

**DEPARTEMENT SYSTEMATIQUE & EVOLUTION DU MUSEUM NATIONAL
D'HISTOIRE NATURELLE (PARIS)**



**CONNAITRE LES CAPACITES DE DISPERSION DE LA SITTELLE
CORSE POUR APPRECIER SON APTITUDE A FAIRE FACE A LA
FRAGMENTATION DE SON HABITAT
(ETUDE COMPLEMENTAIRE)**

ETUDE REALISEE POUR LA D.R.E.A.L. DE CORSE

Jean-Claude Thibault^a, Alice Cibois^b & Eric Pasquet^a

^aUMR 7205 Origine et Structure et Evolution de la Biodiversité, Muséum National d'Histoire
Naturelle

^bMuséum d'Histoire Naturelle de la Ville de Genève



aquarelle Denis Clavreul

RAPPORT FINAL
(Arrêté n° 2012352-0005)

Résumé

L'effectif de la sittelle corse (Sitta whiteheadi) est faible, inférieur à 2.000 couples. Son habitat, la futaie mature de pin laricio (Pinus nigra) s'étend sur une superficie de 185 km² avec une répartition très fragmentée, comprenant seulement 45 massifs dont la superficie varie de sept à quelques milliers d'hectares. Cette situation est le résultat des défrichements du passé, des feux de forêts toujours d'actualité, et de l'exploitation forestière qui entre en compétition avec la sittelle pour le choix des bois de gros diamètre. En raison de ces menaces, il est important d'apprécier les capacités de dispersion et le niveau des échanges des sittelles corses entre les massifs forestiers pour évaluer les risques d'extinction des plus petits et des plus isolés. Un premier travail réalisé pour la DREAL de Corse qui portait sur un échantillon de 87 individus de cinq stations différentes avait montré qu'il existait une structuration génétique de la population, mais l'échantillon était insuffisant pour que l'étude soit concluante. C'est pourquoi nous avons entrepris une étude complémentaire qui a permis de réunir des échantillons dans sept stations supplémentaires.

La présente étude a pour objectif d'analyser la structuration actuelle des populations et d'évaluer s'il existe un flux génique entre elles. Il se fonde sur la présence de marqueurs microsatellites variables dans le génome nucléaire. Douze populations de sittelles ont été étudiées. Les premiers résultats montrent qu'il existe une différence entre les oiseaux de trois stations du nord de la Corse (Bonifatu, Fratte et Melaja) et ceux de huit stations du sud (Aitone, Guagnu, Melu, Poggio di Nazza-Pietrapiana, Rospa Sorba, Tova, Valdoniellu et Vizzavona). Aucune relation entre l'éloignement des fragments forestiers et la distance génétique n'a été décelée. Le faible flux de gènes entre les deux groupes suggère qu'il y a relativement peu d'échanges et donc une faible dispersion entre les populations du nord et du sud qu'une barrière rocheuse de plus de 1.900m d'altitude sépare. Dans l'état actuel des analyses nous ne sommes pas en mesure de dater la divergence entre les deux groupes. Le premier groupe est confiné sur une superficie inférieure à 1.000 ha et représente seulement 6% de l'ensemble de l'effectif. Les forêts les plus importantes du nord ont subi des coupes de bois importantes dans les années 1990, puis en 2003 un incendie qui a éliminé plusieurs dizaines de territoires de sittelles supplémentaires. Des martelages effectués en 2012 annoncent de nouvelles coupes, alors qu'il conviendrait pour la conservation de cette population génétiquement différenciée d'y bannir l'exploitation forestière.

Objectif de l'étude

Les Sittidés constituent une famille d'oiseaux pour lesquelles les risques d'extinction sont élevés, puisque sur 24 espèces, huit sont inscrites comme menacées sur la liste rouge de l'UICN (www.iucnredlist.org). La sittelle corse (*Sitta whiteheadi*), en raison de son faible effectif, inférieur à 2.000 couples et affecté d'un déclin récent, fait partie de ce groupe d'espèces menacées. Elle est désormais classée comme « vulnérable » par l'UICN. Son habitat, la futaie mature de pin laricio (*Pinus nigra*) s'étend sur une superficie inférieure à 20.000 hectares avec une répartition très fragmentée, comprenant seulement 45 massifs dont la superficie varie de sept à quelques milliers d'hectares (Figure 1). Cette situation est le résultat des feux de forêts et des défrichements, les études de pollens et de charbons de bois sub-fossiles montrant que le pin laricio recouvrait une majeure partie de l'île à l'Antiquité. La dégradation de la pineraie de laricio se poursuit de nos jours avec les incendies [2000 : forêts du Tavignanu, de Corte, de Ghisoni, et de Vivariu avec l'extinction de plus d'une centaine de territoires (Thibault *et al.* 2004) ; 2003 : forêts de Melaja et de Tartagine, disparition de plusieurs dizaines de territoires (Moneglia *et al.* 2009a et b)]. A ceci s'ajoute l'exploitation forestière qui s'est accentuée à partir des années 1970 avec l'ouverture d'un vaste réseau de pistes permettant d'accéder à des forêts naguère utilisées seulement pour le gemmage (*e.g.* Melu). En recherchant les bois de gros diamètre, les exploitants entrent en compétition directe avec les sittelles (Villard *et al.* 2014).

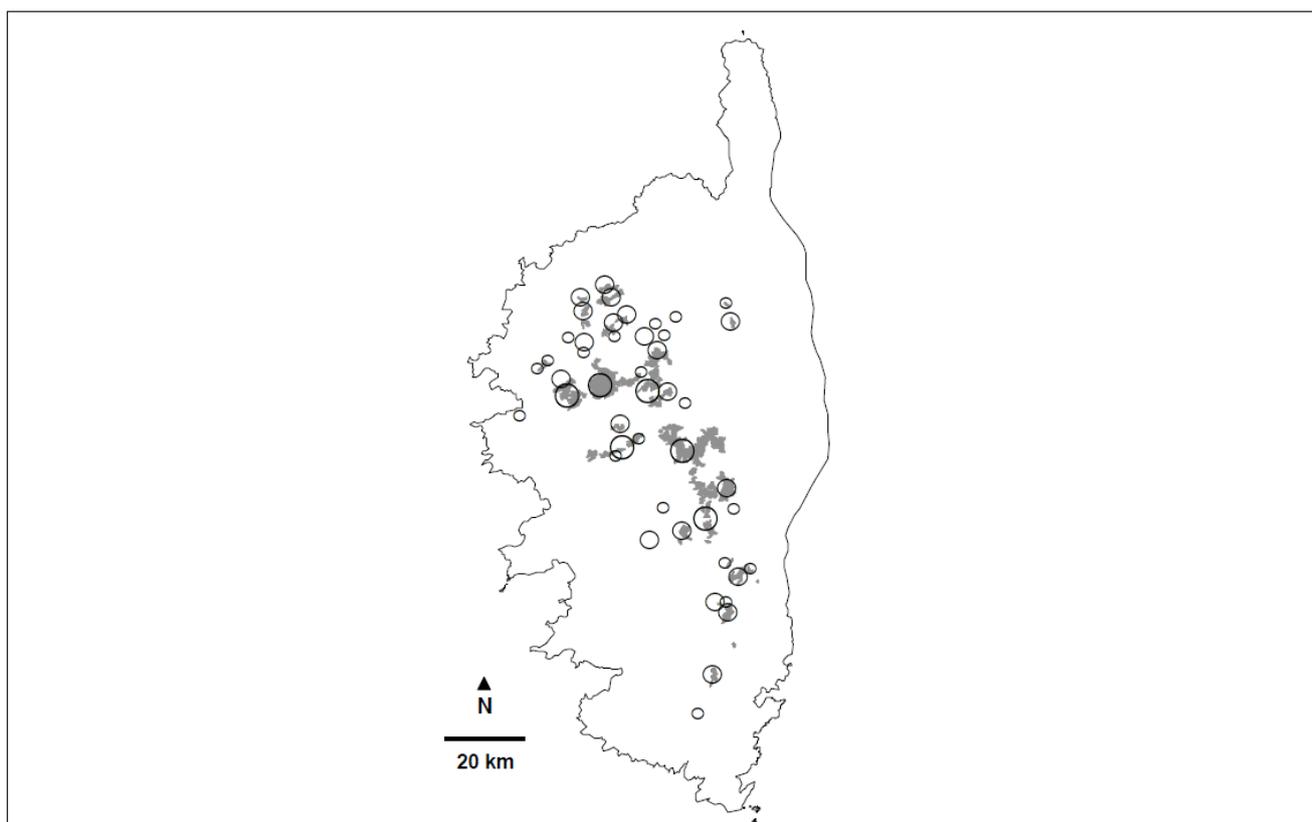


Figure 1. Répartition et effectif de la sittelle corse (état en 2009). Les cercles évidés figurent trois classes d'effectif (1-9 territoires, 10-99 territoires, égal ou supérieur à 100 territoires (d'après Thibault *et al.* 2011)

Du fait de son habitat morcelé, il apparaît important pour la conservation à long terme de la sittelle d'évaluer les capacités de dispersion et le niveau des échanges des oiseaux entre les massifs forestiers. Cet objectif sera abordé avec l'outil moléculaire en analysant la structuration génétique actuelle des populations et en évaluant s'il existe un flux génique entre elles. L'étude se fonde sur la présence de marqueurs microsatellites variables dans le génome nucléaire. Les marqueurs microsatellites sont des séquences d'ADN très courtes, formées de motifs répétés de deux à cinq nucléotides de longueur. Le nombre de ces zones répétées est généralement extrêmement variable entre individus d'une même espèce. Les microsatellites sont donc fréquemment utilisés pour étudier la génétique des populations (Avisé 2000). Avec un échantillon d'individus et de stations beaucoup plus important, la présente étude complète un précédent travail réalisé également pour la D.R.E.A.L. de Corse en 2008 (Cibois *et al.* 2008).

Méthodes

Prélèvement des échantillons

Tous les individus ont été capturés à l'aide de filets placés dans les sous-bois de pins laricio, en repassant des enregistrements de chant pour attirer les oiseaux (Roché 1990). Les sittelles étant des oiseaux très territoriaux, les individus attirés étaient majoritairement des mâles (ce qui ne pose aucun problème pour les analyses génétiques). L'ensemble des manipulations (prélèvement de tissu, prise de mesures et photographies) dure quelques minutes seulement pour chaque oiseau qui est ensuite relâché sur le lieu même de sa capture. Les oiseaux étaient munis d'une bague de couleur avant d'être relâchés de façon à ne pas attraper le même individu deux fois. Les captures étaient réalisées dans le cadre d'un programme personnel du CRBPO (MNHN, Paris).

Un prélèvement de tissu biologique (sang ou plume) a été réalisé pour tous les individus capturés. Une ponction de la veine ulnaire (dessous de l'aile) avec une seringue stérile de type à insuline permet de prélever une quantité nécessaire de sang (< 20 µl), placée immédiatement dans un tampon APS (Actander 1988) dans lequel le sang ne coagule pas et peut être conservé à température ambiante pendant plusieurs semaines. Les plumes sont délicatement enlevées et placées immédiatement dans un tube contenant de l'alcool à 90° qui fixe et conserve les cellules présentes dans la base du rachis. Selon les années de capture, l'un ou l'autre des deux types d'échantillons ont été effectués, les deux étant sans conséquence pour la survie ou le comportement de l'oiseau (Sheldon *et al.* 2008).

Lieux de récolte du matériel

Pour compléter l'échantillon précédent (Cibois *et al.* 2008), nous avons choisi de nouveaux sites qui avaient une position centrale (massifs Aitone – Valdoniellu – Melu et Vizzavona – Rospa Sorba), et d'autres qui étaient géographiquement éloignés (Guagnu, Tova).

Le Tableau 1 présente l'origine des 202 individus capturés, pour la très grande majorité des mâles de territoires distincts, qui représentent près de 10% de l'effectif de l'espèce en nombre de territoires. Les stations échantillonnées représentent un quart des fragments occupés par des sittelles. La Figure 2 présente leur localisation géographique. Nous avons choisi d'avoir une bonne représentation géographique des sites (extrêmes nord et sud sont représentés), mais comme nous nous étions fixés de capturer au moins quinze individus par stations, nous n'avons pas capturé dans les petits fragments forestiers (forêt de Piana, bois de Verdanezze, montagne de Cagna, etc.) où les effectifs sont souvent de l'ordre de quelques couples. Les seules exceptions sont Lonca et Santu Pietru d'Accia, où un seul individu par station a pu être échantillonné et que nous avons inclus dans l'analyse exploratoire. Au total 14 stations ont été échantillonnées : les massifs forestiers contigus,

échantillonnés par plusieurs stations, sont traités comme une même population dans l'analyse (ex. massif Aitone – Valdoniellu – Melu).

Localités	abréviations	N échantillons
Aitone + Valdoniellu + Melu (FT)	AIT	61
Lonca (FT)	LONCA	1
Ascu (FC)	ASC	22
Bonifatu + Melaghia (FT)	BON	16
Fratte (FC de Calenzana)	FRA	15
Guagnu (FT)	GUA	15
Melaja (FT Tartagine-Melaja)	MELA	15
Poggio di Nazza + Pietrapiana (FC, FT)	POG	14
Tova (FT)	TOV	15
Vizzavona + Rospa Sorba (FT)	VIZ	27
Santu Pietru d'Accia (FC)	SPA	1
Total		202

Tableau 1. Effectifs et stations échantillonnées (FC = forêt communale, FT = forêt territoriale).

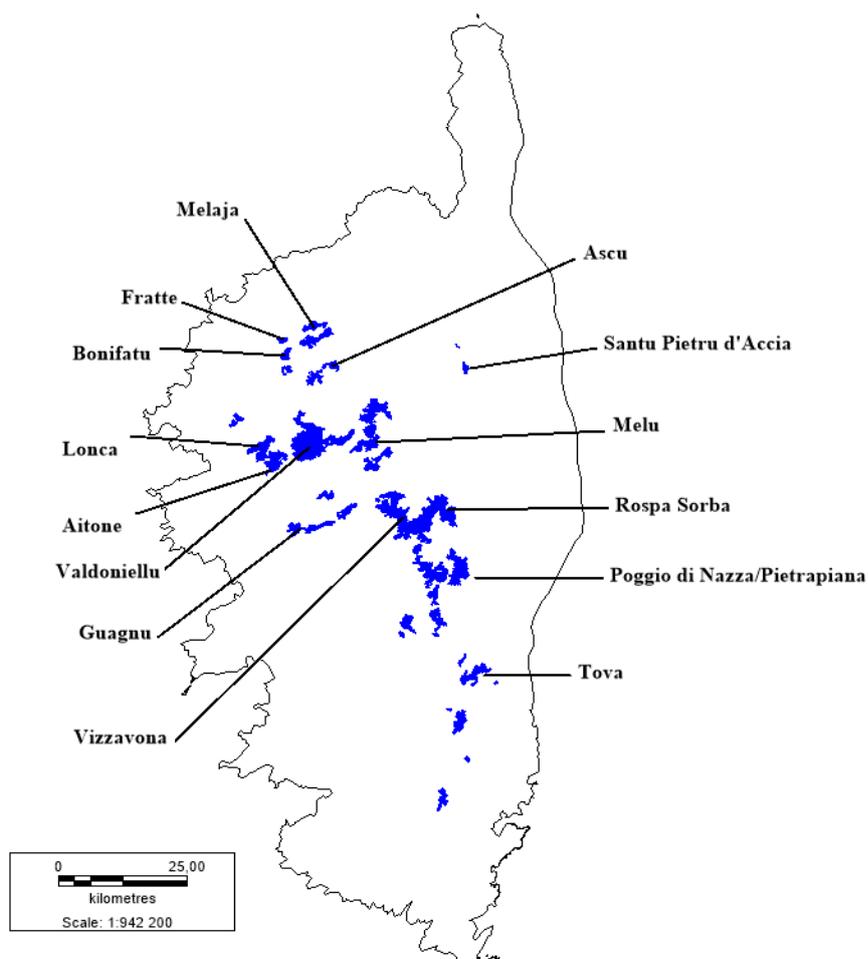


Figure 2. Situation géographique des localités échantillonnées dans l'aire de répartition du pin laricio (en bleu)

Le Tableau 2 indique les distances entre les principales stations échantillonnées.

	Aitone	Ascu	Bonifatu	Fratte	Guagnu	Melaja	Melu	Poggio di Nazza	Rospa Sorba	Tova	Valdoniellu
Ascu	18										
Bonifatu	19	8									
Fratte	23	8	3								
Guagnu	17	30	34	37							
Melaja	26	9	10	5	38						
Melu	20	17	25	26	20	24					
Poggio di Nazza	43	49	56	57	30	56	33				
Rospa sorba	35	38	46	47	23	45	22	12			
Tova	57	68	73	75	40	75	51	20	32		
Valdoniellu	5	16	20	23	14	25	13	38	29	53	
Vizzavona	31	38	44	46	16	45	21	13	8	30	27

Tableau 2. Distances de forêt à forêt exprimées en km (mesurées depuis le centre des forêts) Les localités SPA (=Santu Pietru d'Accia) et Lonca n'y figurent pas)

Laboratoire

Le travail de laboratoire a été réalisé au Service de Systématique Moléculaire (UMS2700-CNRS, MNHN). L'ADN total a été extrait suivant le protocole standard du kit Dneasy Tissue kitDloop (Qiagen, Valencia, CA, USA). Dans cette étude, nous avons utilisé 10 marqueurs microsatellites développés pour la sittelle de Krüper (*Sitta krueperi*) (Albayrak *et al.* 2012) et la sittelle à tête brune (*Sitta pusilla*) (Haas *et al.* 2009). Une enzyme multiplex (Qiagen) a été utilisée pour l'amplification en un seul lot des dix couples d'amorces marquées. Les produits PCR ont ensuite été combinés à un marqueur de taille standard (500 ROX, ABI) avant d'être chargés sur un séquenceur automatique ABI 3700. Au final, les fragments microsatellites ont été analysés à l'aide du logiciel Peak Scanner (ABI). Nous avons utilisé Arlequin 3.1 (Excoffier *et al.* 2005), GDA 1.0 (Lewis & Zaykin 2001) et MSA 4.05 (Dieringer & Schlötterer 2003) pour décrire les données et calculer les indices standards de divergence génétique, et BAPS 5.2 (Corander & Marttinen 2006) pour estimer la structure des populations.

Résultats

Les microsatellites étudiés

Sur les 10 microsatellites étudiés, cinq se sont révélés polymorphes pour les populations échantillonnées (Tableau 3). Le nombre maximal d'allèles est de sept pour le locus Spu4-E7 (moyenne de 3 pour tous les loci). Des allèles uniques à une population (« private alleles ») ont été trouvés pour VIZ (locus SpuL5-22), ASC (locus SpuE19) et AIT (locus SpuE19). Le nombre d'hétérozygotes observés est en moyenne de 47% par population. Les loci SpuL5-22, SpuE19 et SpuL6-26 dévient du nombre attendu d'hétérozygotes par rapport à une situation idéale à l'équilibre (« équilibre de Hardy-Weinberg », Lowe *et al.* 2004) chacun pour une population différente (respectivement FRA, GUA et VIZ). Il est possible que ces déviations soient dues à la présence d'allèles nuls dont l'évaluation nécessitera des analyses complémentaires. Les valeurs de l'index de Garza-Williamson (Lowe *et al.* 2004) sont proches de 1 (moyenne de 0.82), ce qui suggère que les populations n'ont pas subi récemment de goulot d'étranglement. L'estimation de la différenciation pour chaque locus est donnée par D_{est} , un indice adéquat pour les petits jeux de données avec une faible variation (Crawford 2010) : deux loci (SpuL6-26 et Spu4-E7) ont un indice proche ou égal à zéro, indiquant une absence de différence pour l'ensemble des populations. La différenciation totale est globalement faible ($D_{est\ totale} = 0.068$), avec moins de 7% de la variation totale expliquée par les différences entre populations. Si les deux loci SpuL6-26 et Spu4-E7 ne sont plus tenus en compte dans l'analyse, l'indice de différenciation augmente mais reste en dessous de 20% ($D_{est\ totale} = 0.16$).

	SpuL5-22	SpuE19	SpuL6-26	SpuL4-3	Spu4-E7	N	He	Ho	G-H
AIT	3	7	2	2	5	61	0.53656	0.50890	0.81
LONCA	1	1	1	1	2	1	1	1	-
ASC	3	7	2	2	4	22	0.52409	0.53377	0.83
BON	3	6	2	2	4	16	0.53552	0.44821	0.80
FRA	3	7	2	2	4	15	0.58480	0.41091	0.81
GUA	3	5	2	2	4	15	0.46628	0.32513	0.80
MELA	3	5	2	2	4	15	0.56789	0.50381	0.87
POG	3	4	2	2	4	14	0.48547	0.53506	0.87
TOV	3	5	2	2	4	15	0.53333	0.50667	0.79
VIZ	4	7	2	2	5	27	0.53176	0.45755	0.85
SPA	1	1	1	1	2	1	1	1	-
Total	4	10	2	2	5	202	0.52952	0.47000	
D_{est}	0.15	0.25	-0.022	0.14	0.07				

Tableau 3. Résumé de la statistique des populations étudiées de sirtelle corse, par locus et par population. Nombre d'haplotypes et D_{est} par locus (estimation de la différenciation). **N** nombre d'individus analysés; **He** hétérozygoté attendue; **Ho** hétérozygoté observée; **G-W** index de Garza-Williamson

Les valeurs de F_{st} entre populations prises deux à deux sont indiquées dans le Tableau 4. Près de 80% des comparaisons significatives incluent l'une des trois populations BON-FRA-MELA, suggérant qu'elles sont les plus distinctes du reste des populations. La matrice des distances génétiques, présentée sous forme d'un arbre UPGMA, montre également une différenciation de ces trois populations par rapport aux autres (Fig. 3).

	AIT	LONCA	ASC	BON	FRA	GUA	MELA	POG	TOV	VIZ	SPA
AIT	0.00000										
LONCA	0.24447	0.00000									
ASC	0.00715	0.16108	0.00000								
BON	0.07761	0.26333	0.05845	0.00000							
FRA	0.06028	0.22500	0.04800	-0.01867	0.00000						
GUA	0.04914	0.45421	0.09099	0.11681	0.11481	0.00000					
MELA	0.02769	0.20597	0.01310	-0.01994	-0.02363	0.08033	0.00000				
POG	-0.00434	0.34851	0.02018	0.07844	0.06350	0.05736	0.03130	0.00000			
TOV	0.00947	0.33990	0.06049	0.13256	0.11231	0.03548	0.07624	0.02095	0.00000		
VIZ	0.00917	0.21478	-0.00245	0.07397	0.07009	0.02443	0.05883	0.02849	0.03656	0.00000	
SPA	0.04952	1.00000	0.05595	0.15141	0.14235	-0.00939	0.08803	0.09147	0.00942	-0.01186	0.00

Tableau 4. Valeurs brutes des F_{st} entre populations prises deux à deux. Les valeurs significatives avec ($P < 0.05$) sont indiquées en gras (les valeurs négatives sont équivalentes à zéro).

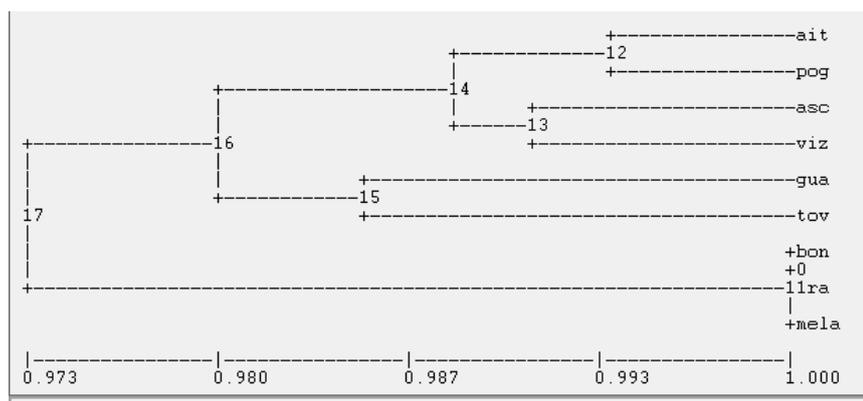


Figure 3. Phénogramme des distances génétiques entre populations (les deux individus isolés SPA et LONCA exclus).

Ce résultat est confirmé par l'analyse de la structuration des populations réalisée à l'aide de méthode bayésienne d'assignation de populations et d'individus à des groupes (logiciel BAPS, Figure 4). Le regroupement le plus probable est composé de deux groupes, l'un formé par BON, FRA et MELA (appelé ensuite le groupe NORD), l'autre par le reste des populations (le groupe SUD) ; les deux individus isolés se placent pour LONCA dans le groupe NORD et pour SPA dans le groupe SUD, sachant que ces assignations isolées sont à prendre avec précaution.

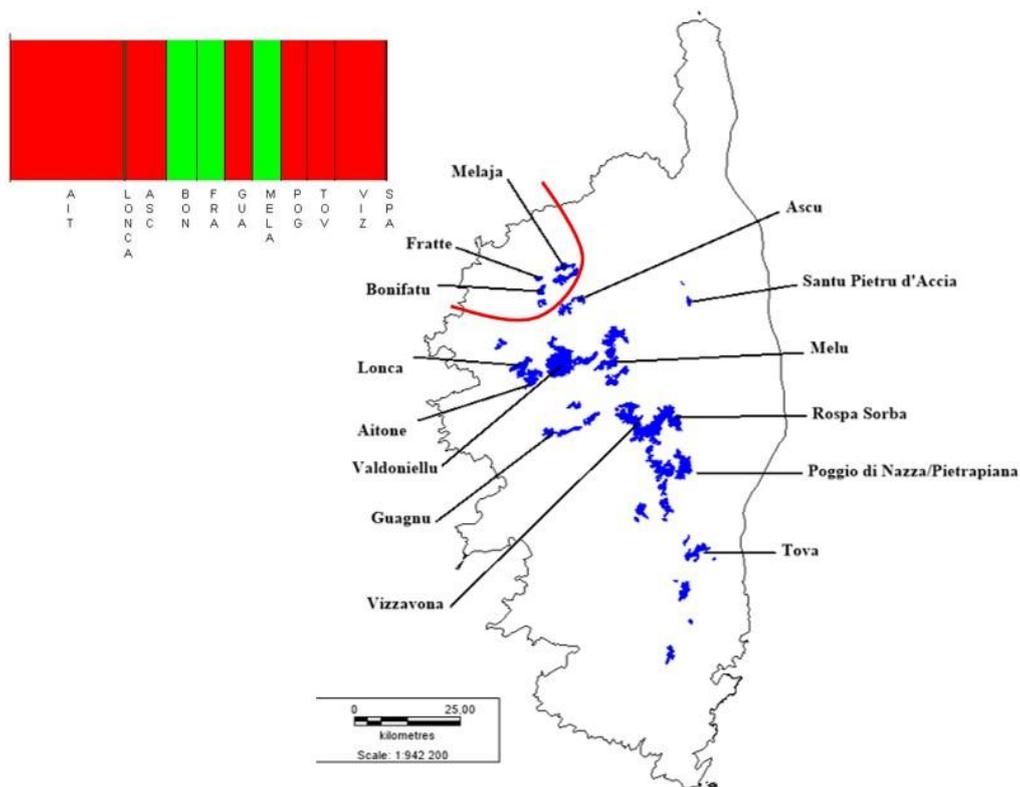


Figure 4. Résultats de l'analyse bayésienne de structuration des populations. Chaque colonne correspond à une population, le code couleur indiquant les deux groupes les plus probables obtenus dans l'analyse.

Discussion

L'existence de deux groupes génétiquement distincts de sittelles (Cibois *et al.* 2008) est confirmée dans la présente étude. Le premier groupe comprend trois populations au nord et le second neuf populations au sud. Ni la distance, ni la fragmentation des massifs forestiers ne semblent avoir favorisé la séparation génétique des deux groupes. Les deux stations les plus proches de chacun des groupes sont séparées par seulement 8 km, alors que 68 km séparent les deux populations les plus extrêmes du groupe sud (Ascu-Tova). Mais les deux groupes sont séparés géographiquement par une longue barre rocheuse asylvatique qui s'étend du Padru au nord-est, au moins jusqu'à la Punta Minuta au sud-ouest (Figure 5).

Dans l'état actuel des analyses, nous sommes dans l'incapacité de dater la séparation des deux groupes. Il est probable cependant que cette différence génétique entre les deux groupes soit liée à un évènement climatique dans le passé, entraînant une isolation de blocs forestiers pendant une période de temps suffisante pour induire des différences au niveau du génome des populations de sittelles. On peut ainsi probablement exclure un effet anthropique récent de fragmentation des forêts, qui aurait alors laissé une trace dans d'autres populations plus isolées, comme Tova. La différence génétique entre les deux groupes est faible, mais le fait qu'elle soit toujours visible suggère que son maintien soit rendu pérenne grâce à la biologie de la sittelle corse : une extrême sédentarité en raison de sa commensalité avec le pin laricio, un système social basé sur un couple restant ensemble jusqu'à la disparition de l'un des deux partenaires, une grande philopatrie des jeunes, une résistance au froid et à

l'enneigement grâce au développement d'un système de caches des graines accessibles par tous les temps (Thibault *et al.* 2006; Thibault & Jenouvrier 2006). L'observation par les ornithologues de sittelles en dehors de l'aire du pin laricio est exceptionnelle.

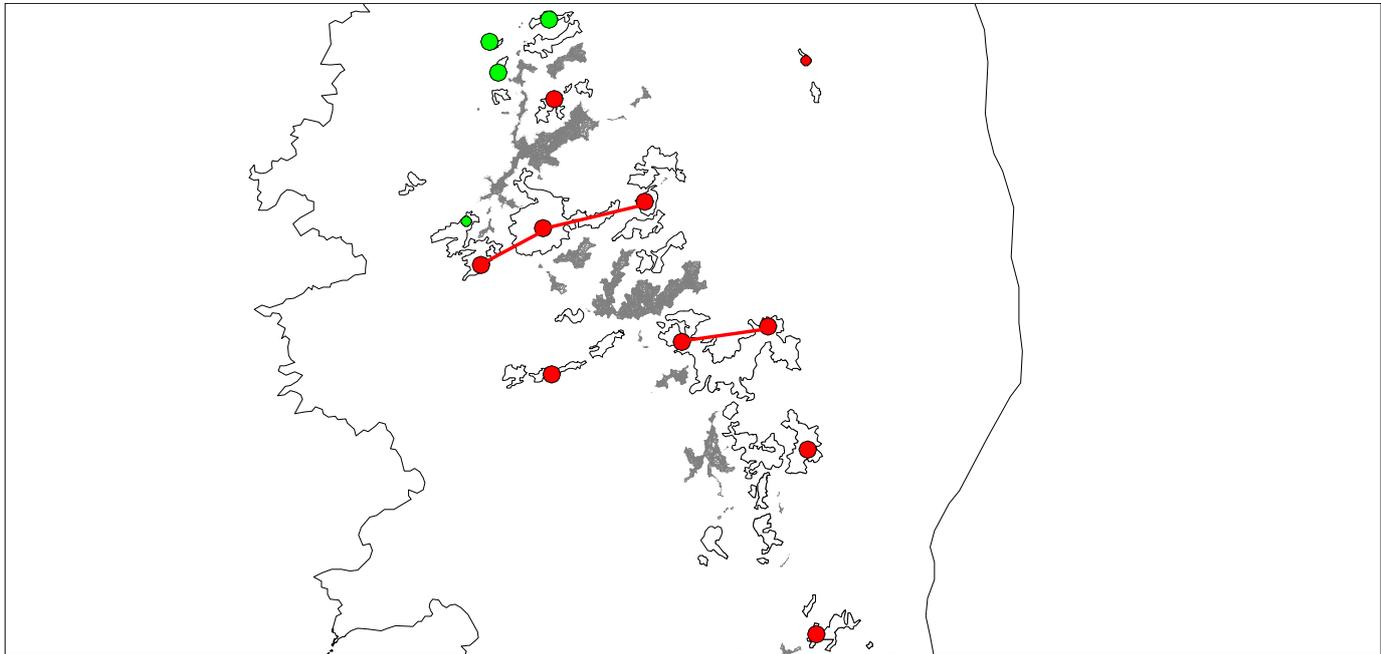


Figure 5. Répartition des populations des deux groupes génétiquement distincts de sittelle corse (vert pour le nord, rouge pour le sud) par rapport aux massifs montagneux dont l'altitude est supérieure à 1900m (figurés en gris). Les forêts de pins laricio en blanc. Les localités regroupées dans l'analyse (massifs forestiers contigus) sont reliées par un trait. Les deux stations avec un seul individu (Lonca et Santu Pietru d'Accia) sont figurées par un point de taille plus petite.

Conclusion

Si l'aire de répartition du pin laricio est stable, plutôt en augmentation depuis une trentaine d'années avec la reconquête d'anciens pâturages, voire de châtaigneraies, par des jeunes peuplements, les boisements matures régressent avec les incendies et l'exploitation forestière, entraînant un déclin de l'effectif des sittelles. C'est en particulier le cas pour les populations du groupe nord qui totalisent seulement 6% de l'effectif total, répartis sur environ 850 ha. Dans la seule forêt de Melaja on relève des coupes importantes dans les années 1990 qui provoquèrent un premier déclin (documenté par le recensement des territoires ; Beck 1992), puis l'incendie de 2003 (Moneglia *et al.* 2009 a et b) qui a été suivi de la disparition de près de 40% des territoires. Un martelage de 2012 laisse envisager de nouvelles coupes dans des parcelles occupées par les sittelles. Préserver les sittelles du groupe du nord dont nous avons montré l'originalité génétique devrait être une priorité régionale en matière de conservation de la nature.

Références

Arctander, P. 1988. Comparative studies of avian DNA by restriction fragment length polymorphism analysis: Convenient procedures based on blood samples from live birds. *Journal für Ornithologie* 129: 205-216.

- Albayrak, T., Gonzalez, J., Drovetski, S.V. & Wink, M. 2012. Phylogeography and population structure of Krüper's Nuthatch *Sitta krueperi* from Turkey based on microsatellites and mitochondrial DNA. *J. Ornithol.* 153: 405-411.
- Avise, J.C. 2000. *Phylogeography. The history and the formation of species*. Cambridge, Massachusetts: Harvard University Press.
- Beck, N. 1992. Conservation de la Sittelle corse *Sitta whiteheadi* Sharpe, 1844 : sa place dans les aménagements forestiers. *Tr. Sc. Parc Nat. Rég. et Rés. Nat. de Corse*, 40 : 1-32.
- Cibois, A., Thibault, J.-C. & Pasquet, E. 2008. *Connaître les capacités de dispersion de la sittelle corse pour apprécier son aptitude à faire face à la fragmentation de son habitat*. Parc Naturel Régional de Corse et Département Systématique & Evolution du Muséum National d'Histoire Naturelle. Rapport inédit, 10p.
- Corander J, Marttinen P. 2006. Bayesian identification of admixture events using multi-locus molecular markers. *Molecular Ecology* 15: 2833-2843.
- Crawford NG. 2010. SMOGD: software for the measurement of genetic diversity. *Molecular Ecology Resources*, 10, 556-557.
- Dieringer, D. & Schötterer, C. 2003. Microsatellite analyser (MSA): a platform independent analysis tool for large microsatellite data sets. *Molecular Ecology Notes* 3: 167-169.
- Excoffier, L., Laval, G. & Schneider, S. 2005. Arlequin ver. 3.1: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online* 1: 47-50.
- Haas, S.E., Smith, J.V., Kimball, R.T. & Clark, A.M. 2009. Isolation and characterization of polymorphic microsatellite markers for the brown-headed nuthatch (*Sitta pusilla*). *Conser. Genet.* 10: 1393-1395.
- Lewis, P. O., and Zaykin, D. 2001. Genetic Data Analysis: Computer program for the analysis of allelic data. Version 1.0 (d16c). Free program distributed by the authors over the internet from <http://lewis.eeb.uconn.edu/lewishome/software.html>
- Lowe, A., Harris, S. & Ashton, P. 2004. *Ecological genetics: Design, Analysis and Application*. Oxford: Blackwell.
- Moneglia, P., Besnard, A., Thibault, J.-C., Beck, N. & Prodon, R. 2009a. Conséquences du feu sur l'effectif de deux populations de sittelle corse. *Bulletin de la Société des Sciences Hist. & Nat. de la Corse (726-727)* : 9-16.
- Moneglia, P., Besnard, A., Thibault, J.-C. & Prodon, R. 2009b. Habitat selection of the Corsican nuthatch (*Sitta whiteheadi*) after a fire. *Journal of Ornithology* 150: 577-583.
- Pasquet, E. 1998. Phylogeny of the nuthatches of the *Sitta canadensis* group and its evolutionary and biogeographic implications. *Ibis* 140 : 150-156.
- Richardson, D.S., Jury, F.L., Dawson, D.A., Salgueiro, P., Komdeur, J. & Burke, T. 2000. Fifty Seychelles warblers (*Acrocephalus sechellensis*) microsatellite loci polymorphic in Sylviidae species and their cross-species amplification in other passerine birds. *Mol. Ecol.* 9: 2155-2234.
- Roché, J.-C. 1990. *Tous les oiseaux d'Europe en 4 CD*. Vol. 4. Ed. Sittelle, La Mure.
- Sheldon, L.N., Chin, E.H., Gill, S.A., Newman, A.E.M. & Soma, K.K. 2008. Effects of blood collection on wild birds: an update. *J. Avian Biol.* 39: 369-378.
- Thibault, J.-C., Hacquemand; D., Moneglia, P., Pellegrini, H., Prodon, R., Recorbet, B., Seguin, J.-F. & Villard, P. 2011. Distribution and population size of the Corsican Nuthatch (*Sitta whiteheadi*). *Bird Conservation International* 21: 199-206.
- Thibault, J.-C. & Jenouvrier, S. 2006. Annual survival rates of adult male Corsican Nuthatches. *Ringin & Migration* 23: 85-88.
- Thibault, J.-C., Prodon, R. & Moneglia, P. 2004. Impact des incendies de l'été 2000 sur l'effectif d'une espèce endémique menacée: la Sittelle corse (*Sitta whiteheadi*). *Ecologia Mediterranea* 30 : 63-71.
- Thibault, J.-C., Prodon, R., Villard, P. & Seguin, J.-F. 2006. Habitat requirements and foraging behaviour of the Corsican nuthatch (*Sitta whiteheadi*). *Journal of Avian Biology* 37: 477-486.
- Villard, P., Besnard, A., Thibault, J.-C., Recorbet, B. & Prodon, R. 2014. Selection of mature and old stands by the Corsican Nuthatch *Sitta whiteheadi* in harvested forests. *Ibis*: 156