

Réserves
Naturelles
DE FRANCE



MARAIS COMMUNAL
DU POIRÉ-SUR-VELLUIRE

Réserve
naturelle régionale
PAYS DE LA LOIRE



Le Parc
naturel régional
du Marais poitevin

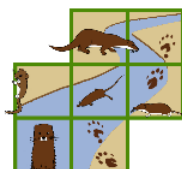
Réserve Naturelle Régionale du marais communal du Poiré-sur-Velluire

Suivi du peuplement de mammifères remarquables

Février 2024

Réalisation :

SARL GREGE
1 La Peyrère
33730 VILLANDRAUT
www.grege.net



GREGE

Groupe de Recherche et d'Etude
pour la Gestion de l'Environnement

Avec le concours financier :



RAPPORT TECHNIQUE

SOMMAIRE

1. CONTEXTE ET OBJET	1
2. MATERIEL ET METHODES	2
2.1. PROTOCOLE ET ANALYSES PROPOSES	2
2.2. METHODE D'ANALYSE GENETIQUE	3
3. RESULTATS	4
3.1. ECHANTILLONS TRANSMIS POUR ANALYSES	4
3.1.1. <i>Echantillons transmis pour l'inventaire de 2023</i>	4
3.1.2. <i>Comparaison de données de captage d'indices entre 2021 et 2023</i>	8
3.2. ESPECES DETECTEES	11
3.2.1. <i>Inventaire de 2023</i>	11
3.2.2. <i>Analyse comparative avec les résultats de 2021</i>	14
4. BILAN - CONCLUSION	16

1. CONTEXTE ET OBJET

Le Parc naturel régional du Marais Poitevin assure la gestion de la Réserve Naturelle régionale du Marais communal du Poiré-sur-Velluire et la maîtrise d'œuvre du nouveau plan de gestion 2020-2025. Dans le cadre du Plan de gestion 2020-2025 de la Réserve naturelle régionale du marais communal du Poiré-sur-Velluire, six suivis biologiques seront réalisés en 2023 divisés en six lots.

L'objectif des différents suivis biologiques est de mesurer l'état de conservation du marais communal, son évolution et d'améliorer les connaissances.

Une consultation a été lancée dans le cadre d'un marché public d'études N° 23S2591 comprenant six lots ciblant divers cortèges végétaux ou animaux.

Pour le Lot 4 : Micromammifères - Fourniture du matériel pour le suivi des micromammifères et réalisation des analyses ADN, l'objectif est d'identifier la présence de mammifères remarquables, notamment la **Musaraigne aquatique** (*Neomys fodiens*). L'objet de la mission vise à fournir des « tubes capteurs de fèces » dans le but de détecter la présence de *Neomys fodiens*, effectuer les analyses ADN des échantillons récoltés et rédiger un rapport rendant compte des espèces détectées par ce protocole.

Le **GREGE**, bureau d'études et organisme de recherche en environnement, est **spécialisé depuis près de 30 ans dans l'étude et la conservation des mammifères semi-aquatiques** et terrestres et de leurs habitats. Le GREGE travaille plus particulièrement sur le Vison d'Europe, la Loutre d'Europe, le Desman des Pyrénées, le Campagnol amphibie la **Musaraigne aquatique**, espèce pour laquelle le GREGE a développé en France la méthode d'inventaire par tubes capteurs de fèces avec analyse génétique des indices. Cette méthode a d'ailleurs déjà été déployée en 2015-2016 avec l'Observatoire du patrimoine naturel du Marais poitevin dans le cadre de l'Evaluation de la répartition de la Musaraigne aquatique et de son utilisation des habitats dans le Marais poitevin et ses vallées fluviales. Elle a également été déployée dans le cadre du nouveau plan de gestion 2020-2025 lors des inventaires menés en 2021 pour le suivi du peuplement de mammifères remarquables.

Le GREGE a été retenu pour la réalisation du Lot 4 : Fourniture du matériel pour le suivi des micromammifères et réalisation d'analyses ADN.

Ce rapport constitue la restitution des résultats telle que prévue dans la proposition technique, avec un rappel méthodologique, les résultats de l'année étudiée et leur comparaison avec les résultats de 2021 (réitération des mêmes tronçons) et une conclusion.

2. MATERIEL ET METHODES

2.1. PROTOCOLE ET ANALYSES PROPOSES

Le protocole d'inventaire repose sur la réalisation de 7 transects d'inventaires de 100 mètres le long de milieux favorables (cours d'eau, canaux, plans d'eau, marais...) répartis sur la Réserve, le long desquels sont distribués 10 tubes capteurs de fèces (un tube tous les 10 m).

Il s'agit de tubes de section rectangulaire de 40 x 60 mm, et de longueur 20 cm, dont l'intérieur est recouvert d'aspérités pour retenir les déjections (Planche-photo 1). Ces tubes sont spécifiquement appâtés avec des vers de mouches congelés, maintenus dans une compresse de fibres. L'animal en essayant de dégager l'appât, passe du temps dans le tube et peut y déposer des fèces du fait de son transit rapide.

Planche-photos 1: Illustrations des tubes-capteurs et des indices	
	
Tube capteur de fèces pour détecter la Musaraigne aquatique (P. Fournier - GREGE).	Tube capteur de fèces posé en nature (GREGE)
	Crotte de Musaraigne dans un tube capteur (C. Bout – GREGE)

Dans le cadre de ce suivi sur la RNR chaque sondage dure 10 nuits consécutives, avec un contrôle et un ré-appâtage tous les 3 jours (soit 5 relevés). Les 70 tubes des 7 transects sont

posés dans la même série de 10 jours et l'opération est conduite 4 fois sur la période printemps/été (correspondant à 4 sessions).

L'opérateur technique est le PNR du Marais Poitevin : il réalise les opérations de terrain avec la pose des matériels, les relevés des tubes capteurs et leurs approvisionnements, les prélèvements des échantillons et leur stockage provisoire. En plus de ce protocole, l'opérateur collectera 5 crottes fraîches de carnivores nommées « échantillons fortuits » pour identification génétique, soit **5 analyses génétiques**.

La récupération directe des échantillons a été organisée en trois phases, le 04/07/2023 pour les sessions 1 et 2, le 22/08/2023 pour les sessions 3 et 4 et le 26/09/23 pour les « échantillons fortuits ».

Après réception des tubes de collecte au GREGE, le conditionnement des échantillons pour l'analyse génétique est réalisé en regroupant toutes les crottes prélevées dans tous les tubes d'un même transect lors d'une même session de 10 nuits, dans un seul et même échantillon soumis à une analyse génétique. Ainsi une seule analyse est à prévoir par transect et par session, soit **28 analyses génétiques** permettant d'identifier les espèces ayant fréquenté les transects à chacune des sessions (7 transects x 4 sessions = 28 échantillons).

2.2. METHODE D'ANALYSE GENETIQUE

Pour proposer une identification génétique efficace et fiable des prélèvements collectés dans le milieu naturel, le GREGE a développé de longue date, un partenariat fort avec le laboratoire GeCoLAB de l'Université de Liège, spécialisé depuis une dizaine d'années dans les différentes techniques d'extraction d'ADN rare au service de la biodiversité. L'ensemble des procédures mises en place à partir de la réception des indices permet au GREGE de proposer en routine l'identification des espèces à l'origine des indices collectés, en utilisant des méthodes de séquençage nouvelle génération et des outils bio-informatiques.

La première étape consiste à regrouper, tel que précisé ci-dessus, dans un même échantillon, tous les prélèvements d'un transect par session. Un volume maximal pouvant cependant être soumis à analyse, en cas de dépassement, nous équilibrerons l'échantillon mis en analyse pour permettre une bonne représentation de tous les tubes collectés.

La seconde étape est la réalisation des techniques de « metabarcoding » qui reposent sur l'amplification et le séquençage à haut débit de courts fragments d'ADN mitochondrial (environ 200 paires de base) très variables du gène cytochrome oxydase 1 (CO1), préalablement sélectionné afin de pouvoir identifier la majorité des espèces de vertébrés et invertébrés connus. Cette amplification a été rendue possible grâce à la production d'amorces

universelles permettant de s'accrocher sur la plupart des fragments de ce génome de vertébrés et d'invertébrés.

La dernière étape est la comparaison des séquences obtenues aux bases de données publiques disponibles (GENBANK et BOLD), mais également à la base de données privée « GeCoLAB/GREGE », qui ont constitué leur propre banque privée de séquences génétiques, notamment pour une dizaine d'espèces de micro et petits mammifères, à partir de prélèvements de spécimens certifiés, issus de leur réseau de collaborateurs. Cette comparaison permet alors de déterminer avec précision l'espèce ou les espèces « hôte » des indices, avec un taux de réussite supérieur à 95%.

Dans le cas où les crottes collectées et regroupées appartiendraient à différentes espèces, cette méthode permet d'identifier chacune des espèces, puisqu'il s'agit d'une méthode universelle pour l'ensemble des vertébrés et invertébrés.

Ainsi la méthode permet d'identifier toutes les espèces ayant fréquenté les tubes et déposé un indice, qu'il s'agisse de Musaraigne aquatique, d'une autre musaraigne ou de toute autre espèce.

Pour les échantillons fortuits, cette méthode permet à la fois d'identifier l'espèce hôte, mais également les proies de mammifères éventuellement contenues, et ainsi de vérifier l'éventuelle présence de *Neomys fodiens* dans les crottes de carnivores.

3. RESULTATS

3.1. ECHANTILLONS TRANSMIS POUR ANALYSES

3.1.1. Echantillons transmis pour l'inventaire de 2023

Cent-vingt prélèvements ont été transmis au GREGE pour l'ensemble des quatre sessions (Tableau 1), permettant la constitution de 24 pools de fèces soumis à analyse génétique (sur les 28 initialement prévus - un pool de prélèvements par transect positif et par session, 4 sites-session ayant été totalement négatifs).

C'est la troisième session du 26 juin au 7 juillet 2023 qui a permis la collecte du plus grand nombre d'échantillons (47 sur 120, soit 39%), avec d'importantes variations selon les sites, les sites 1, 3 et 7 ayant obtenu le plus faible nombre de prélèvements (Tableau 1 et Figures 1 et 3 du 3.1.2.).

Sept « échantillons fortuits » de Carnivores ou Mustélidés (sur 5 initialement prévus) ont également été transmis en vue de l'identification des espèces hôtes et des éventuelles proies de Mammifères (Tableau 2).

Ainsi, au total, 31 analyses génétiques ont été réalisées.

Tableau 1 : Nombre d'échantillons collectés par site et par relevé pour chaque session, et codification des échantillons soumis à analyses génétique (Un échantillon = un pool des prélèvements par transect positif et par session).

Site	Date de la session	Numéro de relevé	Nombre de tubes avec prélèvements collectés	ID CODE = Codification de l'échantillon soumis à analyse
Session 1				
Site 1	17 au 28 avril 2023	R1	0	Néant
		R2	0	
		R3	0	
		R4	0	
		R5	0	
Site 2	17 au 28 avril 2023	R1	0	2-6457-S1-P
		R2	0	
		R3	0	
		R4	2	
		R5	0	
Site 3	17 au 28 avril 2023	R1	0	3-6458-S1
		R2	1	
		R3	0	
		R4	0	
		R5	0	
Site 4	17 au 28 avril 2023	R1	0	4-1370-S1
		R2	0	
		R3	1	
		R4	0	
		R5	0	
Site 5	17 au 28 avril 2023	R1	0	5-1656-S1-P
		R2	2	
		R3	3	
		R4	3	
		R5	3	
Site 6	17 au 28 avril 2023	R1	2	6-1652-S1-P
		R2	0	
		R3	1	
		R4	0	
		R5	0	
Site 7	17 au 28 avril 2023	R1	2	7-1507-S1-P
		R2	0	
		R3	0	
		R4	0	
		R5	0	

Site	Date de la session	Numéro de relevé	Nombre de tubes avec prélèvements collectés	ID CODE = Codification de l'échantillon soumis à analyse
Session 2				
Site 1	31 mai au 12 juin 2023	R1	0	1-1519-S2
		R2	0	
		R3	0	
		R4	0	
		R5	1	
Site 2	31 mai au 12 juin 2023	R1	0	2-1595-S2-P
		R2	0	
		R3	1	
		R4	0	
		R5	2	
Site 3	31 mai au 12 juin 2023	R1	0	3-1342-S2-P
		R2	1	
		R3	0	
		R4	0	
		R5	1	
Site 4	31 mai au 12 juin 2023	R1	1	4-5143-S2-P
		R2	2	
		R3	1	
		R4	0	
		R5	1	
Site 5	31 mai au 12 juin 2023	R1	0	5-5181-S2-P
		R2	0	
		R3	0	
		R4	0	
		R5	2	
Site 6	31 mai au 12 juin 2023	R1	1	6-1482-S2-P
		R2	4	
		R3	3	
		R4	1	
		R5	2	
Site 7	31 mai au 12 juin 2023	R1	0	Néant
		R2	0	
		R3	0	
		R4	0	
		R5	0	
Session 3				
Site 1	26 juin au 7 juillet 2023	R1	0	Néant
		R2	0	
		R3	0	
		R4	0	
		R5	0	
Site 2	26 juin au 7 juillet 2023	R1	4	2-1692-S3-P
		R2	3	
		R3	4	

Site	Date de la session	Numéro de relevé	Nombre de tubes avec prélèvements collectés	ID CODE = Codification de l'échantillon soumis à analyse
		R4	4	
		R5	3	
Site 3	26 juin au 7 juillet 2023	R1	1	3-1405-S3-P
		R2	0	
		R3	0	
		R4	0	
		R5	2	
Site 4	26 juin au 7 juillet 2023	R1	2	4-1598-S3-P
		R3	3	
		R2	0	
		R4	2	
		R5	1	
Site 5	26 juin au 7 juillet 2023	R1	0	5-6447-S3-P
		R2	0	
		R3	1	
		R4	0	
		R5	1	
Site 6	26 juin au 7 juillet 2023	R1	2	6-1301-S3-P
		R2	4	
		R3	2	
		R4	3	
		R5	5	
Site 7	26 juin au 7 juillet 2023	R1	0	Néant
		R2	0	
		R3	0	
		R4	0	
		R5	0	
Session 4				
Site 1	24 juillet au 08 août 2023	R1	2	1-5143-S4-P
		R2	2	
		R3	1	
		R4	Non réalisé - Tempête	
		R5	0	
Site 2	24 juillet au 08 août 2023	R1	4	2-1417-S4-P
		R2	2	
		R3	0	
		R4	Non réalisé - Tempête	
		R5	3	
Site 3	24 juillet au 08 août 2023	R1	0	3-5166-S4-P
		R2	0	
		R3	0	
		R4	0	
		R5	1	
Site 4	24 juillet au 08 août 2023	R1	1	4-1471-S4-P
		R2	1	

Site	Date de la session	Numéro de relevé	Nombre de tubes avec prélèvements collectés	ID CODE = Codification de l'échantillon soumis à analyse
		R3	0	
		R4	Non réalisé - Tempête	
		R5	0	
Site 5	24 juillet au 08 août 2023	R1	0	5-1787-S4-P
		R2	3	
		R3	4	
		R4	Non réalisé - Tempête	
		R5	2	
Site 6	24 juillet au 08 août 2023	R1	1	6-6448-S4-P
		R2	1	
		R3	0	
		R4	Non réalisé - Tempête	
		R5	0	
Site 7	24 juillet au 08 août 2023	R1	0	7-1595-S4-P
		R2	1	
		R3	0	
		R4	Non réalisé - Tempête	
		R5	0	

Tableau 2 : Nombre d'échantillons collectés de manière fortuite, et codification des échantillons soumis à analyses génétique.

N° du prélèvement	Date de collecte	Lieu	N° de site correspondant	Espèce soupçonnée	ID CODE = Codification de l'échantillon soumis à analyse
1	05/07/2023	Entrée Nord	2	-	1-050723
2	24/07/2023	Parking entrée Est	-	-	2-240723
3	04/08/2023	Poteaux Egageries	2	Carnivore	3-040823
4	04/08/2023	Poteaux Egageries	2	Carnivore	4-040823
B3	23/05/2023	RNR	-	Pas campagnol amphibie	P-B3-230523
B8	23/05/2023	RNR	-	-	P-B8-230523
MU	03/09/2023	RNR	-	Mustélide	P-MU-030923

3.1.2. Comparaison de données de captage d'indices entre 2021 et 2023

Si l'on compare les données de captage d'indices de 2023 à ceux de l'inventaire de 2021, 241 prélèvements avaient été collectés en 2021 sur 4 sessions réparties sur les mêmes périodes, soit deux fois plus qu'en 2023 (Figures 1 et 2). Cent deux prélèvements avaient été collectés au cours de la session 3 du 21 juin au 2 juillet 2021, soit 41%, ce qui est similaire à ce

qui a été observé en 2023. D'importantes variations selon les sites avaient été observées comme en 2023, avec les 3 mêmes sites ayant obtenu le plus faible nombre de prélèvements (Figures 3 et 4).

Si en 2021 une tendance à la hausse du nombre de prélèvements collectés au cours des différents relevés semblait se dessiner malgré une variation selon les sessions (Figure 6), cette tendance n'est pas confirmée en 2023, d'autant plus que le relevé 4 de la session 4 n'a pas pu être effectué en raison des conditions météorologiques, et le relevé 5 contient donc les prélèvements des relevés 4 et 5 (Figure 5).

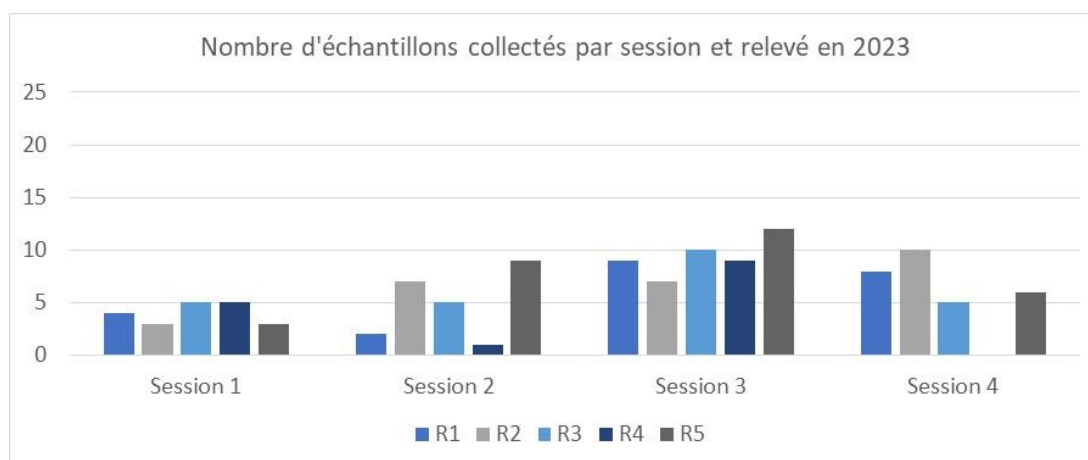


Figure 1 : Nombre d'échantillons collectés par session et par relevé au cours des inventaires de 2023. Le relevé 4 de la session 4 n'a pas pu être réalisé en raison des conditions météorologiques.

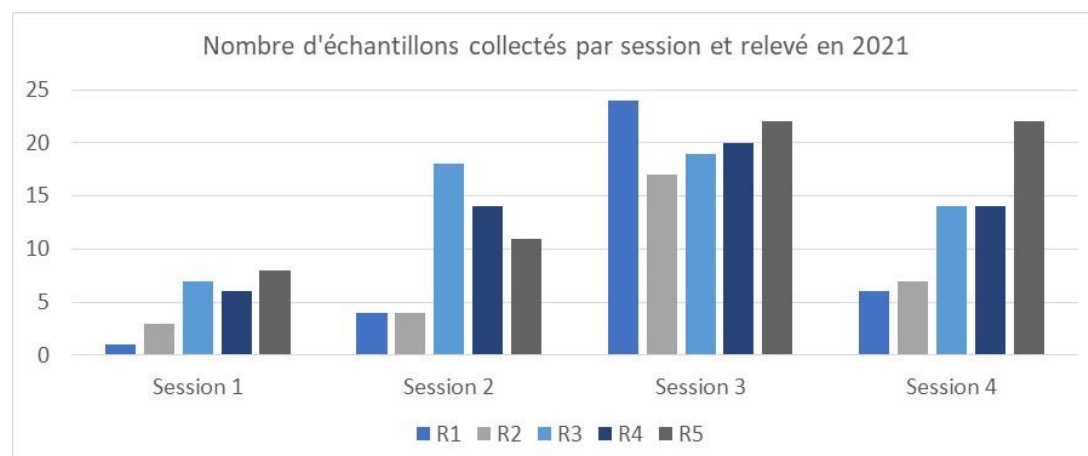


Figure 2 : Nombre d'échantillons collectés par session et par relevé au cours des inventaires de 2021.

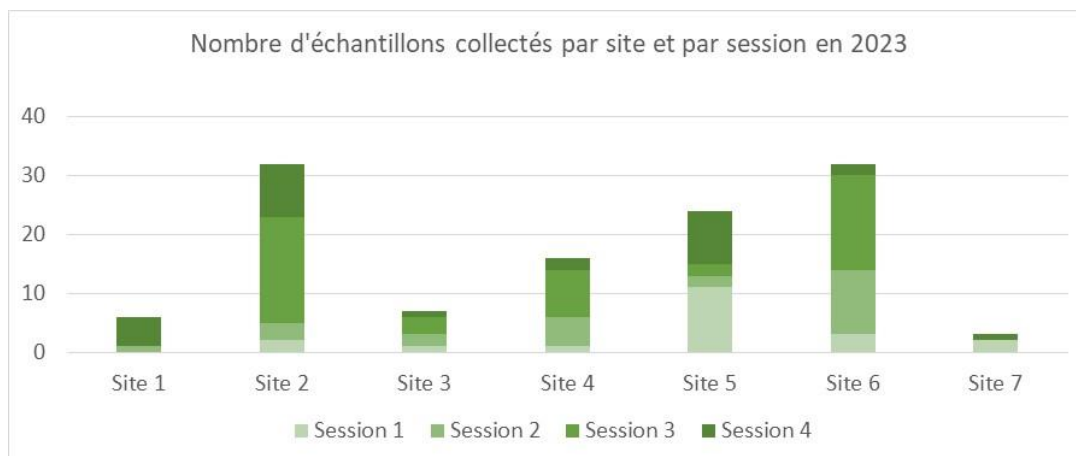


Figure 3 : Nombre d'échantillons collectés par site et par session au cours des inventaires de 2023.

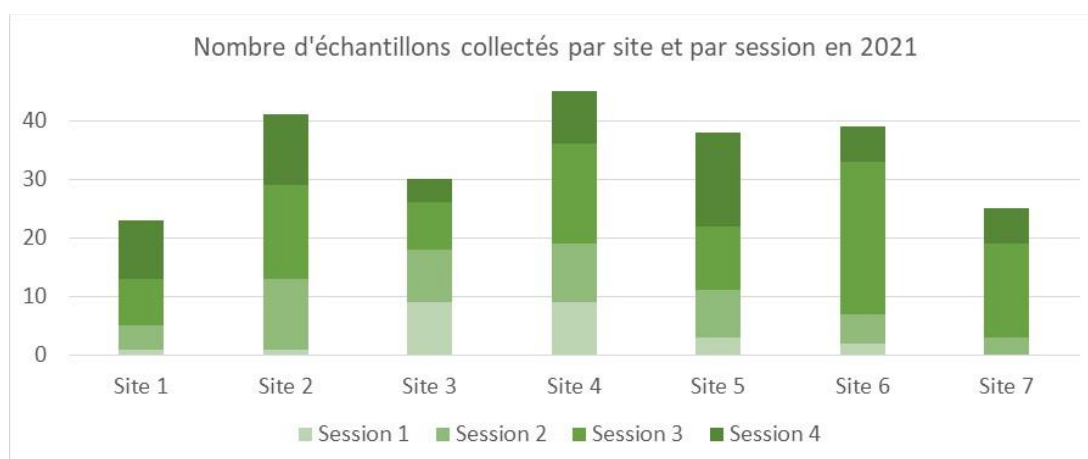


Figure 4 : Nombre d'échantillons collectés par site et par session au cours des inventaires de 2021.

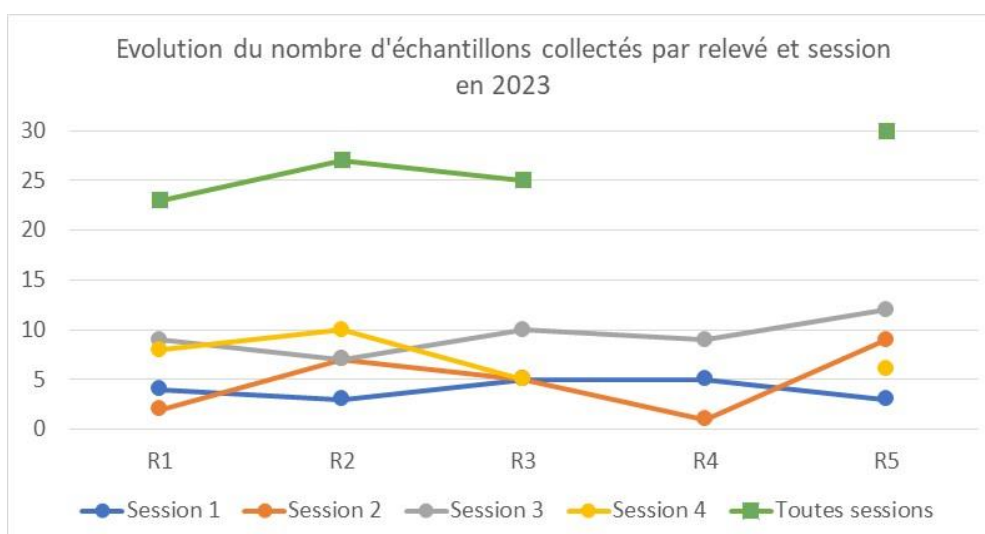


Figure 5 : Nombre d'échantillons collectés par relevé et par session au cours des inventaires de 2023. Le relevé 4 de la session 4 n'a pas pu être réalisé en raison des conditions météorologiques.

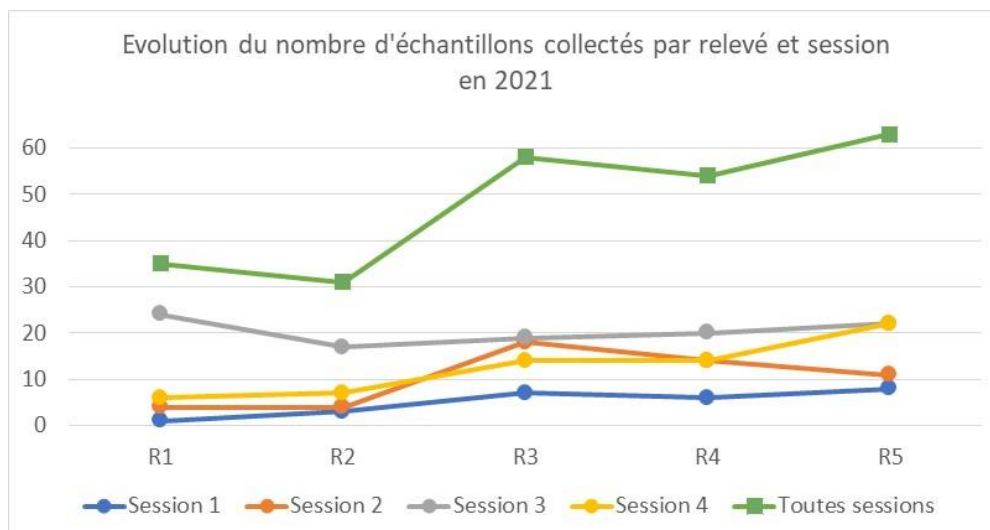


Figure 6 : Nombre d'échantillons collectés par relevé et par session au cours des inventaires de 2021.

3.2. ESPECES DETECTEES

3.2.1. Inventaire de 2023

Pour cinq échantillons, trop peu d'ADN a amplifié, ne permettant pas de conclure sur les éventuelles espèces détectées (Tableau 3).

Quatre espèces de micromammifères ont été détectées dans les tubes capteurs de crottes, mais aucune Musaraigne aquatique :

1. Le Mulot sylvestre (*Apodemus sylvaticus*).
2. Le Campagnol des champs (*Microtus arvalis*).
3. Le Campagnol roussâtre (*Myodes glareolus*).
4. La Crocidure musette (*Crocidura russula*).

Les fèces trouvées fortuitement ont quant à elles permis de détecter de la Fouine (*Martes foina*), de la Martre (*Martes martes*), du Rat musqué (*Ondatra zibethicus*), ainsi que de la Crocidure musette, entant que proie.

**Tableau 3 : Détail des espèces détectées dans les échantillons analysés (un échantillon regroupant tous les indices par site et par session),
et dans les échantillons découverts fortuitement.**

Site	ID_CODE	Session	Nb de copies de la séquence amplifiée	Espèce identifiée	% similitude avec la séquence de référence	Type	Remarque
Site 1	1-1519-S2	S2	244	<i>Myodes glareolus</i>	99,2	Hôte	
	1-5143-S4-P	S4	115571	<i>Crocidura russula</i>	100	Hôte	
Site 2	2-6457-S1-P	S1		Hôte non identifiable			Trop peu d'ADN autre que de l'ADN humain pour conclure
	2-1595-S2-P	S2	8770	<i>Crocidura russula</i>	100	Hôte	
	2-1692-S3-P	S3	12394	<i>Crocidura russula</i>	100	Hôte	
	2-1417-S4-P	S4	50820	<i>Crocidura russula</i>	100	Hôte	
	2-1417-S4-P	S4	296	<i>Microtus arvalis</i>	99,2	Hôte	
	1-050723	Fortuit	64596	<i>Martes martes</i>	100	Hôte	
	3-040823	Fortuit Carnivore	49093	<i>Martes martes</i>	100	Hôte	
	4-040823	Fortuit Carnivore	185	<i>Crocidura russula</i>	100	Proie probable	
Site 3	3-6458-S1	S1		Hôte non identifiable			Trop peu d'ADN pour conclure
	3-1342-S2-P	S2	35312	<i>Crocidura russula</i>	100	Hôte	
	3-1405-S3-P	S3	54061	<i>Crocidura russula</i>	100	Hôte	
	3-5166-S4-P	S4	57479	<i>Crocidura russula</i>	100	Hôte	
Site 4	4-1370-S1	S1	16893	<i>Crocidura russula</i>	100	Hôte	
	4-5143-S2-P	S2	2325	<i>Apodemus sylvaticus</i>	100	Hôte	
	4-5143-S2-P	S2	2297	<i>Crocidura russula</i>	100	Hôte	
	4-1598-S3-P	S3	46831	<i>Crocidura russula</i>	100	Hôte	
	4-1471-S4-P	S4	18319	<i>Crocidura russula</i>	100	Hôte	
Site 5	5-1656-S1-P	S1	30436	<i>Crocidura russula</i>	100	Hôte	
	5-5181-S2-P	S2	21684	<i>Crocidura russula</i>	100	Hôte	
	5-6447-S3-P	S3	51682	<i>Crocidura russula</i>	100	Hôte	
	5-1787-S4-P	S4		Hôte non identifiable			Trop peu d'ADN pour conclure

Site	ID_CODE	Session	Nb de copies de la séquence amplifiée	Espèce identifiée	% similitude avec la séquence de référence	Type	Remarque
Site 6	6-1652-S1-P	S1	97	<i>Myodes glareolus</i>	99,2	Hôte	
	6-1482-S2-P	S2	36929	<i>Apodemus sylvaticus</i>	100	Hôte	
	6-1301-S3-P	S3		Hôte non identifiable			Trop peu d'ADN pour conclure
	6-6448-S4-P	S4	40075	<i>Crocidura russula</i>	100	Hôte	
Site 7	7-1507-S1-P	S1	4278	<i>Apodemus sylvaticus</i>	100	Hôte	
	7-1507-S1-P	S1	102	<i>Crocidura russula</i>	100	Hôte	
	7-1507-S1-P	S1	2798	<i>Myodes glareolus</i>	99,2	Hôte	
	7-1595-S4-P	S4	25821	<i>Crocidura russula</i>	100	Hôte	
-	2-240723	Fortuit	38086	<i>Martes foina</i>	100	Hôte	
	P-B3-230523	Fortuit	2658	<i>Ondatra zibethicus</i>	99,2	Hôte	
	P-B8-230523	Fortuit		Hôte non identifiable			Trop peu d'ADN pour conclure
	P-MU-030923	Fortuit Mustélidé	113455	<i>Martes martes</i>	100	Hôte	

3.2.2. Analyse comparative avec les résultats de 2021

En 2021, 7 espèces de micromammifères avaient été détectées dans les tubes capteurs de crottes disposés sur les 7 mêmes transects, ainsi que du Hérisson (Tableau 4).

Des données de Crocidure des jardins (*Crocidura suaveolens*) avaient été suspectées malgré un faible pourcentage de similitude des séquences obtenues avec la séquence de référence. Toutefois, après réanalyse de l'ensemble des données de *Crocidura suaveolens* obtenues lors de divers inventaires issus de collaborations de structures avec le GREGE, **nous considérons qu'il s'agissait plus probablement d'arte-facts** correspondant à des séquences de *Crocidura russula* partiellement et mal amplifiées, mais en quantité particulièrement importante, suggérant initialement un vrai signal d'espèce.

Nous avons donc exclu ces données suspectes de la comparaison ci-dessous.

Ainsi en 2021 ont été détectées 4 espèces qui n'ont pas été détectées en 2023 :

1. La Souris grise (*Mus musculus*).
2. Le Rat Surmulot (*Rattus norvegicus*).
3. La Musaraigne couronnée (*Sorex coronatus*).
4. Le Hérisson (*Erinaceus europaeus*).

Inversement, les espèces les plus couramment contactées avec ce type d'inventaire ont bien été détectées au cours des deux années, mais n'ont pas été systématiquement retrouvées sur un site donné d'une année à l'autre. Seule la Crocidure musette a été contactée systématiquement sur tous les sites au cours des deux années d'inventaire, le Campagnol roussâtre sur le site 1 et le Campagnol des champs sur le site 2.

Le collecte de fèces fortuites a quant à elle confirmé à nouveau la présence de la Martre et de la Fouine, ainsi que celle du Rat musqué, non détecté en 2021.

Par contre aucune fèces suspectée de Campagnol amphibie n'a été collectée contrairement à 2021.

Tableau 4 : Liste des espèces détectées par site et par année d'inventaire, et nombre de sessions positives au cours de chacune des années. Les espèces en gras n'ont été détectées que lors des inventaires de 2021, et n'ont pas été détectées lors des inventaires de 2023.

Site	Espèces	2021	2023
Site 1	<i>Apodemus sylvaticus</i>	4	
	<i>Crocidura russula</i>	3	1
	<i>Microtus arvalis</i>	2	
	<i>Mus musculus</i>	1	
	<i>Myodes glareolus</i>	1	1
Site 2	<i>Apodemus sylvaticus</i>	1	
	<i>Crocidura russula</i>	4	3
	<i>Microtus arvalis</i>	2	1
Site 3	<i>Crocidura russula</i>	3	3
Site 4	<i>Apodemus sylvaticus</i>		1
	<i>Crocidura russula</i>	2	4
	<i>Erinaceus europaeus</i>	1	
Site 5	<i>Apodemus sylvaticus</i>	2	
	<i>Crocidura russula</i>	3	3
	<i>Mus musculus</i>	1	
	<i>Sorex coronatus</i>	1	
Site 6	<i>Apodemus sylvaticus</i>		1
	<i>Crocidura russula</i>	4	1
	<i>Microtus arvalis</i>	1	
	<i>Myodes glareolus</i>		1
Site 7	<i>Apodemus sylvaticus</i>		1
	<i>Crocidura russula</i>	2	2
	<i>Myodes glareolus</i>		1
	<i>Rattus norvegicus</i>	1	

4. BILAN - CONCLUSION

Globalement, les inventaires menés par tubes capteurs en 2023 ont donné de moins bons résultats que ceux menés en 2021, à la fois en nombre d'indices collectés (deux fois moins de prélèvements), qu'en nombre d'espèces de micromammifères (deux fois moins d'espèces détectées également), alors que les sessions se sont déroulées aux mêmes périodes. Par ailleurs, même parmi les 4 espèces contactées au cours des deux années, des différences existent sur chacun des sites selon les années. Ces résultats confirment la grande variabilité de réponse à cette méthode d'inventaire, dépendant de divers facteurs non maîtrisables, telles sur les conditions météorologiques par exemple, et la nécessité d'avoir des suivis réitérés et à long terme pour estimer au mieux la richesse biologique des milieux.