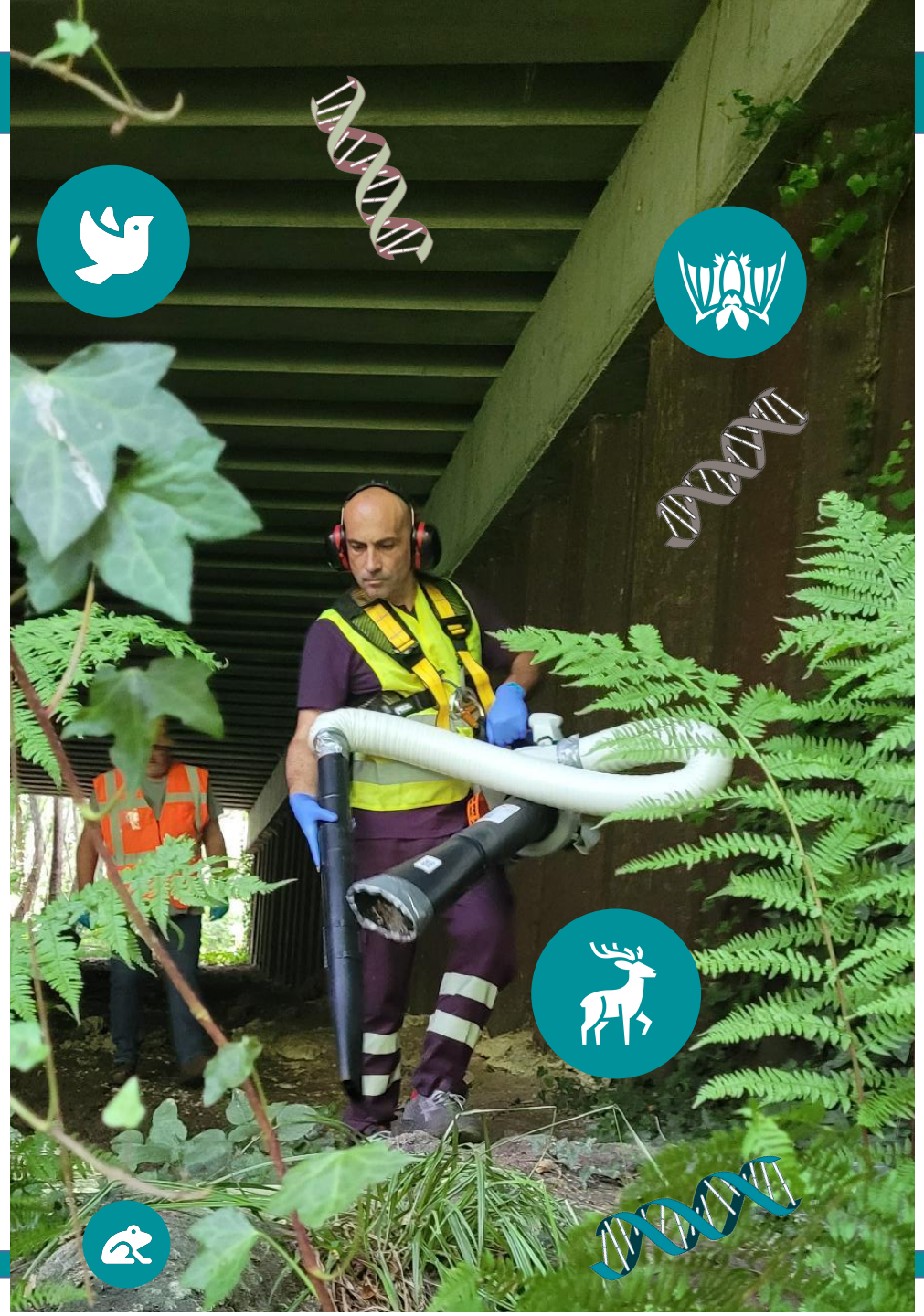


Mammif'Air

Méthode innovante pour étudier la fonctionnalité des passages à faune des infrastructures linéaires : l'ADNe de l'air

Kim EUSTACHE, Baptiste FAURE, Suzon BEDU (Biotope)

avec SGS

Journées ITTECOP 2026 · projet exploratoire ITTECOP (2024)

MINISTÈRES
TRANSITION ÉCOLOGIQUE
AMÉNAGEMENT DU TERRITOIRE
TRANSPORTS
VILLE ET LOGEMENT
Liberté Égalité Fraternité

ADEME
AGENCE DE LA TRANSITION ÉCOLOGIQUE

Journées 2026 • ITTECOP
Infrastructures, territoires, transports, énergies, écosystèmes et paysages

Démontrer qu'un passage à faune fonctionne : une obligation

Un engagement national

La **Stratégie nationale biodiversité 2030** (COP15) : restaurer les continuités écologiques et résorber les « points noirs » des **infrastructures linéaires de transports** (autoroutes, voies ferrées…). Les passages à faune réduisent la fragmentation.

Démontrer l'efficacité

Les mesures **ERC** imposent d'en **démontrer l'efficacité par un suivi**.

Zones d'ombres

Surtout la grande faune est suivie mais **la biodiversité** qui emprunte les ouvrages est sous estimée: micromammifères, chauves-souris, amphibiens, reptiles, insectes.



L'enjeu : disposer d'un suivi fiable, rapide et reproductible de toute la faune qui utilise les ouvrages.

Contexte – Les méthodes conventionnelles



Pièges photo : clichés infrarouges de nuit (archives Biotope)

Pièges photo et variantes

Classiques ou modifiés, déclenchés par la **chaleur et le mouvement** : amphibiens, reptiles et insectes (à sang froid) restent invisibles.

Pièges à empreintes

Micromammifères, mustélidés : des traces à relever et à interpréter, une identification parfois délicate.

Bioacoustique

Chauves-souris : enregistreurs dédiés, puis analyse des sons par un spécialiste.

Avifaune: bioacoustique

Prospections expertes

Amphibiens, reptiles, insectes : un protocole et un spécialiste par groupe, des passages répétés.

Des suivis longs (des semaines à des mois de pose) **et du matériel exposé** au vol et à la dégradation.

Aucune ne donne, en une fois, la diversité des espèces qui empruntent l'ouvrage.

Une preuve de concept guidée par quatre questions

Objectif : mettre en œuvre et valider un protocole basé sur les outils moléculaires (ADNe de l'air) pour étudier les passages à faune.

Q1 Faisabilité

Les outils moléculaires peuvent-ils être mobilisées pour suivre les passages à faune ?

Q2 Étendue

Ces approches sont-elles restreintes à:

- **un groupe taxonomique**
- **vision large des espèces présentes ?**

Q3 Efficacité

Comment juger de l'efficacité de cette méthode vis-à-vis des méthodes conventionnelles ?

Q4 Déploiement

Ce monitoring peut-il être déployé à large échelle ?

Une preuve de concept : à notre connaissance, **aucune étude publiée** n'applique l'ADN de l'air et des surfaces aux passages à faune.

Sélection drastique de l’aire d’étude

Une étape longue et décisive : rechercher des passages inférieurs avec rétablissement hydraulique, accessibles et peu fréquentés.

Un abri pour l’ADN

Ni pluie ni UV, température stable : l’ADN se dégrade plus lentement.

Un air confiné

Peu de vent : l’ADN capté vient de l’ouvrage et de ses abords.

Un cours d’eau

Un ruisseau dans chacun : milieux variés, faune semi-aquatique.

Aucun chemin de randonnée

Peu de passages humains, peu d’ADN humain.



Passage OH 9.1 « Le Toupiey », Bazas (photo Biotope)

Aire d’étude retenue: passages à faune inférieurs de l’A65 (A’LIENOR)

Trois modalités de prélèvement de l'ADN environnemental

Air



Aspirateur à ADNe : poils, cellules, poussières en suspension dans l'ouvrage.

Surfaces



Rouleau à ADN sur les parois et le sol, là où la faune passe.

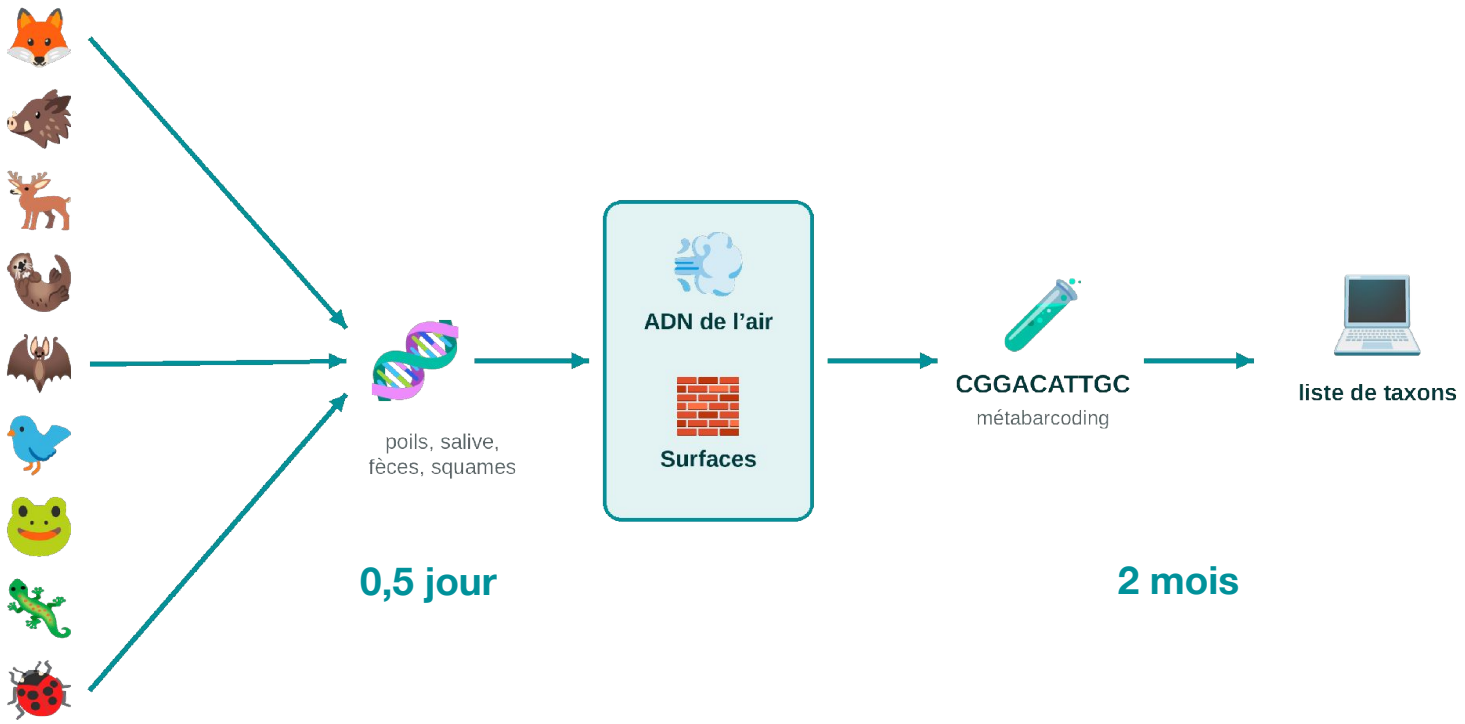
Indices biologiques



Collecte opportuniste : fèces, échantillons de végétaux.

Juin 2026, une demi-journée.

Du prélèvement à la liste d'espèces validée



Métabarcodage NGS

Trois marqueurs : **16S, COI** (invertébrés) et **MarVer** (vertébrés). Le séquençage à haut débit lit des millions de fragments en parallèle.

Assignation et contrôle

Référence MIDORI2 (SGS), puis **72 assignations vérifiées par BLAST** (NCBI) ; à score égal, seule l'espèce présente en France est retenue.

Validation par un écologue

Plausibilité écologique et géographique (script R), retrait des contaminants (Homme, poisson marin), domestiques signalés.

Résultats confrontées à la littérature et aux données locales disponibles (FDC 33, OH 9.1, 2025–2026).

Objectif atteint : 13 mammifères, dont 7 moyens et grands

Chevreuil européen
Capreolus capreolus
air, surfaces · P1, P2

Sanglier
Sus scrofa
air, surfaces, fèces · P1, P2

Renard roux
Vulpes vulpes
air, surfaces, fèces · P1, P2

Blaireau européen
Meles meles
surfaces · P1, P2

Loutre d'Europe
Lutra lutra
air · P2

Genette commune
Genetta genetta
air · P2

Martre
Martes martes

Écureuil roux
Sciurus vulgaris
air, surfaces · P2

Et aussi : Mulot sylvestre, Campagnol roussâtre, Musaraigne pygmée, Murin à oreilles échancrées, Pipistrelle commune.

323 organismes différents, dont 309 identifiés jusqu'à l'espèce

4 487
séquences uniques (ASV)

30
vertébrés, dont 13 mammifères

84 %
des taxons détectés dans l'air



Chiroptères : Murin à oreilles échancrées, Pipistrelle commune

Micromammifères : Mulot sylvestre, Campagnol roussâtre, Musaraigne pygmée

Amphibiens, reptile : Grenouille agile, Grenouille verte (Pelophylax sp., genre), Lézard des murailles

14 oiseaux : Rougegorge, Troglodyte, Chouette hulotte, Merle noir, Mésanges bleue et à longue queue…

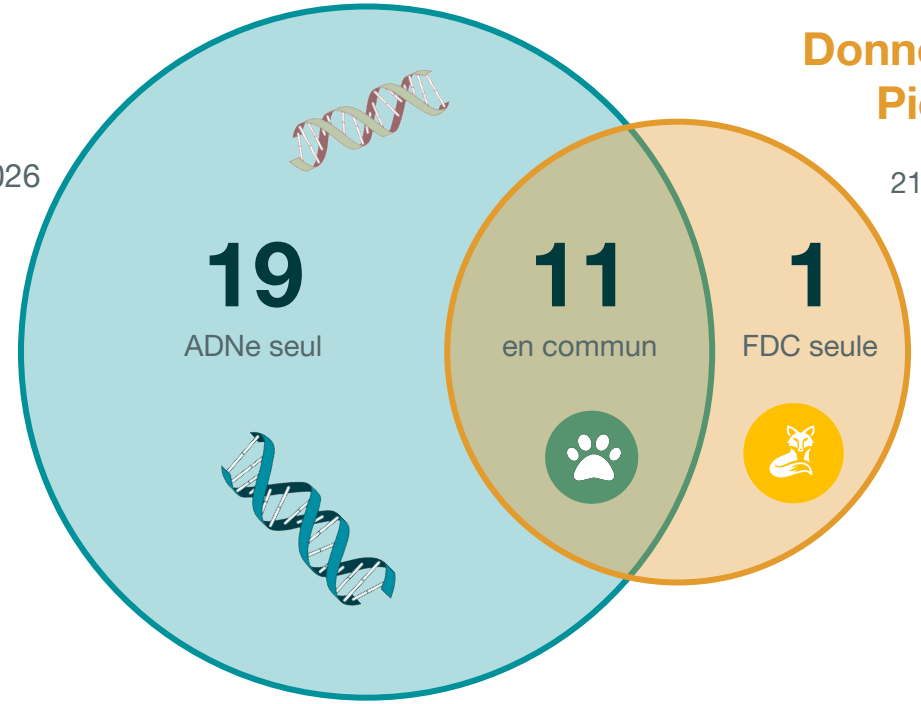


Faune des passages de Bazas, juin 2026 (photos Biotope)

La force de l'ADNe : le multi-taxons. 16 taxons protégés, dont amphibiens, reptile et chauves-souris.

Des résultats cohérents avec les données locales

Biotope ADNe
30 vertébrés,
½ journée juin 2026



Données FDC 33 Pièges Photo
12 vertébrés,
21 mois (2025–2026)

92 %

des vertébrés connus localement retrouvés par l'ADNe (11/12)

+ 19

vertébrés en plus, dont 13 protégés, absents des données locales

En commun : Sanglier, Renard roux, Chevreuil européen, Blaireau européen, Genette commune, Loutre d'Europe, Martre ou Fouine, Écureuil roux, Pigeon ramier, Merle noir, Corneille noire. **Absent de l'ADNe :** Ragondin.

Données locales : pièges photo de la FDC 33 pour A'liénor, OH 9.1, 2025 et février–octobre 2026. ADNe : 2 passages, 6 échantillons ; Martre/Fouine, Merle noir et Corneille noire identifiés par BLAST.

L'ADNe élargit l'inventaire ; les comptages restent l'apport des pièges photo.

Des limites identifiées, des pistes d'amélioration

Limites

- **Pas de quantification :** ni effectif, ni fréquentation, ni date de passage.
- **Erreurs d'identification ponctuelles :** bases de référence incomplètes, espèces proches (Grenouilles vertes [complexe d'espèces], Sanglier/porc).
- **Un instantané :** deux passages, une date, réplicats regroupés ;

Pistes d'amélioration

- **Réplicats analysés séparément** et témoins de terrain, d'extraction et de PCR.
- **Normaliser marqueurs:** un marqueur dédié aux mammifères, amphibiens, chiroptères,....
- **L'écologue au cœur de la méthode :** choix des points de prélèvement sur le terrain, vérification, validation finale.

Perspectives

Dans le temps
saisons, variabilité interannuelle

Dans l'espace
autres territoires, autres ouvrages

Passages supérieurs
vs inférieurs et autres infrastructures linéaires de transport

Dégradation de l'ADN
vitesse en conditions réelles

Standardisation
marqueurs

Une méthode à démocratiser à condition de standardiser le protocole et de garder l'expertise naturaliste à chaque étape.



Merci pour votre attention

biotope

Contact projet Mammif'Air :

bfaure@biotope.fr ·
kim.eustache@biotope.fr

Vertébrés : ADNe et données locales (FDC 33)

Taxon	Photo 2025	Photo 2026*	ADNe : échantillons
Blaireau européen *Meles meles*	15	25	Surface P1, Surface P2
Chevreuil européen *Capreolus capreolus*	210	119	Air P1, Air P2, Surface P2
Genette commune *Genetta genetta*	14	13	Air P2
Loutre d'Europe *Lutra lutra*	12	–	Air P2
Martre ou Fouine *Martes sp.*	11	5	BLAST, genre
Renard roux *Vulpes vulpes*	308	112	Air P1, Air P2, Surface P1, Surface P2, Fèces P1
Sanglier (ou porc domestique) *Sus scrofa*	395	128	Air P2, Surface P2, Fèces P1
Écureuil roux *Sciurus vulgaris*	5	24	Air P2, Surface P2
Campagnol roussâtre *Myodes glareolus*	–	–	Air P2
Mulot sylvestre *Apodemus sylvaticus*	–	–	Air P1, Air P2, Surface P1, Surface P2, Fèces P1
Murin à oreilles échancrées *Myotis emarginatus*	–	–	Surface P1
Musaraigne pygmée *Sorex minutus*	–	–	Surface P2
Pipistrelle commune *Pipistrellus pipistrellus*	–	–	Air P1
Ragondin *Myocastor coypus*	12	21	non détecté
Corneille noire *Corvus corone*	–	1	BLAST, espèce
Merle noir *Turdus merula*	–	2	BLAST, espèce

Taxon	Photo 2025	Photo 2026*	ADNe : échantillons
Pigeon ramier *Columba palumbus*	–	36	Air P1, Air P2, Surface P1, Surface P2
Accenteur mouchet *Prunella modularis*	–	–	Surface P1
Canard colvert *Anas platyrhynchos*	–	–	Surface P1
Chouette hulotte *Strix aluco*	–	–	Air P2
Geai des chênes *Garrulus glandarius*	–	–	Air P2
Martinet noir *Apus apus*	–	–	Air P1
Moineau domestique ou friquet *Passer sp.*	–	–	BLAST, genre
Mésange bleue *Cyanistes caeruleus*	–	–	BLAST, espèce
Mésange à longue queue *Aegithalos caudatus*	–	–	BLAST, espèce
Pouillot véloce *Phylloscopus collybita*	–	–	Air P1
Rougegorge familier *Erithacus rubecula*	–	–	Air P1, Surface P1, Surface P2
Troglodyte mignon *Troglodytes troglodytes*	–	–	Air P2, Surface P2, Végétation P2
Grenouille agile *Rana dalmatina*	–	–	Air P2
Grenouille verte (complexe) *Pelophylax sp.*	–	–	BLAST, genre
Lézard des murailles *Podarcis muralis*	–	–	Air P2, Surface P2

* 2026 : février à octobre. Effectifs = franchissements enregistrés, pas des individus (OH 9.1, FDC 33). « BLAST » : séquence confirmée par BLAST (NCBI), non attribuable à un échantillon. Sus scrofa : sanglier ou porc, indistinguables.

Vertébrés : 32 séquences vérifiées par BLAST, 7 taxons ajoutés

SGS n'avait assigné ces séquences MarVer qu'au genre, à la famille ou à l'ordre : elles étaient absentes de la liste d'espèces livrée.

Assignation SGS	ASV	Résultat BLAST (NCBI)	Plausibilité géographique	Décision
Passeriformes (ordre)	2	*Turdus merula* 100 et 99,6 % ; ex aequo *Irania gutturalis*	Irania : Asie occidentale, absente de France	**Ajout : Merle noir (*Turdus merula*)**
Corvus (genre)	1	*C. corone* = *C. cornix* 100 %	Corneille mantelée très rare en Gironde	**Ajout : Corneille noire (*Corvus corone*)**
Aegithalos (genre)	6	*A. caudatus* = *A. glaucogularis* 99,5–100 %	A. glaucogularis : Chine	**Ajout : Mésange à longue queue (*A. caudatus*)**
Cyanistes (genre)	1	*C. caeruleus* 100 % ; *C. cyanus* 99,5 %	C. cyanus : Russie, Asie centrale	**Ajout : Mésange bleue (*C. caeruleus*)**
Passer (genre)	1	*P. domesticus* = *P. montanus* 100 %	Les deux espèces présentes en France	**Ajout : Moineau (*Passer* sp.), au genre**
Pelophylax (genre)	4	*P. ridibundus* = *P. kurtmuelleri* 99,5–100 %	Complexe non résolu par l'ADN mitochondrial	**Ajout : Grenouille verte (*Pelophylax* sp.), au genre**
Martes (genre)	1	*M. martes* 99,5 % ; *M. americana* 99,0 % ; aucun hit *M. foina*	M. americana : Amérique du Nord	**Ajout : Martre ou Fouine (*Martes* sp.), martre probable**
Mammalia (classe)	5	*Canis familiaris* 97,6–98,1 % (2 ASV) ; *Canis* 93–95 % (3 ASV)	Chiens de chasse fréquentant le site	**Non compté : chien domestique**
Mammalia (classe)	1	*Sus scrofa* 100 %	—	**Confirme le Sanglier (déjà listé)**
Anas (genre)	2	*A. platyrhynchos* 98,7–99,5 % ; ex aequo canards asiatiques	Seul le colvert est présent en France	**Confirme le Canard colvert (déjà listé)**
Gallus (genre)	2	*Gallus gallus* 99,6 %	Domestique	**Poulet : domestique, conservé à part**
Cercopithecidae, Mammalia, non assigné	5	*Homo sapiens* 99,1–100 % (1 ASV ex aequo *Mus musculus*)	ADN humain mal assigné (singes)	**Retiré : contamination humaine**
Rodentia (ordre)	1	*Melomys*, *Apodemus draco* ≤ 91 %	Genres hors d'Europe	**Non résolu : non compté**
Prunella fulvescens	—	*P. modularis* 100 % ; *P. fulvescens* 98,1 %	P. fulvescens : Asie centrale	**Corrigé : Accenteur mouchet (*P. modularis*)**
Bos taurus	—	*B. taurus* = *B. grunniens* 100 %	Yack absent de France	**Vache : domestique, conservée à part**
Sprattus sprattus	—	*S. sprattus* 99,6 %	Poisson marin	**Retiré : apport alimentaire ou contamination**
Troglodytes troglodytes	—	nom juste, famille fausse (Certhiidae)	—	**Famille corrigée : Troglodytidae**

Plausibilité géographique : aire de répartition connue (avis d'expert) et indice « observations » de SGS. GBIF n'a pas pu être interrogé depuis l'environnement d'analyse (accès bloqué) : contrôle à relancer sur un poste Biotope (script R/filtre_plausibilite_geo.R). BLAST : NCBI GenBank, BLASTn ; espèce si identité ≥ 98,5 %, sans autre espèce plausible à moins de 0,5 point.

Invertébrés : 30 noms vérifiés ou corrigés par BLAST

Un nom est vérifié si son aire est hors d'Europe ou si SGS lui donne l'indice « Zero » ou « No Data ». Aucun nom n'est retiré sur la seule géographie.

Nom livré par SGS	Pourquoi il a été vérifié	Résultat BLAST (NCBI)	Décision
Xanthograpta glycychroa	Asie orientale	ex aequo 99,4 % entre 5 noctuelles	**Corrigé : *Protodeltote pygarga***
Ectropis dentilineata	Asie	*E. crepuscularia* 99,5–100 % (5 ASV)	**Corrigé : *E. crepuscularia***
Orius strigicollis	Asie orientale	*O. minutus* 99,4 % (16S)	**Corrigé : *Orius minutus***
Natarsia qinlingica	Chine	94–96 % (espèce européenne absente de GenBank)	**Genre : *Natarsia* sp.**
Chironomus pseudomendax	Japon	*C. dorsalis* = *C. pseudomendax* 100 %	**Genre : *Chironomus* sp.**
Tabanus pleskei	Paléarctique oriental	98,1 % (sous le seuil)	**Genre : *Tabanus* sp.**
Telenomus dignus, T. podisi	Asie, Amérique du Nord	*Telenomus* sp. 94–97 %	**Genre : *Telenomus* sp.**
Bertkauia crosbyana	Amérique du Nord	97,1 %	**Genre : *Bertkauia* sp.**
Similameconema sinica	Chine	92–95,5 %	**Famille : Meconematinae**
Antillattus gracilis	Caraïbes	91–92 %	**Famille : Salticidae**
Asteromyia carbonifera, A. euthamiae	Amérique du Nord	Cecidomyiidae non identifiées	**Famille : Cecidomyiidae**
Echinocladius martini	Australie	aucun hit	**Famille : Chironomidae**
Ledra auditura / L. trigona	Asie	aucun hit	**Ordre : Hemiptera**
Trichogramma dendrolimi	Asie orientale	aucun hit	**Ordre : Hymenoptera**
Tomocerus ocreatus	indice SGS « Zero »	aucun hit (2 ASV)	**Ordre : Entomobryomorpha**
Candona bimucronata	indice SGS « No Data »	87 % (MarVer)	**Ordre : Podocopida**
Essigella californica, Appendiseta robiniae	Pucerons nord-américains introduits	98,4–100 %	**Conservés (espèces confirmées)**
Gryllus bimaculatus, Pyrgomorpha conica	Méditerranéens, Gironde à confirmer	99,4–100 %	**Conservés (espèces confirmées)**
Helius hispanicus, Stylosomus rugithorax, Pissodes notatus, Trichadenotecnum castum, Euglesa obliquata	indice SGS « Zero » ou « No Data »	98,5–100 %	**Conservés (espèces confirmées)**
Brazypeza bisignata ; Culiseta, Sepsis	Doublons de nom SGS	—	**Fusionnés**

Plausibilité géographique : aire de répartition connue (avis d'expert) et indice « observations » de SGS. GBIF n'a pas pu être interrogé depuis l'environnement d'analyse (accès bloqué) : contrôle à relancer sur un poste Biotope (script R/filtre_plausibilite_geo.R). BLAST : NCBI GenBank, BLASTn ; espèce si identité ≥ 98,5 %, sans autre espèce plausible à moins de 0,5 point. Après curation : 318 taxons animaux (307 espèces), puis 323 taxons sauvages avec les ajouts BLAST.