

Cellule Migrateurs Charente Seudre



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

Campagne 2022



Juin 2023

**POSTIC-PUIVIF Audrey, SZCZEPANIAK Robin,
ALBERT François, COLLEU Marc-Antoine, BUARD Eric**

AVANT-PROPOS

Ce rapport constitue une synthèse des suivis ADNe réalisés en 2022 par la Cellule Migrateurs Charente Seudre (CMCS), dans le cadre du programme d'actions 2021-2025.



Référence à citer :

POSTIC-PUIVIF A., SZCZEPANIAK R., ALBERT F., COLLEU MA., BUARD E., Juin 2023.
Identification du front de migration des aloses sur la Charente par l'utilisation de l'ADN environnemental. Campagnes 2022. 37 pp.

SOMMAIRE

1.	Contexte et organisation	6
1.1	Un territoire d'importance pour les amphihalins	6
1.2	Un partenariat et un fonctionnement opérationnel : la Cellule Migrateurs Charente-Seudre 6	
1.3	Les aloses dans la Charente.....	6
1.4	L'ADN environnemental	7
2	Les suivis ADNe dans la Charente.....	8
2.1	La campagne de 2022.....	9
2.2	Analyse des résultats 2022.....	10
3	Bilan et perspectives	20

LISTE DES ILLUSTRATIONS.....	20
------------------------------	----

ANNEXES.....	21
--------------	----

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. L'étude de Scimabio-Interfaces/FishPass de 2020, portée par l'EPTB Charente, a confirmé les enjeux importants des bassins Charente-Seudre et a permis d'actualiser les connaissances, d'optimiser les suivis de la CMCS, et d'envisager de nouvelles pistes d'actions pour le programme 2021-2025, dont l'utilisation de l'ADN environnemental (ADNe).

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 pour l'Aquaculture, la Pêche et l'Environnement de Nouvelle-Aquitaine (CAPENA). 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 (*Alosa alosa*) et les aloses feintes (*Alosa fallax*) 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 (post-reproduction par exemple), l'activité des frayères ou encore les informations d'observation ou de captures vérifiées (pêcheurs, riverains...). La figure ci-après présente les actions prévues pour les « Aloses » pour 2021-2025.

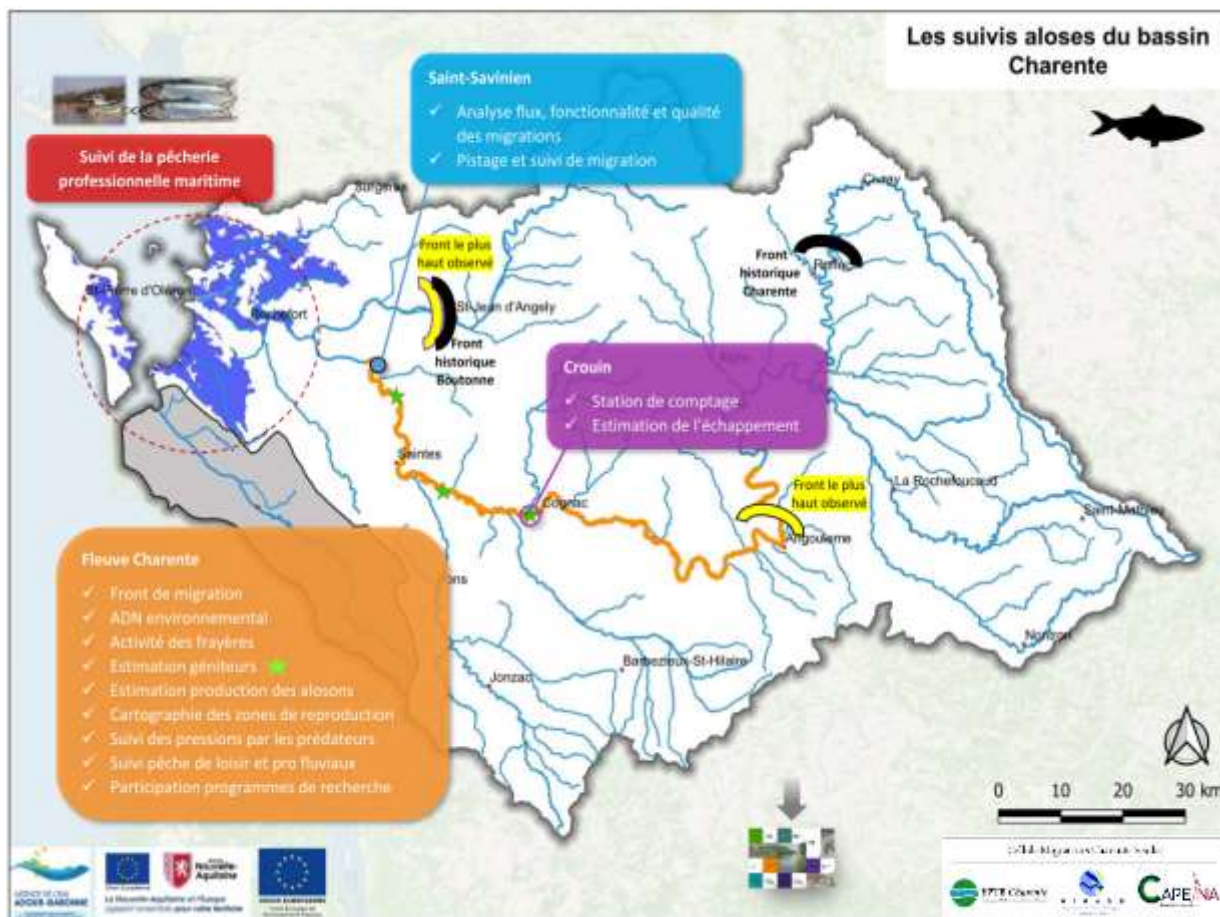


Figure 1 : Les suivis aloses du bassin versant de la Charente

Le bassin de la Charente accueille les 2 espèces d'alooses 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. On parle alors de frayères forcées. Nous considérons qu'en aval de Cognac nous sommes principalement sur l'aire des aloses feintes, et en amont sur celle des grandes aloses. Cependant, entre Cognac et Jarnac, il y a une probabilité pour que les frayères soient colonisées par les 2 espèces, notamment si la grande alose a des difficultés ou des retards de migration vers l'amont. La reproduction de ces deux espèces entraîne parfois la naissance d'aloose hybride. Ces individus sont observés sur la Charente.

1.4 L'ADN environnemental

Les technologies d'inventaire et de suivi des espèces utilisant l'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'annexe 1 présente les grands principes de la technique.

Le schéma suivant présente le protocole de prélèvement mis en œuvre sur la Charente depuis 2019.

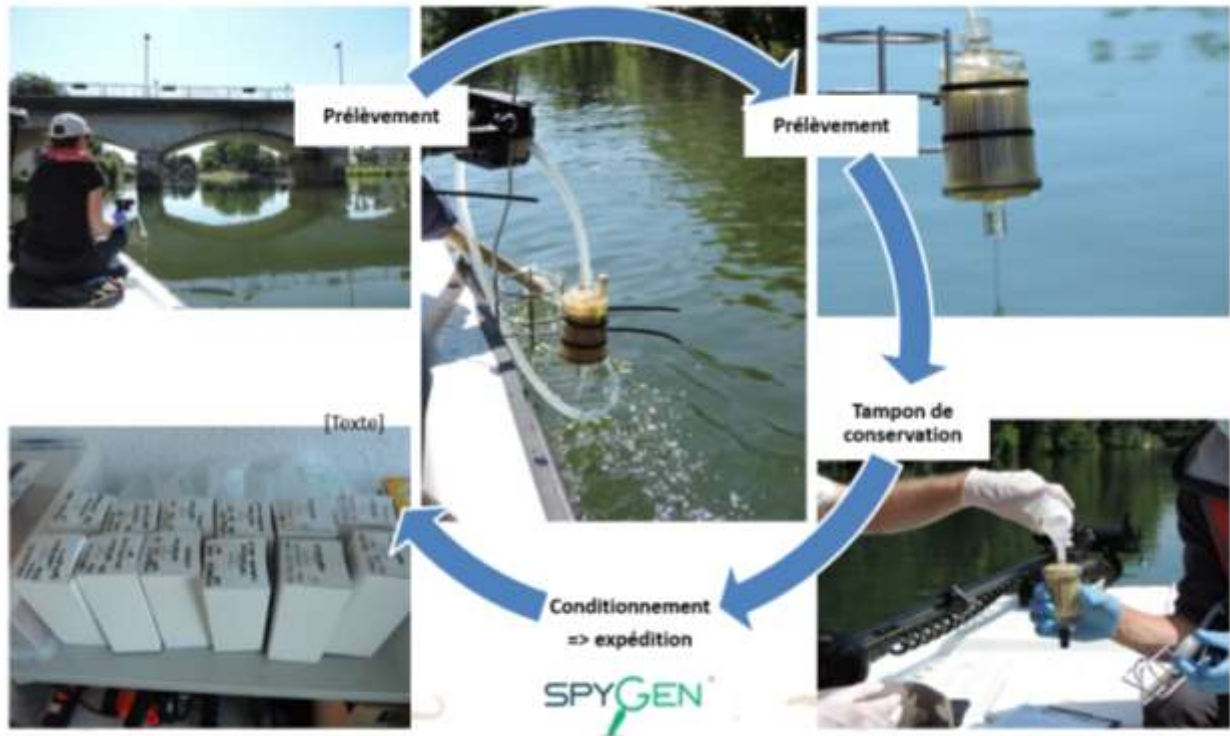


Figure 2 : Protocole des prélèvements ADNe sur la Charente

2 Les suivis ADNe dans la Charente

Cette technique permet d'établir de façon fiable le front de migration des grandes aloses en amont de Cognac, alors même que les suivis de la reproduction ne permettent plus de mettre en évidence une reproduction active. En effet, depuis plusieurs années et notamment sur les années 2018 à 2021, les effectifs de grandes aloses sont en diminution (d'après les observations à la station de comptage de Couin) et il devient difficile de mettre en évidence des indices de présence au cours des prospections de jour ou de nuit. Le suivi ADNe a été inscrit en action régulière dans le programme d'actions 2021-2025 de la CMCS.

La carte suivante présente le secteur prospecté. Le choix des sites se fait la semaine précédant les prélèvements en fonction des observations de terrain les plus récentes. Les fiches des stations de 2022 sont en annexe 2.

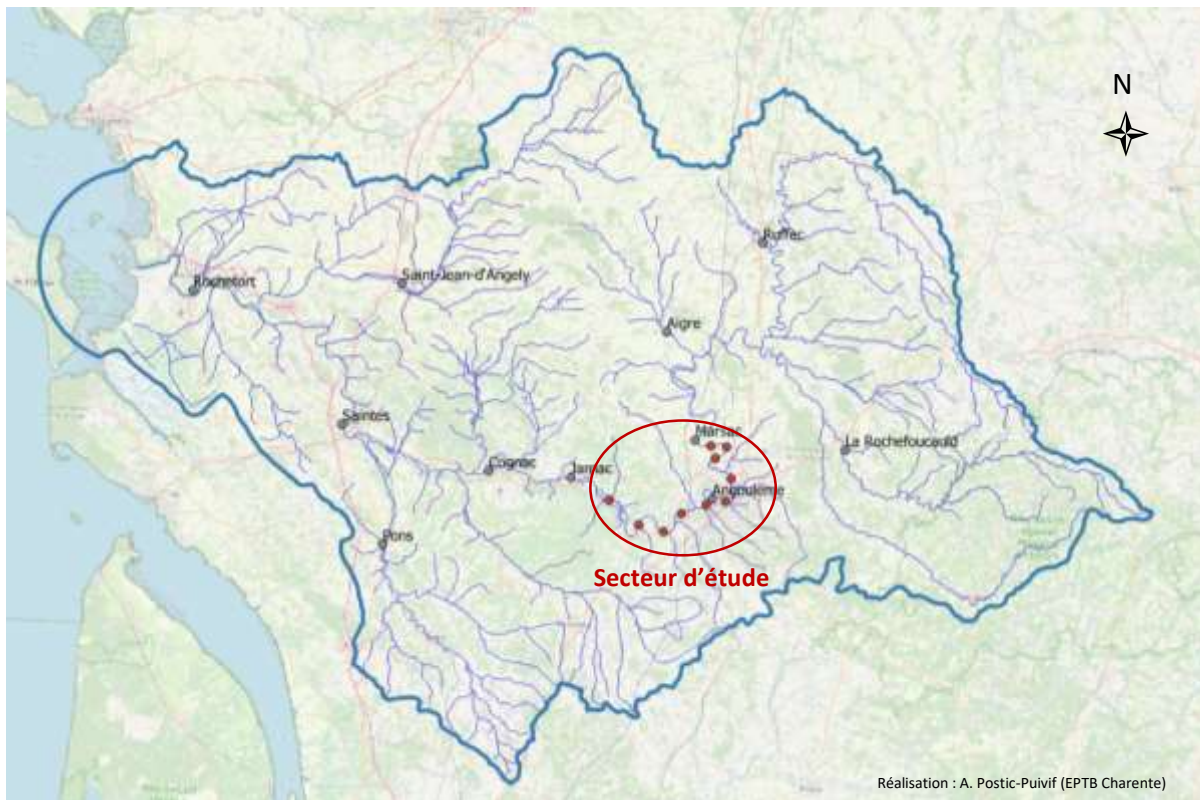


Figure 3 : Secteur d'étude ADNe sur le bassin de la Charente

2.1 La campagne de 2022

La session de prélèvement a été calée sur la première quinzaine de juin avec 8 stations espacées de 5 à 8 km, afin de resserrer le réseau d'observation. L'objectif principal pour 2022 est de rechercher le front de migration des grandes aloses. Les analyses permettront aussi de détecter, s'il y en a, les autres espèces de poissons migrateurs comme les lamproies marines, les lamproies fluviatiles, les saumons atlantiques et les truites de mer.

8 stations ont été prospectées dans la Charente du 07 au 10 juin 2022.

Le point aval a été déterminé en fonction de la connaissance du front de migration juste avant les prélèvements. Les seuls indices de présence, alors, étaient les passages d'aloses au barrage de Crouin (station de comptage). Les points de prélèvements ont donc été positionnés en fonction des connaissances de terrain, des suivis passés, de la distance entre les barrages et de l'existence ou non de dispositif de franchissement sur ces barrages. Le principe de positionner les points de prélèvement en aval des barrages est lié au point de blocage qu'ils constituent et au mélange de l'eau occasionné par la chute.

Le premier site envisagé a été l'aval du barrage de Jarnac. Les autres sites ont ensuite été positionnés à 5 km de distance en progressant vers l'amont et en enlevant les sites équipés de passes à poissons.

La figure ci-dessous présente l'emplacement des 8 stations de l'aval vers l'amont.

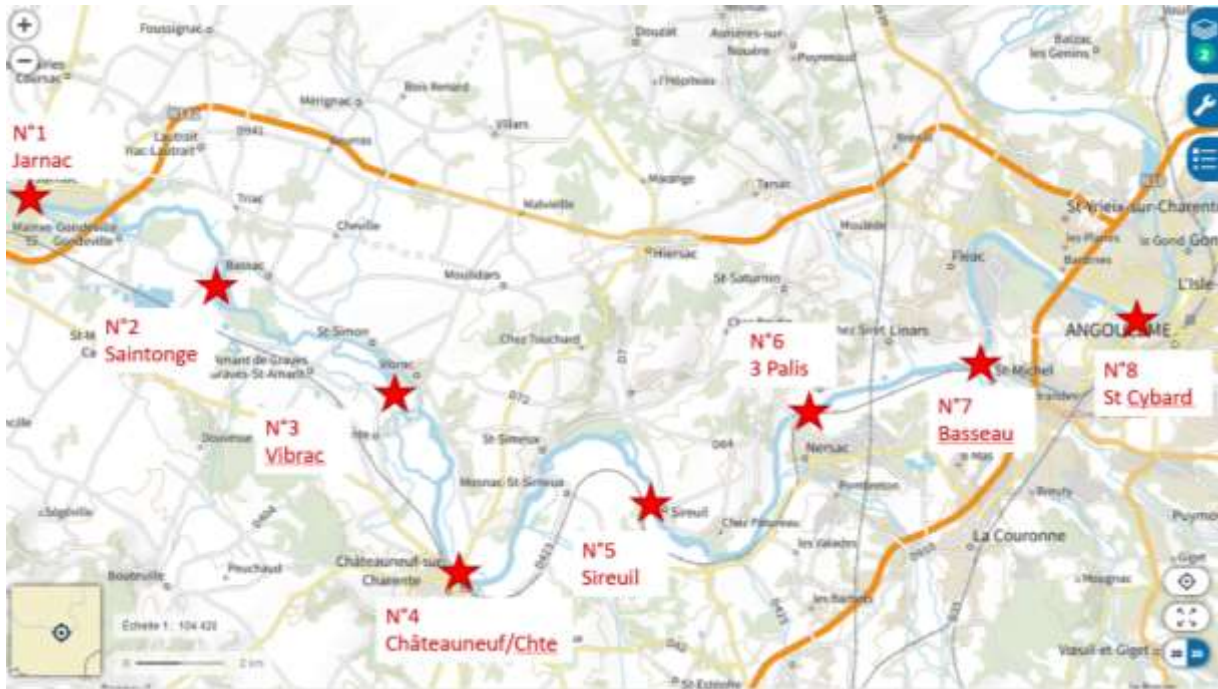


Figure 4 : Localisation des 6 sites échantillonnés en 2022

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.

2.2 Analyse des résultats 2022

Conditions environnementales

Les conditions environnementales de 2022 sont assez particulières (Figures 5 et 6). L'année a commencé avec des variations successives du débit mais dans des valeurs faibles pour la saison (40 à 80 m³/s) à la station de Beillant Puis le débit a commencé à baisser de façon significative en avril pour atteindre des valeurs très basses, autour des 10 m³/s fin juillet. En parallèle, les températures ont été plus chaudes, plus tôt, avec des épisodes caniculaires. Du 27 avril au 27 juin les températures de l'eau ont été supérieures à la moyenne observée depuis 10 ans à Crouin en aval de Cognac, parfois de plus de 5 °C. Ces éléments ont probablement perturbé les migrations des aloses mais aussi les reproductions.

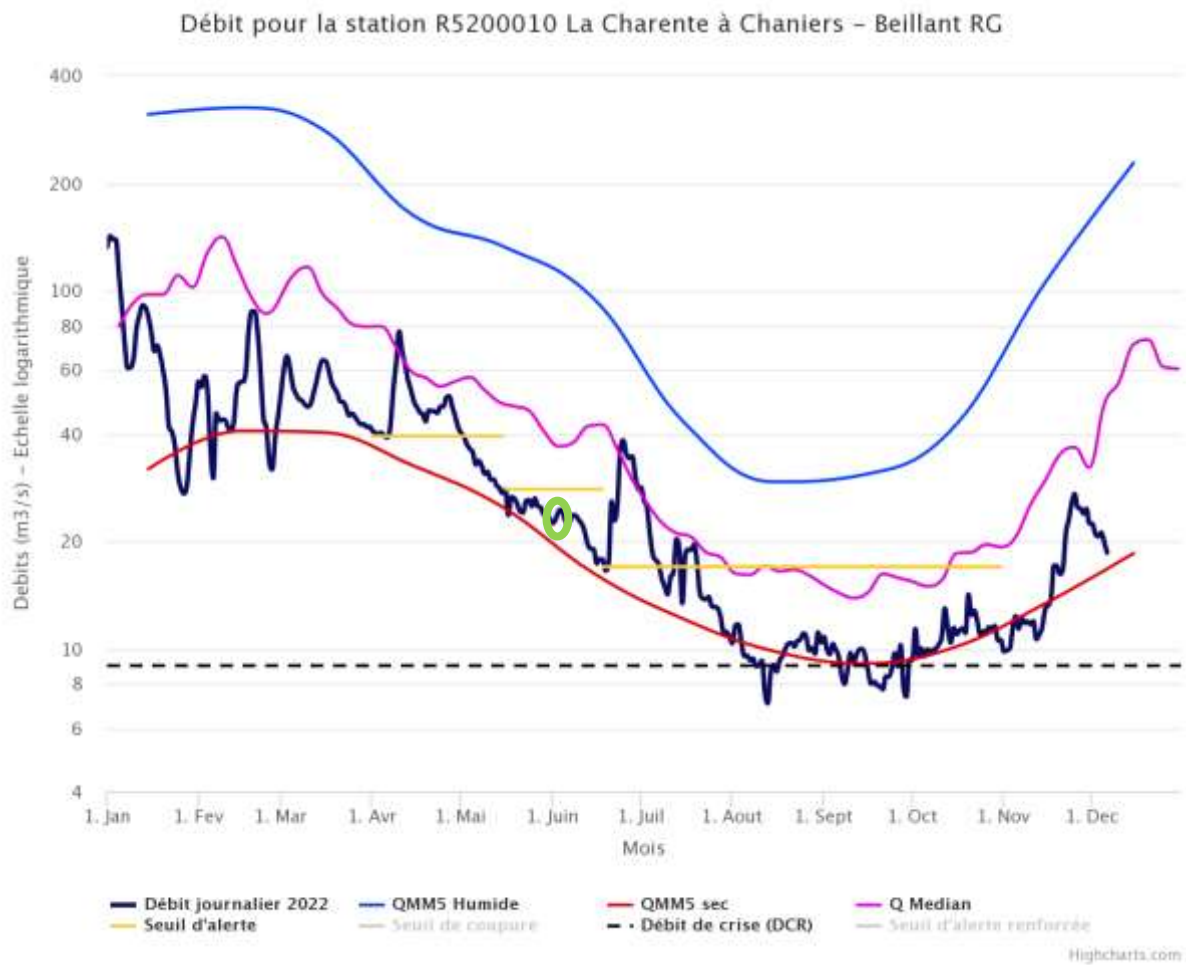


Figure 5 : Débits de la Charente à Beillant en 2022 et période de prélèvement ADNe (rond vert)

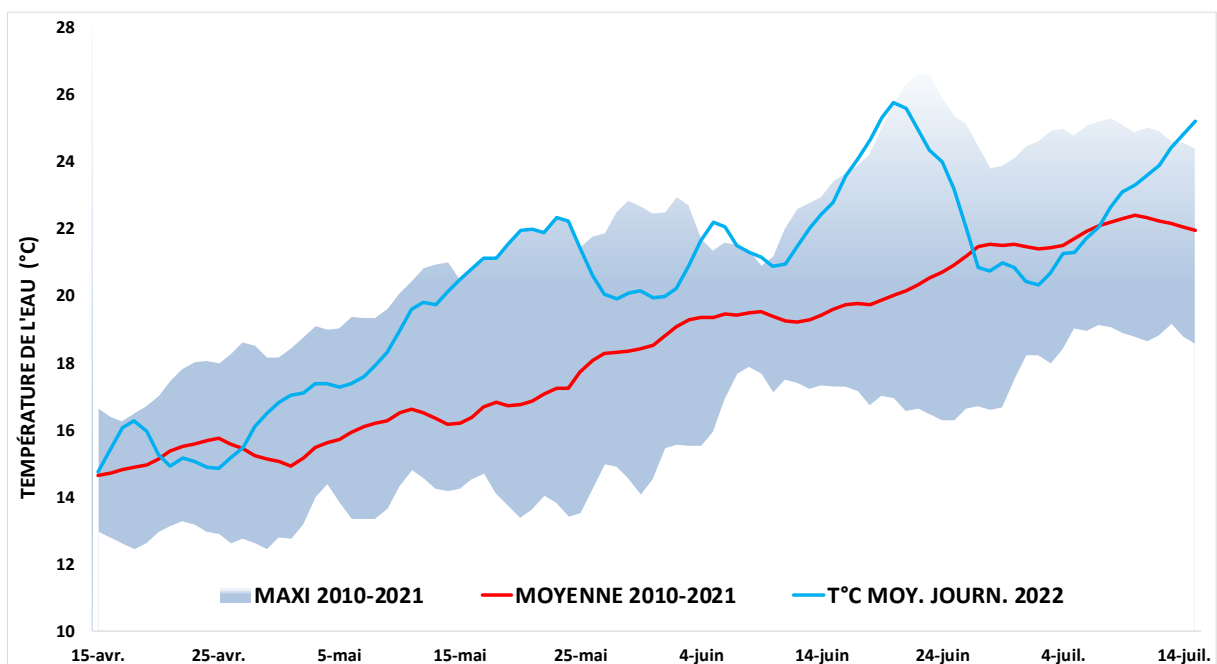


Figure 6 : Températures de la Charente à Crouin du 15 avril au 15 juillet 2022

Résultats ADNE

Les résultats des prélèvements ont été reçus le 22 septembre 2022 de la part de Spygen, sous la forme d'un tableau Excel avec la liste des espèces ou taxons identifiés ainsi qu'un rapport synthétique sans analyse.

Selon Spygen, les prélèvements étaient de bonne qualité, sans contamination apparente, montrant une nouvelle fois la qualité de nos échantillons. 38 taxons ont été identifiés (Figure 7). **La présence des aloses a été constatée sur les 4 sites aval : Jarnac, Saintonge, Vibrac, Châteauneuf-sur-Charente.** D'autres migrateurs ont été identifiés : anguille sur toutes les stations et Lampetra sp. sur Basseau.

Nom scientifique	Nom courant	Sites							
		JARNAC	SAINTONGE	VIBRAC	CHATEAUNEUF	3 PALIS	SIREUIL	BASSEAU	SAINT CYBARD
<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	x	x				
<i>Ameiurus melas</i>	poisson chat							x	
<i>Anguilla anguilla</i>	anguilles	x	x	x	x	x	x	x	x
<i>Argyrosomus regius</i>	Maigre								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	x	x	x		
<i>Cottus sp.</i>	chabot		x	x	x	x	x	x	x
Cyprinidae - Complexe 1	Hotu & Toxostome & Blageon				x		x	x	
Cyprinidae - Complexe 2	Amour blanc & Carpe argentée			x	x	x	x		
Cyprinidae - Complexe 3	Brème commune & Brème bordelière	x	x		x	x	x	x	x
<i>Cyprinus carpio</i>	carpe commune	x	x	x	x	x	x	x	x
<i>Dicentrarchus punctatus</i>	bar								x
<i>Esox lucius</i>	brochet	x	x	x	x	x	x	x	x
<i>Gasterosteus aculeatus</i>	épinouche							x	x
<i>Gobio sp.</i>	goujon	x	x	x	x	x	x	x	x
<i>Gymnocephalus cernua</i>	grémillle	x	x	x	x	x	x	x	
<i>Lampetra sp.</i>	Lampetra sp.								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>Leuciscus sp.</i>	vandoise								
<i>Micropterus salmoides</i>	black bass	x							
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	truite arc en ciel					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>Pungitius pungitius</i>	épinouche					x	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>Sander lucioperca</i>	sandre	x	x		x	x	x	x	
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	rotengle	x	x	x	x	x	x	x	x
<i>Silurus glanis</i>	silure	x	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
Nombre de taxons	37	24	24	24	27	28	29	28	26

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

Nom scientifique affiché sur les rapports	Nom scientifique du(des) espèce(s) associé(s)	Nom vernaculaire
<i>Alosa sp.</i>	<i>Alosa alosa</i> ou <i>Alosa fallax</i>	-
<i>Ammodytidae</i>	<i>Ammodytes marinus</i> , <i>Ammodytes tobianus</i> ou <i>Hyperoplus lanceolatus</i>	-
<i>Barbatula sp.</i>	<i>Barbatula barbatula</i> ou <i>Barbatula quignardi</i>	-
<i>Carassius sp.</i>	<i>Carassius carassius</i> ou <i>Carassius gibelio</i> ou <i>Carassius auratus</i>	-
<i>Coregonus sp.</i>	<i>Coregonus lavaretus</i> ou <i>Coregonus oxyrinchus</i>	-
<i>Cottus sp.</i>	<i>Cottus aturi</i> , <i>Cottus duranii</i> , <i>Cottus gobio</i> , <i>Cottus hispaniolensis</i> , <i>Cottus perifretum</i> , <i>Cottus petiti</i> ou <i>Cottus rhenanus</i>	-
Cyprinidae - Complexe 1	<i>Chondrostoma nasus</i> , <i>Parachondrostoma toxostoma</i> ou <i>Telestes souffia</i>	Hotu & Toxostome & Blageon
Cyprinidae - Complexe 2	<i>Ctenopharyngodon idella</i> ou <i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	Amour blanc & Carpe argentée
Cyprinidae - Complexe 3	<i>Abramis brama</i> ou <i>Blicca bjoerkna</i>	Brème commune & Brème bordelière
Cyprinidae - Complexe 4	<i>Alburnus alburnus</i> ou <i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Ablette & Rotengle
<i>Gobio sp.</i>	<i>Gobio alvernai</i> , <i>Gobio gobio</i> , <i>Gobio lozanoi</i> ou <i>Gobio occitanica</i>	-
<i>Lampetra sp.</i>	<i>Lampetra fluviatilis</i> ou <i>Lampetra planeri</i>	-
<i>Leuciscus sp.</i>	<i>Leuciscus idus</i> ou <i>Leuciscus leuciscus</i>	-
<i>Phoxinus sp.</i>	<i>Phoxinus bigerri</i> , <i>Phoxinus phoxinus</i> ou <i>Phoxinus septimaniae</i>	-
<i>Pleuronectidae - Complexe 1</i>	<i>Platichthys flesus</i> ou <i>Pleuronectes platessa</i>	Flet d'Europe & Plie d'Europe
<i>Pleuronectidae - Complexe 2</i>	<i>Hippoglossoides platessoides</i> ou <i>Limanda limanda</i>	Bal'ai & Limande
<i>Pomatoschistus sp.</i>	<i>Pomatoschistus microps</i> ou <i>Pomatoschistus minutus</i>	-
<i>Salvelinus sp.</i>	<i>Salvelinus fontinalis</i> ou <i>Salvelinus alpinus</i>	-
<i>Squalius sp.</i>	<i>Squalius cephalus</i> ou <i>Squalius laietanus</i>	-

Figure 7 : Occurrence d'apparition des 38 taxons identifiés en 2022

Selon les sites on trouve entre 23 et 29 taxons, sachant qu'aux alentours d'Angoulême (Saint Cybard), des taxons d'espèces consommées comme le bar ou le maigre sont apparus pour la première fois alors que leur présence naturelle est impossible à ce niveau sur le fleuve. Le graphique ci-dessous illustre le nombre de taxons de l'aval vers l'amont.

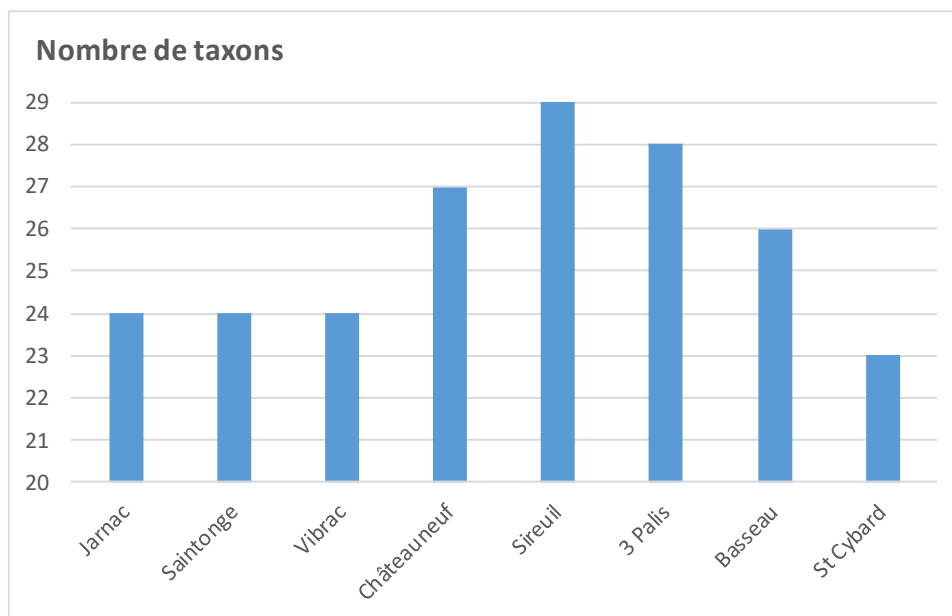


Figure 8 : Répartition du nombre de taxons par station de l'aval vers l'amont (en enlevant bar, maigre et truite arc-en-ciel)

Globalement la richesse spécifique obtenue correspond aux éléments du PDPG établi par la FDAAPPMA de Charente avec les Cyprinidés dominants (Figure 9). Les espèces les plus représentées dans les prélèvements ADNe sont le gardon, l'ablette, le chevaine, la brème commune et bordelière. On peut noter localement quelques particularités, notamment sur les sites de Saint-Cybard et Basseau 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) ou au nouveau parcours de pêche à la truite mis en place par l'AAPPMA locale sur St Cybard. Cette année, 2 nouvelles espèces consommées ont été détectées : le bar et le maigre sur Saint-Cybard. Le silure apparaît dans toutes les stations et pour certaines dans le premier tiers des espèces répertoriées, comme à Vibrac ou Sireuil. Il fait l'objet d'une action d'état des connaissances par la CMCS dans son programme 2021-2025.

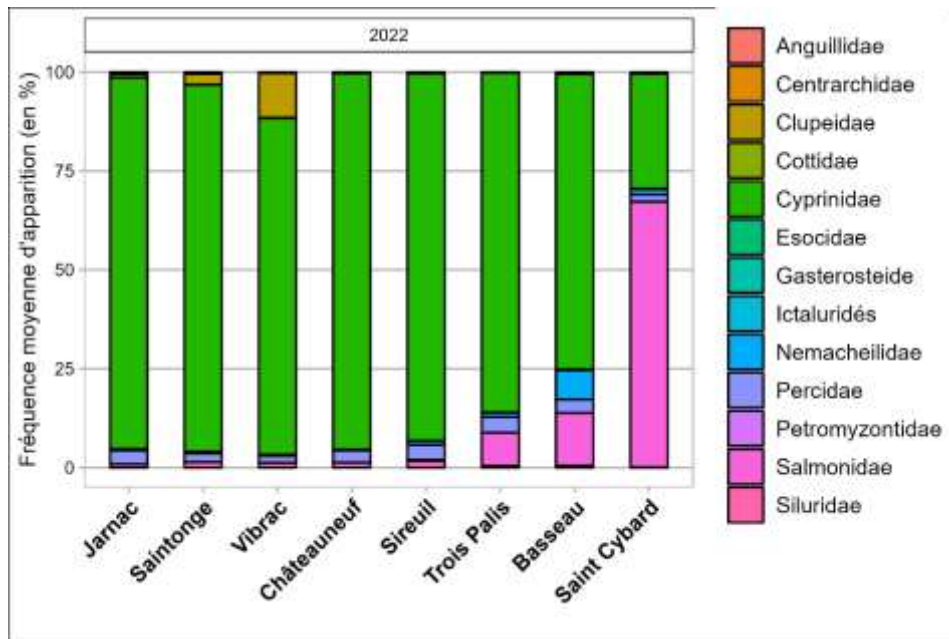


Figure 9 : Répartition des espèces par famille selon les sites en 2022

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 poissons migrateurs et les silures.

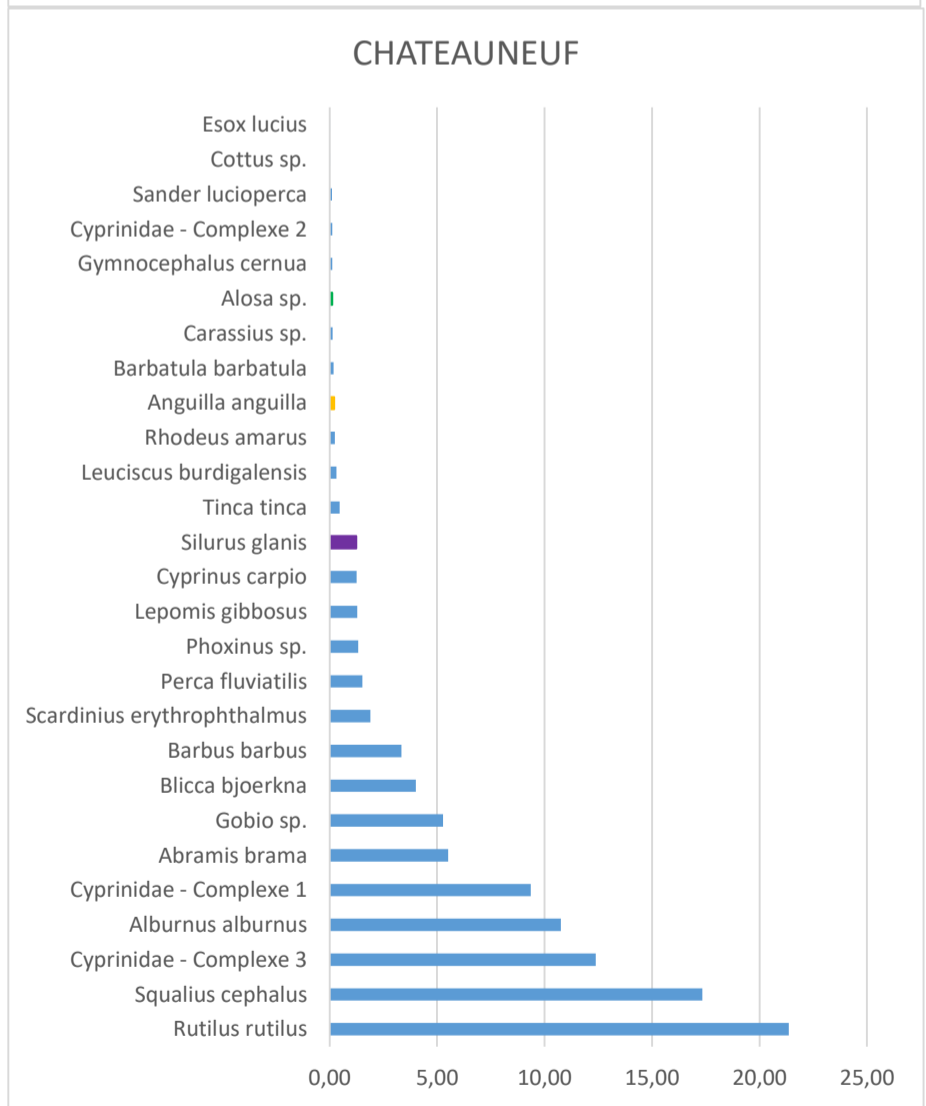
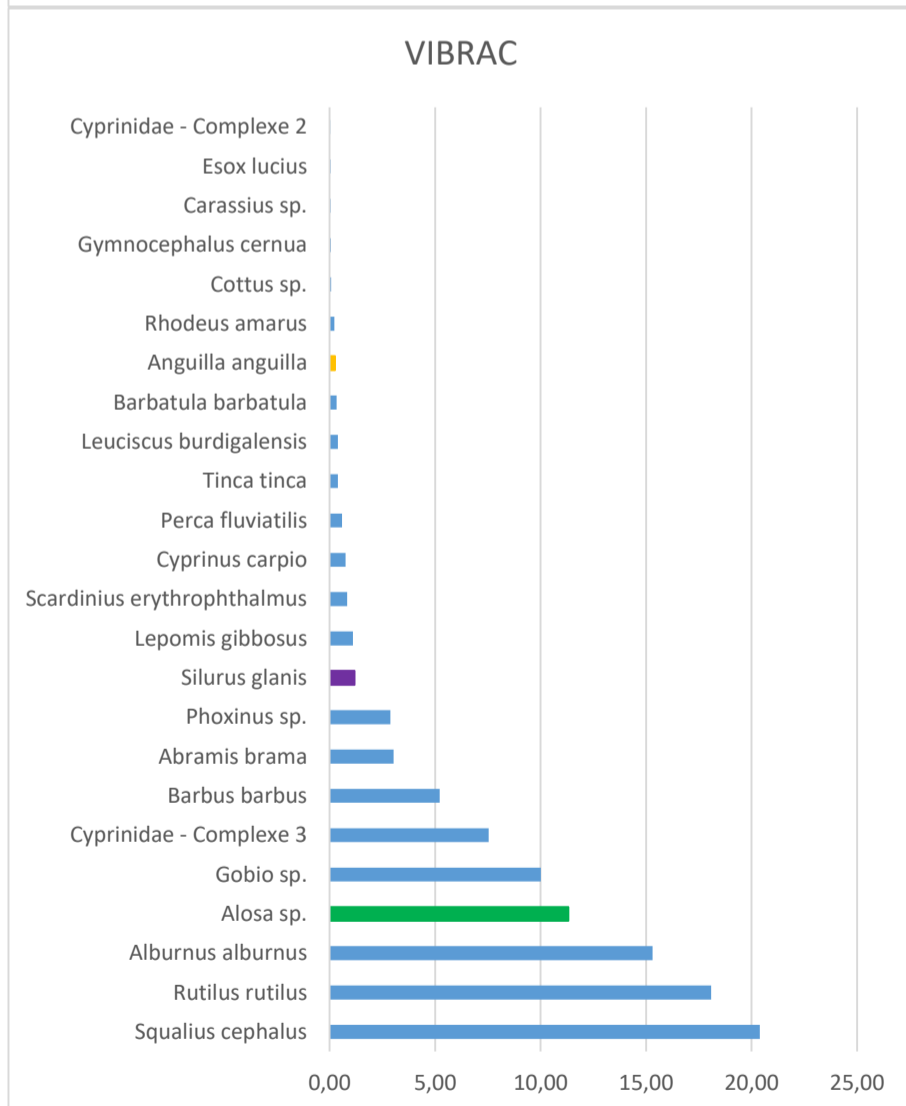
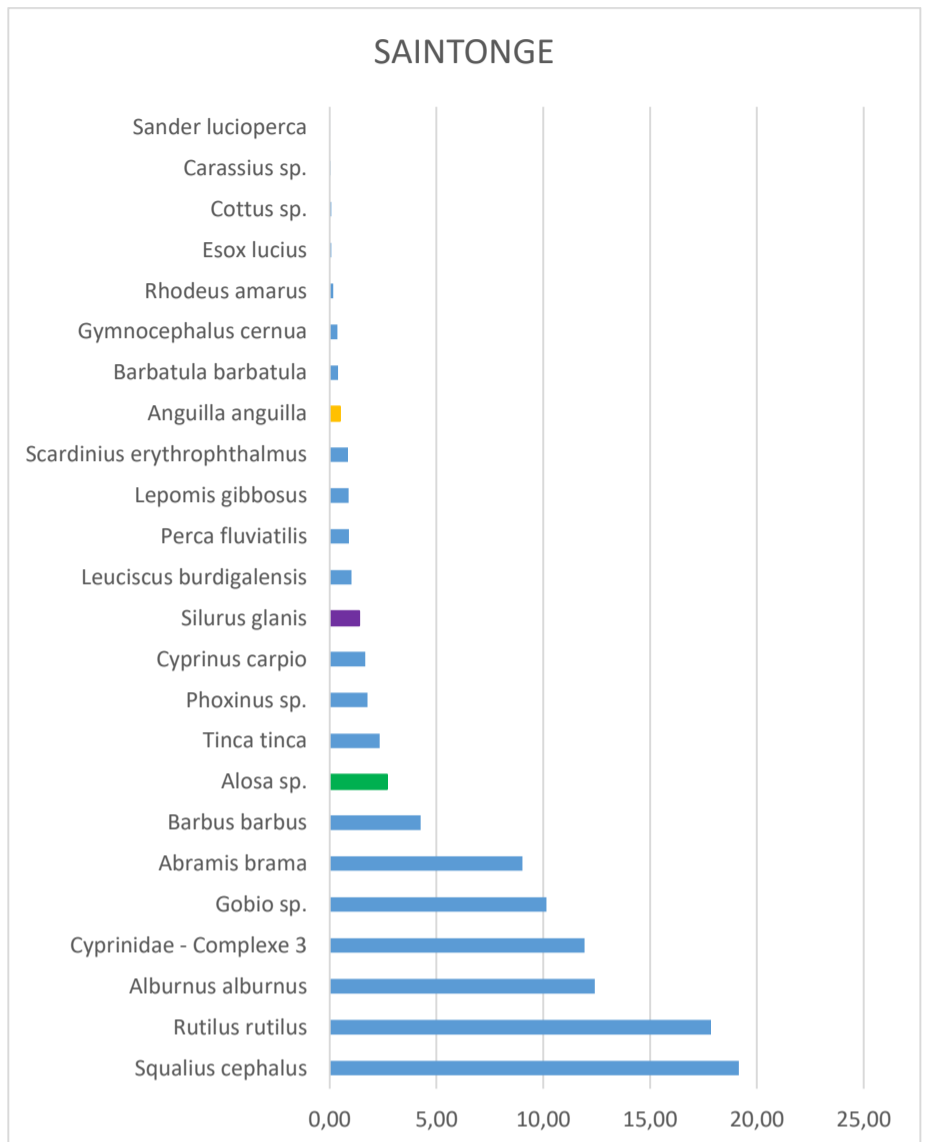
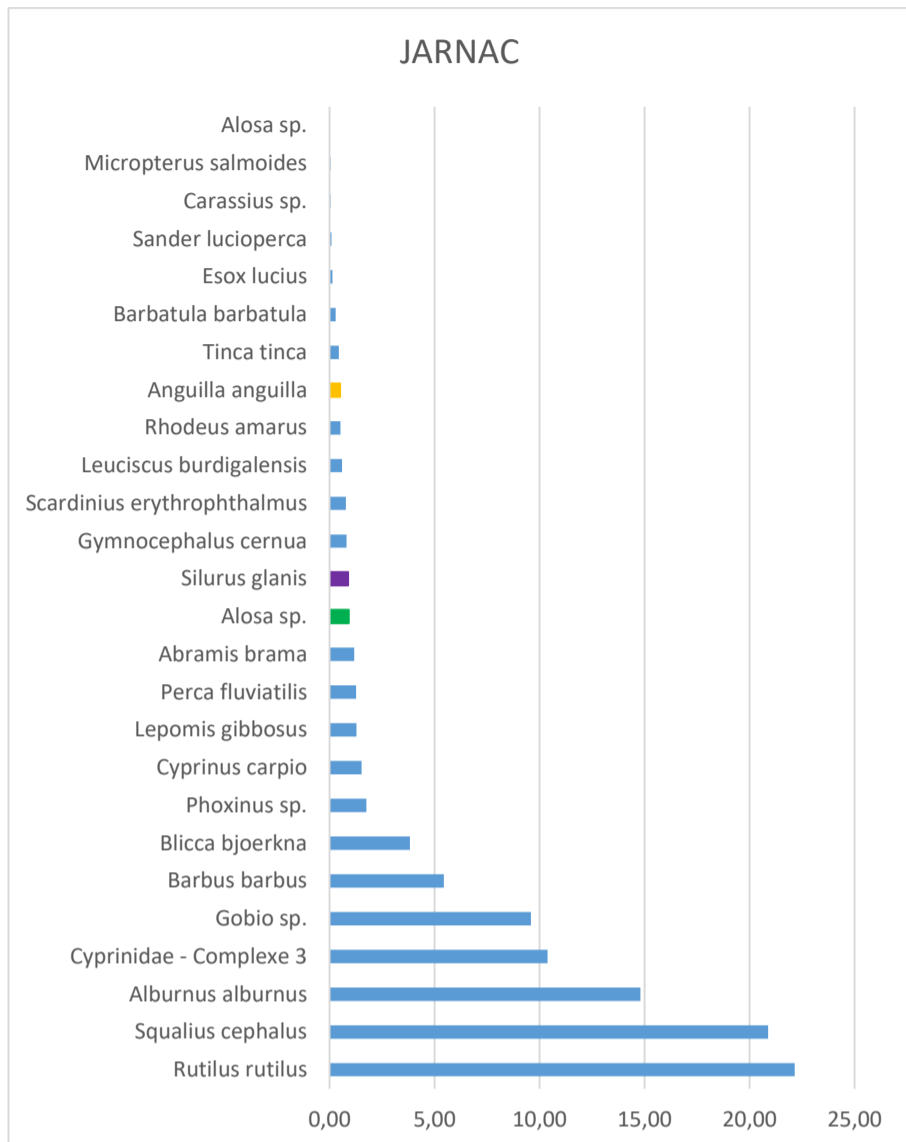


Figure 10 : Fréquence d'apparition des séquences des taxons dans les échantillons, par site.

Aloses / Silure / Migrateurs

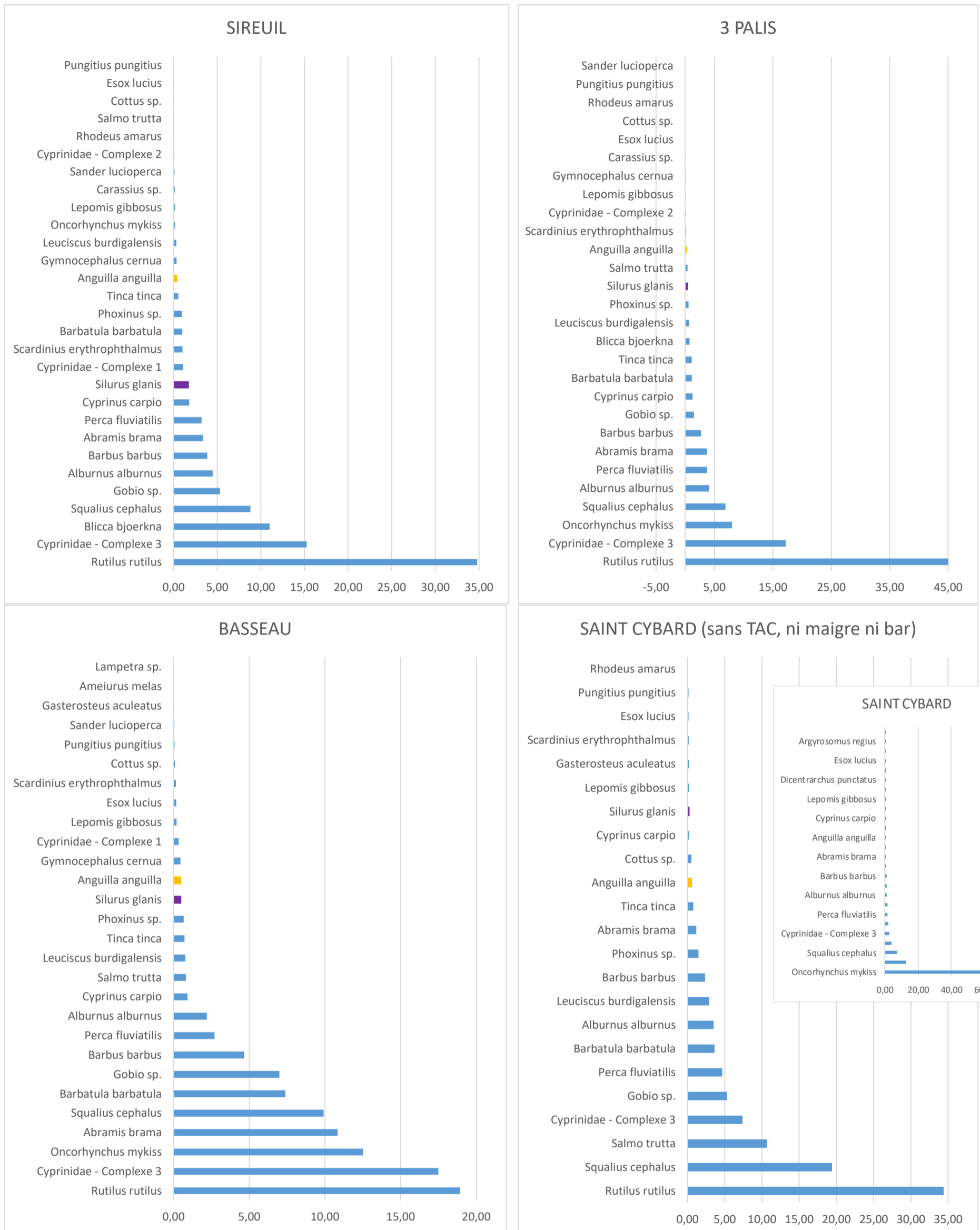


Figure 11 : Fréquence d'apparition des séquences des taxons dans les échantillons, par site.

Aloses / Silure / Migrateurs

Comparaison avec les années précédentes

Les résultats des suivis 2019 et 2020 ont fait l'objet d'un rapport : **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.

De même pour les résultats obtenus en 2021 :

POSTIC-PUIVIF A., SZCZEPANIAK R., ALBERT F., COLLEU MA., BUARD E., Juillet 2022. Identification du front de migration des aloses sur la Charente par l'utilisation de l'ADN environnemental. Campagnes 2021. 31 pp.

Il sont téléchargeable sur le site de l'EPTB Charente : http://www.fleuve-charente.net/wp-content/uploads/2022/03/Rapport-ADNe-CMCS-2019_2020_vf.pdf

Si on regarde la répartition par famille sur l'ensemble des sites prospectés par année, ce sont les cyprinidés qui arrivent en tête, suivis par salmonidés et les percidés. En 2021, les siluridés passent en troisième position. Il faut être prudent pour les salmonidés car des élevages de Truites se trouvent sur un des affluents et doivent produire « beaucoup » d'ADN qui se retrouve ensuite dans la Charente. De plus, un nouveau parcours de graciacion « truite » a été installé à Angoulême, induisant une densité de truite, supérieure.

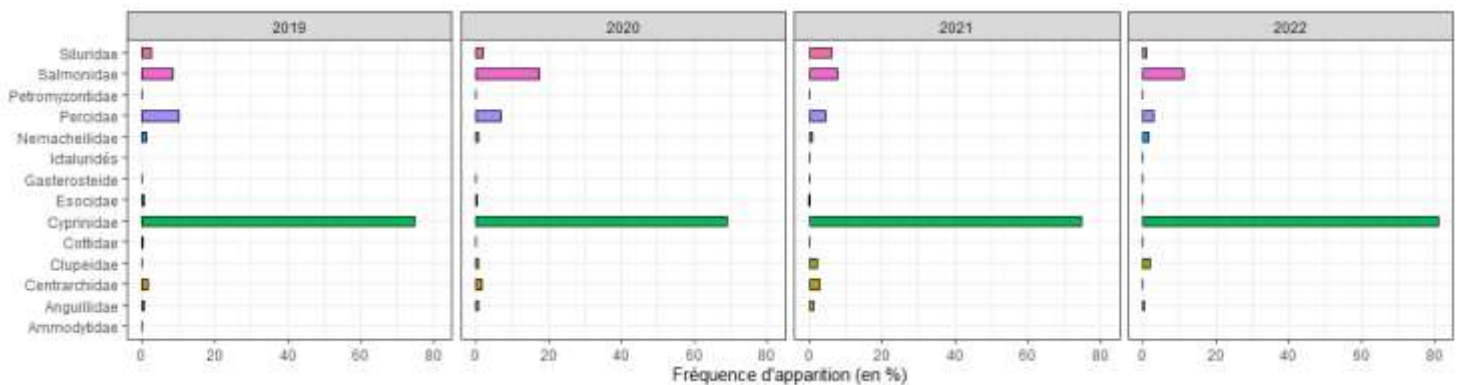


Figure 12 : Fréquence d'apparition des familles par année

Le graphique ci-après présente les fronts de migration de la grande alose établis grâce à l'ADNe depuis 2019.

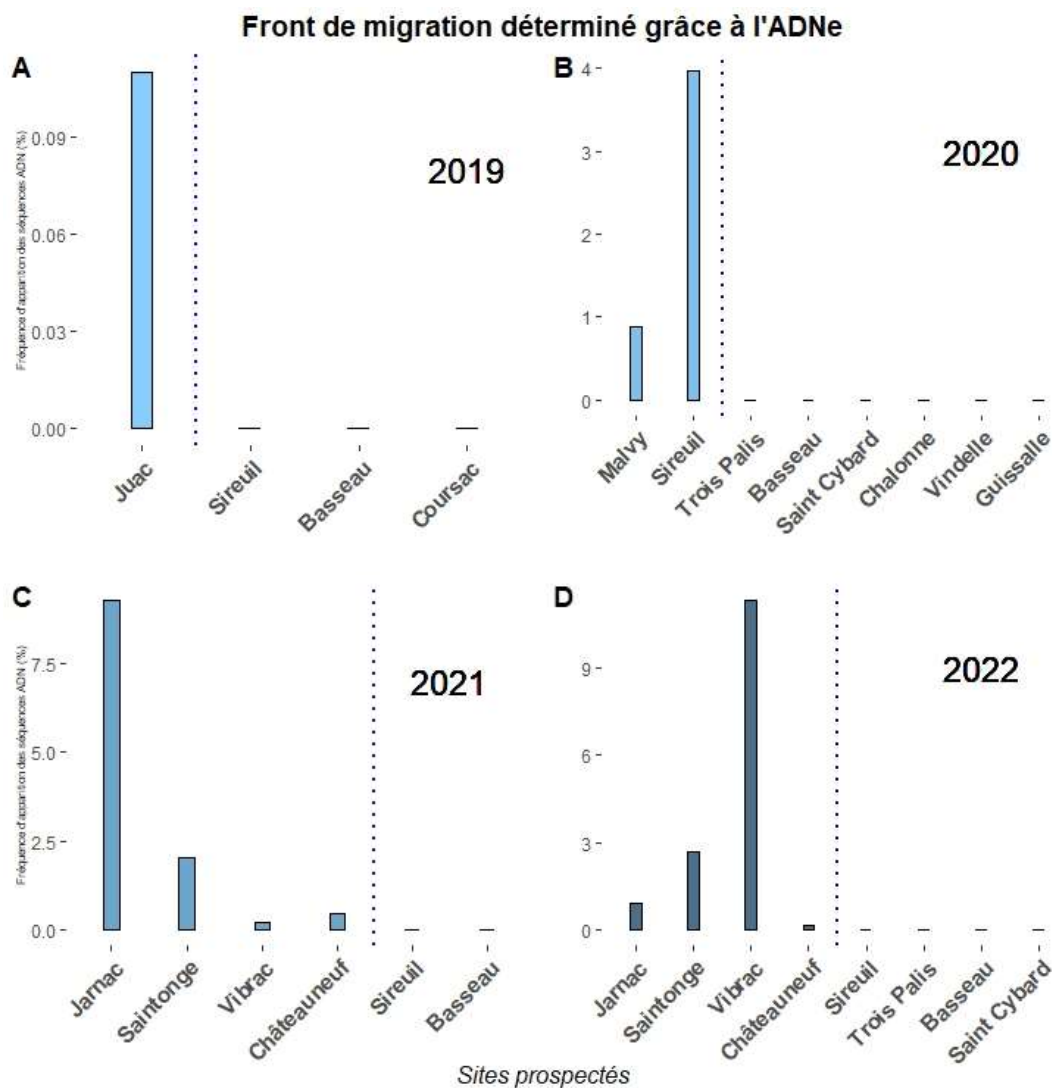


Figure 13 : Fronts de migration (trait en pointillé) des grandes Aloses établis depuis 2019 avec les suivis ADNe sur la Charente

La stratégie de choix des points s'est avérée efficace chaque année avec un encadrement systématique du front de migration.

La figure 14 permet de représenter la plue-value des suivis ADNe pour la détermination du front de migration des grandes aloses. Ce suivi a permis en 2020, 2021 et 2022 d'identifier un front de migration bien plus en amont que ce que les observations de terrain avaient révélé. En effet, les effectifs de la grande alose sont en baisse importante et il devient compliqué avec des suivis classiques (observation en pied d'ouvrage, suivi des frayères, recherche de cadavres) de les trouver.

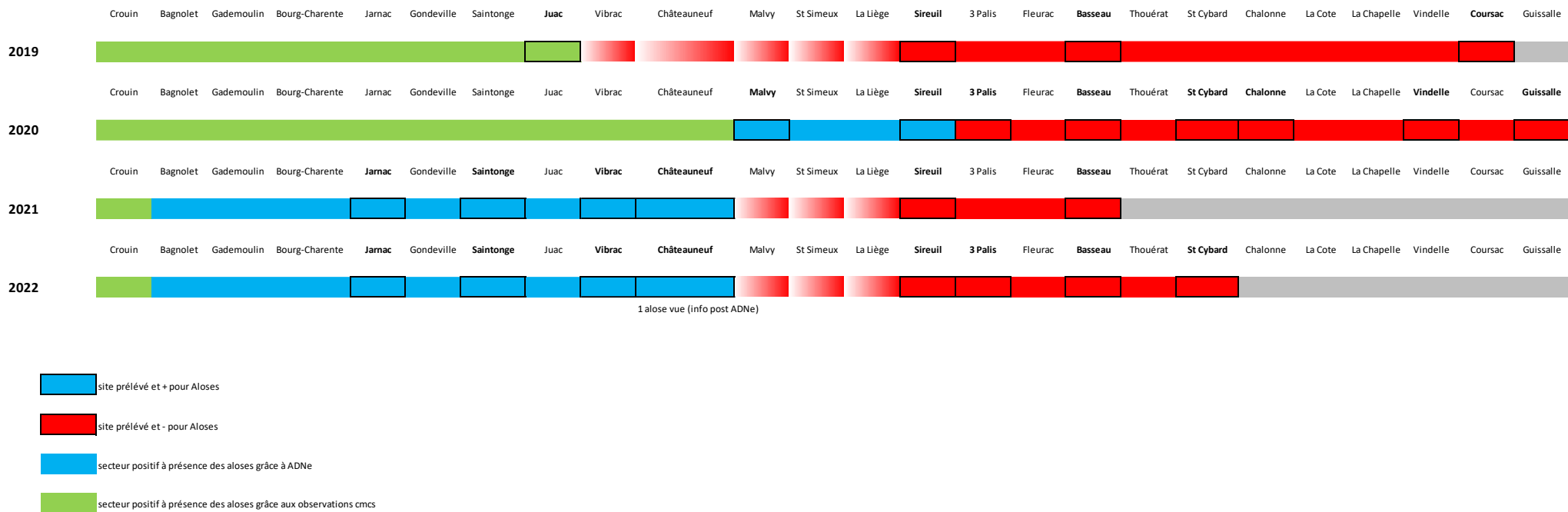


Figure 14 : Représentation schématique des analyses ADNe en lien avec les observations de terrain et le front de migrations des grandes aloses

3 Bilan et perspectives

2022 est la deuxième année où les suivis ADNe s'inscrivent en suivi de routine pour déterminer le front de migration des grandes aloses, en amont de Crouin. Ce type de suivi s'inscrit dans une stratégie de suivi global sur les aloses dont les objectifs sont :

- 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 est adapté chaque année en fonction des indices de présence constatés =>
- Activité des frayères en amont de Crouin : quelques nuits sont réalisées pour juger de l'activité annuelle des frayères de la grande alose =>
- Prospections de jour : des suivis sont 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 permettent aussi de rencontrer les acteurs de terrain =>

Ce type de suivi est donc reconduit pour les années à venir.

Des contacts sont réalisés régulièrement avec les chercheurs et les laboratoires afin d'aboutir à terme à une différenciation entre la grande alose et l'alose feinte. C'est une démarche qui prend du temps car il faut trouver suffisamment de partenaires intéressés pour que les laboratoires s'en saisissent et développent de nouvelles amorces ADN. Des contacts avec les autres structures utilisant l'ADNe sont réalisés régulièrement afin de mutualiser les avancées dans cette technique : SCIMABIO, LOGRAMI, MIGADO, etc...

Dans les pistes d'avenir d'utilisation de l'ADN, des travaux sont menés par l'INRAE, dont certains par Olivier LEPAIS dans le cadre de programme de recherche (Shad'Eau 2019-2021) sur l'hybridation entre la grande alose et l'alose feinte et aussi pour réfléchir à la mise en œuvre de tests ADNe réalisable in-situ. Une prolongation a été accordée aux opérations de recherche jusqu'à la fin de l'année 2022. Les rapports devraient sortir prochainement.

L'ADNe semble donc être un outil d'avenir qui, au-delà de l'information apportée sur la présence d'une espèce et de l'inventaire du cortège associé, pourrait nous renseigner sur des informations semi-quantitatives. Cet élément a aussi été inscrit au programme 2021-2025 de la CMCS.

LISTE DES ILLUSTRATIONS

Figure 1 : Les suivis aloses du bassin versant de la Charente.....	7
Figure 2 : Protocole des prélèvements ADNe sur la Charente.....	8
Figure 3 : Secteur d'étude ADNe sur le bassin de la Charente.....	9
Figure 4 : Localisation des 6 sites échantillonnés en 2022.....	10
Figure 5 : Débits de la Charente à Beillant en 2022 et période de prélèvement ADNe (rond vert)	11
Figure 6 : Températures de la Charente à Crouin du 15 avril au 15 juillet 2022.....	11
Figure 7 : Occurrence d'apparition des 38 taxons identifiés en 2022.....	12
Figure 8 : Répartition du nombre de taxons par station de l'aval vers l'amont	13
Figure 9 : Répartition des espèces par famille selon les sites en 2022	14
Figure 10 : Fréquence d'apparition des séquences des taxons dans les échantillons, par site.	15
Figure 11 : Fréquence d'apparition des séquences des taxons dans les échantillons, par site.	16
Figure 12 : Fréquence d'apparition des familles par année.....	17
Figure 13 : Fronts de migration (trait en pointillé) des grandes Aloses établis depuis 2019 avec les suivis ADNe sur la Charente	18
Figure 14 : Représentation schématique des analyses ADNe en lien avec les observations de terrain et le front de migrations des grandes aloses.....	19

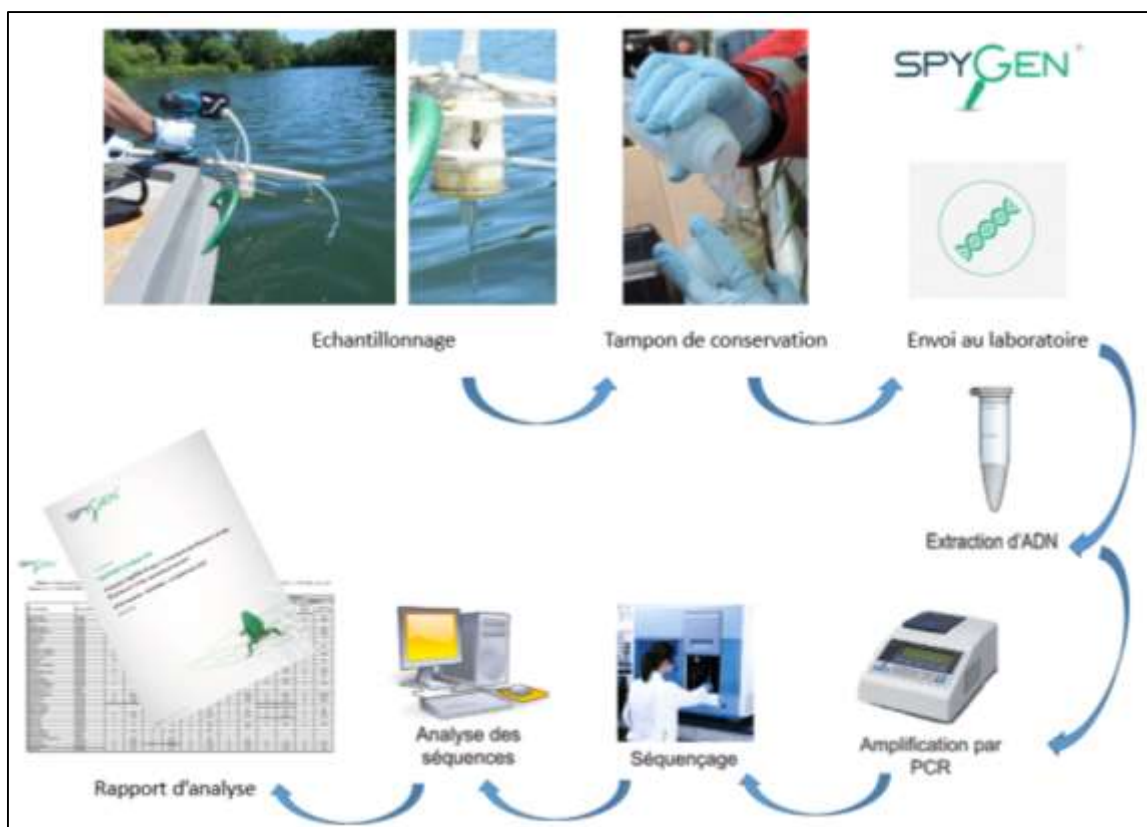
ANNEXES

ANNEXE 1 : Principe de l'ADN environnemental.....	22
ANNEXE 2 : Plan et accès des sites prospectés en 2022.....	24
ANNEXE 3 : Résultats bruts 2022.....	30

ANNEXE 1 : 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.



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 campagnes Charentaises de 2019 à 2022 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 personnels des structures partenaires de la CMCS intervenants dans cette action ont suivi la formation obligatoire pour être préleveur.

ANNEXE 2 : plan et accès des sites prospectés en 2022

Légende :

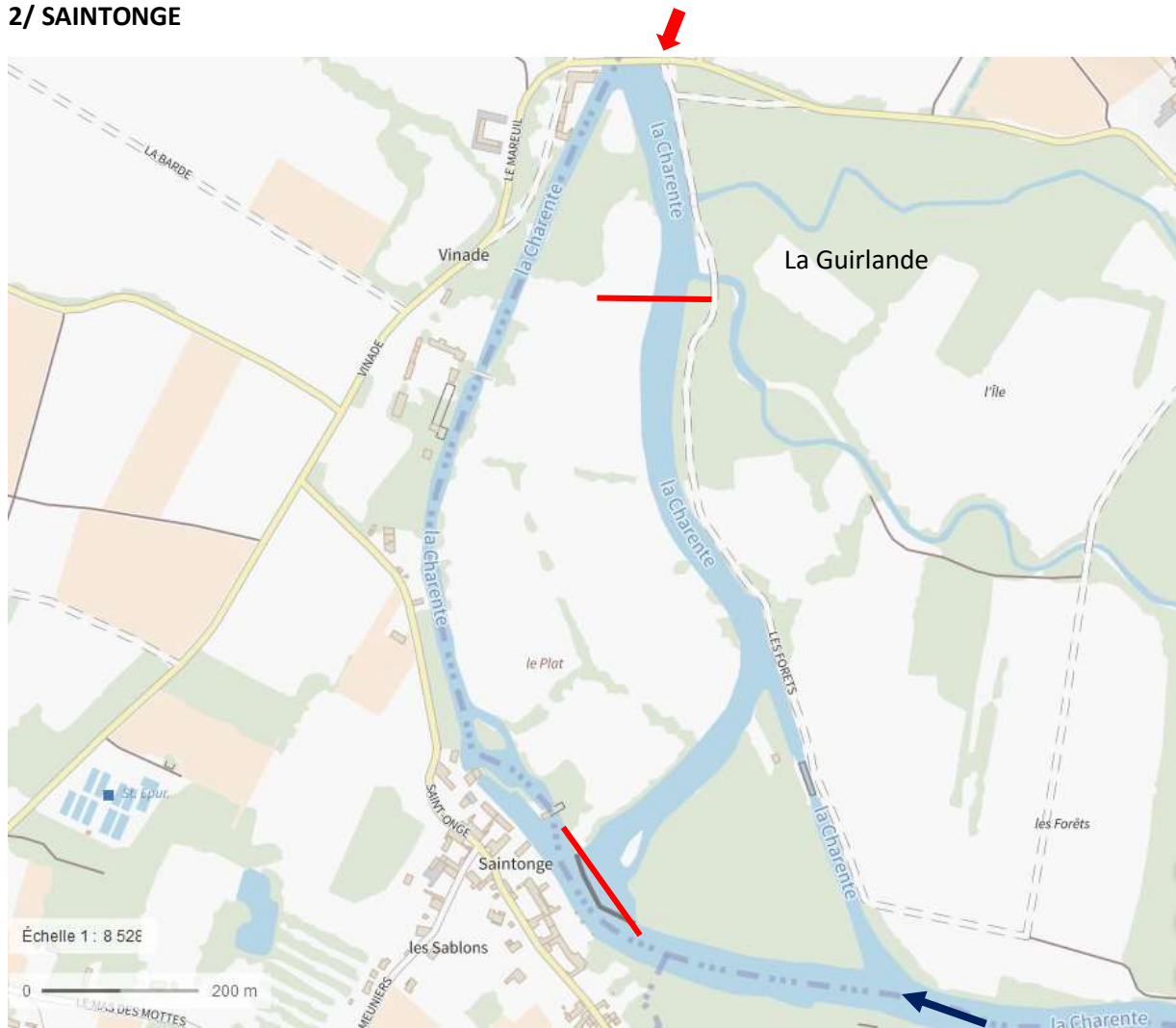
-  Limites amont et aval du secteur prospecté
-  Cale de mise à l'eau ou accès avec le bateau pneumatique
-  Sens d'écoulement du courant

1/ JARNAC



Cale de mise à l'eau en RG, à l'aval du pont de l'Avenue Carnot

2/ SAINTONGE



Le bateau pneumatique a été gonflé sur la berge puis mis à l'eau au ponton du pont de la Vinade en RD.

3/ VIBRAC



Le bateau pneumatique a été gonflé que les quais de Saint-Simon et mis à l'eau à partir d'une cale rustique.

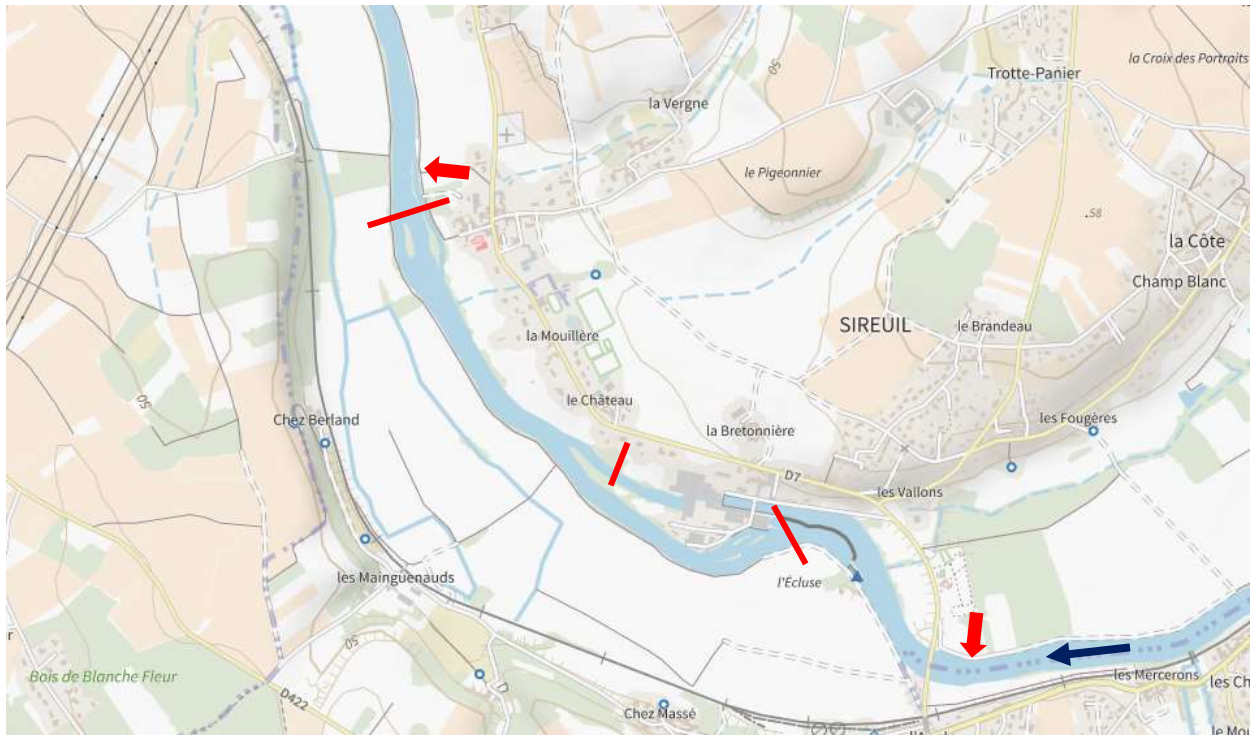
4/ CHATEAUNEUF sur CHARENTE



Il existe une cale privée en RD en amont du barrage qui appartient au club nautique (07 55 61 07 55).

La mise à l'eau du bateau pneumatique a été faite au niveau du lavoir qui est au droit de l'île de la Fuie, en RG.

5/ SIREUIL



Ponton en aval du secteur en RD. Le bateau est gonflé sur la berge / Cale de mise à l'eau à Sireuil en RD en amont du pont

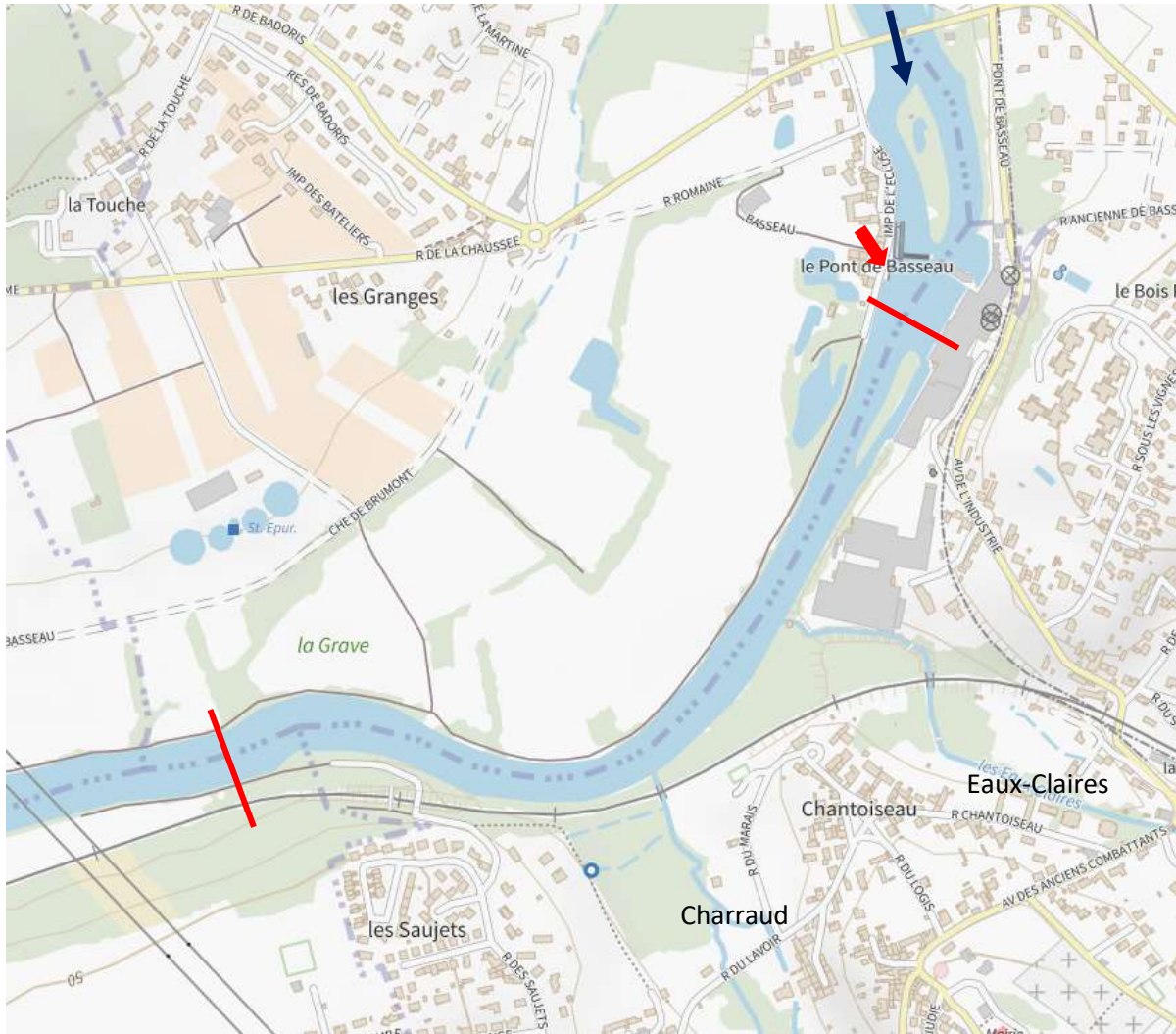
6/ TROIS PALIS (pk :152 800)



Accès par l'escalier en RG. Mise à l'eau du bateau pneumatique (gonflé sur la berge) au ponton.

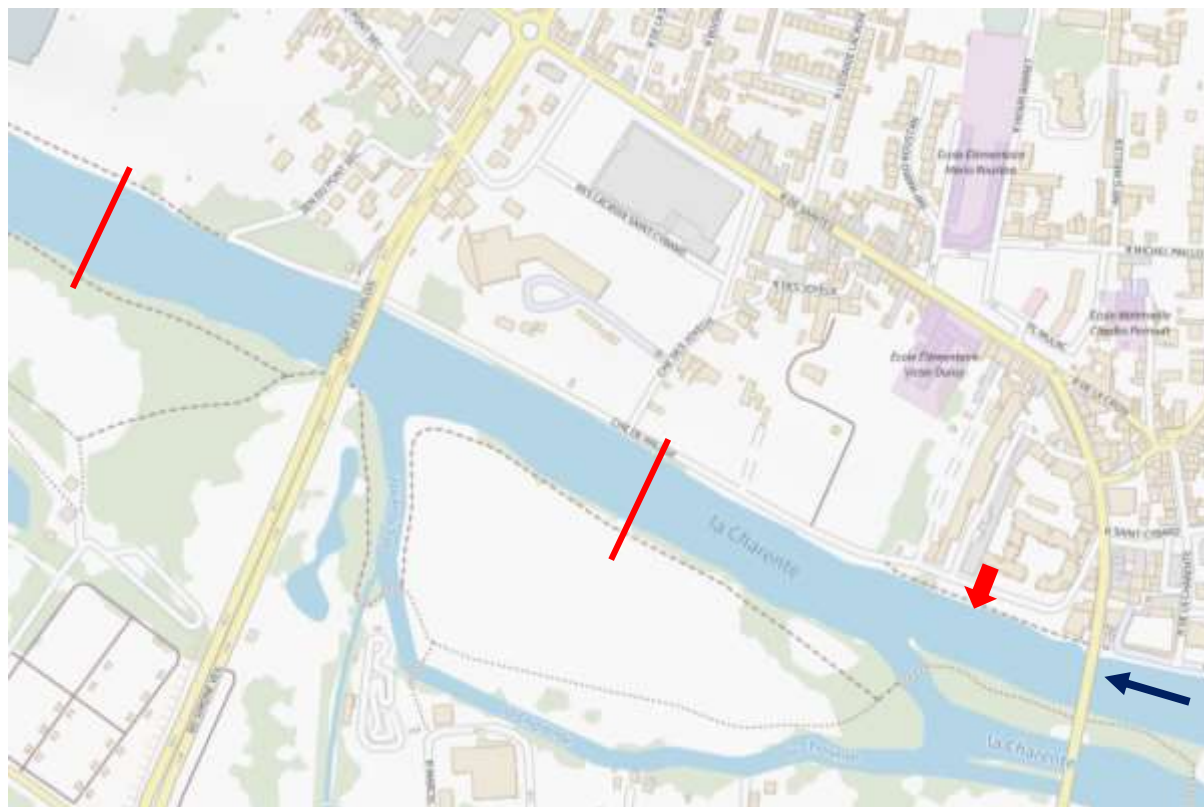


7/ BASSEAU



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

8/ SAINT CYBARD (pk : 163 700)



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

ANNEXE 3 : Résultats bruts 2022



3) Résultats :

Les résultats sont présentés ci-dessous dans les tableaux I à IV.

Certains taxons de Poissons sont identifiés au genre ou à la famille avec la base de référence SPYGEN (cf. Tableau annexe).

Tableau annexe : Liste des taxons ne pouvant pas être identifiés à l'espèce.

Nom scientifique affiché sur les rapports	Nom scientifique du(des) espèce(s) associée(s)	Nom vernaculaire
<i>Alosa</i> sp.	<i>Alosa alosa</i> ou <i>Alosa fallax</i>	-
Ammodytidae	<i>Ammodytes marinus</i> , <i>Ammodytes tobianus</i> ou <i>Hyperoplus lanceolatus</i>	-
<i>Barbatula</i> sp.	<i>Barbatula barbatula</i> ou <i>Barbatula quignardi</i>	-
<i>Carassius</i> sp.	<i>Carassius carassius</i> ou <i>Carassius gibelio</i> ou <i>Carassius auratus</i>	-
<i>Coregonus</i> sp.	<i>Coregonus lavaretus</i> ou <i>Coregonus oxyrinchus</i>	-
<i>Cottus</i> sp.	<i>Cottus aturi</i> , <i>Cottus duranii</i> , <i>Cottus gobio</i> , <i>Cottus hispaniolensis</i> , <i>Cottus perflretum</i> , <i>Cottus petiti</i> ou <i>Cottus rhenanus</i>	-
Cyprinidae - Complexe 1	<i>Chondrostoma nasus</i> , <i>Parachondrostoma toxostoma</i> ou <i>Telestes souffia</i>	Hotu & Toxostome & Blageon
Cyprinidae - Complexe 2	<i>Ctenopharyngodon idella</i> ou <i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	Amour blanc & Carpe argentée
Cyprinidae - Complexe 3	<i>Abramis brama</i> ou <i>Blicca bjoerkna</i>	Brème commune & Brème bordelière
Cyprinidae - Complexe 4	<i>Alburnus alburnus</i> ou <i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Ablette & Rotengle
<i>Gobio</i> sp.	<i>Gobio alverniae</i> , <i>Gobio gobio</i> , <i>Gobio lozanoi</i> ou <i>Gobio occitaniae</i>	-
<i>Lampetra</i> sp.	<i>Lampetra fluviatilis</i> ou <i>Lampetra planeri</i>	-
<i>Leuciscus</i> sp.	<i>Leuciscus idus</i> ou <i>Leuciscus leuciscus</i>	-
<i>Phoxinus</i> sp.	<i>Phoxinus bigerri</i> , <i>Phoxinus phoxinus</i> ou <i>Phoxinus septimaniae</i>	-
Pleuronectidae - Complexe 1	<i>Platichthys flesus</i> ou <i>Pleuronectes platessa</i>	Flet d'Europe & Plie d'Europe
Pleuronectidae - Complexe 2	<i>Hippoglossoides platessoides</i> ou <i>Limanda limanda</i>	Balai & Limande
<i>Pomatoschistus</i> sp.	<i>Pomatoschistus microps</i> ou <i>Pomatoschistus minutus</i>	-
<i>Salvelinus</i> sp.	<i>Salvelinus fontinalis</i> ou <i>Salvelinus alpinus</i>	-
<i>Squalius</i> sp.	<i>Squalius cephalus</i> ou <i>Squalius laietanus</i>	-

Tableau I : Liste des taxons de Poissons détectés (" * " : Quantité d'ADN insuffisante pour certifier la détection du taxon dans l'échantillon).

Nom scientifique	Base de référence	3 PALIS_RD		3 PALIS_RG		BASSEAU_RD		BASSEAU_RG	
		SPY220721		SPY220722		SPY220724		SPY220723	
		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	7	19 996	3	6 964	12	38 283	8	18 773
<i>Alburnus alburnus</i>	SPYGEN	12	9 057	12	20 210	12	4 091	12	7 422
<i>Alosa sp.</i>	EMBL								
<i>Alosa sp.</i>	SPYGEN								
<i>Ameiurus melas</i>	SPYGEN					4	78		
<i>Anguilla anguilla</i>	SPYGEN	11	705	10	535	12	725	10	1 715
<i>Argyrosomus regius</i>	SPYGEN								
<i>Barbatula barbatula</i>	SPYGEN	12	4 331	12	3 763	12	21 922	12	16 977
<i>Barbus barbus</i>	SPYGEN	12	13 099	12	6 458	12	11 018	12	13 554
<i>Blicca bjoerkna</i>	SPYGEN	1	2 056	2	3 274				
<i>Carassius sp.</i>	SPYGEN	5	309	7	180				
<i>Cottus sp.</i>	SPYGEN	5	191	2	38	10	281	5	269
<i>Cyprinidae - Complexe 1</i>	SPYGEN					5	1 751		
<i>Cyprinidae - Complexe 2</i>	SPYGEN	10	611	8	325				
<i>Cyprinidae - Complexe 3</i>	SPYGEN	12	57 555	12	66 189	12	40 597	12	51 554
<i>Cyprinus carpio</i>	SPYGEN	12	5 708	12	3 440	12	1 564	11	3 306
<i>Dicentrarchus punctatus</i>	SPYGEN								
<i>Esox lucius</i>	SPYGEN	7	150	7	222	11	531	8	383
<i>Gasterosteus aculeatus</i>	SPYGEN					1	13	4	152
<i>Gobio sp.</i>	SPYGEN	12	5 642	12	5 029	12	13 812	12	23 014
<i>Gymnocephalus cernua</i>	SPYGEN	9	395	9	360	11	1 310	9	1 069
<i>Lampetra sp.</i>	SPYGEN							3	50
<i>Lepomis gibbosus</i>	SPYGEN	6	514	5	253	11	570	5	487
<i>Leuciscus burdigalensis</i>	SPYGEN	12	2 663	12	2 087	12	1 721	12	2 347
<i>Leuciscus sp.</i>	SPYGEN								
<i>Micropterus salmoides</i>	SPYGEN								
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	SPYGEN	12	32 238	12	25 336	12	38 454	12	27 418
<i>Perca fluviatilis</i>	SPYGEN	12	17 280	12	9 715	12	7 183	12	7 057
<i>Phoxinus sp.</i>	SPYGEN	12	2 759	12	1 325	12	916	12	2 610
<i>Pungitius pungitius</i>	SPYGEN	1	34	3	81	1	16	4	312
<i>Rhodeus amarus</i>	SPYGEN	6	193			*	*		
<i>Rutilus rutilus</i>	SPYGEN	12	152 333	12	171 407	12	42 178	12	57 534
<i>Salmo trutta</i>	SPYGEN	11	1 346	12	1 475	12	1 780	12	2 476
<i>Sander lucioperca</i>	SPYGEN	3	45	2	64	3	59	4	216
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	SPYGEN	8	586	9	513	9	665	1	114
<i>Silurus glanis</i>	SPYGEN	12	1 790	12	1 247	12	1 193	11	1 315
<i>Squalius cephalus</i>	SPYGEN	12	22 905	12	26 610	12	8 447	12	43 765
<i>Tinca tinca</i>	SPYGEN	12	3 688	12	4 327	12	1 978	11	1 819

Tableau II : Liste des taxons de Poissons détectés (" * " : Quantité d'ADN insuffisante pour certifier la détection du taxon dans l'échantillon).

Nom scientifique	Base de référence	CHATEAUNEUF_RD		CHATEAUNEUF_RG		JARNAC_RD		JARNAC_RG	
		SPY220718		SPY220717		SPY220711		SPY220712	
		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	7	19 440	8	15 701	2	2 267	4	5 037
<i>Alburnus alburnus</i>	SPYGEN	12	39 812	12	28 794	12	43 140	12	50 002
<i>Alosa sp.</i>	EMBL	8	421	9	409	11	3 023	12	2 670
<i>Alosa sp.</i>	SPYGEN							3	278
<i>Amelurus melas</i>	SPYGEN								
<i>Anguilla anguilla</i>	SPYGEN	11	870	8	476	8	1 085	12	2 060
<i>Argyrosomus regius</i>	SPYGEN								
<i>Barbatula barbatula</i>	SPYGEN	7	596	8	629	4	1 059	8	688
<i>Barbus barbus</i>	SPYGEN	12	12 197	12	9 073	12	8 682	12	25 505
<i>Blicca bjoerkna</i>	SPYGEN	10	25 574			9	24 024		
<i>Carassius sp.</i>	SPYGEN	11	651	7	223	4	183	2	69
<i>Cottus sp.</i>	SPYGEN	2	109	2	24				
<i>Cyprinidae - Complexe 1</i>	SPYGEN			12	59 706				
<i>Cyprinidae - Complexe 2</i>	SPYGEN	6	440	6	316				
<i>Cyprinidae - Complexe 3</i>	SPYGEN	12	49 620	12	29 325	12	28 488	12	36 838
<i>Cyprinus carpio</i>	SPYGEN	12	4 122	12	3 890	12	4 760	12	4 796
<i>Dicentrarchus punctatus</i>	SPYGEN								
<i>Esox lucius</i>	SPYGEN	4	66	3	40	4	303	5	529
<i>Gasterosteus aculeatus</i>	SPYGEN								
<i>Gobio sp.</i>	SPYGEN	12	19 634	12	14 034	12	22 156	12	38 143
<i>Gymnocephalus cernua</i>	SPYGEN	12	709	3	73	12	4 699	6	335
<i>Lampetra sp.</i>	SPYGEN							*	*
<i>Lepomis gibbosus</i>	SPYGEN	12	4 617	12	3 599	8	3 647	12	4 378
<i>Leuciscus burdigalensis</i>	SPYGEN	10	1 479	7	508	8	1 788	11	1 942
<i>Leuciscus sp.</i>	SPYGEN								
<i>Micropterus salmoides</i>	SPYGEN							5	228
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	SPYGEN								
<i>Perca fluviatilis</i>	SPYGEN	12	5 980	12	3 720	11	4 370	12	3 555
<i>Phoxinus sp.</i>	SPYGEN	12	4 183	12	4 350	12	2 684	12	8 283
<i>Pungitius pungitius</i>	SPYGEN								
<i>Rhodeus amarus</i>	SPYGEN	9	1 205	6	332	6	1 170	12	2 090
<i>Rutilus rutilus</i>	SPYGEN	12	79 567	12	56 610	12	73 364	12	65 959
<i>Salmo trutta</i>	SPYGEN	*	*						
<i>Sander lucioperca</i>	SPYGEN	8	365	10	372	3	495	3	47
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	SPYGEN	12	7 215	12	4 885	9	2 911	11	1 963
<i>Silurus glanis</i>	SPYGEN	12	4 713	12	3 252	9	2 069	12	3 426
<i>Squalius cephalus</i>	SPYGEN	12	46 154	12	64 390	12	32 006	12	99 331
<i>Tinca tinca</i>	SPYGEN	12	1 544	12	1 475	8	1 382	12	1 359



Tableau III : Liste des taxons de Poissons détectés (" * " : Quantité d'ADN insuffisante pour certifier la détection du taxon dans l'échantillon).

Nom scientifique	Base de référence	SAINT CYBARD_RD		SAINT CYBARD_RG		SAINTONGE_RD		SAINTONGE_RG	
		SPY220726		SPY220725		SPY220713		SPY220714	
		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	6	1 066	2	494	10	28 825	9	35 812
<i>Alburnus alburnus</i>	SPYGEN	12	2 201	12	2 458	10	44 264	12	44 634
<i>Alosa sp.</i>	EMBL					10	11 611	12	5 010
<i>Alosa sp.</i>	SPYGEN					6	792	8	842
<i>Ameiurus melas</i>	SPYGEN								
<i>Anguilla anguilla</i>	SPYGEN	12	452	8	249	10	1 508	10	2 000
<i>Argyrosomus regius</i>	SPYGEN	4	92						
<i>Barbatula barbatula</i>	SPYGEN	12	2 645	12	2 152	7	1 438	8	1 428
<i>Barbus barbus</i>	SPYGEN	12	1 842	12	1 288	10	16 063	12	14 439
<i>Blicca bjoerkna</i>	SPYGEN								
<i>Carassius sp.</i>	SPYGEN					2	114	3	165
<i>Cottus sp.</i>	SPYGEN	11	438	10	252	2	285	2	246
<i>Cyprinidae - Complexe 1</i>	SPYGEN								
<i>Cyprinidae - Complexe 2</i>	SPYGEN								
<i>Cyprinidae - Complexe 3</i>	SPYGEN	12	4 263	12	5 539	10	38 027	12	47 365
<i>Cyprinus carpio</i>	SPYGEN	6	164	5	109	10	5 351	12	6 568
<i>Dicentrarchus punctatus</i>	SPYGEN	8	226						
<i>Esox lucius</i>	SPYGEN	4	84	7	105	4	315	3	296
<i>Gasterosteus aculeatus</i>	SPYGEN	6	167	3	81				
<i>Gobio sp.</i>	SPYGEN	12	4 559	12	2 469	10	34 886	12	37 786
<i>Gymnocephalus cernua</i>	SPYGEN	*	*			8	1 080	9	1 593
<i>Lampetra sp.</i>	SPYGEN							*	*
<i>Lepomis gibbosus</i>	SPYGEN	8	142	7	128	9	3 432	8	2 973
<i>Leuciscus burdigalensis</i>	SPYGEN	12	2 163	12	1 722	10	4 810	9	2 490
<i>Leuciscus sp.</i>	SPYGEN								
<i>Micropterus salmoides</i>	SPYGEN								
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	SPYGEN	12	144 987	12	83 880				
<i>Perca fluviatilis</i>	SPYGEN	12	2 877	12	3 308	10	3 713	11	2 756
<i>Phoxinus sp.</i>	SPYGEN	12	1 056	12	909	10	6 733	12	5 937
<i>Pungitius pungitius</i>	SPYGEN	5	112	3	77				
<i>Rhodeus amarus</i>	SPYGEN	2	26	2	24	4	517	2	761
<i>Rutilus rutilus</i>	SPYGEN	12	18 928	12	26 660	10	63 035	12	64 736
<i>Salmo trutta</i>	SPYGEN	12	9 227	12	4 894				
<i>Sander lucioperca</i>	SPYGEN					1	23	2	170
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	SPYGEN	7	132	4	87	9	3 466	10	2 723
<i>Silurus glanis</i>	SPYGEN	7	136	8	137	10	4 416	11	5 509
<i>Squalius cephalus</i>	SPYGEN	12	13 826	12	11 914	10	61 896	12	75 268
<i>Tinca tinca</i>	SPYGEN	9	301	12	716	10	8 264	12	8 464

Tableau IV : Liste des taxons de Poissons détectés (" * " : Quantité d'ADN insuffisante pour certifier la détection du taxon dans l'échantillon).

Nom scientifique	Base de référence	SIREUIL_RD		SIREUIL_RG		VIBRAC_RD		VIBRAC_RG	
		SPY220720		SPY220719		SPY220716		SPY220715	
		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	10 793	6	14 237	8	11 488	6	6 536
<i>Alburnus alburnus</i>	SPYGEN	12	17 117	12	16 353	12	42 810	12	48 131
<i>Alosa sp.</i>	EMBL					12	22 508	12	27 644
<i>Alosa sp.</i>	SPYGEN					12	6 301	12	4 004
<i>Ameiurus melas</i>	SPYGEN								
<i>Anguilla anguilla</i>	SPYGEN	12	1 518	11	1 238	10	800	11	701
<i>Argyrosomus regius</i>	SPYGEN								
<i>Barbatula barbatula</i>	SPYGEN	11	3 794	12	3 680	9	1 237	7	675
<i>Barbus barbus</i>	SPYGEN	12	21 114	12	7 786	12	16 172	12	14 841
<i>Blicca bjoerkna</i>	SPYGEN	12	40 762	12	41 626				
<i>Carassius sp.</i>	SPYGEN	9	593	6	290	2	51	5	184
<i>Cottus sp.</i>	SPYGEN	2	121	3	89	5	302	3	148
<i>Cyprinidae - Complexe 1</i>	SPYGEN			5	8 057				
<i>Cyprinidae - Complexe 2</i>	SPYGEN	2	364	8	301	1	121	2	58
<i>Cyprinidae - Complexe 3</i>	SPYGEN	12	66 816	12	47 379	11	18 608	12	26 114
<i>Cyprinus carpio</i>	SPYGEN	12	10 639	12	2 766	12	2 756	12	1 753
<i>Dicentrarchus punctatus</i>	SPYGEN								
<i>Esox lucius</i>	SPYGEN	1	38	4	135	2	50	5	139
<i>Gasterosteus aculeatus</i>	SPYGEN								
<i>Gobio sp.</i>	SPYGEN	12	23 847	12	15 974	12	27 171	12	32 272
<i>Gymnocephalus cernua</i>	SPYGEN	10	1 353	12	1 239	1	53	6	299
<i>Lampetra sp.</i>	SPYGEN					*	*		
<i>Lepomis gibbosus</i>	SPYGEN	4	458	10	726	11	4 219	10	2 313
<i>Leuciscus burdigalensis</i>	SPYGEN	8	1 348	10	1 057	8	1 300	10	983
<i>Leuciscus sp.</i>	SPYGEN	*	*	*	*				
<i>Micropterus salmoides</i>	SPYGEN								
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	SPYGEN	6	683	6	537				
<i>Perca fluviatilis</i>	SPYGEN	12	15 608	12	8 398	12	1 796	12	1 699
<i>Phoxinus sp.</i>	SPYGEN	12	2 965	12	4 164	12	6 620	12	10 428
<i>Pungitius pungitius</i>	SPYGEN	2	44	1	11				
<i>Rhodeus amarus</i>	SPYGEN	3	421	3	114	2	188	9	1 089
<i>Rutilus rutilus</i>	SPYGEN	12	131 719	12	128 508	12	50 283	12	57 128
<i>Salmo trutta</i>	SPYGEN	2	403						
<i>Sander lucioperca</i>	SPYGEN	3	315	11	429	*	*	*	*
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	SPYGEN	10	3 660	12	3 964	11	2 961	10	1 976
<i>Silurus glanis</i>	SPYGEN	12	7 942	12	4 654	12	3 212	12	3 803
<i>Squalius cephalus</i>	SPYGEN	10	30 168	12	35 709	12	54 828	12	66 245
<i>Tinca tinca</i>	SPYGEN	12	2 115	12	1 912	11	1 264	12	1 021