

Cellule Migrateurs Charente Seudre



EPTB Charente
Etablissement Public Territorial de Bassin Charente



M I G A D O
Migrateurs Gascogne Dordogne
Charente Seudre



Creaa
Nouvelle-Aquitaine

**Identification du front de migration des aloses
sur la Charente par l'utilisation de l'ADN
environnemental.**

Campagnes 2019-2020



Juin 2021

POSTIC-PUIVIF Audrey, COLLEU Marc-Antoine,

ALBERT François, BUARD Eric

AVANT-PROPOS

Ce rapport constitue une synthèse des suivis ADNe réalisés en 2019 et 2020 par la CMCS, dans le cadre de leur programme d'actions 2016-2020.



Le Programme d'actions pour la Sauvegarde et la Restauration des Poissons Migrateurs Amphihalins sur les Bassins Charente et Seudre année 2020 est cofinancé(e) par l'Union européenne. L'Europe s'engage en Poitou-Charentes avec le Fonds européen FEDER.

Cellule Migrateurs Charente Seudre



Référence à citer :

POSTIC-PUIVIF A., COLLEU MA., ALBERT F., BUARD E., Juin 2021. Identification du front de migration des aloses sur la Charente par l'utilisation de l'ADN environnemental. Campagnes 2019-2020. 38 pp.

SOMMAIRE

1.	Contexte et organisation	1
1.1	Un territoire d'importance pour les amphihalins	1
1.2	Un partenariat et un fonctionnement opérationnel : la Cellule Migrateurs Charente-Seudre 1	
1.3	Les aloses dans la Charente.....	1
1.4	L'ADN environnemental	2
2	Les suivis ADNe dans la Charente.....	4
2.1	La campagne de 2019.....	4
2.1.1	Contexte du suivi de 2019	4
2.1.1	Analyse des résultats 2019.....	6
2.2	La campagne de 2020.....	11
2.2.1	Contexte du suivi de 2020	11
2.2.2	Analyse des résultats 2020.....	12
2.3	Analyse des coûts entre suivi ADNe et suivi classique	19
3	Bilan et perspectives	21
	BIBLIOGRAPHIE.....	23
	LISTE DES ILLUSTRATIONS.....	24
	ANNEXES.....	25

1. Contexte et organisation

1.1 Un territoire d'importance pour les amphihalins

Situés au nord de la Gironde et au sud de la Loire, le bassin de la Charente a une position stratégique sur la façade atlantique. De plus avec la diversité des habitats qu'il offre (marais et zones humides, réseau hydrographique dense), le bassin de la Charente représente un territoire d'importance pour la reproduction, la croissance et le développement des poissons migrateurs amphihalins.

Quelques kilomètres après sa source sur les contreforts du Massif Central en Haute-Vienne, la Charente alimente le lac de Lavaud. Avec son voisin le lac de Mas-Chaban, ils permettent de soutenir le débit estival, grâce à des barrages. Dans sa partie médiane, le fleuve se divise en plusieurs bras et méandres caractéristiques des grands cours d'eau de plaine sédimentaire. Enfin, la Charente se jette dans l'océan par un estuaire long d'environ 50 km. Les effets de la marée se font ressentir jusqu'en amont de Saintes (80 km de l'océan).

L'étude des potentialités piscicoles pour les poissons migrateurs, menée en 2003 par l'EPTB Charente, a mis en évidence que la globalité du bassin Charente présente de bonnes potentialités d'accueil pour les poissons migrateurs amphihalins.

1.2 Un partenariat et un fonctionnement opérationnel : la Cellule Migrateurs Charente-Seudre

Créée par une forte volonté locale en 2009, la Cellule Migrateurs Charente Seudre (CMCS) est formée par le rapprochement de 3 structures autour d'un programme unique pour la sauvegarde et la restauration des populations de poissons migrateurs. Les structures sont l'Etablissement Public Territorial du Bassin Charente (EPTB Charente), l'Association Migrateurs Garonne Dordogne Charente Seudre (MIGADO) et le Centre Régional d'Expérimentation et d'Application Aquacole (CREAA). Elles interviennent dans le respect de leurs statuts. La CMCS pilote et réalise un programme d'actions pluriannuel basé sur la concertation des acteurs locaux et régionaux, techniques et financiers, assumant ainsi pleinement son rôle essentiel d'animation. Une convention de partenariat tripartite pour la mise en œuvre du programme d'actions 2021-2025 permet de consolider le fonctionnement de la CMCS, de définir les modalités de partenariat et les montages administratifs.

1.3 Les aloses dans la Charente

Des suivis sur les grandes aloses et les aloses feintes sont réalisés sur la Charente depuis 2009. Chaque année des observations de terrain permettent d'établir le front de migration de ces espèces, c'est-à-dire le point le plus en amont sur le bassin où des individus ont été observés. Des indices de présence complémentaires sont aussi relevés comme la présence de cadavres, l'activité positive des frayères ou encore les informations de captures de « pêcheurs », vérifiées. La figure ci-après présente les suivis « Aloses » pour 2016-2020.

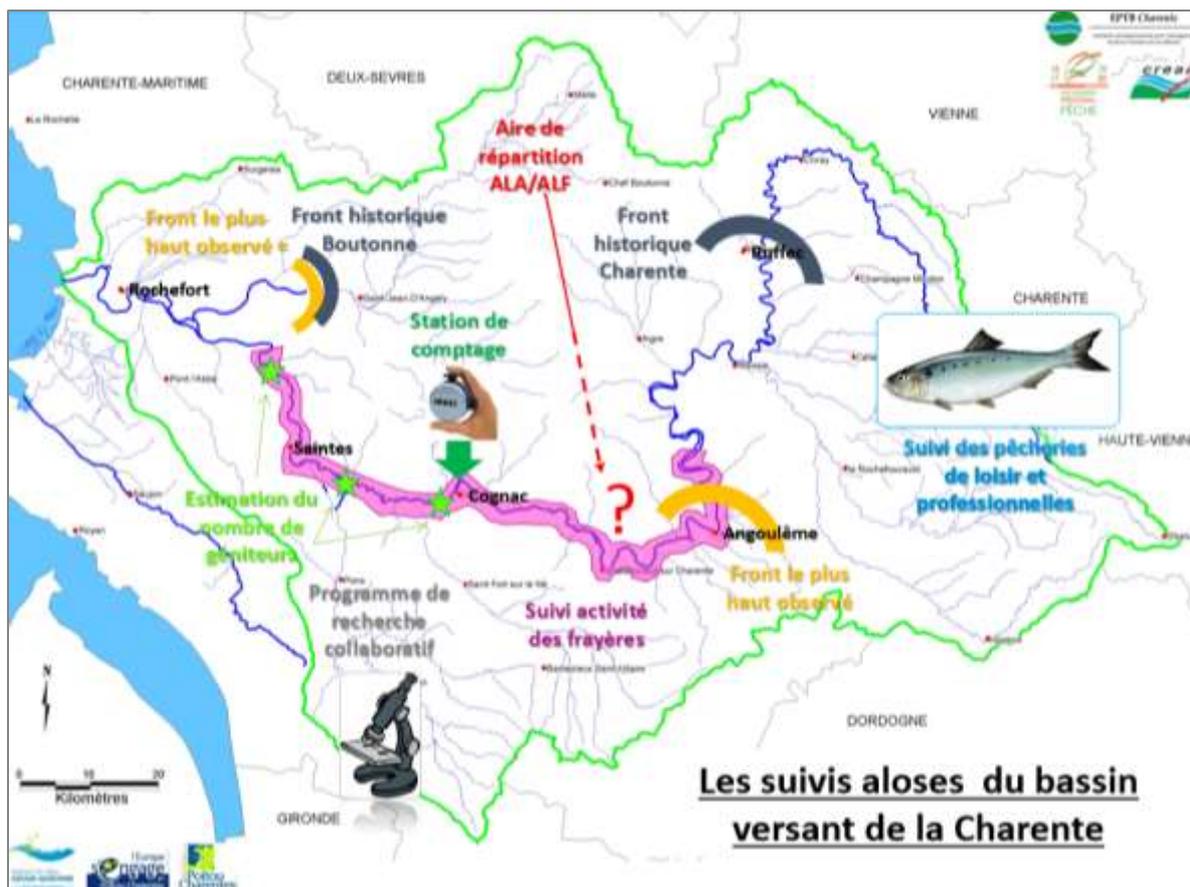


Figure 1 : Les suivis aloses du bassin versant de la Charente

Le bassin de la Charente accueille les 2 espèces d’aloses qui se retrouvent parfois confrontées à utiliser les mêmes frayères pour se reproduire car les barrages entravent leur migration et leur répartition tout au long du fleuve. C’est pourquoi des hybrides sont aussi observés sur la Charente.

1.4 L’ADN environnemental

Les technologies d’inventaire et de suivi des espèces utilisant l’ADN environnemental (ADNe) évoluent depuis les années 2000. Cette nouvelle technique très prometteuse commence à être accessible aux gestionnaires, tant sur le plan financier que technique. L’ADNe peut être extrait d’échantillons environnementaux de sol, d’eau ou d’air, sans avoir besoin d’isoler au préalable des individus cibles. Les poissons par exemple, laissent des traces de leur présence dans l’eau (gamètes, mucus, fèces, urine, peau, ou cadavres). L’ADNe est ensuite amplifié en utilisant des amorces spécifiques à un groupe taxonomique donné (bactéries, vertébrés, poissons, etc.) puis séquencé à l’aide d’un séquenceur nouvelle génération (NGS). Cette approche, appelée ADNe ‘metabarcoding’ permet d’identifier simultanément plusieurs taxons appartenant à un même groupe taxonomique et plusieurs groupes taxonomiques à partir d’un seul échantillon environnemental, sans connaissance "a priori" des espèces susceptibles d’être présentes dans l’écosystème étudié. L’ADNe ‘metabarcoding’ se révèle donc être un outil de veille environnementale performant pour étudier la biodiversité dans son ensemble tout en détectant précocement des espèces exotiques (avant qu’elles n’exploient et soient bien visibles) et des espèces rares comme certaines espèces de poissons migrateurs.

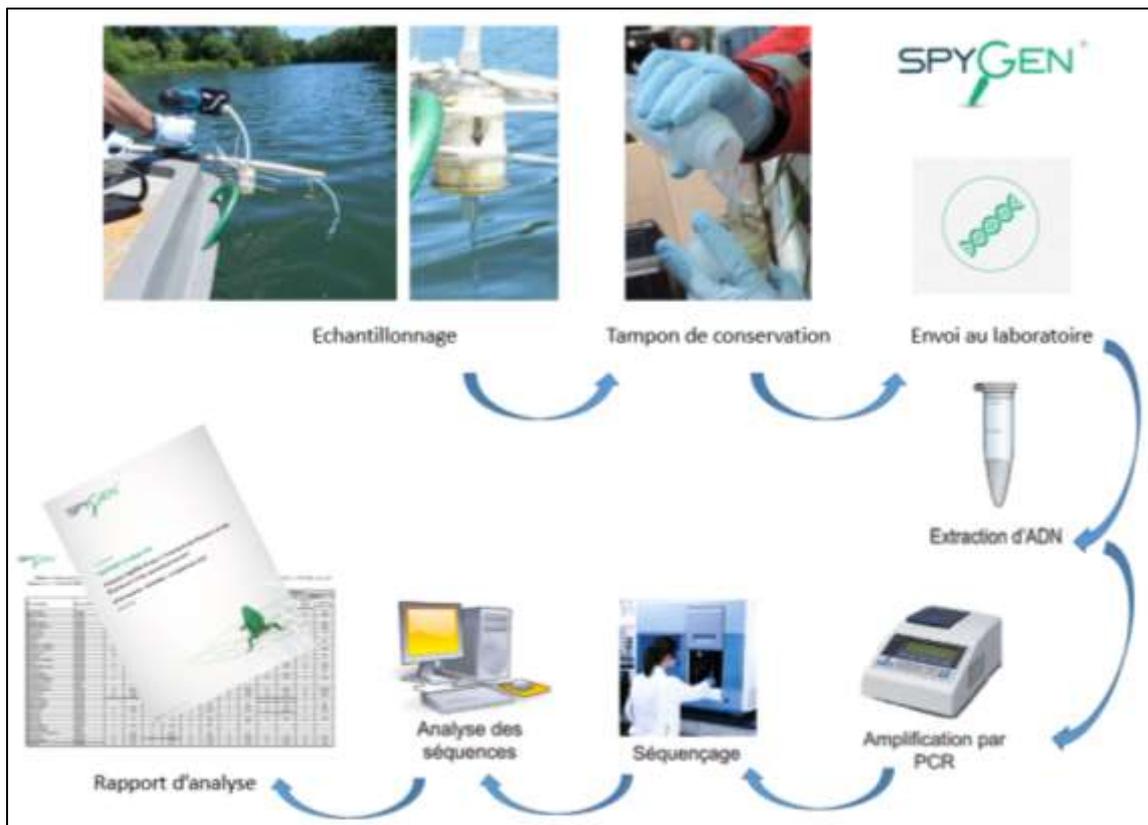


Figure 2 : Protocole des suivis ADNe sur la Charente

Plusieurs études ont démontré que les suivis ADNe permettaient de mettre en évidence une richesse spécifique plus abondante que les suivis traditionnels, comme des pêches d'inventaires, à l'électricité ou au filet, pour les poissons, par exemple (Civade *et al.*, 2016 ; Valentini *et al.*, 2016).

C'est pourquoi, sur la Charente, la CMCS a souhaité expérimenter en 2019 ce type de suivi pour optimiser la recherche de présence des aloses. La recherche spécifique (barcoding) n'étant pas possible, c'est tout le cortège des espèces piscicoles qui va être recherché dans les analyses (metabarcoding, avec 78 taxons potentiels). De plus, certaines espèces ne sont identifiées qu'au stade de la famille, comme les aloses où la distinction entre grande et feinte est impossible. Après discussion avec le laboratoire SPYGEN, spécialisé dans la détermination d'ADNe, le développement des amorces pour répondre à cette distinction est matériellement possible mais il faut que la demande soit suffisante et que des moyens financiers soient débloqués.

Les suivis ADNe comportent des avantages et des faiblesses par rapport aux outils de prospection classiques. Le tableau suivant en présente une synthèse :

Avantages	Limites
Performance et fiabilité de détection	Délais d'obtention des résultats
Facilité de mise en œuvre sur le terrain	Impossibilité d'estimer l'abondance et la taille des populations
Gain de temps et réduction du coût des inventaires	Pas d'informations biométriques des individus
Préservation d'introduction de pathogènes dans le milieu	Impossibilité de différencier les hybrides
Méthode non invasive	Besoin d'avoir des bases génétiques fiables et complètes, et accessibles
Outil pour la surveillance de la biodiversité	Risque de faux-positifs ou faux-négatifs : vigilance dans l'analyse des résultats

Les 2 campagnes Charentaises ont été réalisées avec le laboratoire SPYGEN. Ce laboratoire possède sa propre banque de séquences génétiques et utilise aussi les autres banques génétiques open-source. Celui-ci fournit le matériel nécessaire aux prélèvements et effectue les analyses de séquences au laboratoire. Le rapport, rendu au bout de 3 mois, est simple et comprend des informations sur la qualité des prélèvements et les espèces ou groupe d'espèces identifiés. Comme il n'existe pas de recherche monospécifique pour les poissons, c'est tout le cortège piscicole qui a été caractérisé (78 taxons potentiels). Les 3 agents de la CMCS ont suivi la formation obligatoire en avril 2019 pour être préleveur.

2 Les suivis ADNe dans la Charente

Des suivis ADNe ont été réalisés dans la Charente en 2019 et 2020. Voici une carte du bassin versant et des sites prospectés. Les fiches des stations ont en annexe 1.

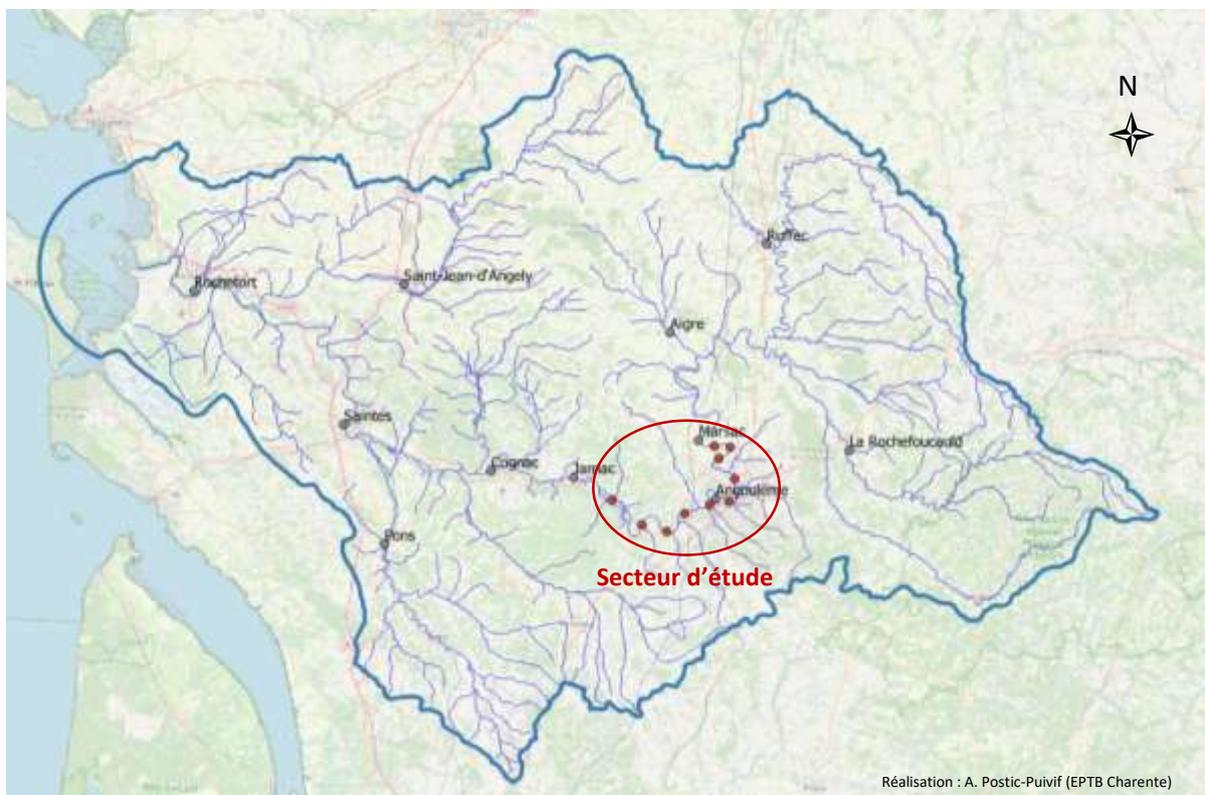


Figure 3 : Situation du secteur d'étude dans le bassin de la Charente

2.1 La campagne de 2019

2.1.1 Contexte du suivi de 2019

Les premiers suivis se sont déroulés en 2019. Les principaux objectifs d'utilisation de l'ADNe étaient alors les suivants :

- Voir la faisabilité de ce type de prélèvement sur la Charente qui est un grand milieu, non

prospectable à pied, et qui, au vu des effectifs décroissants d'aloses, semble prometteur pour mettre en évidence des secteurs de présence.

- Rechercher le front de migration des aloses et faire le parallèle avec les observations de terrain

4 stations ont été prospectées (Fiches station en Annexe 1) : **Juac** (point aval et site le plus amont où des aloses ont été vues lors d'une prospection en 2019), **Sireuil, Basseau, Coursac**. Le choix et la répartition des stations s'est fait en partant du point aval et en intégrant notamment la présence ou non de passe à poissons sur les ouvrages et la distance de 15 km environ entre point (défectabilité de l'ADNe). Les prélèvements se sont faits en bateau, de l'aval vers l'amont de la station et avec 1 prélèvement par rive pour chaque site. Deux sessions de prélèvements ont été organisées afin de voir si une progression du front vers l'amont était observée dans la saison. **2 stations par jour ont donc été prélevées les 15-17 mai et 13-14 juin 2019.**



Figure 4 : Prélèvement d'eau pour analyse de l'ADNe en 2019

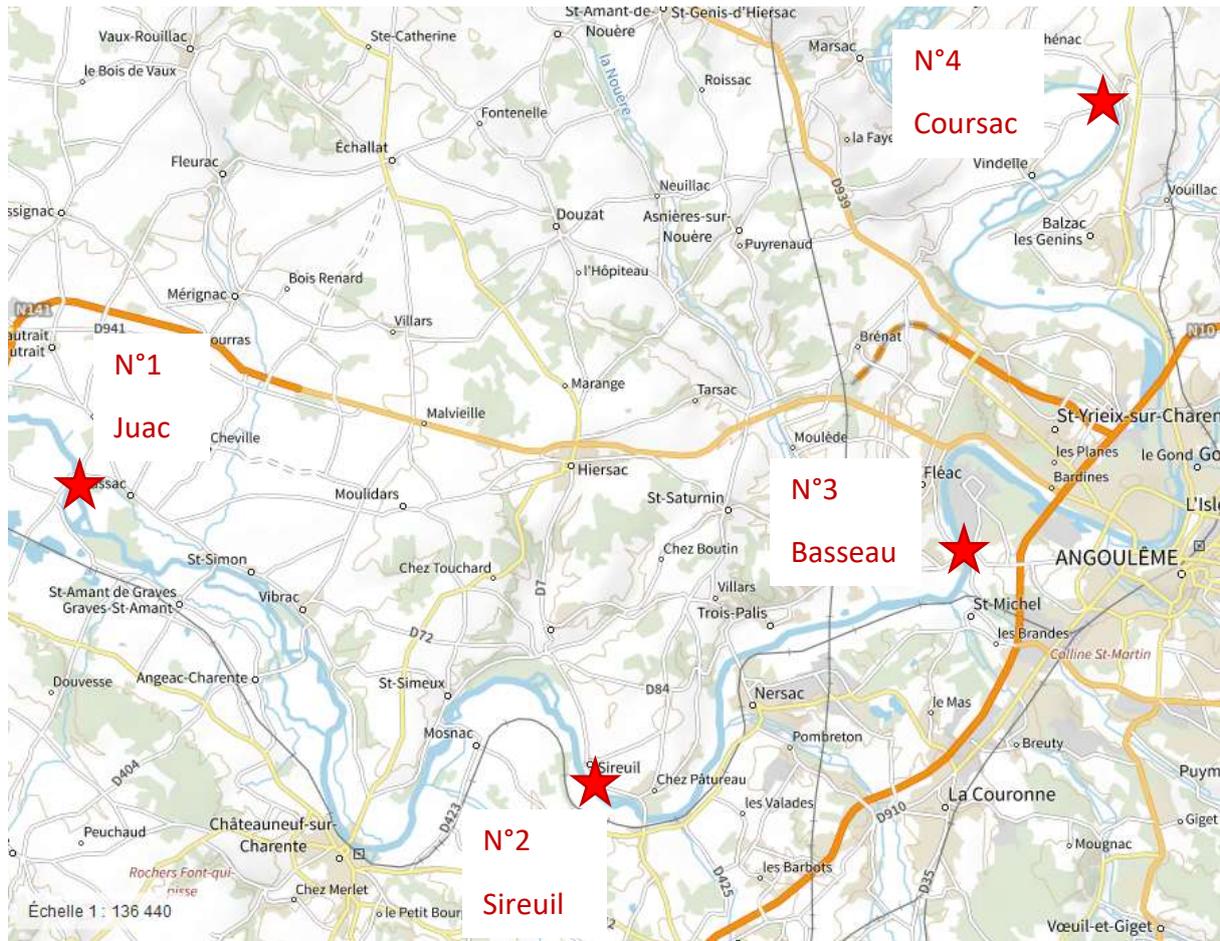


Figure 5 : Sites de prélèvements ADNe en 2019
 (Distance entre site : n°1 à n°2 = 15,4 km, n°2 à n°3 = 11,2 km, n°3 à n°4 = 20,6 km)

2.1.2 Analyse des résultats 2019

Les résultats ont été reçus dans les délais prévus de 3 mois, sous la forme d'un tableau Excel avec la liste des espèces ou taxons identifiés ainsi qu'un rapport synthétique mais sans aucune analyse. Les chiffres présentés correspondent, chaque espèce, à la fréquence d'apparition des séquences ADN par rapport à l'ensemble des séquences de l'échantillon. On ne pas faire de lien entre ces chiffres et la densité des espèces sur le site. Cela donne juste une idée de la présence de l'espèce, en plus ou moins grand nombre, au lieu et au moment du prélèvement. Des échanges avec SPYGEN ont permis de faire le point sur les précautions à prendre pour l'analyse des résultats, et de discuter de ceux-ci. Afin de faciliter la lecture des résultats, des histogrammes ont été réalisés par site, et les espèces classées par ordre croissant des fréquences d'apparition des séquences ADN. Les aloses ont été soulignées en vert, les autres migrateurs en jaunes et le silure en violet. Un besoin de connaissance sur ce dernier a été identifié sur la Charente, c'est pourquoi le silure est identifié dans les résultats.

Les prélèvements étaient de bonne qualité, sans contamination apparente. 38 taxons ont été identifiés en tout (Figure 6) dont 7 de plus à la deuxième session (sur 78 taxons dans la banque SPYGEN). La présence des aloses n'a été constatée que sur le site de Juac, ce qui est tout à fait cohérent avec les observations de terrain et conforte le protocole de suivi de la CMCS. Le site de Juac en 2019 était infranchissable et faisait l'objet de travaux pour y construire une passe à poissons. D'autres migrateurs ont été identifiés : anguille sur les 4 stations et aux 2 sessions, et Lampetra sp. (Lamproie fluviatile ou de planer) sur Coursac et Sireuil aux 2 sessions. Il faut être prudent avec les taxons identifiés de la

banque GenBank comme le panga, la sardine, le saumon, etc... qui correspondent souvent à des espèces consommées.

Nom scientifique	Nom courant	Juac Mai 2019	Juac Juin 2019	Sireuil Mai 2019	Sireuil Juin 2019	Basseau Mai 2019	Basseau Juin 2019	Coursac Mai 2019	Coursac Juin 2019
<i>Abramis brama</i>	brème commune	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Alburnus alburnus</i>	ablette	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Alosa sp.</i>	aloses	X	X						
<i>Anguilla anguilla</i>	anguille	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Barbatula barbatula</i>	loche franche	X		X	X	X	X	X	X
<i>Barbus barbus</i>	barbeau	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Blicca bjoerkna</i>	brème bordelière		X		X				
<i>Carassius sp.</i>	carassin	X	X	X	X				
<i>Cottus sp.</i>	chabot	X		X	X	x	X	X	X
<i>Cyprinidae - Complexe 2</i>					X				
<i>Cyprinidae - Complexe 3</i>		X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Cyprinus carpio</i>	carpe commune	X	X	X	X	X		X	X
<i>Esox lucius</i>	brochet	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Gasterosteus aculeatus</i>	épineche					X	X		
<i>Gobio sp.</i>	goujon	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Gymnocephalus cernuus</i>	grémille	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Lampetra sp.</i>				X	X			X	X
<i>Lepomis gibbosus</i>	perche soleil	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Leuciscus burdigalensis</i>	vandoise rostrée	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	truite arc en ciel	X	X	X	X	X	X		
<i>Perca fluviatilis</i>	perche	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Phoxinus sp.</i>	vairon	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Pungitius pungitius</i>	épinochette						X		
<i>Rhodeus amarus</i>	bouvière	X	X					X	X
<i>Rutilus rutilus</i>	gardon	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Salmo salar</i>	saumon								
<i>Salmo trutta</i>	truite commune	X	X	X	X	X	X		
<i>Salvelinus sp.</i>	omble					X			
<i>Sander lucioperca</i>	sandre	X	X	X	X		X	X	X
<i>Sardina pilchardus</i>	sardine				X				
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	rotengle	X	X	X	X		X	X	X
<i>Silurus glanis</i>	silure	X	X	X	X	X		X	X
<i>Squalius cephalus</i>	chevaine	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Tinca tinca</i>	tanche	X	X	X	X	X	X	X	X

Certains taxons sont identifiés au genre ou à la famille avec la base de référence SPYGEN :

Alosa sp. : *Alosa alosa* ou *Alosa fallax*

Carassius sp. : *Carassius auratus*, *Carassius carassius* ou *Carassius gibelio*

Cottus sp. : *Cottus aturi*, *Cottus duranii*, *Cottus gobio*, *Cottus hispaniolensis*, *Cottus perifretum* ou *Cottus petiti*

Cyprinidae - Complexe 2 : *Ctenopharyngodon idella* ou *Hypophthalmichthys molitrix*

Cyprinidae - Complexe 3 : *Abramis brama* ou *Blicca bjoerkna*

Gobio sp. : *Gobio gobio*, *Gobio lozanoi* ou *Gobio occitaniae*

Lampetra sp. : *Lampetra fluviatilis* ou *Lampetra planeri*

Phoxinus sp. : *Phoxinus bigerri*, *Phoxinus phoxinus* ou *Phoxinus septimaniae*

Salvelinus sp. : *Salvelinus fontinalis* ou *Salvelinus alpinus*

Figure 6 : Occurrence d'apparition des 38 taxons identifiés en 2019

Une analyse spécifique sur les Unionidés a été faite, en lien avec le LIFE Grande Mulette et Vincent PRIE afin de compléter l'état des connaissances sur la répartition de l'espèce (*Pseudunio auricularius* (Spengler, 1793) sur le bassin de la Charente. Le premier prélèvement (mi-mai) sur le site de de Basseau a été choisi. Malheureusement, la présence de grande mulette n'a pas été constatée et seule 2 espèces ont été mises en évidence : *Anodonta cygnea* et *Potamida littoralis*.

Une réunion d'échange a été organisée le 27 septembre 2019 avec les FDAAPPMA 16 et 17 afin de discuter des résultats obtenus sur les autres espèces notamment. L'image des peuplements obtenus est conforme avec les peuplements des zones prospectées (PDPG de la FDAAPPMA 16).

Au vu des résultats, il existe une interrogation sur les brèmes qui monopolisent beaucoup de séquences et le « complexe 3 » qui est très présent. A priori les brèmes communes se différencient difficilement des brèmes bordelières. Il pourrait exister un taxon spécifique propre à la Charente. SPYGEN nous a indiqué son intérêt à obtenir des prélèvements de nageoires pour pousser le séquençage et essayer de comprendre ce constat.

Ce premier test d'utilisation de l'ADN environnemental sur le bassin de la Charente, pour rechercher des poissons migrateurs dont les aloses, **est positif**.

Les résultats obtenus correspondent à la conclusion qui aurait été faite d'un front de migration à Juac. En effet, aucune trace d'ADN d'aloses n'a été mise en évidence sur les trois sites plus en amont, de même qu'aucune reproduction active n'y a été constatée. Il faut rappeler que l'hydrologie du début d'année et du printemps 2019 n'a pas été favorable aux migrations ni à l'attractivité du bassin (Figure 7) avec des valeurs observées inférieures au débit moyen calculé sur la période 2004 à 2018.

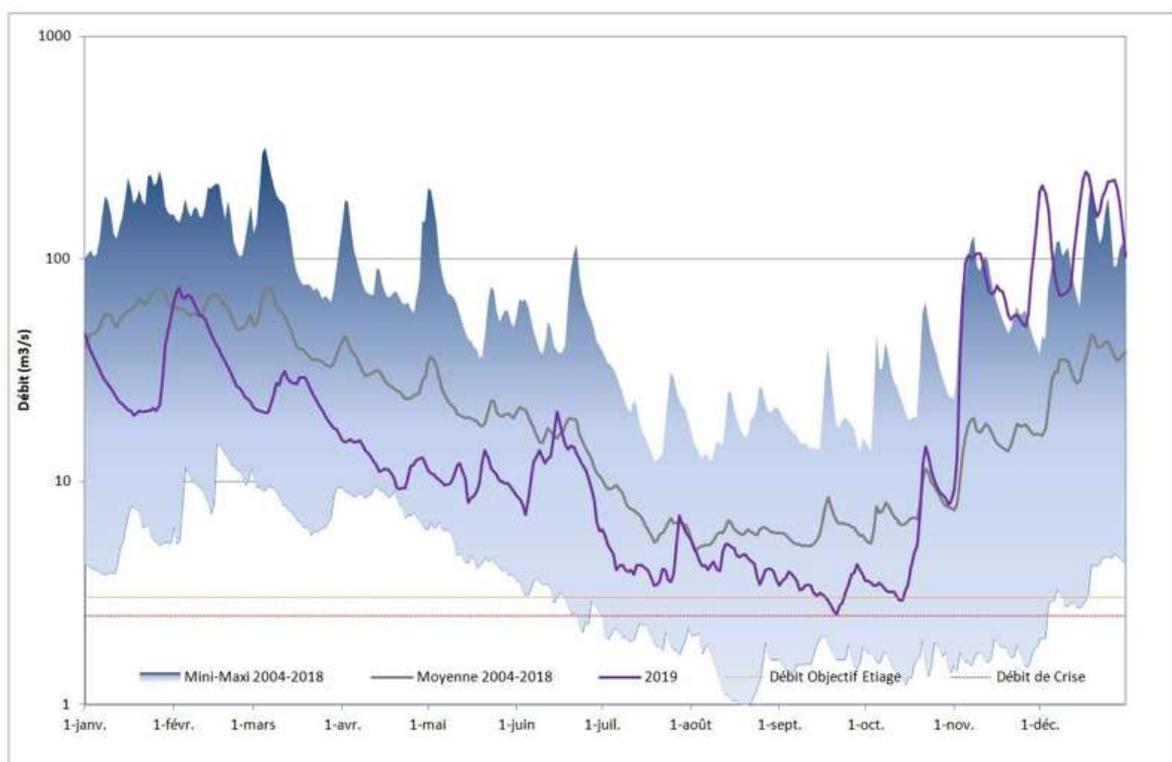


Figure 7 : Les débits à Vindelle en 2019

Les échantillons étaient de bonne qualité : le protocole est donc maîtrisé. Sa mise en œuvre reste simple et mobilise 3 personnes, sur un ½ journée pour 1 station.

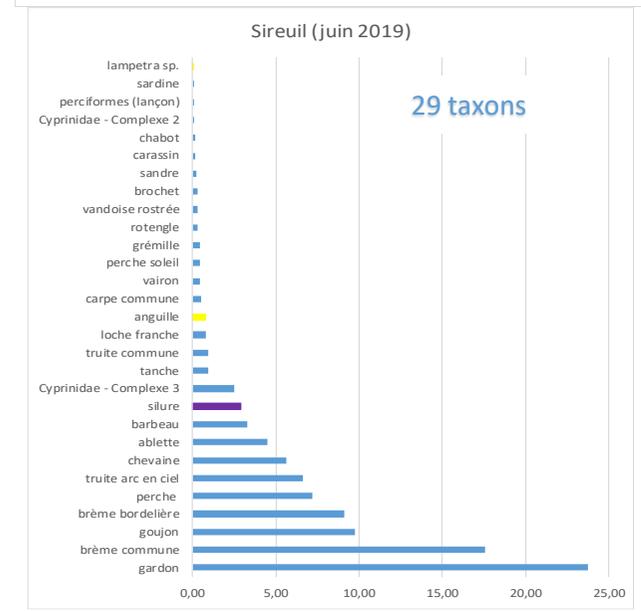
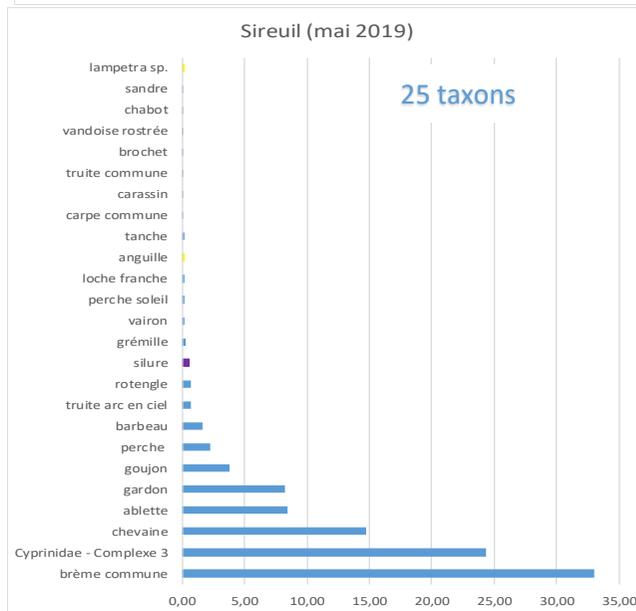
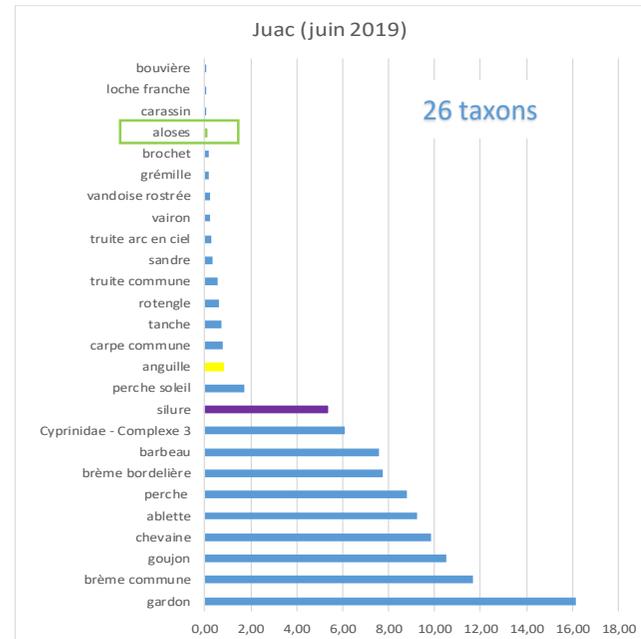
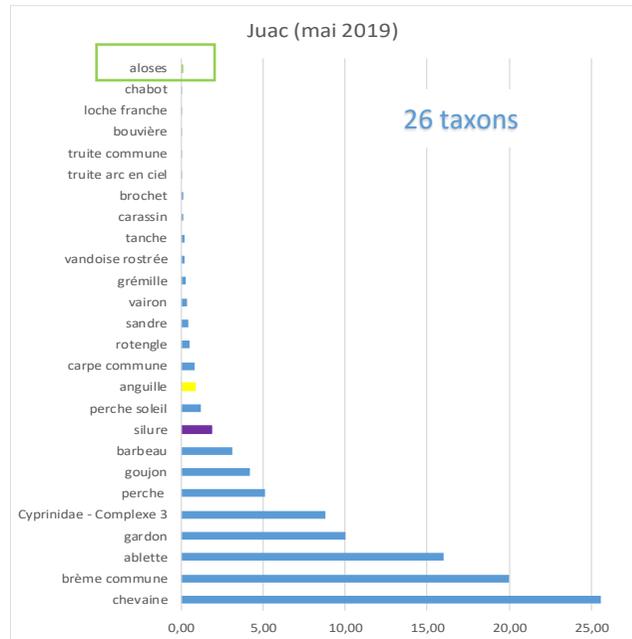


Figure 7bis : Fréquence d'apparition des séquences des taxons dans les échantillons, par site et nombre de taxons, en 2019.

Aloses / Silure / Migrateurs

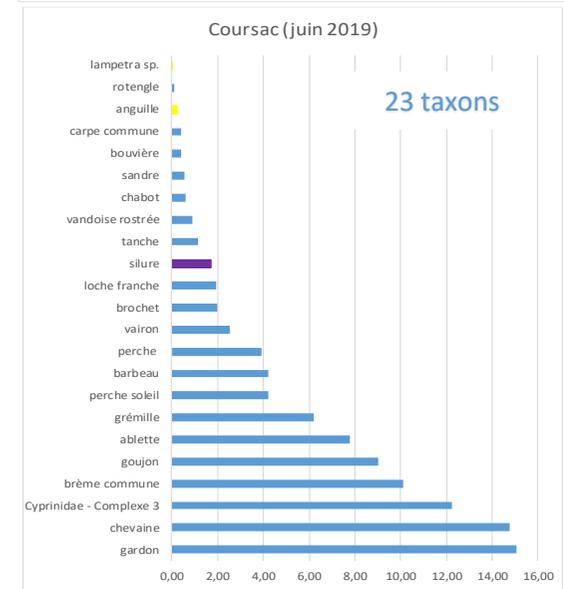
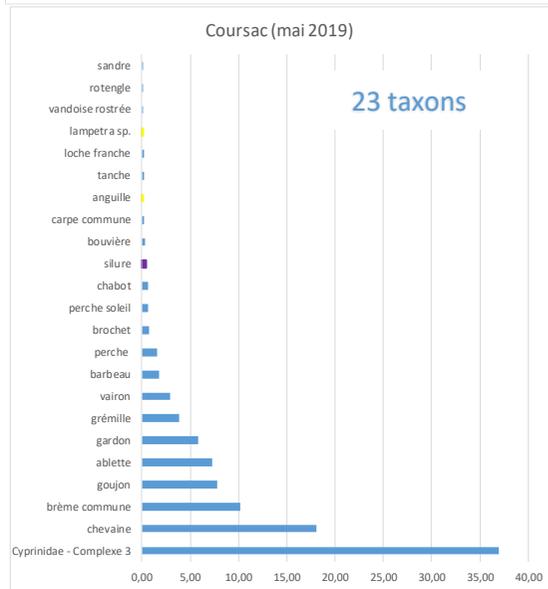
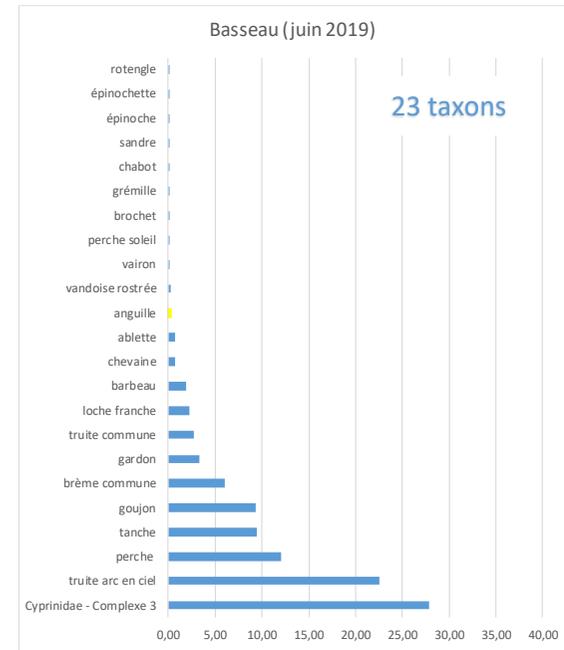
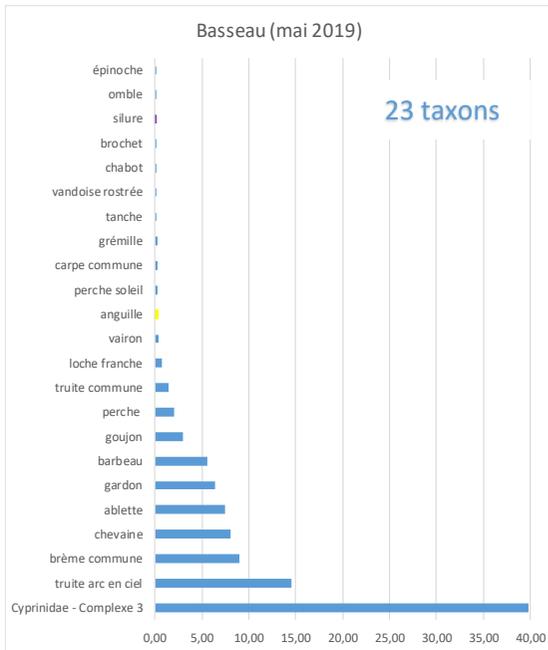


Figure 7bis : Fréquence d'apparition des séquences des taxons dans les échantillons, par site et nombre de taxons, en 2019.

2.2 La campagne de 2020

2.2.1 Contexte du suivi de 2020

Un deuxième suivi a été réalisé en 2020 avec une seule session calée sur la première quinzaine de juin avec 8 stations espacées de 5 à 8 km, afin de resserrer un peu le réseau de points. Les objectifs pour 2020 étaient de rechercher le front de migration des aloses pour conforter l'outil et comparer les moyens humains mis en œuvre pour les suivis classiques et ceux nécessaires à l'ADNe. Les analyses permettront aussi de détecter, s'il y en a, les lamproies marines, les lamproies fluviatiles, les saumons atlantiques, les truites de mer.

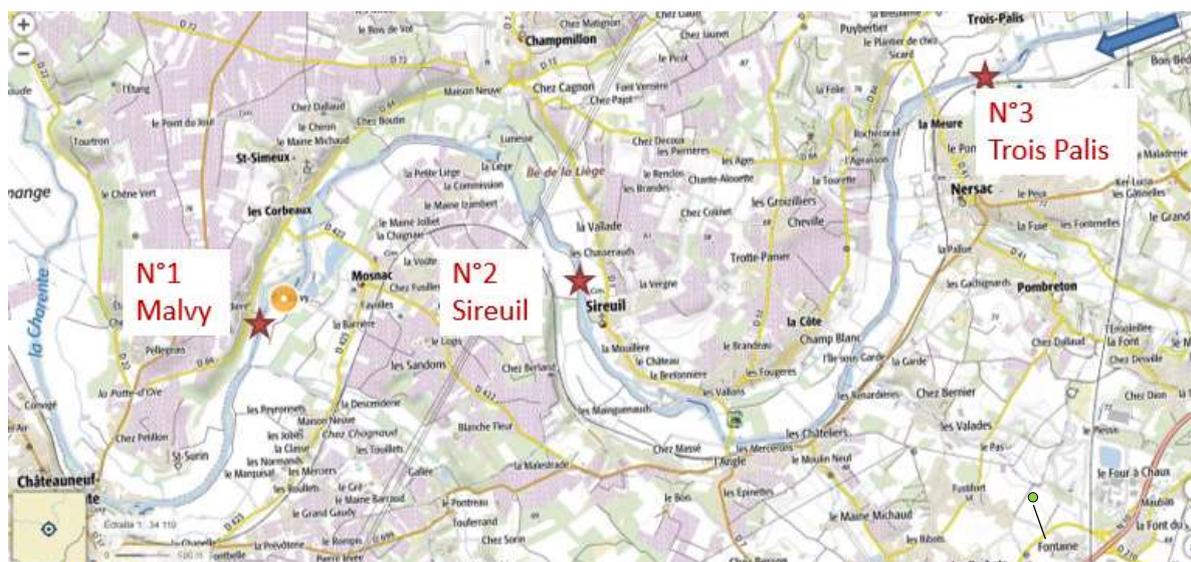
8 stations ont été prospectées dans la Charente au cours de la semaine 24 (09, 10, 11, 12 juin 2020).

Le point aval a été déterminé en fonction de la connaissance du front de migration juste avant les prélèvements. Le front s'établissait à Châteauneuf-sur-Charente le 04 juin en lien avec une observation d'aloses de nuit lors d'une prospection sur frayère. Le premier site envisagé a été l'aval du barrage de Malvy, qui est le barrage suivant, et qui n'est pas équipé de dispositif de franchissement. Les sites ont ensuite été positionnés à 5 km de distance en progressant vers l'amont, en enlevant les sites équipés de passes à poissons (La liège et La chapelle de Balzac). Voici les sites retenus :

- | | |
|-----------------|-------------------|
| 1/ aval Malvy | 5/ Saint-Cybard |
| 2/ aval Sireuil | 6/ aval Chalonne |
| 3/ aval 3 Palis | 7/ aval Vindelle |
| 4/ aval Basseau | 8/ aval Guissalle |

Les cales de mises à l'eau ont été vérifiées sur le terrain le 05/06/20 car les prélèvements se font en bateau. Un essai a été fait avec l'utilisation d'un canoë sur les 2 sites amont pour cause de défaut de cale de mise à l'eau. L'essai a été très positif et sera reconduit.

Les figures ci-dessous présentent l'emplacement des 8 stations de l'aval vers l'amont.



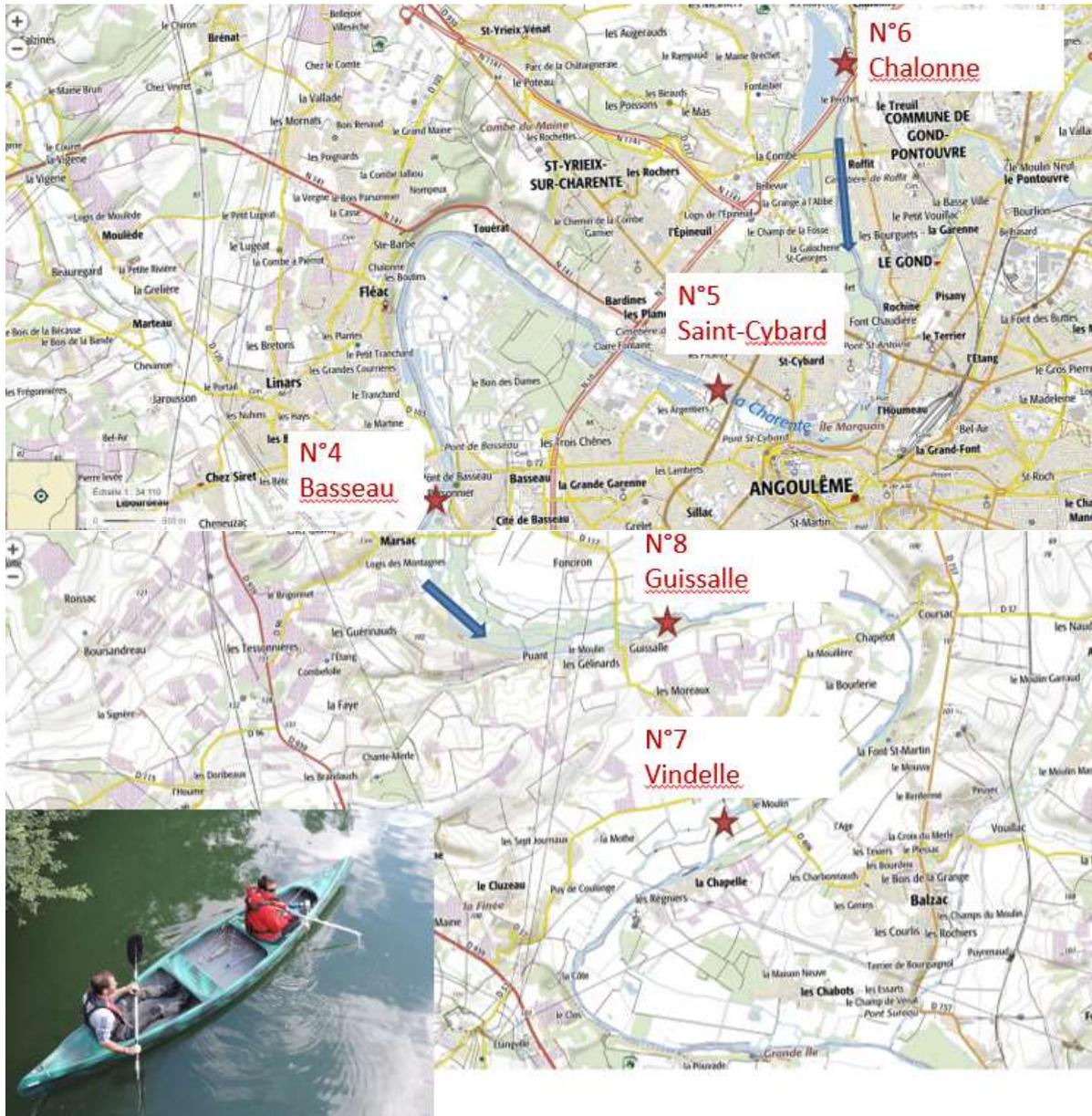


Figure 8 : Localisation des sites échantillonnés en 2020

Deux répliquats ont été prélevés par site, ce qui porte à 16 le nombre de prélèvements. Le laboratoire SPYGEN a indiqué que le protocole avait un peu évolué et qu'il fallait privilégier quand cela était possible un prélèvement en zig-zag sur tout le site. Si cela n'était pas possible, il fallait faire 1 prélèvement sur chaque rive, pas trop près du bord. Des précautions particulières ont été prises en lien avec la pandémie du Covid-19 afin de respecter les protocoles sanitaires.

2.2.2 Analyse des résultats 2020

Comme en 2019, les résultats ont été reçus dans les délais prévus de 3 mois, sous la forme d'un tableau Excel avec la liste des espèces ou taxon identifié ainsi qu'un rapport synthétique et sans aucune analyse.

Les prélèvements étaient de bonne qualité, sans contamination apparente comme en 2019 montrant une nouvelle fois la qualité de nos échantillons. 37 taxons ont été identifiés (Figure 9). **La présence des aloses a été constatée sur les sites de Malvy et de Sireuil**, ce qui est tout à fait cohérent avec les observations de terrain et conforte le protocole de suivi de la CMCS. D'autres migrateurs ont été identifiés : anguille sur toutes les stations, et Lampetra sp. (Lamproie fluviatile ou de planer) 5 stations.

Nom scientifique	Nom courant	Malvy	Sireuil	Trois Palis	Basseau	St Cybard	Chalonne	Vindelle	Guissalle
<i>Abramis brama</i>	brème commune	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Alburnus alburnus</i>	ablette	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Alosa sp.</i>	aloses	X	X						
<i>Anguilla anguilla</i>	anguilles	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Barbatula barbatula</i>	loche franche	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Barbus barbus</i>	barbeau	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Blicca bjoerkna</i>	brème bordelière	X	X	X					
<i>Carassius sp.</i>	carassin	X	X	X					
<i>Cottus sp.</i>	chabot		X	X	X	X	X	X	X
<i>Cyprinidae - Complexe 2</i>		X	X	X					
<i>Cyprinidae - Complexe 3</i>		X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Cyprinus carpio</i>	carpe commune	X	X	X	X		X		
<i>Esox lucius</i>	brochet	X	X	X	X		X	X	X
<i>Gasterosteus aculeatus</i>	épinouche					X			
<i>Gobio sp.</i>	goujon	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Gymnocephalus cernua</i>	gréminille	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Lampetra sp.</i>		X	X	X	X			X	
<i>Lepomis gibbosus</i>	perche soleil	X		X	X	X	X	X	X
<i>Leuciscus burdigalensis</i>	vandoise rostrée	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Micropterus salmoides</i>	black bass	X							
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	truite arc en ciel	X	X	X	X	X			
<i>Perca fluviatilis</i>	perche	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Phoxinus sp.</i>		X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Phoxinus phoxinus</i>	vairon								X
<i>Pungitius pungitius</i>	épinocchette			X	X	X			
<i>Rhodeus amarus</i>	bouvière	X	X	X	X		X	X	X
<i>Rutilus rutilus</i>	gardon	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Salmo trutta</i>	truite commune		X	X	X	X			
<i>Salvelinus sp.</i>	omble			X		X			
<i>Sander lucioperca</i>	sandre	X	X	X					
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	rotengle	X	X	X		X			X
<i>Silurus glanis</i>	silure	X	X	X	X		X	X	X
<i>Squalius cephalus</i>	chevaine	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>Tinca tinca</i>	tanche	X	X	X	X	X	X	X	X

Certains taxons sont identifiés au genre ou à la famille avec la base de référence SPYGEN :

Alosa sp. : *Alosa alosa* ou *Alosa fallax*

Carassius sp. : *Carassius auratus*, *Carassius carassius* ou *Carassius gibelio*

Cottus sp. : *Cottus aturi*, *Cottus duranii*, *Cottus gobio*, *Cottus hispaniolensis*, *Cottus perifretum* ou *Cottus petiti*

Cyprinidae - Complexe 2 : *Ctenopharyngodon idella* ou *Hypophthalmichthys molitrix*

Cyprinidae - Complexe 3 : *Abramis brama* ou *Blicca bjoerkna*

Gobio sp. : *Gobio gobio*, *Gobio lozanoi* ou *Gobio occitaniae*

Lampetra sp. : *Lampetra fluviatilis* ou *Lampetra planeri*

Phoxinus sp. : *Phoxinus bigerri*, *Phoxinus phoxinus* ou *Phoxinus septimaniae*

Salvelinus sp. : *Salvelinus fontinalis* ou *Salvelinus alpinus*

Figure 9 : Occurrence d'apparition des 37 taxons identifiés en 2020

Afin de profiter de nos prélèvements et d'approfondir l'état des connaissances de la répartition de la grande mulette sur la Charente, une analyse spécifique sur les Bivalves a été faite, en lien avec le PNA

Grande Mulette et Vincent PRIE sur le prélèvement de Malvy. Malheureusement, la présence de grande mulette (*Pseudunio auricularius* (Spengler, 1793)) n'a pas été constatée. Un unionidé et 7 vénérédés ont été identifiés :

Ordre	Taxon
Unionida	<i>Potomida littoralis</i>
Venerida	<i>Corbicula sp.</i>
Venerida	<i>Euglesa casertana</i>
Venerida	<i>Euglesa personata</i>
Venerida	<i>Odhneripisidium moitessierianum</i>
Venerida	<i>Odhneripisidium tenuilineatum</i>
Venerida	<i>Pisidium amnicum</i>
Venerida	<i>Sphaerium corneum</i>

Figure 10 : Résultats des recherches ADNe sur les bivalves en 2020

Selon les sites on trouve entre 20 et 29 taxons, avec une légère baisse vers l'amont. Le graphique ci-dessous illustre le nombre de taxons de l'aval vers l'amont :

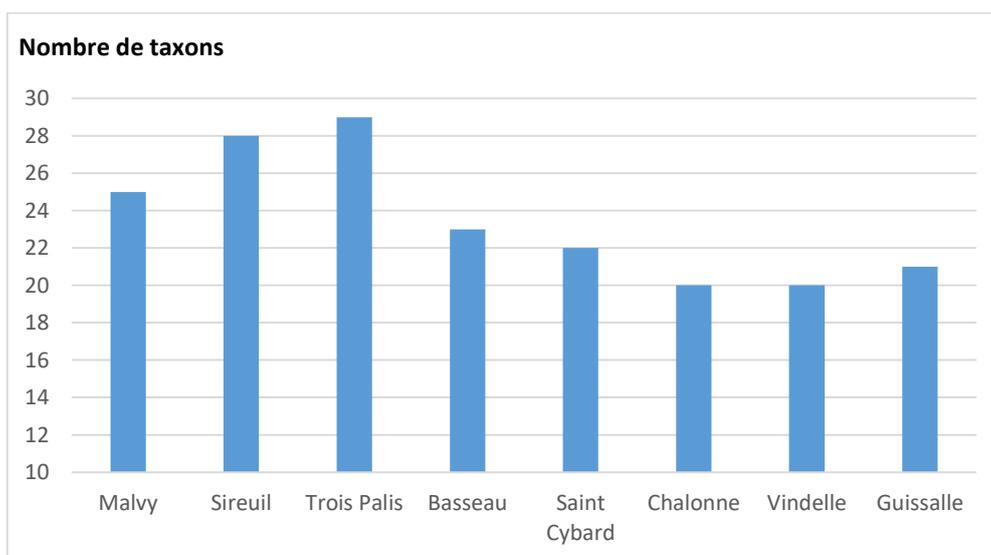


Figure 11 : Répartition du nombre de taxons par station de l'aval vers l'amont

Voici une représentation schématique des sites sur l'axe Charente et les positions des différents affluents. En effet, les analyses ADNe permettent d'établir la richesse spécifique d'un site et peuvent parfois intégrer l'ADN des affluents qui sont proches. Les analyses peuvent alors révéler des taxons insolites comme les espèces consommées ou celles de pisciculture.

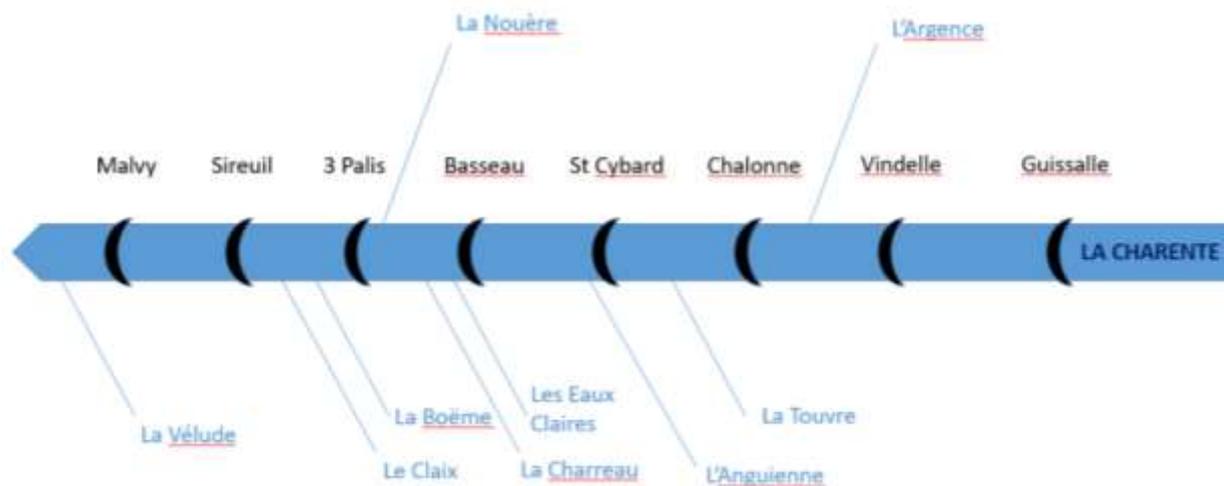


Figure 12 : Position des affluents de l'axe Charente par rapports aux sites de prélèvement

Globalement la richesse spécifique obtenue correspond aux éléments du PDPG établi par la FDAAPPMA de Charente. Les espèces les plus représentées dans les prélèvements ADNe sont le gardon, le chevaine, la brème commune, l'ablette, la perche. On peut noter localement quelques particularités, notamment sur les sites de Basseau et de St Cybard où la truite Arc-en-Ciel est largement surreprésentée. Ceci est probablement lié à la présence de piscicultures dans le secteur (3 piscicultures sur la Touvre). Comme en 2019, la question sur les brèmes et le « complexe 3 » se pose, mais de façon moins marquée. A priori les brèmes communes se différencient difficilement des brèmes bordelaises et il pourrait exister un taxon spécifique de brème, propre à la Charente. Le silure, qui fait l'objet d'un état des connaissances par la CMCS dans son programme 2021-2025, apparait dans toutes les stations sauf à Saint-Cybard.

La fréquence d'apparition des séquences des taxons dans les échantillons, par site est représentée dans les figures suivantes, de l'aval vers l'amont. Sont représentées en couleur, les aloses, les autres migrateurs et les silures.

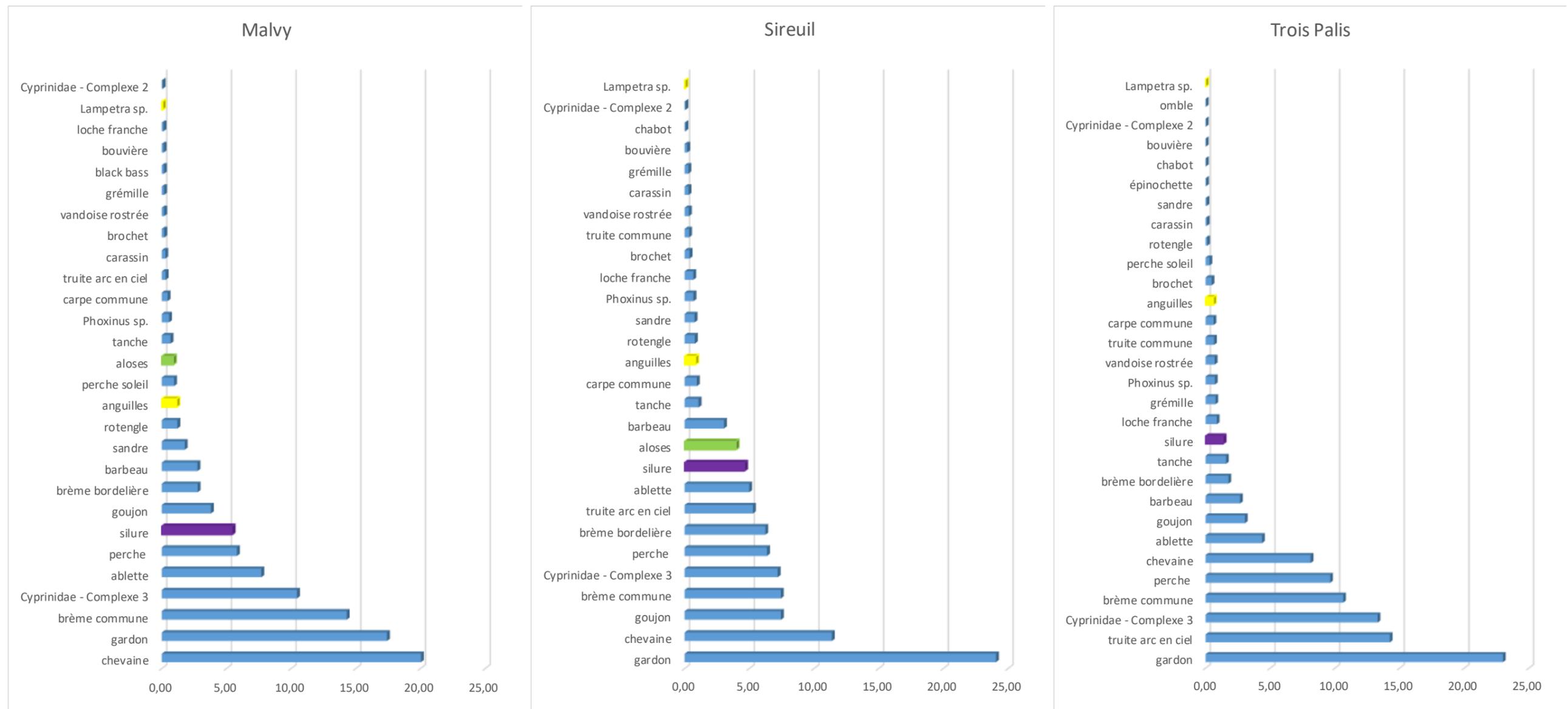


Figure 13 : Fréquence d'apparition des séquences des taxons dans les échantillons, par site.

Aloses / Silure / Migrateurs

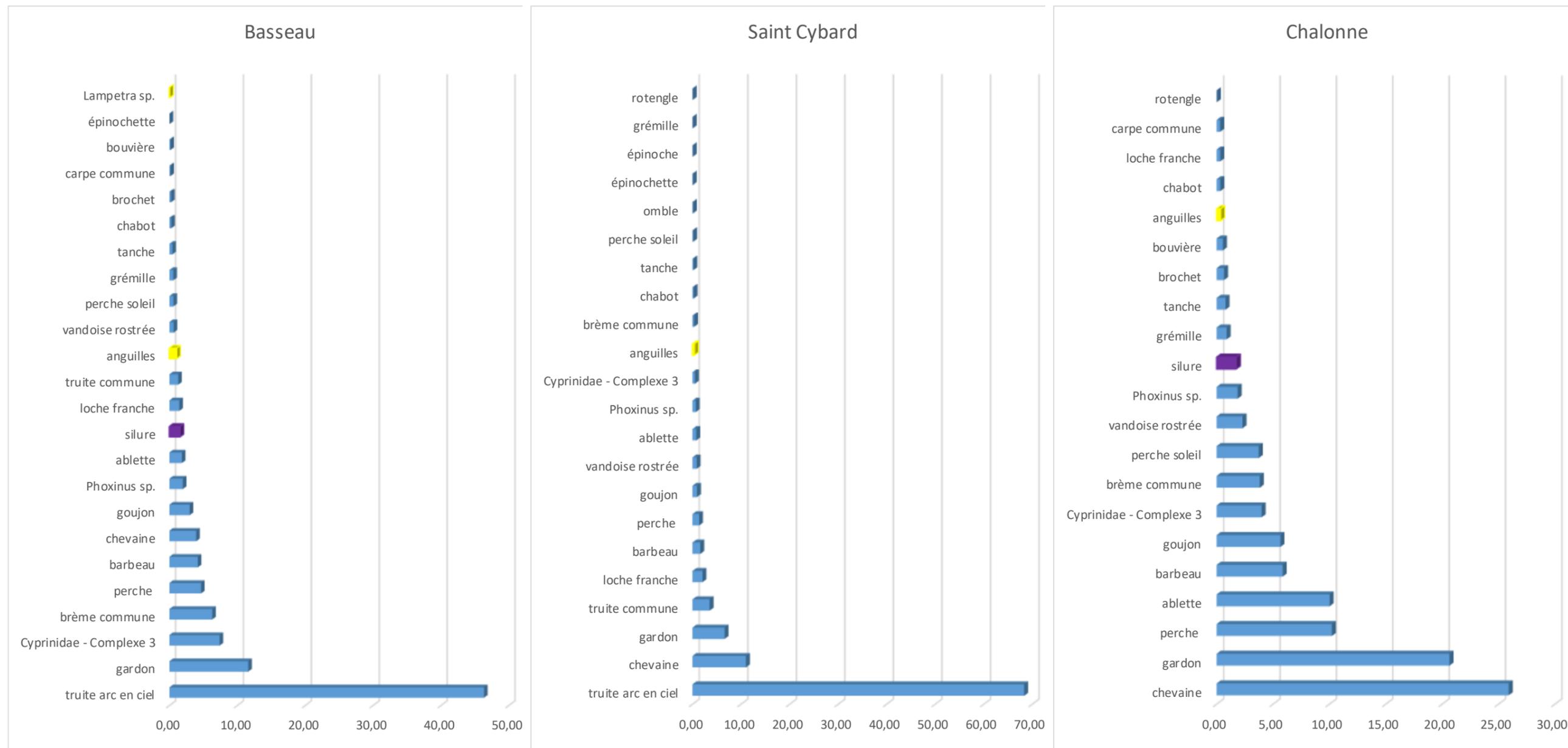


Figure 14 : Fréquence d'apparition des séquences des taxons dans les échantillons, par site.

Aloses / Silure / Migrateurs

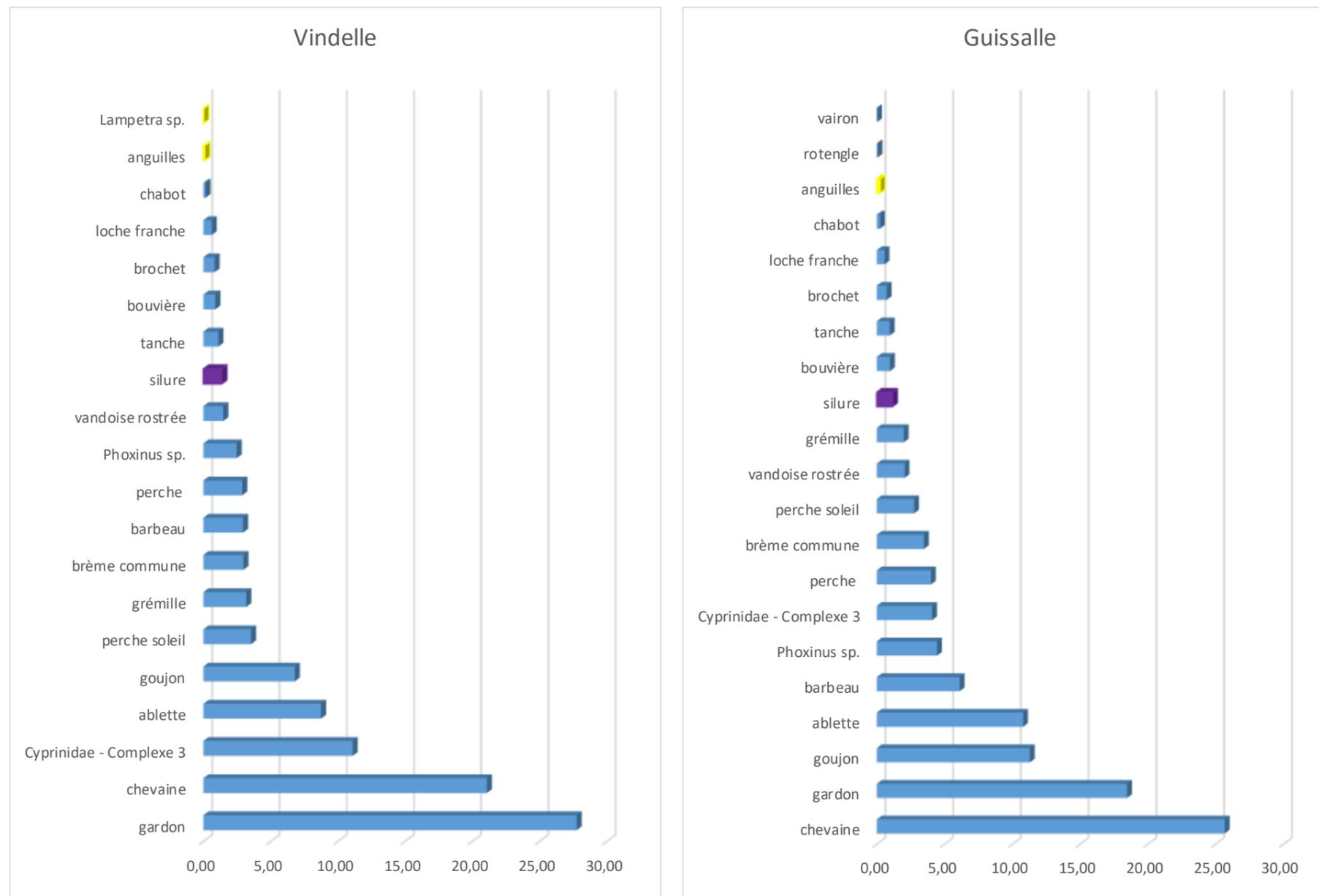


Figure 15 : Fréquence d'apparition des séquences des taxons dans les échantillons, par site.

Aloses / Silure / Migrateurs

2.3 Analyse des coûts entre suivi ADNe et suivi classique

Une comparaison des coûts entre le suivi classique de la CMCS et le suivi ADNe a été effectué.

1/ Coûts et temps passés sur les deux campagnes en utilisant l'ADNe

Voici le bilan des factures éditées par Spygen :

n°	date	Montant	Objet	Total
FA190104	16/06/2019	4 040,16 €	2 x 1 session 4 stations	8 606,40 €
FA190202	04/09/2019	4 566,24 €		
FA200126	06/06/2020	3 433,44 €	1 session 8 stations	8 431,20 €
FA200279	16/09/2020	4 997,76 €		

Le temps humains accordé au suivi est de **21 HJ** par an. Il se décline pour 2019 et 2020, en 16 HJ pour le prélèvement, 1 HJ de prospection et 4 HJ de temps administratif.

Si on considère un coût journalier moyen de 450 €, le coût humain se chiffre à 9 450 € par an.

En moyenne, pour 8 stations, il faut compter 8 500 € TTC d'analyse et 9 450 € de temps passé, soit un total de 17 950 € TTC.

Le nombre de stations pourraient être réduit mais il faut être vigilant car selon les conditions de migration liées à l'hydrologie, les aloses peuvent aller assez haut sur l'axe Charente (front de migration 2012 st Yrieix). C'est pourquoi, pour les deux années suivies, des stations ont été placées jusqu'en amont d'Angoulême.

2/ Coûts et temps passés pour le suivi « classique » des indices de présences au bord de l'eau

Le chiffrage peut se décomposer de la façon suivante :

- La FDAAPPMA 16 intervient dans le cadre de prestations. Les dernières factures font état de 3 467,75 € en 2017 (pas de suivi par la FD16 en 2019) et 4 140,90 € en 2020, pour 4 nuits de prospections.
- Le service départemental de la Charente de l'OFB (SD16) participe aux suivis dans le cadre de ses missions.
- La CMCS participe au suivi dans le cadre du programme d'actions pluri-annuel 2016-2020.

Le temps affecté au suivi se décompose comme suit :

	journée navigation en 16	prospection de jour		prospection de nuit		Total (HJ)
		CMCS	SD 16	CMCS / SD16	FD 16	
2019	6	10	2	20	16	54
2020	4	15	2	16	16	53

Il faut donc compter 4 150 € de prestation FD16 et 54 HJ pour déterminer les fronts de migration des aloses. En coût cela revient à 28 450 € si on considère un coût moyen à la journée de 450 €.

Selon la comparaison des coûts pour répondre à l'objectif de détermination du front de migration des grandes aloses, le suivi ADNe est plus intéressant. Cependant les jours de prospection effectués dans le suivi classique permettent d'apporter plus d'information que la simple présence/absence des grandes aloses.

Un des avantages importants des suivis par ADNe est que les prélèvements s'effectuent sur 4 jours, ce qui en termes de programmation et de mobilisation est plus facile que lorsque les suivis s'échelonnent sur 2 mois avec des agents appartenant à des structures différentes et avec du travail de nuit. Un autre gros avantage est que l'ADNe permet de détecter la présence d'espèce dont les effectifs peuvent être faibles et difficile à mettre en évidence par les méthodes classiques (comme des observations visuelles en pieds d'ouvrages, en reproduction, en pêche...).

Cependant les suivis ADNe ne permettent pas d'avoir de contact avec le terrain et les acteurs qui sont au bord de l'eau tout au long de la saison, et de voir les conditions hydrologiques et hydrauliques au droit des ouvrages. Des prospections de jour sont donc à maintenir car elles répondent à des objectifs multiples.

Au vu de ces deux années de suivis ADNe, voici ce qui est envisagé pour le prochain programme 2021-2025 :

- ADNe : mise en place d'un suivi en « routine » annuel pour déterminer le front de migration des grandes aloses avec une prospection sur 6 à 8 stations sur la Charente. Le choix des stations sera adapté chaque année en fonction des indices de présence constatés.
- Activité des frayères en amont de Crouin : quelques nuits seront réalisées pour juger de l'activité annuelle des frayères de la grande alose.
- Prospections de jour : des suivis seront réalisés de jour, sur le fleuve et sur les affluents ainsi qu'en pied d'ouvrage pour constater ou non des blocages et vérifier la fonctionnalité des passes à poissons. Ces sorties permettront aussi de rencontrer les acteurs de terrain.

3 Bilan et perspectives

L'EPTB Charente a réalisé une étude en 2020, avec FishPass et Scimabio Interface, afin d'avoir une expertise de la situation des poissons migrateurs et des suivis menés par la CMCS qui permettrait à celle-ci d'envisager son prochain programme d'actions avec de nouvelles perspectives. Les suivis ADNe réalisés sur la Charente en 2019 et 2020 ont conduit la CMCS à envisager ce suivi en routine dans son prochain programme d'actions qui couvre la période 2021-2025 (Figure 16). Une veille sera effectuée sur l'évolution de la technique et des adaptations du protocole seront donc apportées si nécessaire. L'expertise réalisée dans l'étude est très riche et confirme le bien-fondé de l'utilisation de l'ADNe (ABDALLAH Y. *et al.*, 2021). Elle propose aussi une nouvelle piste qui consisterait à participer au financement du développement d'amorces spécifiques en biologie moléculaire afin de pouvoir discriminer les 2 espèces d'aloses au sein d'analyses ADNe. En fonction des ambitions et des moyens de la CMCS, il pourrait, dans un second temps, être programmé une expérimentation sur la frayère de Taillebourg visant à comparer les résultats de suivis acoustiques avec les signaux mesurés par analyse ADNe semi-quantitative. L'objectif serait d'identifier si cette méthode arriverait à décrire l'évolution de l'intensité de la reproduction au cours de la saison par mesure des variations de l'intensité du signal ADNe mesuré sur la frayère. Ce type d'approche nécessite vraisemblablement de nombreuses calibrations, mais elle pourrait ouvrir de nouvelles pistes d'investigations sur les aloses particulièrement intéressantes.

L'utilisation de l'ADNe est aussi suggérée pour d'autres espèces et d'autres objectifs dans l'expertise :

- barrage de Saint-Savinien : proposition de réaliser des analyses ADNe régulières en pied d'ouvrage afin d'identifier les périodes de présence des migrateurs au fil de la saison (analyses à pas de temps hebdomadaire ; 1 échantillon par bras réalisé environ 100-150 mètres en aval des ouvrages) ; ceci en complément d'un suivi vidéo sur site (sur 3 ans), associé à de la télémétrie.

- l'anguille : des ajustements sur les suivis actuels permettraient de dégager d'importants moyens (notamment humains) pour réfléchir au développement d'autres indicateurs, davantage descriptifs des populations en place sur les bassins Charente-Seudre : 1/ évolution des densités de population sur un gradient aval-amont (choix de la méthode la plus efficace, la plus intégratrice et la plus stable dans le temps et l'espace : approche comparée entre pêches électriques, pose de flottangs et analyses expérimentales par ADNe semi-quantitatif) et 2/ état sanitaire des anguilles argentées par type d'habitats/territoires à raison d'une évaluation par programme.

- le flet : il pourrait être intéressant d'envisager des analyses cibles par l'ADN environnemental dans la perspective d'établir une cartographie de la présence du flet sur les bassins Charente et Seudre. En effet, cette espèce mériterait qu'on lui consacre davantage de moyens afin de mieux connaître les populations et les enjeux de gestion. Le flet pourrait en outre être choisi comme espèce bio-indicatrice de la qualité des milieux de la Charente aval, compte-tenu de ses mœurs benthiques.

- le mulot et les espèces en manque de données comme les salmonidés : leurs fronts de colonisation pourraient être mieux décrits par l'utilisation de l'outil ADNe.

L'ADNe semble donc être un outil d'avenir qui au-delà de l'information de la présence d'une espèce et de l'inventaire du cortège associé pourrait aller vers des informations en semi-quantitatif. Cet élément a été inscrit au nouveau programme de la CMCS.

BIBLIOGRAPHIE

ABDALLAH Y., DUFOUIL A., CHARRIER F., BERGE J., POSTIC-PUIVIF A., COLLEU M.A., ALBERT F., BUARD E., 2021. Etude des potentialités piscicoles sur les bassins Charente-Seudre - Etats et possibilités de migration des poissons migrateurs amphihalins des bassins Charente et Seudre. EPTB Charente, SCIMABIO Interface, FISH-PASS. 281 p. + annexes

BONIN Aurélie, 2018. Sixième extinction : l'ADN environnemental, un moyen d'évaluer la biodiversité. Les Rencontres de la Recherche, Ministère de la Transition Ecologique et Solidaire. 15 mars 2018

CIVADE Raphaël, DEJEAN Tony, VALENTINI Alice, ROSET Nicolas, RAYMOND Jean-Claude, BONIN Aurélie, TABERLET Pierre, PONT Didier, 2016. Spatial representativeness of environmental DNA metabarcoding signal for fish biodiversity assessment in a natural freshwater. PLOSOne, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0157366>

DEJEAN Tony, VALENTINI Alice, DUPARC Antoine, PELLIER-CUIT Staphanie, POMPANON François, TABERLET Pierre, MIAUD Claude, 2011. Persistence of environmental DNA in freshwater ecosystems, PlosOne, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0023398>

VALENTINI Alice, TABERLET Pierre, MIAUD Claude, CIVADE Raphaël, HERDER Jelger, THOMSEN Philip Francis, BELLEMAIN Eva, BESNARD Aurélien, COISSAC Eric, BOYER Frédéric, GABORIAUD Coline, JEAN Pauline, POULET Nicolas, ROSET Nicolas, COPP Gordon H., GENIEZ Philippe, PONT Didier, ARGILLIER Christine, BAUDOIN Jean-Marc, PEROUX Tiphaine, CRIVELLI Alain J., OLIVIER Anthony, ACQUEBERGE Manon, LE BRUN Matthieu, MOLLER Peter R., WILLERSLEV Eske, DEJEAN Tony, 2016. Next-generation monitoring of aquatic biodiversity using environmental DNA metabarcoding, *Molecular ecology*, 25, 929-942.

LISTE DES ILLUSTRATIONS

Figure 1 : Les suivis aloses du bassin versant de la Charente.....	2
Figure 2 : Protocole des suivis ADNe sur la Charente	3
Figure 3 : Situation du secteur d'étude dans le bassin de la Charente	4
Figure 4 : Prélèvement d'eau pour analyse de l'ADNe en 2019.....	5
Figure 5 : Sites de prélèvements ADNe en 2019	6
Figure 6 : Occurrence d'apparition des 38 taxons identifiés en 2019.....	7
Figure 7 : Les débits à Vindelle en 2019	8
Figure 7bis : Fréquence d'apparition des séquences des taxons dans les échantillons, par site et nombre de taxons, en 2019.....	9
Figure 8 : Localisation des sites échantillonnés en 2020.....	12
Figure 9 : Occurrence d'apparition des 37 taxons identifiés en 2020.....	13
Figure 10 : Résultats des recherches ADNe sur les bivalves en 2020	14
Figure 11 : Répartition du nombre de taxons par station de l'aval vers l'amont	14
Figure 12 : Position des affluents de l'axe Charente par rapports aux sites de prélèvement	15
Figure 13 : Fréquence d'apparition des séquences des taxons dans les échantillons, par site.	16
Figure 14 : Fréquence d'apparition des séquences des taxons dans les échantillons, par site.	17
Figure 15 : Fréquence d'apparition des séquences des taxons dans les échantillons, par site.	18
Figure 16 : Les suivis Aloses du programme 2021-2025 de la CMCS	22

ANNEXES

ANNEXE 1 : plan et accès des sites prospectés en 2019 et 2020.....	26
ANNEXE 2 : Résultats bruts 2019.....	36
ANNEXE 3 : Résultats bruts 2020 (1/2).....	37

ANNEXE 1 : plan et accès des sites prospectés en 2019 et 2020

Légende :

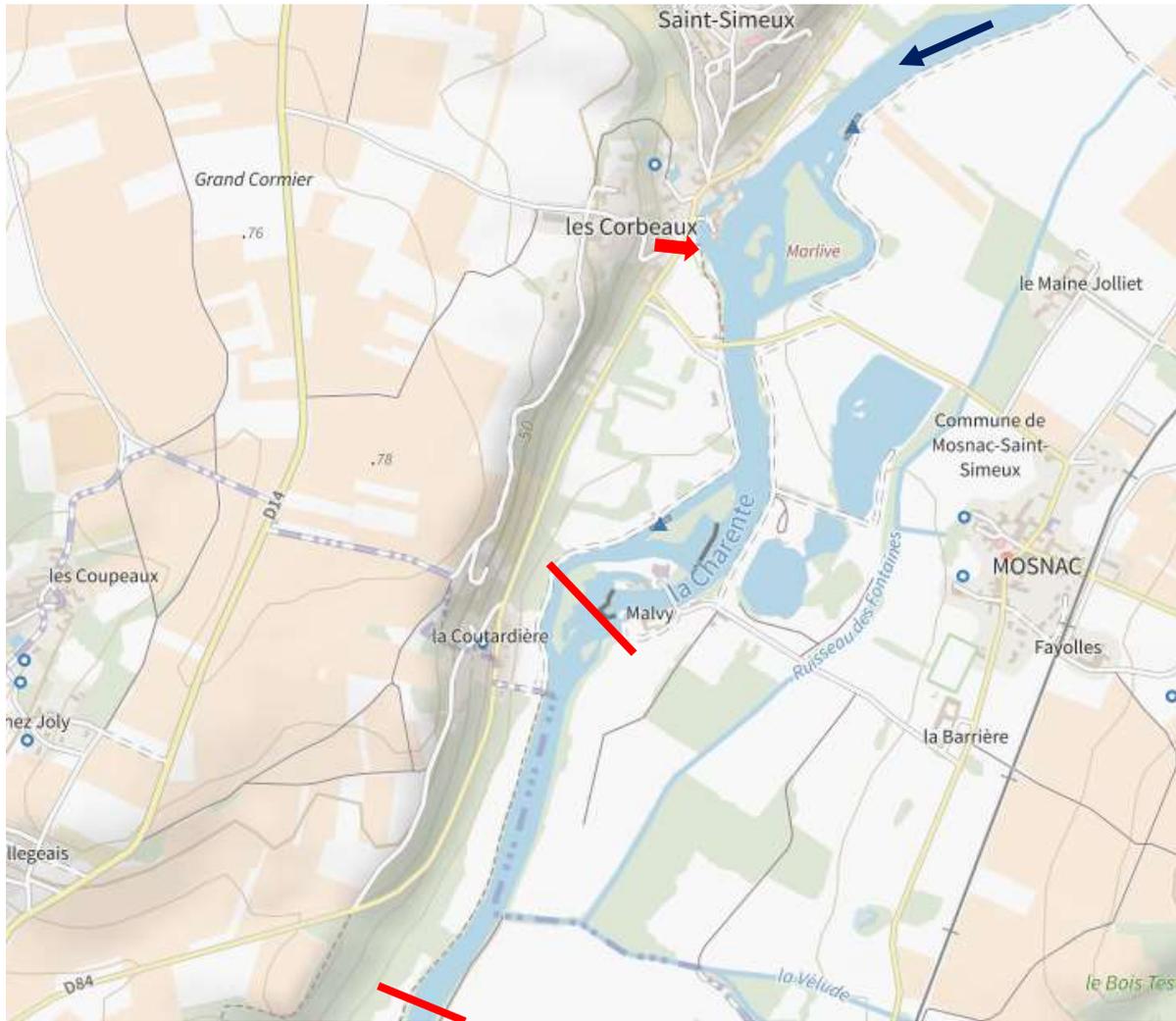
-  Limites amont et aval du secteur prospecté
-  Cale de mise à l'eau
-  Sens d'écoulement du courant

1/ JUAC (pk : 130 100)



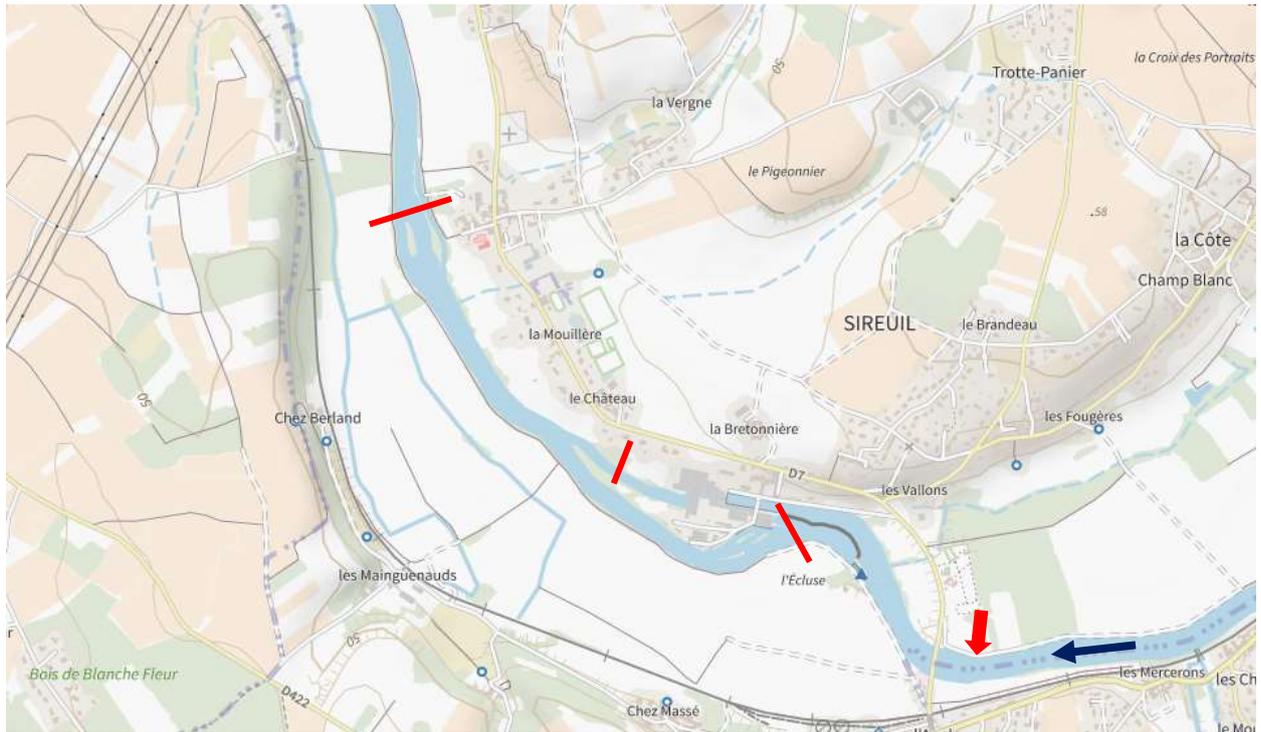
Cale de mise à l'eau à Juac, en RD en aval du pont

2/ MALVY (pk : 140 800)



Cale de mise à l'eau en RD, en amont du site, à Saint-Simeux

3/ SIREUIL (pk : 147 200)



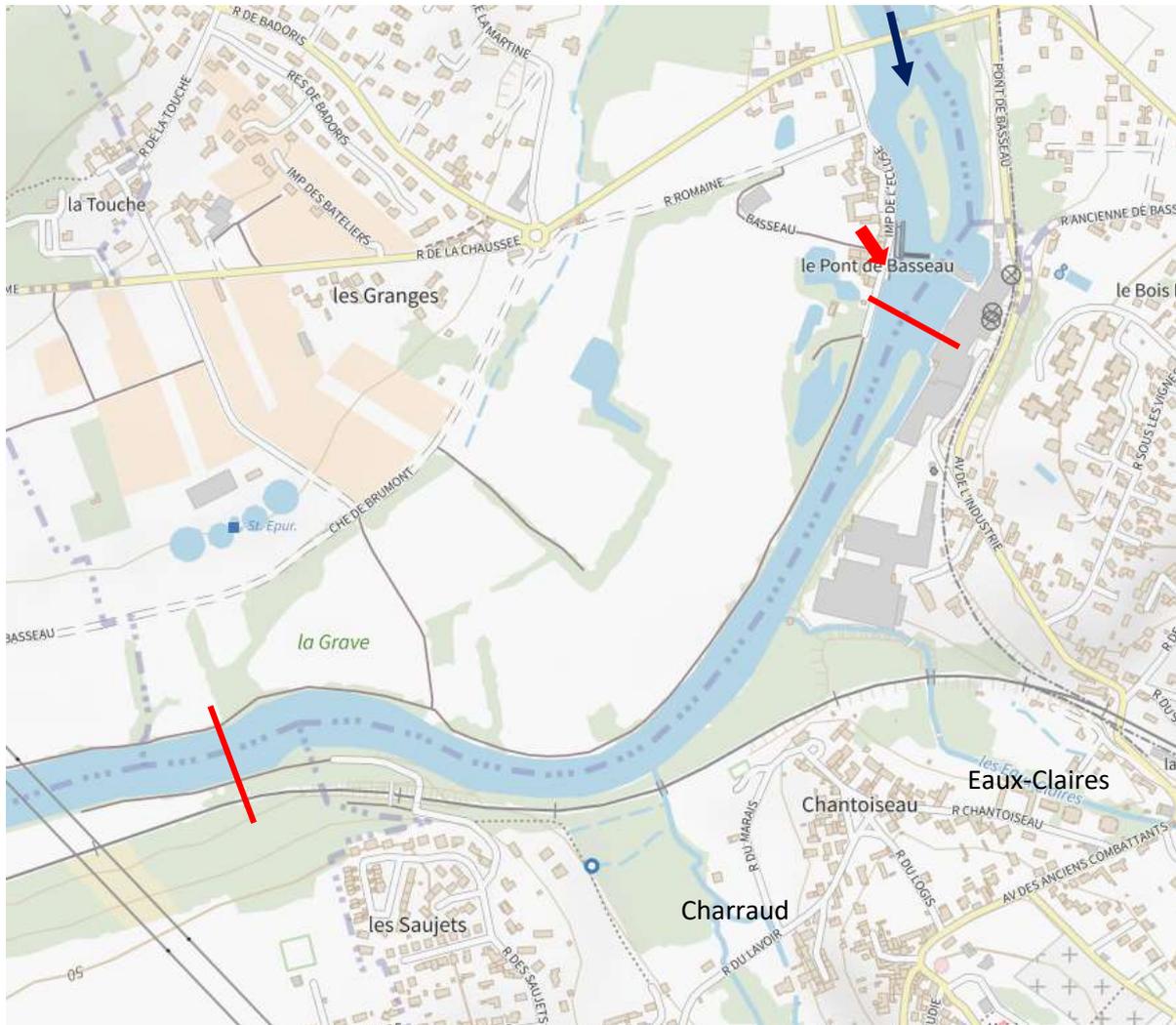
Cale de mise à l'eau à Sireuil en RD en amont du pont

4/ TROIS PALIS (pk :152 800)



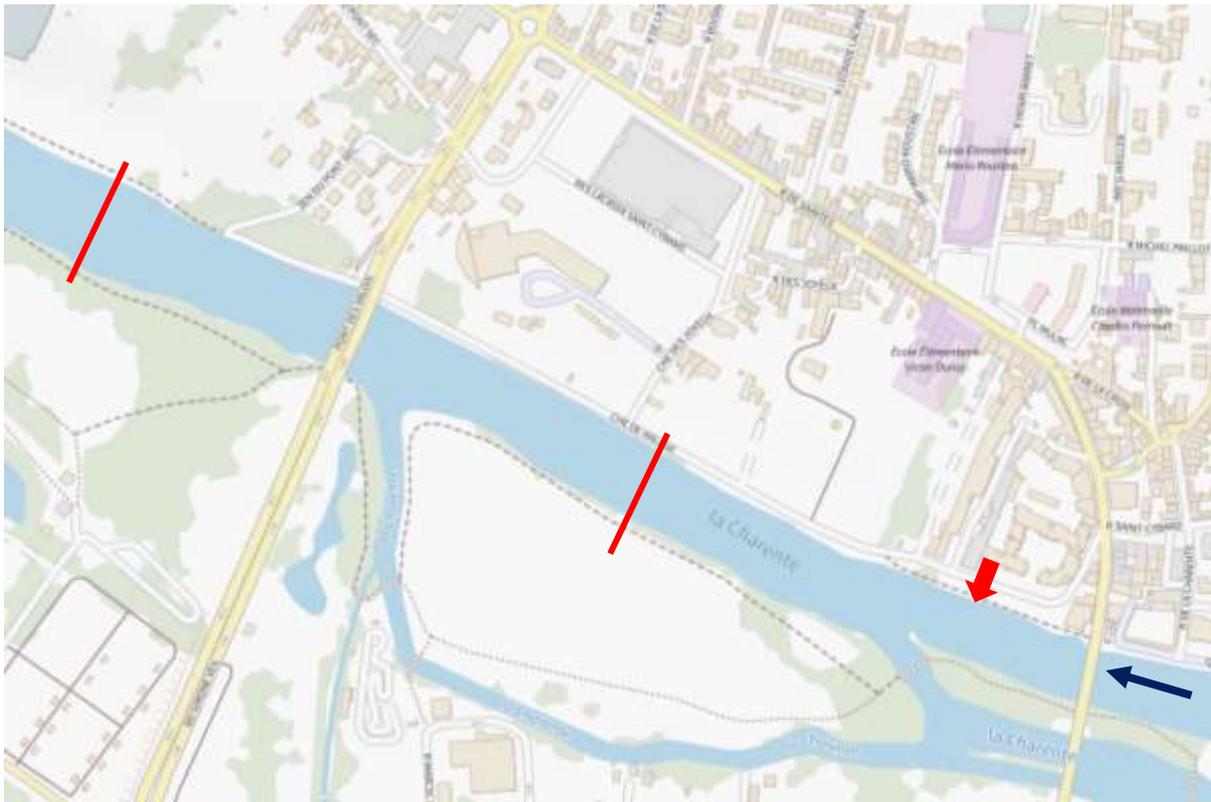
Mise à l'eau à la cale de Sireuil puis déplacement sur site en bateau

5/ BASSEAU (pk : 157 200)



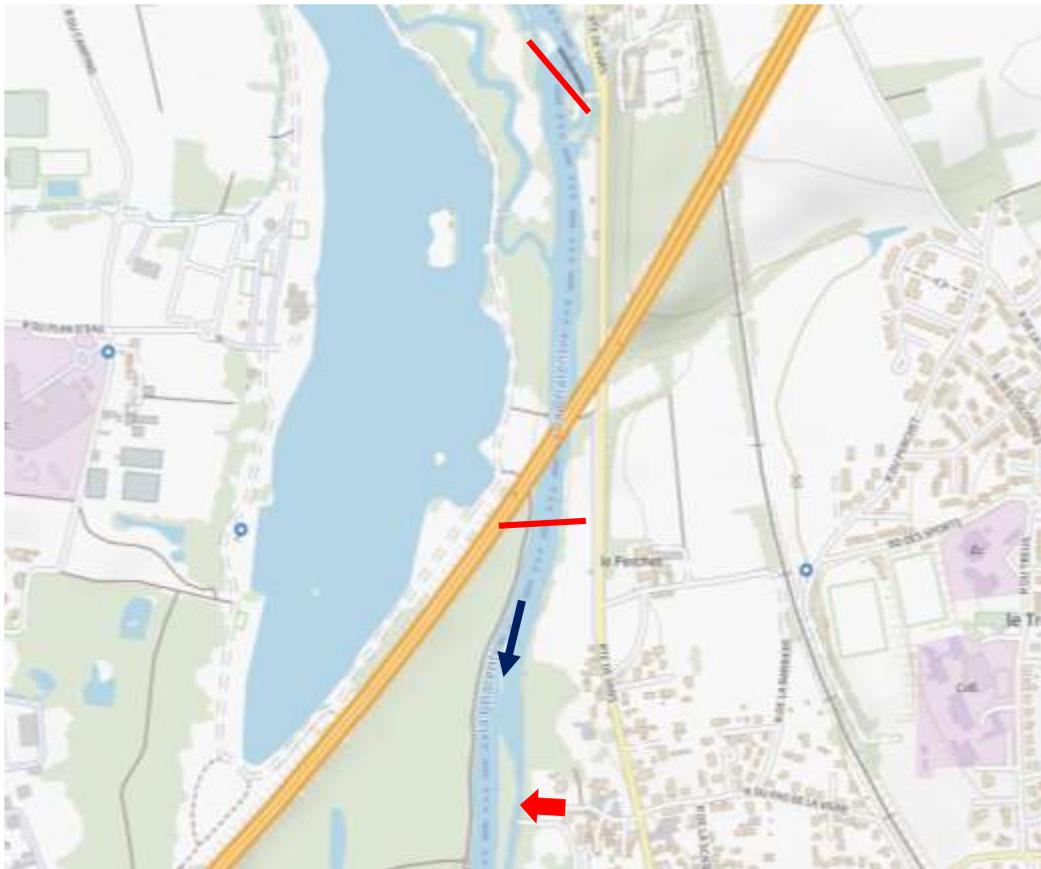
Cale de mise à l'eau à Basseau en RD en aval du barrage

6/ SAINT CYBARD (pk : 163 700)



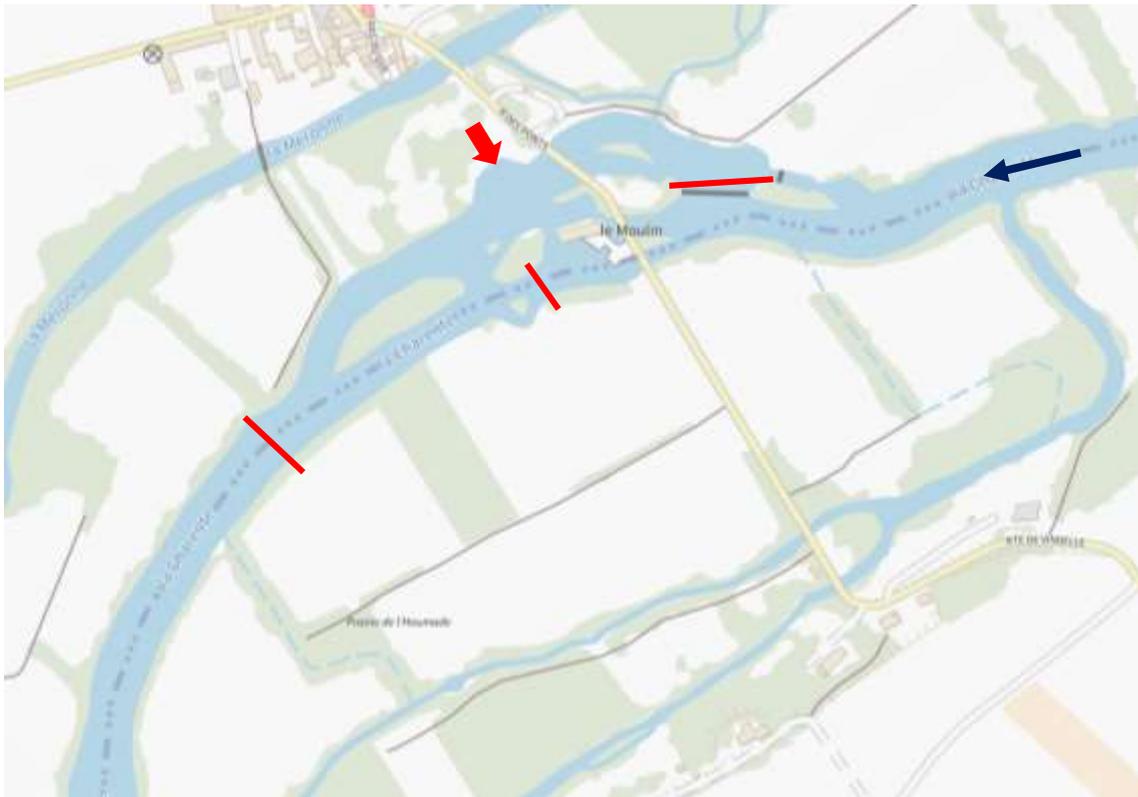
Cale de mise à l'eau à Saint Cybard, en RD, en aval du pont

7/ CHALONNE (pk : 168 700))



Cale de mise à l'eau par le lieu-dit Roffit : un peu raide...

8/ VINDELLE (pk : 176 000)

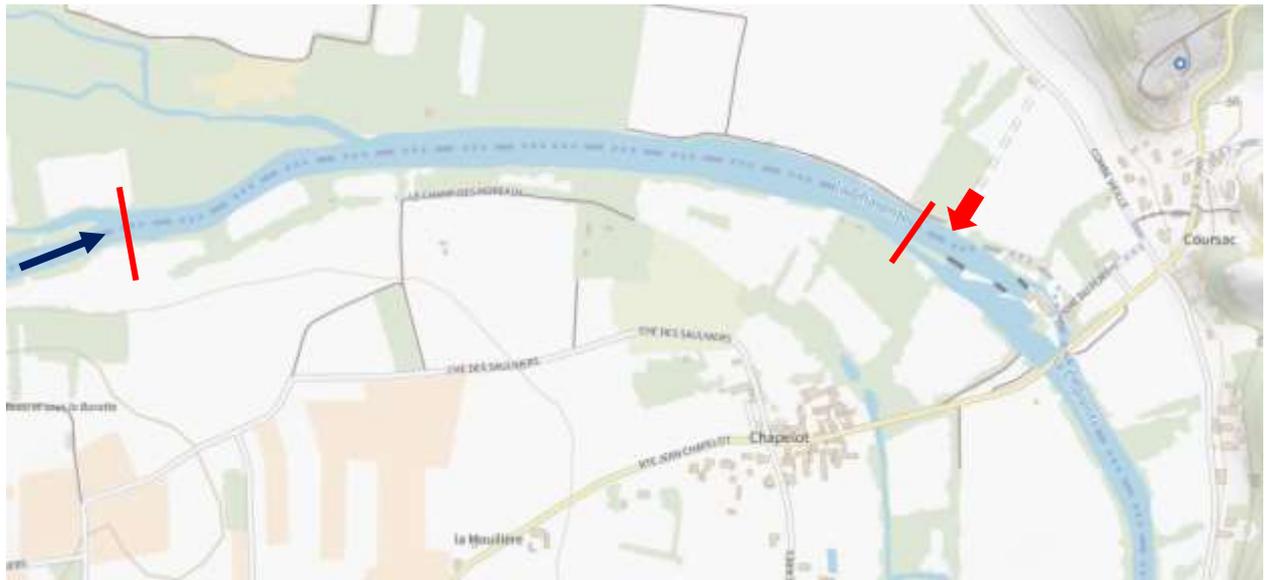


Utilisation d'un canoë pour les prélèvements car pas de mise à l'eau pour le bateau moteur :



Essai concluant car très peu de débit, donc possibilité de remonter le courant lentement.

9/ COURSAC (pk : 179 000)



Cale de mise à l'eau en RG, au bout d'un chemin de terre

10/ GUISSALLE (pk : 181 700)



Utilisation d'un canoë pour les prélèvements car pas de mise à l'eau pour le bateau moteur :



Essai concluant car très peu de débit, donc possibilité de remonter le courant lentement.

ANNEXE 2 : Résultats bruts 2019



Analyses VigiDNA M pour l'inventaire des Poissons en milieu aquatique courant
EPTB Charente - DE190025 - 2 Septembre 2019

Certains taxons sont identifiés au genre ou à la famille avec la base de référence SPYGEN :

- Alepis sp. : *Alepis alepis* ou *Alepis fallax*
- Ammodontidae : *Ammodontes marinus*, *Ammodontes tabularis* ou *Hyperoplus lanceolatus*
- Caraculus sp. : *Caraculus auratus*, *Caraculus caraculus* ou *Caraculus gibellus*
- Cottus sp. : *Cottus atari*, *Cottus duranii*, *Cottus gobio*, *Cottus hispidirostris*, *Cottus perfluvium* ou *Cottus petiti*
- Cyprinidae - Complexe 1 : *Chondrostoma toxostoma*, *Parachanna obscura* ou *Telostates souffi*
- Cyprinidae - Complexe 2 : *Chenopomus phoxinellus* ou *Hypophthalmichthys molitrix*
- Cyprinidae - Complexe 3 : *Abramis brama* ou *Blicca bjoerkna*
- Gobio sp. : *Gobio gobio*, *Gobio lusitani* ou *Gobio occitanicus*
- Lampetra sp. : *Lampetra fluviatilis* ou *Lampetra planeri*
- Phoxinus sp. : *Phoxinus phoxinus* ou *Phoxinus septimarius*
- Soleiras sp. : *Soleiras fontinalis* ou *Soleiras alpinus*

** : Quantité d'ADN insuffisante pour certifier la détection du taxon dans l'échantillon.

Nom identifiant	Base de référence	15/05/2019		15/05/2019		15/05/2019		15/05/2019		17/05/2019		14/06/2019		17/06/2019		14/06/2019	
		Besseau		Besseau		Course		Course		Junc		Junc		Sireuil		Sireuil	
		N°1/2 - RG	N°2/2 - RD														
		SPY191644	SPY191647	SPY191636	SPY191637	SPY191646	SPY191648	SPY191634	SPY191632	SPY191638	SPY191643	SPY191641	SPY191642	SPY191649	SPY191648	SPY191639	SPY191640
		Nombre de réplicats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de réplicats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de réplicats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de réplicats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de réplicats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de réplicats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de réplicats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de réplicats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN
Abramis brama	SPYGEN	2	55 547	2	5 762	2	35 200	7	23 852	1	23 318	4	35 119	9	34 601	7	47 394
Alepis sp.	SPYGEN	12	22 099	12	28 753	11	7 398	12	21 427	12	20 175	12	31 251	12	31 884	12	74 866
Ammodontidae	SPYGEN																
Anguilla anguilla	SPYGEN	12	1 385	10	661	1	1 445	11	1 373	4	641	4	413	11	1 174	7	618
Barbus haasi	SPYGEN	12	3 364	12	1 858	1	17 292	11	4 848	8	465	6	465	12	7 888	11	7 829
Blicca bjoerkna	SPYGEN	12	14 044	12	23 895	1	10 816	11	7 457	12	5 147	12	4 548	12	19 374	12	14 731
Caraculus sp.	SPYGEN													10	842	10	307
Cottus sp.	SPYGEN	7	382	10	290			9	798	10	2 218	10	1 517	11	3 284	7	1 620
Cyprinidae - Complexe 1	SPYGEN																
Cyprinidae - Complexe 2	SPYGEN																
Cyprinidae - Complexe 3	SPYGEN	11	326 312	12	145 689	4	236 775	9	35 705	12	77 741	11	183 726	10	34 094	10	65 517
Cyprinus carpio	SPYGEN	12	880	11	522	*		7	338	8	821	12	1 335	9	1 794	12	4 602
Esox lucius	SPYGEN	7	399	10	318			10	948	10	2 350	11	1 861	12	6 084	12	10 033
Gasterosteus aculeatus	SPYGEN	4	339					4	357								
Gobio sp.	SPYGEN	12	17 707	12	2 524	1	87 031	11	4 059	12	25 171	12	19 394	12	34 302	12	39 027
Gymnocephalus cernuus	SPYGEN	10	618	10	815			11	907	12	12 215	12	9 531	12	27 318	12	23 288
Lampetra sp.	SPYGEN	*	*	*	*			*	4	781			3	342	1	19	*
Labeomys gibbosus	SPYGEN	11	872	10	781			10	1 478	11	2 522	8	1 124	12	20 797	12	13 606
Lepomis microlophus	SPYGEN	8	537	9	466			11	2 448	7	394	4	317	12	4 428	11	2 803
Macrhybodus mykiss	SPYGEN	12	43 804	12	55 267	3	64 100	11	156 610					6	277	8	327
Pangasius nasus	GENBANK	*															
Perna fluviatilis	SPYGEN	12	5 592	12	8 534	3	96 401	11	21 767	12	3 920	12	5 175	12	14 322	12	17 406
Phoxinus sp.	SPYGEN	12	2 028	12	751	1	860	11	831	12	8 560	12	8 304	12	10 654	12	10 070
Pungitius pungitius	SPYGEN							5	124								
Rhodeus amarus	SPYGEN							8	848	5	747	12	1 706	8	1 639	4	131
Rutilus rutilus	SPYGEN	12	15 137	12	28 568			11	32 129	12	20 609	12	13 000	12	59 632	12	63 114
Salmo albus	SPYGEN																
Salmo trutta	SPYGEN	12	5 213	12	4 947	1	8 516	11	17 836					4	292	2	37
Soleiras sp.	SPYGEN	3	82	8	275			*									
Sander lucioperca	SPYGEN					6	559	2	71	3	176	9	914	8	3 413	11	1 515
Sardinia pilchardus	GENBANK																
Sardinella sp.	GENBANK																
Sardinella aurata	SPYGEN					4	76	1	172	1	110	8	789	2	145	12	2 107
Salmo gibelus	SPYGEN	8	316	1	92			11	1 522	11	1 116	12	6 843	12	7 119	12	7 714
Salvelinus cyphellus	SPYGEN	12	40 805	12	14 261			11	7 358	12	50 305	12	51 288	12	62 940	12	58 167
Thraso thraso	SPYGEN	12	763	12	615	1	89 989	11	2 081	11	563	7	438	12	8 868	11	2 495

ANNEXE 3 : Résultats bruts 2020 (1/2)



Analyses VigiDNA M pour l'inventaire des Poissons en milieu aquatique courant
EPTB Charente - DE200062 - 14 Septembre 2020

Certains taxons sont identifiés au genre ou à la famille avec la base de référence SPYGEN :

Alosa sp. : *Alosa alosa* ou *Alosa fallax*

Carassius sp. : *Carassius auratus*, *Carassius carassius* ou *Carassius gibelio*

Cottus sp. : *Cottus aturi*, *Cottus duranii*, *Cottus gobio*, *Cottus hispaniolensis*, *Cottus perifretum* ou *Cottus petiti*

Cyprinidae - Complexe 2 : *Ctenopharyngodon idella* ou *Hypophthalmichthys molitrix*

Cyprinidae - Complexe 3 : *Abramis brama* ou *Blicca bjoerkna*

Gobio sp. : *Gobio gobio*, *Gobio lozanoi* ou *Gobio occitaniae*

Lampetra sp. : *Lampetra fluviatilis* ou *Lampetra planeri*

Phoxinus sp. : *Phoxinus bigerri*, *Phoxinus phoxinus* ou *Phoxinus septimaniae*

Salvelinus sp. : *Salvelinus fontinalis* ou *Salvelinus alpinus*

* * : Quantité d'ADN insuffisante pour certifier la détection du taxon dans l'échantillon.

Nom scientifique	Base de référence	aval Sireuil				Trois Palis				aval Basseau				aval Malvy			
		SPY200771		SPY200772		SPY200773		SPY200774		SPY200775		SPY200776		SPY200769		SPY200770	
		Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN
<i>Abramis brama</i>	SPYGEN	5	5 799	8	41 322	8	69 028	5	9 489	7	22 719	6	8 939	4	15 148	11	76 822
<i>Alburnus alburnus</i>	SPYGEN	12	13 041	12	18 590	12	23 300	11	8 962	12	4 115	12	5 189	12	26 564	12	22 936
<i>Alosa sp.</i>	SPYGEN	12	10 117	12	15 074									8	1 551	10	4 199
<i>Anguilla anguilla</i>	SPYGEN	11	1 934	12	3 481	11	2 738	11	1 759	12	1 869	12	3 535	12	2 023	11	5 461
<i>Barbatula barbatula</i>	SPYGEN	11	2 604	11	1 675	10	3 301	11	3 138	11	3 302	12	4 108	4	130	6	798
<i>Barbus barbus</i>	SPYGEN	12	9 874	12	9 417	12	13 144	11	6 532	12	7 071	12	13 892	12	6 709	12	11 062
<i>Blicca bjoerkna</i>	SPYGEN	1	1 205	12	38 324	1	1 662	11	11 408							6	17 869
<i>Carassius sp.</i>	SPYGEN	6	204	9	1 758	8	410	10	325					7	574	7	1 205
<i>Cottus sp.</i>	SPYGEN	2	51	4	384	1	162	2	94	6	530	10	870	*		*	
<i>Cyprinidae - Complexe 2</i>	SPYGEN	3	213	3	194	4	217	1	21							6	499
<i>Cyprinidae - Complexe 3</i>	SPYGEN	12	24 357	7	21 207	8	69 608	8	28 608	6	14 839	10	22 314	10	39 609	7	27 652
<i>Cyprinus carpio</i>	SPYGEN	12	1 042	12	4 964	12	3 769	11	834	6	783			8	928	11	2 001
<i>Esox lucius</i>	SPYGEN	8	450	9	1 996	10	1 531	11	1 953	7	730	9	571	8	577	6	714
<i>Gasterosteus aculeatus</i>	SPYGEN												*				
<i>Gobio sp.</i>	SPYGEN	12	16 714	12	30 439	12	16 233	11	6 245	12	8 726	12	6 262	12	13 271	12	11 167
<i>Gymnocephalus cernua</i>	SPYGEN	8	852	10	1 030	12	4 539	9	1 085	8	1 770	10	1 220	4	608	5	578
<i>Lampetra sp.</i>	SPYGEN	3	64	3	117	1	17	3	68			4	116	1	17	4	487
<i>Lepomis gibbosus</i>	SPYGEN							10	2 255	9	3 064			9	2 003	9	4 149
<i>Leuciscus burdigalensis</i>	SPYGEN	12	893	9	1 243	12	3 592	11	1 632	10	1 270	12	1 945	11	940	5	286
<i>Micropterus salmoides</i>	SPYGEN					*								9	1 124		
<i>Oncorhynchus sp.</i>	EMBL													*		*	
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	SPYGEN	12	14 726	12	18 741	12	72 654	11	32 526	12	78 934	12	153 502			10	1 966
<i>Perca fluviatilis</i>	SPYGEN	12	15 590	12	24 755	12	45 748	11	25 389	12	9 572	12	13 871	12	12 724	12	24 664
<i>Phoxinus sp.</i>	SPYGEN	11	1 586	12	2 775	12	3 477	11	1 845	12	5 410	12	4 542	12	3 256	8	400
<i>Phoxinus phoxinus</i>	SPYGEN									*		*					
<i>Pungitius pungitius</i>	SPYGEN			*		3	341	1	16	1	71	6	135				
<i>Rhodeus amarus</i>	SPYGEN	2	184	12	1 157	3	93	4	146	3	638	3	128	6	618	3	381
<i>Rutilus rutilus</i>	SPYGEN	12	59 016	12	93 394	12	125 679	11	44 020	12	21 134	12	37 159	12	49 007	12	62 961
<i>Salmo salar</i>	SPYGEN																
<i>Salmo trutta</i>	SPYGEN	9	757	7	1 460	11	3 729	9	1 159	12	2 902	12	3 614	*			
<i>Salvelinus sp.</i>	SPYGEN			*		1	97	2	119			*					
<i>Sander lucioperca</i>	SPYGEN	8	1 577	12	3 323	6	612							10	2 025	12	9 418
<i>Sardina pilchardus</i>	EMBL																
<i>Scardinus erythrophthalmus</i>	SPYGEN	7	1 090	12	3 944	8	906	2	82					12	4 051	12	3 735
<i>Silurus glanis</i>	SPYGEN	12	10 609	12	18 742	12	5 983	11	4 068	11	1 127	12	6 755	12	11 822	12	23 139
<i>Squalius cephalus</i>	SPYGEN	12	45 787	12	26 309	12	47 421	11	12 579	12	12 295	12	7 553	12	82 973	12	45 906
<i>Tinca tinca</i>	SPYGEN	12	3 773	12	3 111	12	7 329	11	4 375	9	1 009	12	1 283	10	1 235	10	3 137

Résultats bruts 2020 (2/2)



Analyses VigiDNA M pour l'inventaire des Poissons en milieu aquatique courant
EPTB Charente - DE200062 - 14 Septembre 2020

Certains taxons sont identifiés au genre ou à la famille avec la base de référence SPYGEN :

Alosa sp. : *Alosa alosa* ou *Alosa fallax*
Carassius sp. : *Carassius auratus*, *Carassius carassius* ou *Carassius gibelio*
Cottus sp. : *Cottus aturi*, *Cottus duranii*, *Cottus gobio*, *Cottus hispaniolensis*, *Cottus perifretum* ou *Cottus petiti*
Cyprinidae - Complexe 2 : *Ctenopharyngodon idella* ou *Hypophthalmichthys molitrix*
Cyprinidae - Complexe 3 : *Abramis brama* ou *Blicca bjoerkna*
Gobio sp. : *Gobio gobio*, *Gobio lozanoi* ou *Gobio occitaniae*
Lampetra sp. : *Lampetra fluviatilis* ou *Lampetra planeri*
Phoxinus sp. : *Phoxinus phoxinus* ou *Phoxinus septimaniae*
Salvelinus sp. : *Salvelinus fontinalis* ou *Salvelinus alpinus*

** * : Quantité d'ADN insuffisante pour certifier la détection du taxon dans l'échantillon

Nom scientifique	Base de référence	Saint Cybard				Chalonne				Vindelle				Guissalle			
		SPY200761		SPY200762		SPY200767		SPY200768		SPY200765		SPY200766		SPY200763		SPY200764	
		Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN
<i>Abramis brama</i>	SPYGEN	4	1 408	3	1 061	6	8 469	11	18 002	2	3 975	7	16 099	6	14 394	5	15 215
<i>Alburnus alburnus</i>	SPYGEN	12	2 751	12	3 369	12	35 009	12	34 246	12	31 466	11	27 461	12	50 534	12	41 341
<i>Alosa sp.</i>	SPYGEN																
<i>Anguilla anguilla</i>	SPYGEN	12	1 786	11	1 139	11	1 288	9	1 080	8	598			9	809	10	1 150
<i>Barbatula barbatula</i>	SPYGEN	12	7 602	12	8 267	12	1 141	12	1 082	12	2 436	11	1 685	12	2 752	11	2 105
<i>Barbus barbus</i>	SPYGEN	12	6 961	12	5 445	12	25 257	12	15 238	12	10 467	11	9 432	12	28 914	12	23 131
<i>Blicca bjoerkna</i>	SPYGEN																
<i>Carassius sp.</i>	SPYGEN																
<i>Cottus sp.</i>	SPYGEN	11	1 028	12	759	8	1 474	10	801	5	379	7	633	11	1 529	6	435
<i>Cyprinidae - Complexe 2</i>	SPYGEN																
<i>Cyprinidae - Complexe 3</i>	SPYGEN	8	1 823	9	2 107	9	16 904	8	10 654	11	46 822	10	28 054	10	15 952	8	18 786
<i>Cyprinus carpio</i>	SPYGEN					11	1 046	12	1 152								
<i>Esox lucius</i>	SPYGEN			*		12	2 038	12	2 505	12	2 545	10	3 052	12	2 787	12	3 384
<i>Gasterosteus aculeatus</i>	SPYGEN	6	320	4	298												
<i>Gobio sp.</i>	SPYGEN	12	3 208	12	4 002	12	21 901	12	17 193	12	24 983	11	20 839	12	55 940	12	40 166
<i>Gymnocephalus cernua</i>	SPYGEN	5	202	8	284	12	3 479	12	2 674	12	12 165	11	9 317	12	8 893	12	8 041
<i>Lampetra sp.</i>	SPYGEN			*		*		*		1	15	2	48				
<i>Lepomis gibbosus</i>	SPYGEN	11	1 100			12	13 547	12	12 286	12	13 929	11	9 913	12	10 112	12	13 311
<i>Leuciscus burdigalensis</i>	SPYGEN	12	4 061	12	2 662	12	7 963	12	7 859	12	5 578	10	4 363	12	10 477	12	6 974
<i>Micropterus salmoides</i>	SPYGEN																
<i>Oncorhynchus sp.</i>	EMBL																
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	SPYGEN	12	274 744	12	252 442												
<i>Perca fluviatilis</i>	SPYGEN	12	4 651	12	5 825	12	30 614	12	40 026	12	11 173	11	8 243	12	18 666	12	15 333
<i>Phoxinus sp.</i>	SPYGEN	12	2 333	12	2 973	12	8 285	12	4 594	12	7 351	11	9 300	12	23 092	12	14 675
<i>Phoxinus phoxinus</i>	SPYGEN					*		*						2	56	3	46
<i>Pungitius pungitius</i>	SPYGEN	6	446	6	178												
<i>Rhodeus amarus</i>	SPYGEN					12	2 015	12	1 828	12	2 796	11	3 182	12	3 622	12	4 626
<i>Rutilus rutilus</i>	SPYGEN	12	15 926	12	35 131	12	71 989	12	70 708	12	105 647	11	81 572	12	86 384	12	70 838
<i>Salmo salar</i>	SPYGEN	*															
<i>Salmo trutta</i>	SPYGEN	12	13 738	12	13 582												
<i>Salvelinus sp.</i>	SPYGEN	10	513	10	308												
<i>Sander lucioperca</i>	SPYGEN																
<i>Sardina pilchardus</i>	EMBL	*															
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	SPYGEN	4	115	8	317			5	118					3	118	5	304
<i>Silurus glanis</i>	SPYGEN					12	6 330	12	5 672	12	5 348	11	3 803	12	5 856	12	3 885
<i>Squalius cephalus</i>	SPYGEN	12	39 884	12	45 138	12	102 967	12	76 083	12	78 836	11	63 336	12	134 851	12	83 728
<i>Tinca tinca</i>	SPYGEN	11	592	12	904	12	2 456	12	2 999	12	4 186	11	3 270	12	3 851	12	4 270