

Rapport final sur le monitoring génétique des micromammifères 2021 - 2023

Thomas Briner, Naturmuseum Solothurn, Klosterplatz 2, 4500 Solothurn
thomas.briner@solothurn.ch

en février 2024

Introduction

L'identification fiable des espèces de petits mammifères a toujours posé de nombreuses difficultés aux chercheurs. Il en résulte des adaptations régulières de la systématique et des noms d'espèces, ainsi que des animaux mal identifiés dans les collections des musées.

Pendant longtemps, les critères d'identification ont été recherchés au niveau morphologique (p. ex. les caractéristiques dentaires) et à l'aide de la statistique (p. ex. l'analyse discriminante des masses crâniennes). Plus tard, des méthodes de laboratoire de biologie moléculaire ont été utilisées (électrophorèse, mesures chromosomiques). Dès la fin du 20^e siècle, des méthodes permettant de déterminer avec certitude l'espèce par analyse de l'ADN ont été développées et appliquées avec succès dans différents projets de réintroduction et de suivi (gypaète barbu, chat sauvage). Au début, ces analyses étaient toutefois très complexes et coûteuses.

En raison de la difficulté de détermination des espèces, les ouvrages de synthèse antérieurs sur la répartition des mammifères en Suisse étaient souvent très imprécis, notamment dans le domaine des petits mammifères, et même incomplets en l'état actuel des connaissances. De plus, la collecte de données sur les micromammifères est très coûteuse, car elle n'est guère possible par observation visuelle et est limitée dans l'espace et très longue par des actions de capture. Pour le nouvel atlas des mammifères, qui a été élaboré entre 2014 et 2021, il était clair qu'une bonne collecte de données qualitatives et quantitatives nécessitait la collaboration de nombreux bénévoles et un soutien pour la détermination sûre des espèces. Le laboratoire de l'Institut de l'environnement et des ressources naturelles de la ZHAW de Wädenswil a affiné la méthode de détermination génétique des espèces de micromammifères et un partenariat a pu être mis en place pour le projet d'atlas. Ainsi, un total de 3700 preuves de mammifères (y compris les chauves-souris) ont été analysées génétiquement pour le projet d'atlas. D'une part, à partir de collectes de données systématiques (projet „Montre-moi ta souris, chat !“, monitoring systématique avec des actions de capture sur des carrés kilométriques définis), d'autre part à

partir de découvertes fortuites collectées par les centres de compétence répartis dans toute la Suisse.

Le projet d'atlas a clairement montré que les connaissances sur les petits mammifères sont encore très lacunaires et qu'il est nécessaire d'agir pour ces espèces dans la perspective de futurs projets de protection et de promotion. Le groupe de travail „Petits mammifères“ a alors élaboré, sous la direction de Michel Blant, un projet de monitoring systématique des petits mammifères à l'échelle de la Suisse et l'a soumis à l'OFEV pour mise en œuvre. Malgré une bienveillance de principe, le projet n'a pas encore pu être mis en œuvre en raison d'obstacles politiques et financiers. Afin que le réseau de personnes intéressées par les micromammifères ne se perde pas et que la collecte de données ne s'interrompe pas jusqu'au lancement éventuel du monitoring systématique, le GT micromammifères a présenté à la Société suisse de biologie de la faune (SSBF) un concept visant à assurer la transition et la poursuite du monitoring génétique. La SGW a alors mis à disposition les moyens financiers nécessaires pour qu'une quarantaine d'échantillons puissent être analysés chaque année à la ZHAW pendant les années 2021-2023. L'appel à l'envoi d'échantillons a été lancé 1 à 2 fois par an via les adresses de contact du GT Petits mammifères. La coordination de la collecte des échantillons et la communication des résultats ont été assurées par Thomas Briner.

Les résultats du monitoring génétique des trois dernières années sont résumés dans la compilation suivante.



Grâce au soutien financier de la SGW, environ 40 échantillons de petits mammifères ont pu être analysés génétiquement chaque année.

Lien vers la demande adressée à la SSBF :

https://naturmuseum-so.ch/app/uploads/2024/02/Antrag-der-AG-Kleinsaeugetiere-zuhanden-der-SGW_2021.pdf

Lien vers le concept de monitoring génétique des petits mammifères par le biais de la Citizen Science :

https://naturmuseum-so.ch/app/uploads/2024/02/Konzept-KS-Monitoring-Modul-Citizen-Science_Stand-Feb-2022.pdf

Collectes d'échantillons effectuées

En raison des moyens financiers limités, une priorisation des espèces pour l'analyse génétique a été établie. Les critères de priorisation étaient basés sur la rareté des espèces et de leurs détections, sur la liste des espèces prioritaires de la Confédération et sur les questions actuelles. La priorisation peut varier en fonction de la zone biogéographique et peut évoluer au fil du temps.

Durant la période sous revue, les groupes suivants étaient prioritaires :

- Versant nord des Alpes : *Sorex* du groupe *araneus/coronatus/antinorii*, genre *Neomys*, *Microtus agrestis/lavernedii*, *Apodemus alpicola* (> 1500 m d'altitude).
- Versant sud des Alpes : les genres *Sorex*, *Microtus*, *Arvicola* et *Talpa*

En raison de la priorisation connue, ce sont principalement des échantillons de ces groupes d'espèces qui ont été envoyés pour analyse. Quelques échantillons isolés destinés à vérifier la détermination d'espèces *Microtus (arvalis/agrestis)*, d'espèces *Apodemus (sylvaticus/flavicollis)* et de *Crocidura russula* ont également été analysés, mais pour ces espèces, des échantillons ont également été retenus en raison de la priorisation. Dans certains projets (Zeig mir deine Maus Katze, Winterthur ; monitoring des micromammifères à Glaris), les espèces retenues ont tout de même été analysées à leurs propres frais.

Au total, 170 échantillons de micromammifères ont été analysés au cours de 4 séries d'analyses. La bonne collaboration avec le laboratoire de la ZHAW a permis d'analyser, en plus des échantillons prélevés dans le cadre du monitoring génétique des micromammifères financé par la SGW, d'autres échantillons prélevés par des chercheurs du réseau du GT micromammifères.

décembre 2021 44 échantillons

Août 2022 22 échantillons

Novembre 2022 64 échantillons
(32 échantillons envoyés à nos frais (1 Adrian Dietrich, 3 Monica Marti, 3 Claire Gohard, 25 Bündner Naturmuseum))

Octobre 2023 39 échantillons

Sur les 170 échantillons envoyés, 155 ont fourni un résultat. Pour 15 échantillons, il n'a pas été possible d'extraire de l'ADN ou trop peu. Il s'est avéré que, lors de la collecte d'échantillons de cheveux en particulier, il faut faire très attention à ce qu'il y ait effectivement suffisamment de racines de cheveux dans l'échantillon afin de disposer d'une quantité suffisante de matériel génétique de base.

Un grand réseau

L'appel à l'envoi d'échantillons a été lancé par le biais du réseau du GT Petits mammifères. Les membres du GT pouvaient envoyer des échantillons issus de leurs propres projets de recherche ainsi que des échantillons provenant de découvertes fortuites, livrés par un grand nombre de personnes privées.

Les personnes/institutions suivantes du GT Petits mammifères ont envoyé des échantillons :

Adrian Dietrich, UNA Bern	7
Claire Gohard, Naturmuseum Winterthur	13
Fangaktion Faune concept	9
Jürg Paul Müller, Bündner Naturmuseum	6
Lorenzo Vinciguerra, Naturmuseum St. Gallen	25
Lorenzo Vinciguerra, im Auftrag Bündner Naturmuseum	25
Maddalena & associati, Nicole Santi, Tiziano Maddalena	2
Marta Wastavino, Beratungsstelle Kleinsäuger GR	16
Martina Caminada, Geschäftsstelle KOK	2
Martina Reifler, ZHAW	11
Michel Blant, Faunistique Zoologie Paysage	2
Michel Blant, Sabrina Joye, WTK Kurs	2
Monica Marti, Naturzentrum Glarus	28
Peter Wandeler, Naturhistorisches Museum Freiburg	3
Sandrine Wider, Uni Neuenburg	4
Simon Capt, Mitglied Kerngruppe AG Kleinsäugetiere	6
Sonja Gerber, Naturmuseum Wallis	1
Thomas Briner, Naturmuseum Solothurn	8



Des échantillons issus de différents projets concrets, comme l'élaboration d'un guide pratique sur l'anesthésie des petits mammifères en liberté, ont pu être analysés. (Photo : Thomas Briner)

Espèces identifiées

Les échantillons analysés provenaient de 18 cantons différents.

AG	2	OW	10
AI	3	SG	18
AR	1	SO	6
BE	4	SZ	2
FR	1	TI	6
GL	27	UR	10
GR	51	VD	1
LU	1	VS	5
NE	7	ZH	15



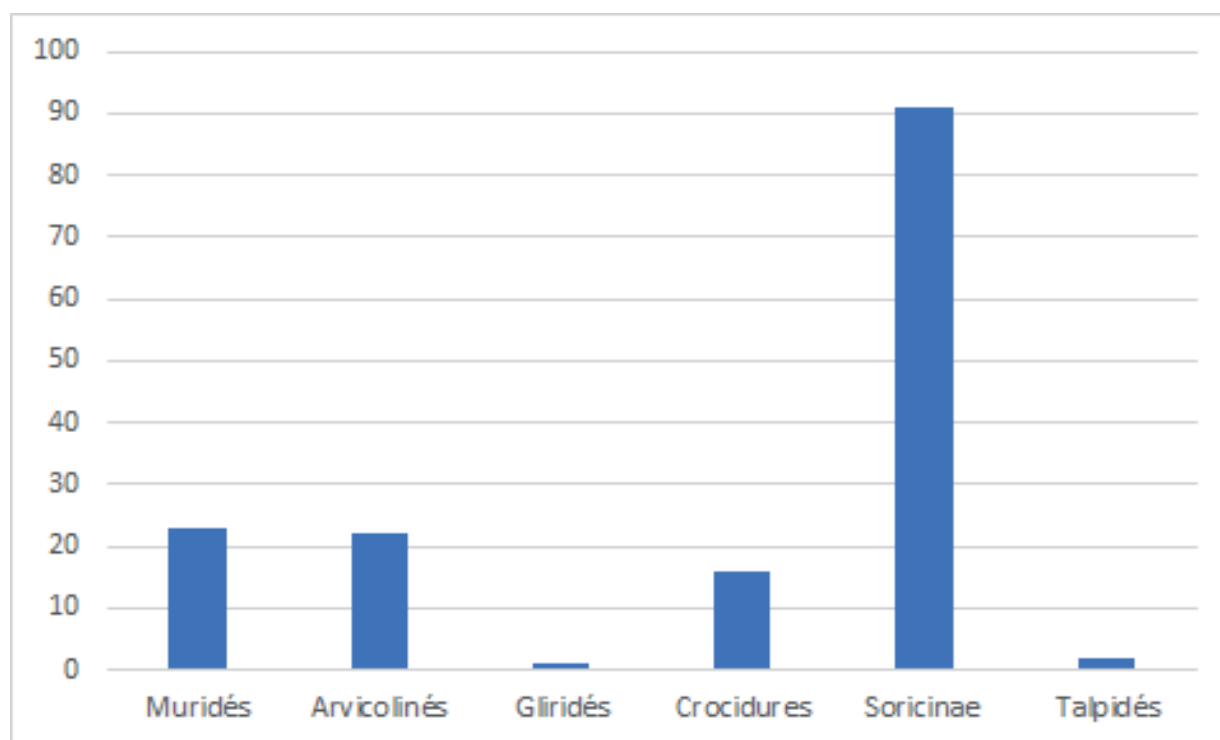
De nombreuses nouvelles preuves de présence de la musaraigne aquatique (*Neomys milleri*) ont été obtenues grâce au monitoring génétique. (Photo : Milos Andera)

Dans le cadre du monitoring génétique, des données ont pu être collectées sur un total de 20 espèces différentes de micromammifères.

<i>Apodemus flavicollis</i>	6
<i>Apodemus sylvaticus</i>	15
<i>Arvicola amphibius</i>	2
<i>Clethrionomys glareolus</i>	1
<i>Crocidura leucodon</i>	1
<i>Crocidura russula</i>	12
<i>Crocidura suaveolens</i>	3
<i>Microtus agrestis</i>	2
<i>Microtus arvalis</i>	7
<i>Microtus lavernedii</i>	5
<i>Microtus multiplex</i>	1
<i>Microtus subterraneus</i>	4
<i>Mus domesticus</i>	2
<i>Muscardinus speciosus</i>	1
<i>Neomys fodiens</i>	27
<i>Neomys milleri</i>	15
<i>Sorex antinorii</i>	4
<i>Sorex araneus</i>	29
<i>Sorex coronatus</i>	16
<i>Talpa caeca</i>	2

Parmi les espèces identifiées, il convient de mentionner les espèces rares comme *Microtus multiplex*, *Microtus subterraneus*, *Crocidura suaveolens* ou *Neomys milleri*. La présence de la musaraigne des marais (*N. milleri*), devenue rare, a été documentée dans 5 cantons différents.

Des preuves sûres ont pu être apportées pour *Microtus lavernedii* et *Muscardinus speciosus*, qui n'ont été identifiés comme espèces propres en Suisse que ces dernières années. Des espèces des genres *Sorex* ou *Apodemus*, difficiles à distinguer, ont pu être clairement identifiées.



Certitude de la détermination

La plupart des échantillons ont été étiquetés au niveau du genre lors de leur soumission. Là où une espèce concrète a été indiquée, la question passionnante était de savoir si la fiabilité de la détermination des fournisseurs de données était bonne. Sur 67 échantillons déterminés selon l'espèce, 51 ont été correctement attribués et 16 ont été déterminés de manière erronée. Cela montre l'importance de l'instrument de détermination génétique des espèces, même pour les professionnels. La plupart des déterminations erronées concernaient le genre *Apodemus*, où la présomption d'*Apodemus alpicola* n'a pu être confirmée dans aucun cas.

Espèces mal déterminées :

<i>Apodemus</i>	8
<i>Microtus/ Arvicola</i>	4
<i>Neomys</i>	2
<i>Crocidura</i>	2

Étonnamment, dans 6 cas, l'analyse génétique a révélé un genre différent de celui déclaré par les fournisseurs d'échantillons. Comme on peut partir du principe que les experts ne confondent pas *Crocidura* et *Sorex* ou *Microtus* et *Apodemus*, on peut se demander dans quelle mesure les échantillons ont pu être contaminés ou échangés. Quoi qu'il en soit, il faudra à l'avenir accorder encore plus d'importance à la manipulation des échantillons.

Déposition des données

Toutes les données de détection issues du monitoring génétique ont été transmises au CSCF et sont intégrées dans la base de données d'info fauna. Il reste à clarifier ce qu'il advient des séquences génétiques analysées. Dans l'idéal, elles devraient être intégrées dans des banques de données accessibles au public, telles que GeneBank ou BOLD. Les petits mammifères qui ont été déposés dans un musée sont conservés dans des congélateurs en tant que spécimens proprement étiquetés. A l'avenir, la question se posera de savoir dans quelle mesure il faut faire l'effort de conserver un justificatif physique du plus grand nombre possible de preuves. Dans tous les cas, il est important que le plus grand nombre de données possible soit mis à la disposition du plus grand nombre de personnes possible afin que les moyens financiers engagés aient le plus grand impact possible.

Comment poursuivre

Les résultats montrent que le monitoring génétique peut apporter des connaissances importantes sur des espèces rares. Il faut continuer à faire du lobbying pour qu'un monitoring systématique des micromammifères soit mis en place dans toute la Suisse. Mais jusqu'à ce qu'un tel système puisse être mis en place, la poursuite du monitoring génétique serait d'une grande utilité. Il faut clarifier avec la SSBF ainsi qu'avec d'éventuelles fondations et offices comment le monitoring génétique pourra être financé dans les prochaines années.

Le GT Petits mammifères fonctionne bien en tant que réseau pour la collecte d'échantillons provenant aussi bien de projets concrets que de personnes privées bénévoles. S'il y avait de l'argent pour payer une indemnité forfaitaire, il y aurait suffisamment de personnes intéressées pour qu'un réseau supplémentaire de centres de compétence régionaux puisse être mis en place, comme cela a été réalisé dans le cadre du projet Atlas, et qu'il soit ainsi possible d'appeler encore davantage à la collecte de découvertes fortuites.

Si le monitoring génétique est poursuivi, il serait judicieux d'élaborer différentes fiches d'information : des instructions sur la manière de prélever, d'étiqueter et d'envoyer proprement les échantillons ou un guide pour sauvegarder autant que possible toutes les données (détermination, séquences génétiques, objets physiques).

Remerciements

Nous remercions la Société suisse de biologie de la faune (SSBF) pour son soutien financier au monitoring génétique ainsi que tous les fournisseurs d'échantillons. De même, le laboratoire de l'Institut de l'environnement et des ressources naturelles à la ZHAW de Wädenswil et le groupe central du GT Petits mammifères.



Il est souvent difficile de distinguer les espèces cryptiques sur la base de leurs caractéristiques morphologiques. Sur la photo, de haut en bas *Apodemus sylvaticus*, *Apodemus flavicollis*, *Apodemus alpicola*. (Photos : Thomas Briner)