernières années, le Luxembourg a pris certaines mesures pour préparer le retour de ce grand prédateur, y compris la mise en place d'un plan de gestion qui aborde notamment la question de la déprédation des loups sur le bétail. Nous présentons ici les résultats d'analyses génétiques d'échantillons de salive, de poils et d'excréments de loups putatifs collectés sur ou à proximité de carcasses de proies entre 2015 et 2020. Dans deux cas, la présence du loup a été confirmée par une analyse ADN : en juillet 2017 près de Garnich et en avril 2020 près de Niederaanven, tous deux classés dans la catégorie C1 (preuves tangibles). Un troisième cas a été classé dans la catégorie C2 (observation confirmée) sur la base des caractéristiques de la carcasse de la proie, alors que l'analyse génétique n'a donné aucun résultat. Il s'agit des premiers cas confirmés de loups au Luxembourg depuis 1893. De plus, les deux cas C1 provenaient des populations Alpines (Garnich) et d'Europe centrale (Niederaanven). Au vu des développements similaires dans les pays et régions voisins, nous concluons que la zone comprenant les pays du Benelux ainsi que la Rhénanie-Palatinat, la Sarre et le Nord de la France pourrait bien devenir un creuset pour les loups des deux populations susmentionnées dans les années et décennies à venir.

INTRODUCTION

Le loup gris (*Canis lupus* Linnaeus, 1758) est l'espèce de grand carnivore la plus répandue au monde, son aire de répartition historique couvrant la majeure partie de l'Amérique du Nord et de l'Eurasie (Boitani 2000). En Europe occidentale, l'espèce a été conduite à l'extinction dans de nombreux pays il y a environ 100 à 200 ans par l'extermination directe par l'homme, notamment par la chasse, le piégeage et le colletage (Boitani 2000). Dans les années 1960 et 1970, la répartition des loups avait atteint un niveau historiquement bas en Europe occidentale, les populations ne subsistant plus qu'en Italie, en Espagne et au Portugal (Boitani 2000).

Dans les pays du Benelux, les derniers enregistrements officiels de loups remontent à 1895 pour la Belgique (Delguste-van der Kaa 2003), 1869 pour les Pays-Bas (Flaton 1989) et 1893 pour le Luxembourg (Delguste-van der Kaa 2003).

Suite à la protection du loup gris par la Convention de Berne (Anonyme 1979) et la Directive Habitat de l'UE (Anonyme 1992), et à la protection tout au long de l'année en Pologne depuis

1998 (donc avant que ce pays ne devienne membre de l'UE) (Niedzialkowski et Putkowska-Smoter 2020 ; Nowak et Myslajek 2017), l'espèce a fait un retour remarquable à travers l'Europe de l'Ouest au cours des 30 dernières années (Chapron et al. 2014). En 2015/16, l'Allemagne abritait quelque 47 meutes et 21 couples (Reinhardt et al. 2019*b*), tandis que la France faisait état d'effectifs légèrement inférieurs (Anonymous 2018). A partir des deux populations, des loups individuels se sont dispersés dans d'autres parties de l'Europe ; par exemple, en 2015, un loup est apparu aux Pays-Bas (Lelieveld et al. 2016).

Au vu de ces développements, l'Administration de la nature et des forêts (ANF) :

- (1) a lancé une vaste campagne de sensibilisation du public en 2015 concernant le retour potentiel du loup au Luxembourg ;
- (2) a élaboré un plan national d'action et de gestion du loup (WAMP) en 2016 et 2017, en impliquant toutes les principales parties prenantes dans les discussions (Schley et al. 2017) ;
- (3) en 2015, a commencé à effectuer des tests ADN sur le bétail et le gibier trouvés morts et soupçonnés d'avoir été tués par un prédateur, principalement dans les cas où le coupable n'était pas identifié et où les loups ne pouvaient pas être immédiatement écartés, afin d'identifier une éventuelle présence temporaire ou permanente de loups. L'objectif de cet article est de présenter les résultats des analyses génétiques des échantillons d'ADN collectés sur ou à proximité des carcasses de proies potentielles de septembre 2015 à juin 2020

2. MATERIEL ET METHODE

2.1 Collecte d'échantillons

Entre le 1^{er} septembre 2015 et le 30 juin 2020, nous avons enregistré 30 incidences de bétail ou d'autres animaux trouvés morts, où l'informateur a lié la mort à la prédation par les loups. Une fois l'information parvenue à l'ANF, la procédure décrite dans le WAMP a été suivie (Schley et al. 2017). Les agents de l'ANF ont immédiatement inspecté en détail les sites des attaques ainsi que les carcasses. Dans 17 cas, l'examen des carcasses a montré soit des morsures ou des blessures permettant d'exclure le loup comme prédateur, soit aucun signe de prédation (donc une autre cause de mortalité).

Dans les 13 cas restants, la prédation semblait probable, mais nous n'avons pas pu identifier le coupable sur la base de l'examen de la carcasse, et nous n'avons donc pas pu exclure immédiatement le loup comme prédateur potentiel. Dans un cas, nous avons prélevé des échantillons de crottes trouvées à côté d'un mouton tué, en conservant une partie des crottes dans une solution tampon EDTA, tandis que dans 10 cas, nous avons prélevé des échantillons de salive du prédateur en frottant des cotons-tiges stériles sur les morsures canines des animaux tués, que nous avons enveloppés dans du papier filtre stérile que nous avons placé dans des sacs en plastique contenant du gel de silice pour garder les échantillons secs. Dans les deux autres cas, nous avons trouvé des poils du prédateur présumé sur des cages de lapins qui avaient été fracturées (prédation sur des lapins domestiques), ou à côté de la carcasse de la proie (veau bovin). Les poils ont été insérés dans des enveloppes en papier. Lors de la collecte et du traitement des échantillons, nous avons toujours porté des gants en caoutchouc jetables afin d'éviter toute contamination croisée. Au total, nous avons prélevé 22 échantillons pour les 13 cas, soit plus d'un échantillon dans cinq cas. Nous avons

immédiatement envoyé les 22 échantillons à l'Institut Senckenberg pour une analyse génétique.

2.2 Analyse génétique...

3 RESULTATS

Sur les 13 cas pour lesquels nous avons effectué une analyse ADN, deux se sont avérés être des loups : 2017 près de Garnich (WGS84 : 5.97039 E, 49.62110 N) et 2020 près de Niederanven (WGS84 : 6.22354 E, 49.67393 N) (Tableau 1). **Les deux individus provenaient de deux populations différentes.** L'individu présent près de Garnich était d'origine Alpine (haplotype HW22), le sexage et le génotypage n'ayant donné aucun résultat. L'animal de Niederanven était un mâle de la population d'Europe centrale (haplotype HW01), auquel a été attribué le numéro de génotype GW1608m (nommé « Lulu »). Bien que cet animal particulier n'ait pas été détecté auparavant, il a pu être attribué à la meute de Rodewald vivant au nord du Hanovre en Basse-Saxe (Allemagne), sur la base de l'ADN de ses parents (RWA GW745f × GW717m, DBB 2020). La distance entre la meute de Rodewald et Niederanven est d'environ 460 km à vol d'oiseau. Des échantillons de salive datant de la mi-mars 2020, mais analysés plus tard, ont montré que GW1608m (détecté dans la présente étude) avait traversé la forêt de Veluwe (Pays-Bas) pendant cette période (Anonymous 2020).

Pour quatre échantillons de salive putatifs, les tests ADN n'ont donné aucun résultat, rendant ainsi impossible une évaluation basée sur la génétique. L'un de ces cas (en février 2018 près de Fouhren, WGS84 : 6.19414 E, 49.91033 N) a été classé dans la catégorie C2 (observation confirmée d'un loup) sur la base de l'examen de la carcasse et de l'avis d'experts, comme le prévoit le WAMP (Schley et al. 2017, voir également Reinhardt et al. 2015).

Les sept autres cas n'ont révélé que de l'ADN de chiens domestiques (*Canis familiaris*, trois cas) ou de renards roux (*Vulpes vulpes* Linnaeus, 1758).

Tableau 1 : Résultats de l'échantillonnage génétique sur ou à proximité de proies putativement tuées par un prédateur au Luxembourg (septembre 2015-juin 2020)

Date	Locality	Prey (nb.)	Sample type	n	Predator ^a	Assigned according to WAMP	Accession ^b
26.09.15	Kayl	Sheep (1)	Saliva	1	Domestic dog	False observation = wolf excluded	KJ637098
08.05.17	Kahler	Roe deer (1)	Saliva	1	No result	Evaluation not possible	/
07.07.17	Leudelange	Roe deer (1)	Saliva	1	Domestic dog	False observation = wolf excluded	EU223766
15.07.17	Garnich	Sheep (8)	Saliva	2	Grey wolf, Alpine (W22) ^a , genotype not determined	C1 (hard evidence)	FJ978035
05.09.17	Huldange	Domestic rabbit (10)	Hairs	1	Domestic dog	False observation = wolf excluded	KY549989
08.09.17	Bertrange	Sheep (1)	Scat	1	Red fox	False observation = wolf excluded	AF338800
26.02.18	Fouhren	Sheep (1)	Saliva	2	No result	C2 (confirmed observation)	/
30.08.18	Weiler/Put.	Sheep (2)	Saliva	2	Red fox	False observation = wolf excluded	n.d. ^c
21.09.18	Hivange	Sheep (1)	Saliva	1	No result	Evaluation not possible	/
26.09.18	Fouhren	Sheep (1)	Saliva	1	No result	Evaluation not possible	/
27.04.20	Niederanven	Sheep (3)	Saliva	5	Grey wolf, CE (W01) ^a , GW1608m	C1 (hard evidence)	FJ978005
16.05.20	Steinheim	Bovine (calf) (1)	Hairs	1	Red fox	False observation = wolf excluded	n.d. ^c
25.05.20	Aspelt	Bovine (calf) (1)	Saliva	3	Red fox	False observation = wolf excluded	HF677221.1

^aHaplotypes de loup W01 et W22 selon Pilot et al. (2010) ; ^bLa longueur de séquence de 200-380 pb correspond à 100% à cette accession ; en cas de correspondances multiples, seule la première correspondance est affichée ; ^cNon déterminé : en raison d'une séquence mixte prédateur/proie, aucune correspondance à 100% n'a pu être obtenue dans GenBank, WAMP, Plan d'action et de gestion du loup

4 DISCUSSION

Les loups détectés près de Garnich et de Niederaanven sont les premiers enregistrements confirmés de loups au Luxembourg depuis 1893, attribués à la catégorie C1 (preuves tangibles) (Schley et al. 2017). Ils proviennent de deux populations de loups, la population Alpine, dont l'aire de distribution principale couvre l'Italie, la France et la Suisse, et la population d'Europe centrale, dont l'aire de distribution principale couvre l'ouest de la Pologne ainsi que l'est et le nord de l'Allemagne (Nowak et Myslajek 2016 ; Reinhardt et al. 2019*b*). Le Luxembourg n'est pas le seul pays ou région à avoir détecté des individus issus des deux populations : il en va de même pour d'autres pays ou régions qui étaient exempts de loups depuis plus d'un siècle, par exemple la Belgique (Schockert et al. 2020) et l'Allemagne (Rhénanie-Palatinat (DBBW 2020), Hesse (HLNUG 2020) et Bade-Wurtemberg (Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg 2020). Cette tendance n'est pas vraiment surprenante : Les populations Alpines et d'Europe centrale ont nettement augmenté au cours des six dernières années, l'Allemagne abritant désormais plus de 100 meutes (Reinhardt et al. 2019*a*), et la France plus de 50 meutes (Anonyme 2018). Ainsi, chaque année, de plus en plus de subadultes quittent leur meute natale pour se disperser à travers l'Europe à la recherche d'un partenaire et d'un territoire qui leur soit propre.

Au cours de cette dispersion, où ils peuvent parfois couvrir de grandes distances, de nombreux loups solitaires sont détectés sporadiquement lorsque leur ADN est trouvé sur une carcasse de proie (Andersen et al. 2105 ; Ciucci et al. 2009 ; Ražen et al. 2016 ; Wabakken et al. 2007). De nombreux loups sont tués pendant la dispersion, principalement sur les routes, tandis qu'un peu de braconnage se produit également (Reinhardt et al. 2019*a*). Jusqu'en 2019, la reproduction connue la plus proche du Luxembourg avait eu lieu en 2013 dans les Vosges Françaises (Duchamp et al. 2016). Cependant, depuis 2019, des événements de reproduction ont été enregistrés dans la forêt de Veluwe aux Pays-Bas, près de Leopoldsburg en Belgique (Schockert et al. 2020) et dans la région de Westerwald en Rhénanie-Palatinat (Reinhardt et al. 2019*a*).

De ce qui précède, trois conclusions peuvent être tirées :

- (1) Les loups sont susceptibles de revenir, que ce soit de manière temporaire ou permanente, même dans les zones les plus densément peuplées et les plus fragmentées d'Europe (voir aussi Chapron et al. 2014).
- (2) D'un point de vue scientifique, il semble probable que la zone comprenant les pays du Benelux ainsi que la Rhénanie-Palatinat, la Sarre et le Nord de la France puisse devenir un creuset pour les loups des deux populations susmentionnées dans les années et les décennies à venir.
- (3) Du point de vue de la gestion, la décision de tous les pays et régions de cette zone d'élaborer des plans de gestion des loups (par exemple, Anonymous 2015, 2018 ; Bettinger 2017 ; Everaert et al. 2018 ; Groot Bruinderink et Lammertsma 2013 ; Schley et al. 2017 ; Schockert et al. 2020) s'est avérée judicieuse. Les plans de gestion devraient fournir à ces pays et régions un outil utile pour atténuer les conflits potentiels entre ces grands prédateurs et les intérêts humains, en particulier l'élevage, pour traiter les questions de conservation telles que l'hybridation avec les chiens domestiques (Salvatori et al. 2020) et pour sensibiliser le public. La coopération et la gestion transfrontalières seront particulièrement importantes (voir Boitani 2000).