



**Développement d'un protocole basé sur l'ADN
environnemental pour documenter la présence
d'esturgeons en eau douce. Projet MOMIE
MOuvements Migratoires de l'Esturgeon européen
Acipenser sturio : habitats en mer et retour des
géniteurs en fleuves. Rapport final Tâche 4, contrat de
recherche et développement INRAE/OFB 2019-2022.**

Marie-Laure Acolas

► **To cite this version:**

Marie-Laure Acolas. Développement d'un protocole basé sur l'ADN environnemental pour documenter la présence d'esturgeons en eau douce. Projet MOMIE MOuvements Migratoires de l'Esturgeon européen Acipenser sturio : habitats en mer et retour des géniteurs en fleuves. Rapport final Tâche 4, contrat de recherche et développement INRAE/OFB 2019-2022.. INRAE; OFB. 2023, 30 p. hal-04289916

HAL Id: hal-04289916

<https://hal.science/hal-04289916>

Submitted on 16 Nov 2023

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Centre
Nouvelle-Aquitaine Bordeaux

INRAE



MOuvements MIgratoires de l'Esturgeon Européen *Acipenser sturio* : habitats en mer et retour des géniteurs en fleuves

Acronyme : MOMIE

Tâche 4 : Développement d'un protocole basé sur l'ADN
environnemental pour documenter la présence
d'esturgeons en eau douce

CONTRAT DE RECHERCHE ET DEVELOPPEMENT INRAE/OFB 2019-2022

Version finale

Marie-Laure Acolas - INRAE UR EABX

Juin 2023

Financeurs : INRAE, OFB

Responsables scientifiques et techniques du projet : Marie-Laure Acolas (INRAE) et Guillaume Paquignon (OFB).

Relecteurs : Guillaume Paquignon (OFB)

Citation conseillée du rapport : Acolas M.L. (2023), projet MOMIE MOuvements MIgratoires de l'Esturgeon européen *Acipenser sturio* : habitats en mer et retour des géniteurs en fleuves. Rapport final Tâche 4 Développement d'un protocole basé sur l'ADN environnemental pour documenter la présence d'esturgeons en eau douce Exploration des mouvements migratoires entre secteurs marins et estuariens via marquage satellite individuel, contrat de recherche et développement INRAE/OFB 2019-2022. 30p.

Crédit photo de couverture : R. Le Barh (INRAE)

Remerciements

Merci à Romaric Le Barh, Stéphane Bons, Baptiste François et Guillaume Lefebvre (INRAE EABX) pour la réalisation des prélèvements d'eau en vue de l'analyse de l'ADN environnemental.

Merci à Léni Guillotin pour la réalisation de son stage de Master 2 dans le cadre de ce projet MOMIE et du projet AGIS¹ financé par le Labex COTE (évolution, adaptation et gouvernance des écosystèmes continentaux et côtiers) Plate-forme et piloté par la PGTB².

Merci à Emilie Chancerel et à Olivier Lepais (PGTB) pour les échanges dans le cadre du projet AGIS et la participation à l'encadrement du stage de L. Guillotin.

Merci à Bertrand Villeneuve (INRAE EABX) pour le co-encadrement du stage de Léni Guillotin.

Merci à Eric Rochard (INRAE EABX) pour sa participation au montage du projet MOMIE.

Merci à Emilie Breugnot (OFB) pour le partage des résultats de pêche à l'électricité des sites de Dordogne et de Garonne.

Merci à Patrick Chèvre (INRAE EABX), aux aquaculteurs de Nouvelle Aquitaine ainsi qu'à Leonardo Congiu (Université de Padoue) et à Joern Gessner (IGB Berlin) qui ont fourni des échantillons de différentes espèces d'esturgeons pour la base de référence « esturgeons ».

Merci à Didier Pont pour les échanges que nous avons eu sur la méthodologie et le protocole.

Merci au bureau d'étude Spygen et notamment à Pauline Jean pour les échanges sur la méthodologie et la réalisation des analyses en laboratoire et en bio-informatique.

¹ Analyses Génétiques In Situ

² Plateforme Génome Transcriptome de Bordeaux <https://pgtb.fr/>

Préambule

Le projet MOMIE (MOuvements Migratoires de l'Esturgeon Européen *Acipenser sturio* : habitats en mer et retour des géniteurs en fleuves; contrat R & D INRAE/OFB 2019-2022) est organisé en 5 tâches (**Erreur ! Source du renvoi introuvable.**). Ce rapport répond à la Tâche 4 intitulée « Développement d'un protocole basé sur l'ADN environnemental pour documenter la présence d'esturgeons en eau douce Exploration des mouvements migratoires entre secteurs marins et estuariens via marquage satellite individuel ». Les tâches 1 et 2 font également l'objet d'un rapport (Acolas, 2023; Charbonnel & Acolas, 2022).



Figure 1 : Présentation du contenu des différentes tâches du projet MOMIE.

Pour accompagner l'avancement du projet MOMIE, un comité de pilotage élargi a été constitué dont les membres ayant participé aux réunions sont listés ci-dessous :

- M.L. Acolas, responsable scientifique et technique du projet MOMIE pour INRAE
- Gilles Adam, coordinateur du PNA, DREAL Nouvelle Aquitaine
- A. Eynaudi, cheffe de l'unité écosystèmes marins-Parc naturel marin de l'estuaire de la Gironde et de la mer des Pertuis, OFB
- Patrick Lambert, co-coordonateur du projet DiadES, INRAE
- Vanessa Lauronce, animatrice du PNA en faveur de la restauration de l'esturgeon européen, MIGADO
- L. Mas, chargée de missions Pêches, CAPENA
- G. Paquignon, responsable scientifique et technique du projet MOMIE pour l'OFB
- Jérémie Souben puis Marie Lecomte, chargée de mission pêche-Espèces Amphihalines, CNPMEM
- Bénédicte Valadou, cheffe de projet Outre-Mer et espèces amphihalines, OFB

Ce comité de pilotage élargi s'est réuni deux fois dans le cadre de cette étude (le 19/07/2019 et le 07/12/2021), afin de faire des bilans d'avancement globaux du projet et de clarifier certains points. Des comités restreints ont également

été organisés les 14 octobre 2019, 20 mars 2020, 31 mars 2021, 13 juillet 2021 et le 2 mai 2023 pour discuter des points spécifiques au fil de l'eau en fonction des besoins.

Sommaire

Remerciements.....	2
Préambule	3
Sommaire	4
I. Contexte et objectifs.....	5
II. Méthode.....	6
II.1. Base de référence et protocole d'échantillonnage.....	6
II.2. Protocole d'analyse en laboratoire	8
III. Résultats.....	8
III.1. Base de référence et protocole d'échantillonnage.....	8
III.2. Résultats des analyses ADNe en métabarcoding	10
III.3. Comparaison des détections par pêche à l'électricité et analyses ADNe	12
IV. Discussions et Perspectives.....	13
V. Références bibliographiques.....	14
VI. Annexes.....	17

I. Contexte et objectifs

Depuis le début du siècle, en mer, on rencontre des juvéniles et des subadultes d'esturgeons européens *Acipenser sturio* essentiellement issus des repeuplements réalisés en France (système Gironde, Garonne, Dordogne (GGD)) et en Allemagne (bassin de l'Elbe) mais également quelques rares individus sauvages issus des dernières reproductions en milieu naturel. Pour le système GGD les dernières reproductions naturelles observées datent de 1994. Ce migrateur anadrome né dans les parties basses des fleuves, il migre vers l'aval au cours de sa première année de vie pour effectuer une partie de sa croissance en estuaire, puis poursuit sa croissance en mer avant de revenir se reproduire en eau douce vers l'âge de 12 ans (première reproduction entre 10 et 15 ans selon les sources) pour les mâles et de 16 ans (première reproduction entre 13 et 22 ans selon les sources) pour les femelles (Acolas *et al.*, 2011; Castelnau *et al.*, 1991; Magnin, 1962). Les premiers repeuplements conséquents ayant été effectués en Gironde en 2007 (plus de 1.7 millions de juvéniles déversés sur la période 2007-2015 (Roques *et al.*, 2018), si les survies ont été satisfaisantes, on s'attend à un début des retours vers les fleuves des premiers géniteurs entre 2019 et 2023. Il peut s'agir dans un premier temps du retour de très peu d'individus qui peuvent passer inaperçus dans les captures accidentelles et dans les échantillonnages scientifiques. C'est pourquoi nous souhaitons tester une méthode indirecte de détection de leur présence en testant la faisabilité d'utiliser les techniques d'ADN environnemental (ADNe) dans les grands fleuves. Cette méthode connaît une utilisation croissante notamment dans les milieux aquatiques (Huang *et al.*, 2022). Même s'il faut rester précautionneux dans les interprétations (Roussel *et al.*, 2015), l'utilisation de l'ADNe pour détecter la présence d'esturgeon européens nous semble être une méthode particulièrement prometteuse ; celle-ci ayant déjà été développée pour d'autres espèces d'esturgeons en Amérique du Nord (Bergman *et al.*, 2016; Pfleger *et al.*, 2016), en Chine (Xu *et al.*, 2018; Yu *et al.*, 2021) et plus récemment dans le Danube (Meulenbroek *et al.*, 2022). A l'aide de cette même méthode nous souhaitons également caractériser le cortège ichtyologique présent au niveau des frayères et notamment détecter les espèces exotiques d'esturgeons présents en milieu naturel, présence liée à des échappements accidentels (piscicultures, étang privé, ...), afin d'identifier les risques (hybridation, transmission de pathogènes, risque de confusion à la capture) à l'échelle du bassin versant.

Une étude préliminaire a été réalisée en 2018 afin de tester la détectabilité du signal ADNe correspondant à l'esturgeon européen. Ce test a été réalisé en échantillonnant en plusieurs points à l'aval du rejet de la station d'expérimentation de Saint Seurin sur l'Isle où est hébergé le stock captif d'esturgeons européens et également une espèce modèle l'esturgeon sibérien (*Acipenser baerii*). Les analyses ont été réalisées en utilisant le protocole du bureau d'étude Spygen pour les prélèvements (analyses VigiDNA milieu courant, groupe taxonomique poissons <http://www.spygen.com/fr/vigidna-network/>). Les résultats ont mis en évidence que (1) les deux espèces étaient détectables dans l'Isle (2) que le signal n'était pas détectable en Dordogne à 53 km du rejet de la station (pas de « contamination » de la Dordogne pour de futurs suivis) et (3) que la distance de détection obtenue répond au diagramme de (Pont *et al.*, 2018) qui prédit la distance de détection du signal ADNe en fonction de la hauteur d'eau et de la vitesse du courant. Grâce à cette expérience préliminaire nous avons pu également estimer le temps nécessaire à l'échantillonnage qui n'est pas négligeable : 2 répliques de 30 minutes à chaque site auquel s'ajoute la mise à l'eau de l'embarcation et le temps de route entre deux sites d'échantillonnage.

Au vu du temps d'échantillonnage nécessaire et de la faible probabilité de rencontre, nous avons adapté l'objectif initial qui était d'identifier la présence de géniteurs en choisissant plutôt de cibler la détection de juvéniles. En effet, comme évoqué plus haut le nombre de géniteurs risque d'être faible au début et nous ne savons pas quelle est leur durée de séjour en eau douce pour la reproduction, ce qui impliquerait un fort effort d'échantillonnage et un risque important de

passer à côté de la présence de géniteurs. Par contre, la majorité des juvéniles reste en rivière plusieurs mois après leur naissance avant de migrer vers l'estuaire salé. D'après une étude par télémétrie sur des juvéniles repeuplés à trois mois en Dordogne, 82% des juvéniles resteraient dans un rayon de 13 km à l'aval de leur frayère pendant le mois suivant leur lâcher (Carrera-Garcia *et al.*, 2017). Cette option a également pour avantage d'identifier si une reproduction naturelle a eu lieu et de localiser le secteur des frayères potentiellement fréquentées, les échantillonnages ont donc été réalisés à l'automne autour des frayères historiques (Jego *et al.*, 2002).

Dans le cadre du projet AGIS, nous avons également réalisés des tests de détection rapide *in situ*, l'objectif étant de mettre en place des outils d'analyse génomiques, habituellement mis en œuvre en laboratoire, pour des applications directes sur le terrain. Le déroulement et les résultats de ces tests sont détaillées dans le rapport de stage de L Guillotin (Guillotin, 2022) et le rapport de projet AGIS (Lepais *et al.*, 2022).

Objectifs spécifiques de l'étude

A la suite des repeuplements de juvéniles effectués dans le système GGD, le retour vers les fleuves des premiers géniteurs est imminent. Au cours des années 2019, 2020 et 2021 la mise en place d'un protocole orienté vers la détection de juvéniles d'*A. sturio* issus de reproductions naturelles basées sur les techniques d'ADN en Garonne et en Dordogne a été menée. Les objectifs sont (1) de mettre au point un protocole d'échantillonnage dans les fleuves Garonne et Dordogne, (2) d'identifier si une reproduction naturelle a eu lieu et de localiser le secteur des frayères potentiellement fréquentées, (3) de caractériser le cortège ichtyologique présent au niveau des frayères historiques et notamment de détecter les espèces exotiques d'esturgeons présents en milieu naturel.

II. Méthode

II.1. Base de référence et protocole d'échantillonnage

Dans un premier temps, la base de référence « poissons » utilisée par le bureau d'étude a été complétée avec les différentes espèces d'esturgeon à la fois grâce à des échantillons fournis par une étude similaire sur le Danube (Meulenbroek *et al.*, 2022), par des collègues italiens (pour *A. naccarii*) et allemands (*A. oxyrinchus*) et par des piscicultures françaises (liste en Annexe 1). Les échantillons d'*A. sturio* proviennent du stock captif français de Saint Seurin sur l'Isle. L'objectif est d'assurer l'absence de confusions entre les différentes espèces d'esturgeons.

Pour la Dordogne et la Garonne, s'agissant de grands fleuves nous nous sommes appuyé sur une publication de référence sur le Rhône (Pont *et al.*, 2018). La distance entre 2 sites de prélèvements a été définie à partir de la littérature et d'échanges avec des spécialistes. En effet pour caractériser les frayères, des distances allant de 16 à 23 km ont été choisies (à l'exception des stations autour des points de pêches à l'électricité de l'OFB qui sont très rapprochées), ce qui ne permet pas l'indépendance de 2 échantillonnages consécutifs (50 km conseillé pour de grands fleuves comme le Rhône) mais qui maximise les chances de détections au vu de la rareté de l'espèce. Nous avons donc choisi d'échantillonner autour de groupes de frayères avec un site à l'amont et un site à l'aval de celles-ci. Des échantillonnages ont également été réalisés au niveau des sites de suivi de l'OFB (Figure 2).

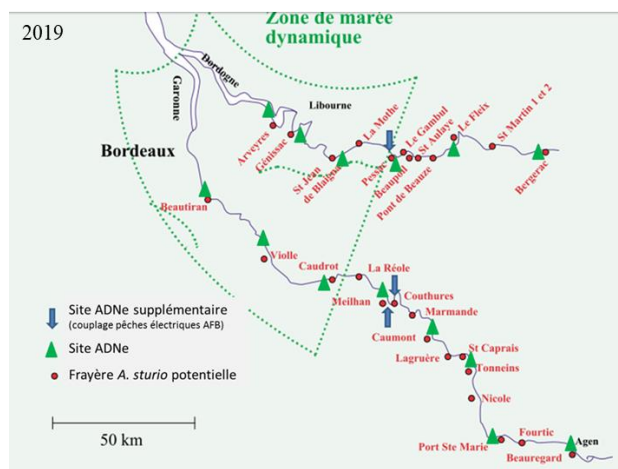


Figure 2 : Sites de prélèvement d'eau pour analyse de l'ADNe en 2019. Localisation en fonction des frayères historiques d' *A. sturio* (figure modifiée d'après Jégo *et al.*, (2002)).

Deux répliques ont été réalisées à chaque site dans la veine de courant principale en 2019 et en réalisant un transect en zig-zag pour chaque réplique en 2020 et 2021 (Figure 3). Cette modification a été motivée par de récentes études en grand cours d'eau, le bureau d'étude nous a donc proposé d'adapter la tactique d'échantillonnage.

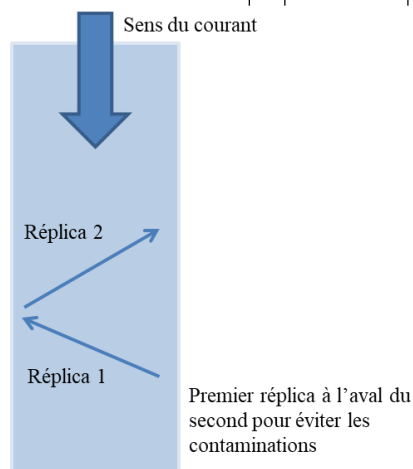


Figure 3 : Schéma simplifié de l'échantillonnage au niveau des sites de prélèvements en 2020 et 2021 positionnement des répliques en fonction du sens du courant.

Les prélèvements ont été réalisés par le personnel INRAE ayant suivi la formation du bureau d'étude, notamment dédiée à la prise en compte des risques de contamination. Les prélèvements ont été réalisés à l'aide d'une pompe électrique à main permettant de filtrer l'eau via des tubes stérilisés dans une capsule spécifique (VigiDNA 0.45- μ m, spygen) (Figure 4). Une fois la filtration effectuée la capsule est rempli d'une solution permettant d'éviter la dégradation de l'ADNe. A un réplique est associée une capsule d'échantillonnage. A chaque point de prélèvement ont été mesurés les paramètres suivants : profondeur, vitesse du courant, température, oxygène, conductivité, salinité, pH et turbidité. Selon la profondeur des sites les prélèvements ont été réalisés à pied ou en bateau. En 2019 les prélèvements se sont déroulés entre le 25 septembre et le 19 octobre, en 2020 entre le 17 septembre et le 16 octobre, en 2021 entre le 30 août et le 9 septembre.



Figure 4 : Prélèvement d'eau en vue d'une analyse de l'ADNe à l'aide d'une pompe (A) et détail de la capsule de filtration (B) (©R Le Barh INRAE).

II.2. Protocole d'analyse en laboratoire

Les analyses en laboratoire ont été réalisées par le bureau d'étude Spygen. Les extractions d'ADN sont réalisées dans une salle dédiée à l'ADN rare ou dégradé. L'amplification de l'ADN est effectuée avec un couple d'amorces universelles pour les poissons. 12 répliques sont effectués par échantillon puis les échantillons amplifiés sont séquencés à l'aide d'un séquenceur nouvelle génération (de type MiSeq-Illumina). A chaque étape du protocole des témoins négatifs sont analysés en parallèle afin de contrôler la pureté des consommables utilisés et de détecter d'éventuelles contaminations croisées au cours de la manipulation. Aucune contamination n'a été détectée dans notre série d'analyse.

Les séquences obtenues sont ensuite analysées avec des outils bio-informatiques permettant d'éliminer les erreurs dues à l'amplification ou au séquençage à l'aide de différents filtres. Puis les séquences sont attribuées aux espèces à l'aide des bases de références Spygen (incluant les espèces d'esturgeons de l'annexe 2) et/ou EMBL/GenBank. Une liste d'espèce est ensuite établie pour chaque échantillon indiquant le nombre de répliques positifs par échantillon (sur les 12 tests) et le nombre de séquences ADN attribuées à chaque espèce. Certaines espèces présentant des séquence ADN identiques sur la région d'ADN étudiée n'ont pas pu être différencier (voir annexes 2, 3 et 4). La méthode d'analyse est décrite plus précisément dans le travail de Pont *et al.* (2018).

III. Résultats

III.1. Base de référence et protocole d'échantillonnage

Dans la base de référence « esturgeons » constituée avec Spygen (Annexe 1), on notera qu'il n'est pas possible de distinguer *A. gueldenstadti* et *A. nacarii* sauf pour un haplotype de *A. gueldenstadti*. Il n'est pas non plus possible de distinguer *A. sturio* et *A. oxyrinchus*.

En 2019, 7 sites en Dordogne et 10 sites en Garonne ont été échantillonnés. Les résultats en zone de marée dynamique n'ont pas été concluants (voir localisation des sites Figure 5) c'est-à-dire que les deux répliques réalisés sur un même site présentaient des différences importantes (Annexe 2). Etant donné la faible fiabilité dans ce compartiment, l'échantillonnage des années suivantes a été adapté en supprimant les secteurs en zone de marée dynamique avec une turbidité élevée.

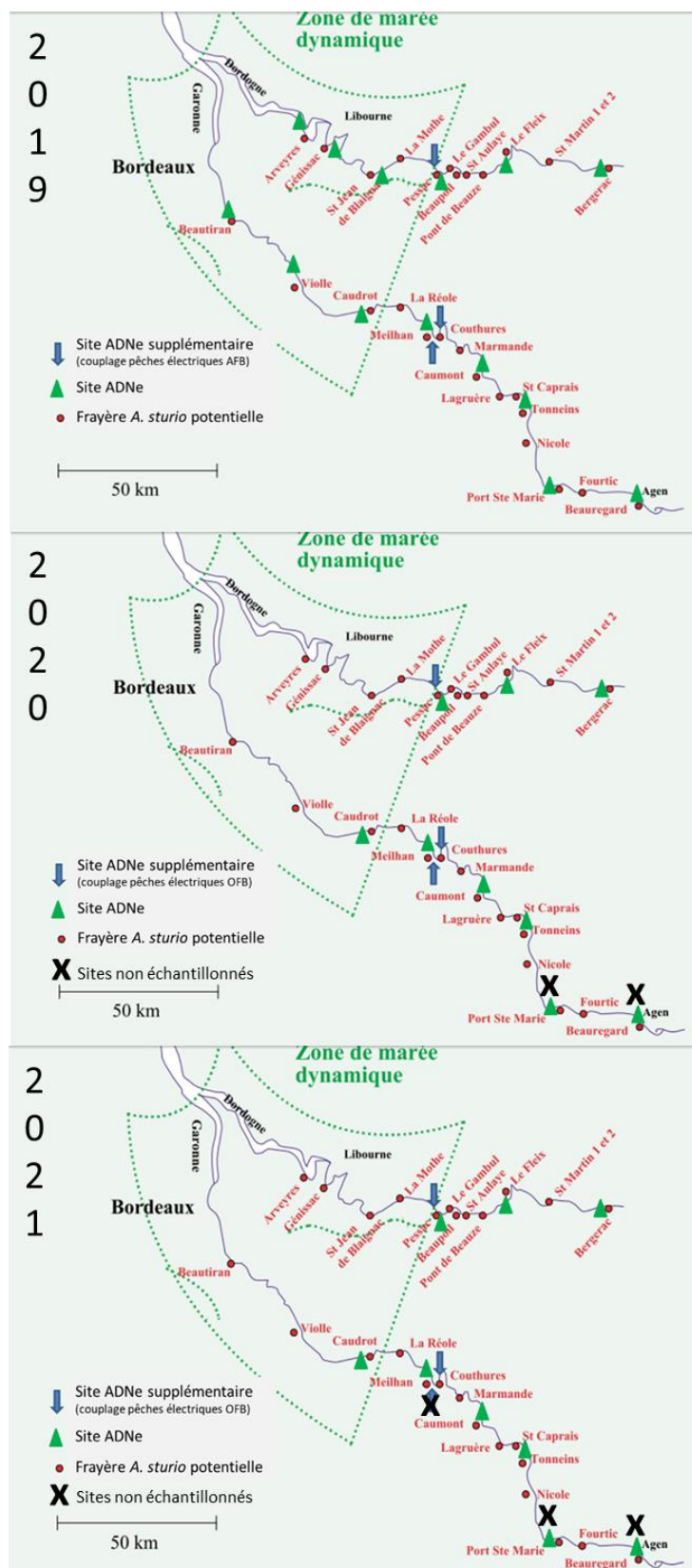


Figure 5 : Echantillonnages ADNe au niveau des sites de frayères historiques de l'esturgeon européen en 2019, 2020 et 2021 (figure modifiée d'après Jégo et al. 2002).

En 2020, 4 sites en Dordogne et 8 sites en Garonne ont été planifiés mais 2 sites en amont de la Garonne n'ont pas pu être réalisés pour des raisons techniques (Figure 5). De la même façon nous avons planifiés le même nombre de sites en 2021 mais le site de Couthure aval a été supprimé car les dates de pêches électriques et d'échantillonnage ADNe n'ont pas pu être concomitantes et les 2 sites amont de la Garonne n'ont pas pu être échantillonnés pour des raisons techniques (Figure 5). Au vu de ce travail nous proposons un protocole d'échantillonnage en routine à appliquer avec 3 sites en Dordogne et 7 en Garonne ; la distance entre 2 sites s'échelonnant entre 11 et 22 km (Figure 6).

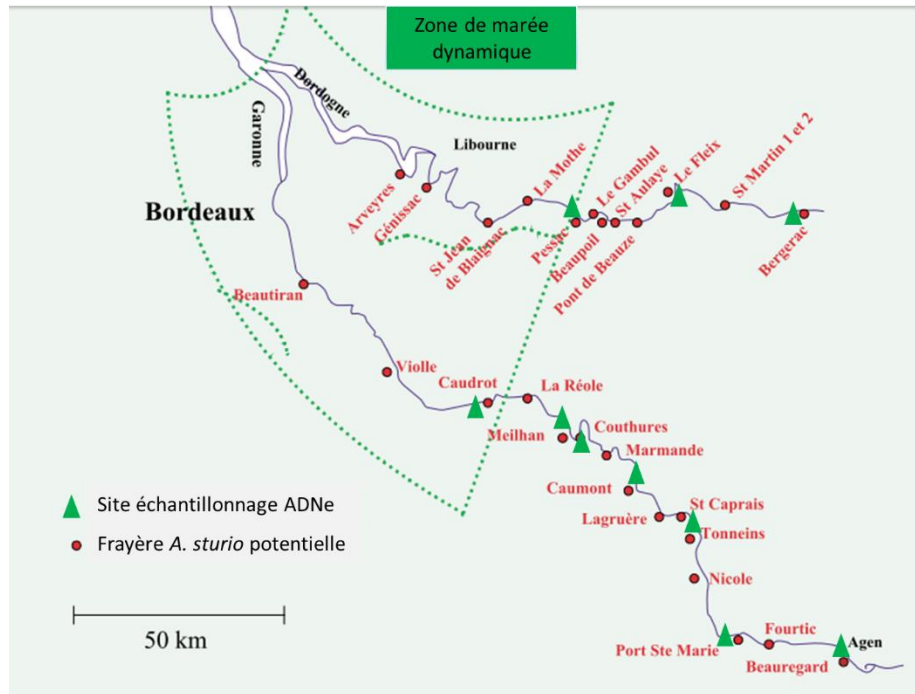


Figure modifiée d'après Jego et al. 2002

Figure 6 : Sites d'échantillonnages ADNe retenus pour de futurs suivis réguliers.

III.2. Résultats des analyses ADNe en metabarcoding

Dans les résultats des échantillonnages de 2019 à 2021 en Dordogne et en Garonne aucun signal correspondant à *A. sturio* ou à un esturgeon exotique n'a été détecté. Les résultats bruts des trois années sont présentés en Annexes 2, 3 et 4.

En termes de cortège ichtyologique présents au niveau des frayères potentielles 24 espèces sont présentes sur plus de la moitié des sites échantillonnés pour une ou les deux rivières (Figure 7). En terme de prédation des juvéniles d'esturgeon âgés de quelques mois, 4 espèces peuvent être considérées comme potentiellement prédatrices : le sandre, la perche commune et le silure sur les deux fleuves et le brochet sur la Dordogne. D'autres espèces peuvent également se nourrir des stades œufs ou larvaires. Une analyse plus complète sur la richesse spécifique dans les deux fleuves a été menée dans le cadre du stage de L. Guillotin avec entre 20 et 31 espèces recensées en fonction des sites (Guillotin, 2022).

Dans les résultats plusieurs espèces improbables ont également été identifiées comme le maigre, le voilier, la sardine, le chinchard... etc. (Figure 8). Ces espèces étant consommées elles peuvent être issus de rejets, elles sont donc à exclure des résultats.

Ces résultats permettent également de renseigner la présence d'autres espèces rares ou menacées comme les poissons migrateurs amphihalins. En fin d'été début d'automne ont été détectées principalement des anguilles et des mulots porcs, et dans une moindre mesure des aloses et des lamproies marines. Pour ces dernières il y a seulement un site de détection (amont de Pessac Sur Dordogne en 2020) mais c'est logique au vu de la saison, la migration des géniteurs étant au printemps, le résultat peut correspondre soit à des individus juvéniles soit à un rejet lié à la consommation de l'espèce. Pour les aloses, étant données la saison considérée, il s'agit de juvéniles en dévalaison avec des détections d'alooses feintes en Garonne en 2020 et 2021 à Caudrots et en 2021 également à Couthures Amont et Meilhan. Les Alosa sp. ont été détectées en 2019 à Beautiran en Garonne et à St Pardon en Dordogne puis en 2021 à Caudrot, Caumont, Couthures Amont, Meilhan et Tonneins en Garonne ainsi qu'au Fleix et à Pessac Amont en Dordogne.

En termes de capacité de détection, on notera qu'il n'est pas possible de distinguer les grandes aloses des aloses feintes la plupart du temps. De plus la signature de l'ADNe correspond à la signature maternelle des individus, les hybrides de certaines espèces ne sont donc pas identifiables.

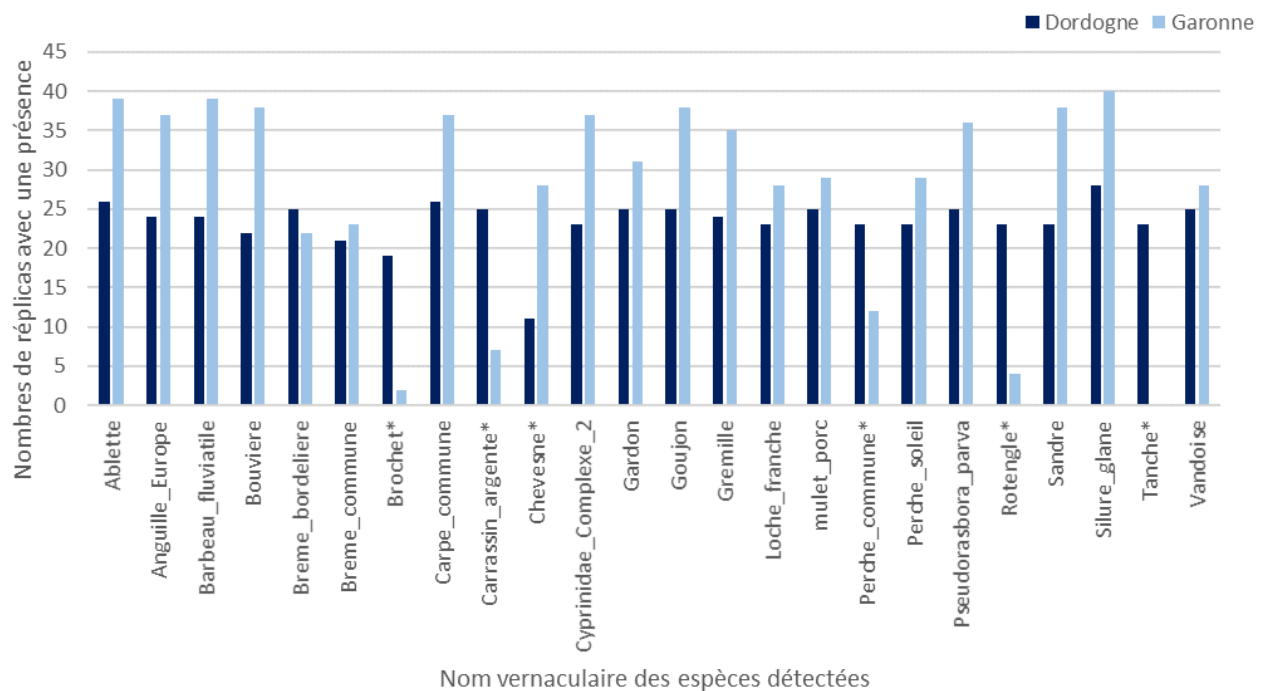


Figure 7 : Liste des espèces détectées dans plus de 15 répliques/30 pour la Dordogne et/ou dans plus de 21 répliques / 42 pour la Garonne tous sites et toutes années confondues (2019, 2020, 2021). * indique les espèces qui remplissent les conditions ci-dessus pour uniquement un des deux fleuves.

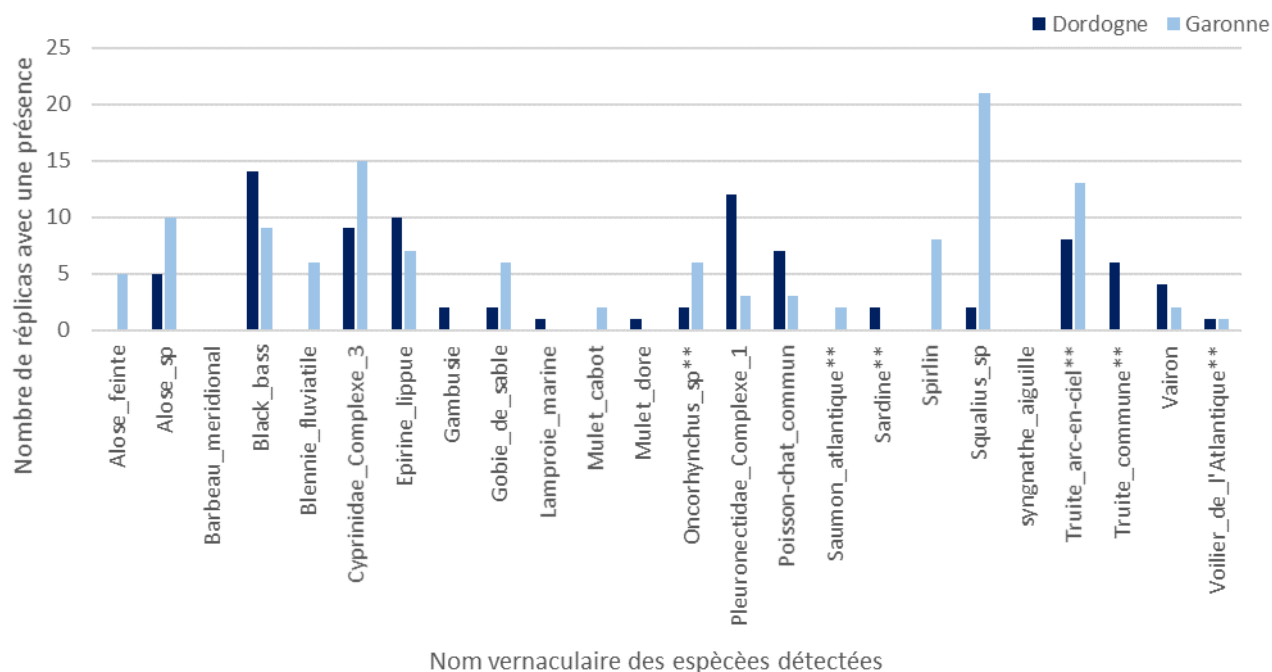


Figure 8 : Liste des espèces détectées dans 15 répliques ou moins /30 pour la Dordogne et/ou dans 21 répliques ou moins / 42 pour la Garonne tous sites et toutes années confondues (2019, 2020, 2021). ** indique les espèces détectées qui ne sont probablement pas réellement présente mais correspondent à des rejets soit lié à leur consommation soit à leur présence dans des étangs de pêche.

III.3. Comparaison des détections par pêche à l'électricité et analyses ADNe

Concernant les comparaisons entre prélèvements ADNe et pêches à l'électricité (PE) elles ont pu être réalisées en 2019 sur les deux stations Pessac et Couthures mais en 2020 la station de Pessac n'a pas été échantillonnée en PE et il n'a pas été possible de caler le même jour le prélèvement ADNe (22 septembre 2020) et la PE (2 septembre 2020) pour le site de Couthures.

La comparaison entre les deux méthodes en 2019 menée par Guillotin (2022) montre une bonne similitude entre les détections ADNe et PE mais celle-ci est moins bonne en 2020 ; la moitié du cortège présent en PE n'étant pas détectée avec l'ADNe. Cette différence est probablement due à la réalisation des échantillonnages ADNe et PE à 20 jours d'écart. Les analyses sont détaillées dans le rapport de Guillotin (2022). Au vu de ce décalage d'échantillonnage on se basera donc sur les résultats 2019, où les échantillonnages ADNe et PE ont été réalisés le même jour ou à une journée d'intervalle, en retenant qu'il existe une similitude satisfaisante entre PE et analyses ADNe.

En 2019, pour Pessac sur Dordogne on détecte l'ensemble des espèces capturées en pêche électrique dans l'échantillon ADNe sauf le gambusie (1 individu). Via l'ADNe on détecte en plus le sandre, la brème commune, le mulot, la perche, le rotengle à la fois à l'amont et à l'aval du site de pêche. Contrairement aux PE on échantillonne dans les veines principales de courant des deux rives du cours d'eau et non en berge ce qui pourrait expliquer les espèces détectées en plus et pouvant être plus en pleine d'eau que vers les berges ou avec une bonne capacité d'échappement à la PE. Cependant,

étant donné qu'on a un signal à la fois à l'amont et l'aval, les espèces peuvent également être présentes plus à l'amont et non sur le site, le signal ADNe se propageant sur plusieurs kilomètres.

Pour Couthures on détecte dans l'échantillonnage ADNe l'ensemble des espèces de la PE sauf la carpe miroir (1 individu). Via l'ADNe on détecte en plus à l'amont et à l'aval le mulot, la grémille, le sandre, la vandoise et le complexe carpe amour/carpe argenté non distinguable. Les interprétations des résultats sont similaires à ceux du site de Dordogne.

IV. Discussions et Perspectives

Pour cette étude, nous nous sommes focalisés sur des échantillonnages en eau douce au niveau des zones de frayères. L'analyse de l'ADNe nous semble adaptée à un suivi en routine même si des tests avec des juvéniles d'esturgeons dont la présence est avérée nous semblent nécessaires afin d'identifier notamment une limite d'abondance détectable. Ce point n'a pas pu être testé dans la période considérée au vu de l'absence de production de juvéniles *A. sturio* en captivité. Le protocole identifiée dans ce travail sera poursuivi dans le cadre du PNA en faveur de la restauration de l'espèce (Ministère de la Transition Ecologique et Solidaire, 2019) dans les années à venir et des tests avec des juvéniles seront réalisés au moment d'un repeuplement.

Par ailleurs, il serait particulièrement intéressant d'envisager des suivis via l'ADNe dans le compartiment marin car ils ont l'avantages d'être peu invasifs pour le milieu et leur utilisation pour le suivis d'autres espèce marines a été considérée comme pertinente (Barco *et al.*, 2022; Faure *et al.*, 2023). Ces suivis permettraient de compléter les résultats issus des approches des tâches T1 (Charbonnel & Acolas, 2022) et T2 (Acolas, 2023) du projet MOMIE.

Par contre nos échantillonnages en milieux turbides (zones fluviales de marée dynamique) en 2019 ont mis en évidence une limite de fiabilité des analyses. L'hypothèse d'une influence de la turbidité a été avancée, c'est-à-dire qu'une grande quantité de matière en suspension semblerait jouer un rôle d'inhibiteur pour la détection de l'ADN dans l'eau mais le mécanisme est mal connu et certaines espèces peuvent être détectées correctement. Des traitements de désinhibition ont été appliqués sur nos échantillons mais ces derniers n'ont pas été suffisants pour assurer des résultats satisfaisants. Il n'existe actuellement pas de données de référence indiquant jusqu'à quelle valeur de turbidité les résultats d'ADNe sont optimaux. Dans notre échantillonnage de 2019, au vu des résultats, les sites en zone de marée dynamique avec une turbidité supérieure ou égale à 180 NTU sont à interpréter avec précaution. Les espèces détectées sont sans doute présentes mais plusieurs espèces sont probablement manquantes. Ce seuil de 180 NTU est à prendre en considération pour de futures études. En milieu estuarien où la turbidité est importante, cette technique serait donc peu fiable et nécessiterait des développements méthodologiques afin de vérifier sa faisabilité (filtration limitée dans une eau très turbide) et sa fiabilité (comparaison avec des échantillonnages). Elle reste cependant à considérer en vue de développer des méthodes d'échantillonnages peu invasifs.

La base de référence Spygen poissons est maintenant enrichie avec différentes espèces d'esturgeons. Nous avons cependant noté que certaines espèces n'étaient pas distinguables notamment pour ce qui nous intéresse *A. sturio* et *A. oxyrinchus*. On s'attendait à ce dernier cas car ces deux espèces sont très proches génétiquement (Chassaing *et al.*, 2016). Dans le bassin versant GGD cela ne devrait pas poser de problèmes car il n'y a pas d'*A. oxyrinchus* dans les piscicultures. Cependant à l'échelle européenne, notamment pour les fleuves plus au nord où l'on risque à terme de rencontrer les deux espèces (étant donné qu'il y a du repeuplement d'*A. oxyrinchus* dans la Baltique) la distinction à terme des deux espèces serait appréciable. Avec la méthode du metabarcoding (détection multiespèce) cela semble compromis. La différenciation pourrait peut-être être réalisée avec la méthode du barcoding (détection d'une espèce à la fois) avec des

amorces très ciblées ce qui nécessiterait un développant spécifique. Nous avons initié ce travail en parallèle de MOMIE, dans le cadre du projet AGIS avec le développement d'amorces spécifiques permettant de distinguer *A. sturio* d'autres espèces d'esturgeons (Chancerel *et al.*, 2023; Lepais *et al.*, 2022).

Aucune espèce d'esturgeons n'a été détectée dans nos suivis. Les haplotypes considérés dans les échantillons ont été comparés à ceux de la base de référence et la similarité doit être de 98% pour qu'on considère que les espèces sont détectées. Au vu de l'absence d'espèces d'esturgeon dans les échantillons ce critère a été descendu à 90% pour s'assurer de l'absence des espèces recherchées étant donné leur rareté. Donc l'absence d'esturgeon dans les échantillons indique bien l'absence des espèces recherchées ou bien une présence en très faible quantité. Nous n'avons donc pas détecté de reproductions naturelles d'*A. sturio* de grande ampleur entre 2019 et 2021 et il n'y a pas ou peu d'esturgeons exotiques présents au niveau des secteurs considérés à l'automne.

Cette absence de reproduction est également confirmée par l'absence de juvéniles observés en estuaire aux années $n+1$ que ce soit par les suivis scientifiques en estuaire ou les observations accidentelles (Acolas *et al.*, 2022a, 2022b). Ces derniers suivis ont cependant permis d'identifier quelques grands individus au printemps de plus de 150 cm que ce soit dans l'estuaire ou en eau douce depuis 2020 ; signes de la remontée de quelques géniteurs, potentiellement des mâles sachant qu'ils sont matures plus tôt que les femelles et qu'aucune reproduction n'a été observée.

Notre étude a permis également de caractériser le cortège ichthyologique des deux fleuves au niveau des zones de frayère. Des prédateurs potentiels pour les juvéniles d'*A. sturio* ont été identifiés cependant l'ADNe ne permet pas d'estimer une biomasse fiable, on considère seulement ici la présence ou l'absence. On ne peut donc pas estimer le risque de prédation au niveau de certaines frayères de manière quantitative. De plus les stations d'échantillonnages n'étant pas forcément indépendantes étant donnée la distance entre les sites (choisi pour maximiser les chances de détecter les espèces rares), la présence d'une espèce au niveau d'un site peut aussi correspondre à sa présence à l'amont et non directement sur le site en question. Nous pouvons souligner également que la présence d'autres espèces menacées comme les migrateurs amphihalins a pu être détectée.

V. Références bibliographiques

- Acolas, M. L. (2023). Exploration des mouvements migratoires entre secteurs marins et estuariens via marquage satellite individuel. Projet MOMIE MOuvements Migratoires de l'Esturgeon européen *Acipenser sturio* : habitats en mer et retour des géniteurs en fleuves. Rapport final Tâche 2, contrat de recherche et développement INRAE/OFB 2019-2022. p. 39.
- Acolas, M. L., Mas, L., Lecomte, M., Quinton, E., & Charbonnel, A. (2022a). Suivi de la population d'esturgeons européens en milieu naturel - Synthèse et analyses des résultats d'observations accidentelles en 2021, p.49-55. In Jatteau Ph Coord. Programme de recherche et de conservation de l'esturgeon européen *Acipenser sturio* - Bilan scientifique et technique 2021. INRAE Nouvelle Aquitaine Bordeaux.
- Acolas, M. L., Castelnaud, G., Lepage, M., & Rochard, E. (2011). Chapter 10: Biological cycle and migrations. In P. Williot, E. Rochard, N. Desse-Berset, F. Kirschbaum, & J. Gessner (Eds.), *Biology and conservation of the Atlantic European sturgeon Acipenser sturio L., 1758* (pp. 147–152). Springer Berlin Heidelberg.
- Acolas, M. L., Le Barh, R., Lamour, M., Quinton, E., Gazeau, C., Jatteau, P., & Rochard, E. (2022b). Suivi de la population d'esturgeons européens en milieu naturel - Synthèse et analyses des résultats d'échantillonnages scientifiques en 2021, p57-61. In Jatteau Ph. Coord. Programme de recherche et de conservation de l'esturgeon européen *Acipenser sturio* - Bilan scientifique et technique 2021. INRAE Nouvelle Aquitaine Bordeaux.

- Barco, A., Kullmann, B., Kneibelsberger, T., Sarrazin, V., Kuhs, V., Kreutle, A., ... Thiel, R. (2022). Detection of fish species from marine protected areas of the North Sea using environmental DNA. *Journal of Fish Biology*, 101, 722–727.
- Bergman, P. S., Schumer, G., Blankenship, S., & Campbell, E. (2016). Detection of adult green sturgeon using environmental DNA analysis. *PLoS ONE*, 11.
- Carrera-Garcia, E., Rochard, E., & Acolas, M.-L. (2017). Effects of rearing practice on post-release young-of-the-year behavior: *Acipenser sturio* early life in freshwater. *Endangered Species Research*, 34, 269–281.
- Castelnaud, G., Rochard, E., Jatteau, P., & Lepage, M. (1991). Données actuelles sur la biologie d'*Acipenser sturio* dans l'estuaire de la Gironde. In P. Williot (Ed.), *Acipenseridae Acipenser sturio* Ecologie juvéniles estuaire croissance animale migration marquage estimation d'abondance (pp. 251–275).
- Chancerel, E., Acolas, M.-L., & Lepais, O. (2023). Species-level identification of the critically endangered European sturgeon *Acipenser sturio* using DNA-based approaches. *bioRxiv* May 8, 2023, p. 2023.05.05.539572, doi:10.1101/2023.05.05.539572.
- Charbonnel, A., & Acolas, M. L. (2022). Identification des habitats marins utilisés par l'esturgeon européen et fréquentation des aires marines protégées, projet MOMIE MOuvements Migratoires de l'Esturgeon européen *Acipenser sturio* : habitats en mer et retour des géniteurs en fleuves. Rapport final Tâche 1, contrat de recherche et développement INRAE/OFB 2019-2022. p. 117.
- Chassaing, O., Desse-Berset, N., Hänni, C., Hughes, S., & Berrebi, P. (2016). Phylogeography of the European sturgeon (*Acipenser sturio*): A critically endangered species. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 94, 346–357.
- Faure, N., Manel, S., Mace, B., Arnal, V., Guellati, N., Holon, F., Barroil, A., Pichot, F., Riutort, J.J., Insacco, G., Zava, B., Mouillot, D., Deter, J. (2023). An environmental DNA assay for the detection of Critically Endangered angel sharks (*Squatina spp.*). *Aquatic Conservation - Marine and Freshwater ecosystems*.
- Guillot, L. (2022). Utilisation de l'ADN environnemental pour détecter la présence d'espèces rares : cas d'étude d'une espèce migratrice l'esturgeon européen *Acipenser sturio*. Rapport de stage Master 2 Biodiversité Ecologie Evolution. Université de Lille. p. 55.
- Huang, S., Yoshitake, K., Watabe, S., & Asakawa, S. (2022). Environmental DNA study on aquatic ecosystem monitoring and management: Recent advances and prospects. *Journal of Environmental Management*, 323, 116310.
- Jego, S., Gazeau, C., Jatteau, P., Elie, P., & Rochard, E. (2002). Les frères potentielles de l'esturgeon européen *Acipenser Sturio* L. 1758 dans le bassin Garonne-Dordogne. Méthodes d'investigation, état actuel et perspectives. *Bulletin Français de la Pêche et de la Pisciculture*, 487–505.
- Lepais, O., Chancerel, E., & Guichoux, E. (2022). Rapport scientifique du projet COTE LabEx Plates-formes Volet Analyses 2019-2021-AGIS : Analyses génétiques in situ. p. 10.
- Magnin, E. (1962). Recherches sur la systématique de la biologie des Acipensérinés. *Annales de la station centrale d'hydrobiologie appliquée*, 9, 7–242.
- Meulenbroek, P., Hein, T., Friedrich, T., Valentini, A., Erős, T., Schabuss, M., Zornig, H., Lenhardt, M., Pekarik, L., Jean, P., Dejean, T., Pont, D. (2022). Sturgeons in large rivers: detecting the near-extinct needles in a haystack via eDNA metabarcoding from water samples. *Biodiversity and Conservation*, 31, 2817–2832.
- Ministère de la Transition Ecologique et Solidaire. (2019). Plan national d'actions en faveur de l'esturgeon européen *Acipenser sturio* 2020-2029. p. 89.
- Pfleger, M. O., Rider, S. J., Johnston, C. E., & Janosik, A. M. (2016). Saving the doomed: Using eDNA to aid in detection of rare sturgeon for conservation (Acipenseridae). *Global Ecology and Conservation*, 8, 99–107.
- Pont, D., Rocle, M., Valentini, A., Civade, R., Jean, P., Maire, A., Roset, N., Schabuss, M., Zornig, H., Dejean, T. (2018). Environmental DNA reveals quantitative patterns of fish biodiversity in large rivers despite its downstream transportation. *Scientific reports*, 8.

- Roques, S., Berrebi, P., Rochard, E., & Acolas, M. L. (2018). Genetic monitoring for the successful re-stocking of a critically endangered diadromous fish with low diversity. *Biological Conservation*, 221, 91–102.
- Roussel, J.-M., Paillisson, J.-M., Treguier, A., & Petit, E. (2015). The downside of eDNA as a survey tool in water bodies. *Journal of Applied Ecology*, 52, 823–826.
- Xu, N., Zhu, B., Shi, F., Shao, K., Que, Y., Li, W., Li, W., Jiao, W., Tian, H., Xu, D., Chang, J. (2018). Monitoring seasonal distribution of an endangered anadromous sturgeon in a large river using environmental DNA. *The Science of Nature*, 105, 62.
- Yu, D., Shen, Z., Chang, T., Li, S., & Liu, H. (2021). Using environmental DNA methods to improve detectability in an endangered sturgeon (*Acipenser sinensis*) monitoring program. *BMC Ecology and Evolution*, 21.

VI. Annexes

Annexe 1 : Liste des espèces d'esturgeons dans la base de référence constituée avec le bureau d'étude Spygen.

Numéro tissu ou ADN	Nom scientifique	Haplotype partagé	Pays / territoire de provenance de l'échantillon
1	<i>Acipenser baerii</i>		France
2	<i>Acipenser baerii</i>		France
3	<i>Acipenser baerii</i>		Autriche
4	<i>Acipenser baerii</i>		Autriche
5	<i>Acipenser baerii</i>		Autriche
6	<i>Acipenser baerii</i>		Autriche
7	<i>Acipenser baerii</i>		Autriche
8	<i>Acipenser baerii</i>		Belgique
9	<i>Acipenser gueldenstaedtii</i>	Aguelden_Anaccarii	Autriche
10	<i>Acipenser gueldenstaedtii</i>	Aguelden_Anaccarii	France
11	<i>Acipenser gueldenstaedtii</i>	Aguelden_Anaccarii	France
12	<i>Acipenser gueldenstaedtii</i>	Aguelden_Anaccarii	France
13	<i>Acipenser gueldenstaedtii</i>		Autriche
14	<i>Acipenser gueldenstaedtii</i>	Aguelden_Anaccarii	Autriche
15	<i>Acipenser gueldenstaedtii</i>		Autriche
16	<i>Acipenser gueldenstaedtii</i>	Aguelden_Anaccarii	Belgique
17	<i>Acipenser naccarii</i>	Aguelden_Anaccarii	Italie
18	<i>Acipenser naccarii</i>	Aguelden_Anaccarii	Italie
19	<i>Acipenser naccarii</i>	Aguelden_Anaccarii	Italie
20	<i>Acipenser nudiventris</i>		Autriche
21	<i>Acipenser nudiventris</i>		Autriche
22	<i>Acipenser nudiventris</i>		Autriche
23	<i>Acipenser nudiventris</i>		Autriche
24	<i>Acipenser nudiventris</i>		Autriche
25	<i>Acipenser oxyrinchus</i>	Asturio_Aoxyrinchus	Allemagne
26	<i>Acipenser oxyrinchus</i>	Asturio_Aoxyrinchus	Allemagne
27	<i>Acipenser oxyrinchus</i>	Asturio_Aoxyrinchus	Allemagne
28	<i>Acipenser ruthenus</i>		France
29	<i>Acipenser ruthenus</i>		France
30	<i>Acipenser ruthenus</i>		Autriche
31	<i>Acipenser ruthenus</i>		Autriche
32	<i>Acipenser ruthenus</i>		Autriche
33	<i>Acipenser ruthenus</i>		Autriche
34	<i>Acipenser ruthenus</i>		Autriche
35	<i>Acipenser ruthenus</i>		Autriche
36	<i>Acipenser ruthenus</i>		Slovaquie
37	<i>Acipenser ruthenus</i>		Slovaquie
38	<i>Acipenser ruthenus</i>		Slovaquie
39	<i>Acipenser ruthenus</i>		Belgique
40	<i>Acipenser stellatus</i>		Autriche
41	<i>Acipenser stellatus</i>		Autriche
42	<i>Acipenser sturio</i>	Asturio_Aoxyrinchus	France
43	<i>Acipenser sturio</i>	Asturio_Aoxyrinchus	France
44	<i>Acipenser sturio</i>	Asturio_Aoxyrinchus	Belgique
45	<i>Acipenser transmontanus</i>		Autriche
46	<i>Huso huso</i>		Autriche
47	<i>Huso huso</i>		Autriche
48	<i>Huso huso</i>		Autriche



Analyses VigiDNA M pour l'inventaire des Poissons en milieu aquatique courant
INRAE - Centre de Bordeaux - DE190267 - 14 Avril 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*

Cyprinidae - Complexe 1 : *Chondrostoma nasus*, *Parachondrostoma toxostoma* ou *Telestes souffia*

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*

Pomatoschistus sp. : *Pomatoschistus microps* ou *Pomatoschistus minutus*

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

Les échantillons ayant subi des traitements complémentaires contre une possible inhibition sont colorés en vert.

Nom scientifique	Base de référence	Garonne 1				Garonne 2				Garonne 3				Garonne 4				Garonne 5			
		Agen		Port Saint-Marie		Tonneins		Caumont		Couthure Amont											
		SPY192966		SPY192967		SPY192950		SPY192961		SPY192960		SPY192955		SPY192982		SPY192983		SPY192964		SPY192959	
		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	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN
<i>Abramis brama</i>	SPYGEN																				
<i>Alburnoides bipunctatus</i>	SPYGEN	2	117	2	58			11	3 046	*		*				*					
<i>Alburnus alburnus</i>	SPYGEN	12	142 545	12	67 259	12	76 374	12	77 666	12	102 016	12	142 000	11	143 232	12	83 831	12	91 569	12	144 138
<i>Alosa sp.</i>	SPYGEN																				
<i>Alosa fallax</i>	GENBANK																			*	
<i>Amelurus melos</i>	SPYGEN																				
<i>Anguilla anguilla</i>	SPYGEN	7	1 126	11	1 452	6	605	11	1 874	11	1 384			9	1 826	11	1 647	7	1 512	12	3 372
<i>Argyrosomus regius</i>	SPYGEN																				
<i>Barbatula barbatula</i>	SPYGEN	7	628	10	883	1	640	5	1 285	4	640	4	711	5	632	5	286			*	
<i>Barbus barbus</i>	SPYGEN	12	132 300	12	56 621	12	97 791	12	109 324	12	128 012	12	170 137	10	162 563	12	113 285	12	109 771	12	196 531
<i>Blicca bjoerkna</i>	SPYGEN	3	5 371	3	491	*				4	1 939	6	5 016							*	
<i>Carassius sp.</i>	SPYGEN	2	31	4	154															*	
<i>Chelon auratus</i>	SPYGEN																				
<i>Chelon ramada</i>	SPYGEN																			11	7 810
<i>Cyprinidae - Complexe 1</i>	SPYGEN																				
<i>Cyprinidae - Complexe 2</i>	SPYGEN	9	1 106	4	185	6	5 970	10	1 626	5	397	6	1 194	7	733	9	1 361			12	2 325
<i>Cyprinidae - Complexe 3</i>	SPYGEN																			10	5 581
<i>Cyprinus carpio</i>	SPYGEN	12	5 685	12	4 592	12	6 351	12	3 813	12	4 941			11	5 901	12	5 763	12	7 367	12	10 947
<i>Esox lucius</i>	SPYGEN																				
<i>Gobio sp.</i>	SPYGEN	12	22 074	12	11 737	12	11 691	12	49 298	12	23 538	12	19 894	11	24 487	12	24 326	12	10 759	12	26 037
<i>Gymnocephalus cernuus</i>	SPYGEN	12	2 669	12	3 673	5	5 366	4	998	11	2 094	11	1 779	4	834	11	1 297			9	2 122
<i>Istiophorus albicans</i>	GENBANK																				
<i>Lampetra sp.</i>	SPYGEN																				
<i>Lepomis gibbosus</i>	SPYGEN									11	6 214	12	6 808					1	709	9	6 831
<i>Leuciscus burdigalensis</i>	SPYGEN																	1	102	8	963
<i>Micropterus salmoides</i>	SPYGEN									1	120	4	708	*		*					
<i>Mugil cephalus</i>	SPYGEN																				
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	SPYGEN									5	1 534										
<i>Pachychilon pictum</i>	SPYGEN	6	211	4	157																
<i>Perca fluviatilis</i>	SPYGEN																				
<i>Petromyzon marinus</i>	SPYGEN																				
<i>Phoxinus sp.</i>	SPYGEN																				
<i>Pomatoschistus sp.</i>	SPYGEN																				
<i>Pseudorasbora parva</i>	SPYGEN	12	15 436	12	9 915	10	9 477	12	9 070	12	10 278	12	12 409	11	14 238	12	8 488	9	4 583	12	8 352
<i>Rhodeus amarus</i>	SPYGEN	12	7 813	12	4 104	9	7 520	10	5 386	12	7 102	12	8 465	11	4 344	12	3 342	7	3 455	12	5 142
<i>Rutilus rutilus</i>	SPYGEN	12	6 177	1	50					12	7 859	12	10 350								
<i>Salmo trutta</i>	SPYGEN																				
<i>Sander lucio perca</i>	SPYGEN	12	4 011	12	4 934	3	1 948	9	1 946	11	3 636	12	40 253	8	1 820	11	4 049	4	2 487	11	3 805
<i>Sardina pilchardus</i>	GENBANK																				
<i>Scardinus erythrophthalmus</i>	SPYGEN																				
<i>Silurus glanis</i>	SPYGEN	12	52 270	12	21 311	12	33 935	12	17 979	12	30 592			11	30 872	12	20 701	11	22 135	12	33 242
<i>Squalius cephalus</i>	SPYGEN	12	17 441	12	7 761	8	20 359	12	16 207	12	15 294	12	18 112	10	13 055	12	12 787	12	20 940	12	23 375
<i>Syngnathus acus</i>	SPYGEN																				
<i>Tinca tinca</i>	SPYGEN																				

		Garonne 6				Garonne 7				Garonne 8				Garonne 9				Garonne 10			
		Couthure Aval				Meilhan				Caudrots				Violle				Beautiran			
		SPY192956		SPY192951		SPY192958		SPY192963		SPY192975		SPY192980		SPY192970		SPY192965		SPY192971		SPY192976	
Nom scientifique	Base de référence	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	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN
<i>Abramis brama</i>	SPYGEN									9	7 790	7	4 282								
<i>Alburnoides bipunctatus</i>	SPYGEN																				
<i>Alburnus alburnus</i>	SPYGEN	12	93 809	12	117 940	12	71 404	12	56 585	12	69 589	11	61 121		10	167 060					
<i>Alosa sp.</i>	SPYGEN																	4	6 339		
<i>Alosa fallax</i>	GENBANK	*																			
<i>Ameiurus melas</i>	SPYGEN																				
<i>Anguilla anguilla</i>	SPYGEN	12	3 062	8	1 989	11	1 984	11	1 256	12	3 146	7	2 901	*							
<i>Argyrosomus regius</i>	SPYGEN																	5	18 001		
<i>Barbatula barbatula</i>	SPYGEN	*																			
<i>Barbus barbus</i>	SPYGEN	12	109 103	12	154 838	12	120 241	12	77 975	12	66 289	11	39 429		8	38 820					
<i>Blicca bjoerkna</i>	SPYGEN	2	1 510	2	1 151																
<i>Carassius sp.</i>	SPYGEN					*				7	497	3	369								
<i>Chelon auratus</i>	SPYGEN																				
<i>Chelon ramada</i>	SPYGEN	11	5 233			12	5 026			12	107 850	11	73 979	1	96 037	9	165 932	12	226 961	6	316 735
<i>Cyprinidae - Complexe 1</i>	SPYGEN																				
<i>Cyprinidae - Complexe 2</i>	SPYGEN	8	1 001	2	3 224	12	1 947	9	921	12	3 375	9	2 727								
<i>Cyprinidae - Complexe 3</i>	SPYGEN	*								9	3 844	4	2 967								
<i>Cyprinus carpio</i>	SPYGEN	12	7 564	12	6 808	12	5 722	12	3 771	12	2 719	11	3 101								
<i>Esox lucius</i>	SPYGEN																				
<i>Gobio sp.</i>	SPYGEN	12	23 346	12	19 598	12	20 757	12	12 403	12	8 025	9	4 604								
<i>Gymnocephalus cernuus</i>	SPYGEN	9	1 582	3	1 044	9	1 299			6	823										
<i>Istiophorus albicans</i>	GENBANK																	2	10 294		
<i>Lampetra sp.</i>	SPYGEN																				
<i>Lepomis gibbosus</i>	SPYGEN	10	5 827							12	6 496	7	4 675								
<i>Leuciscus burdigalensis</i>	SPYGEN	3	757	2	499	2	193	5	826	10	2 715	3	438								
<i>Micropetrus salmoides</i>	SPYGEN									6	481	1	1 176								
<i>Mugil cephalus</i>	SPYGEN									2	82	2	33								
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	SPYGEN			*																	
<i>Pachychilon pictum</i>	SPYGEN																				
<i>Perca fluviatilis</i>	SPYGEN																				
<i>Petromyzon marinus</i>	SPYGEN																				
<i>Phoxinus sp.</i>	SPYGEN																				
<i>Pomatoschistus sp.</i>	SPYGEN									8	921	3	574					7	26 662	1	20 436
<i>Pseudorasbora parva</i>	SPYGEN	12	11 824	10	12 243	12	9 274	12	6 308	11	2 076	4	1 195								
<i>Rhodeus amarus</i>	SPYGEN	10	3 203	8	3 012	11	3 362	10	1 453	12	3 334	6	1 734								
<i>Rutilus rutilus</i>	SPYGEN			7	7 396					12	6 996	9	6 721		2	15 245	4	6 411			
<i>Salmo trutta</i>	SPYGEN																				
<i>Sander lucioperca</i>	SPYGEN	11	4 152	4	2 437	12	2 083	11	1 568	12	2 782	6	2 801								
<i>Sardina pilchardus</i>	GENBANK																				
<i>Scardinus erythrophthalmus</i>	SPYGEN																				
<i>Silurus glanis</i>	SPYGEN	12	17 585	11	21 912	12	137 867	12	85 809	12	53 826	11	23 607	2	176 200	6	63 331	2	9 922		
<i>Squalius cephalus</i>	SPYGEN	12	20 546	9	16 264	12	14 617	12	8 790	12	21 155	8	12 541		3	78 753	2	9 575			
<i>Syngnathus acus</i>	SPYGEN																				
<i>Tinca tinca</i>	SPYGEN																				

		Dordogne 1				Dordogne 2				Dordogne 3				Dordogne 4				Dordogne 5			
		Bergerac				Le Fleix				Pessac/Dordogne Amont				Pessac/Dordogne Aval				Ste Terre			
		SPY192974		SPY192979		SPY192962		SPY192957		SPY192968		SPY192969		SPY192954		SPY192953		SPY192952		SPY192972	
Nom scientifique	Base de référence	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	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN
<i>Abramis brama</i>	SPYGEN							10	3 217	11	3 304	9	3 127	12	5 089			2	3 163		
<i>Alburnoides bipunctatus</i>	SPYGEN																				
<i>Alburnus alburnus</i>	SPYGEN	12	31 625	12	35 878	12	70 993	12	64 878	12	68 054	12	78 404	12	92 411	12	58 154	11	33 000		
<i>Alosa sp.</i>	SPYGEN			*																	
<i>Alosa fallax</i>	GENBANK																				
<i>Ameiurus melas</i>	SPYGEN	2	659	1	177																
<i>Anguilla anguilla</i>	SPYGEN	5	2 951	6	911	8	697	10	2 908	9	983	1	49	12	2 250			3	2 009		
<i>Argyrosomus regius</i>	SPYGEN																				
<i>Barbatula barbatula</i>	SPYGEN	2	278	4	1 251	12	2 357	10	2 032	12	1 393	12	2 325	12	1 784	12	936				
<i>Barbus barbus</i>	SPYGEN	12	12 222	12	14 885	12	36 679	12	33 071	12	18 237	12	19 535	12	21 225	12	14 117				
<i>Blicca bjoerkna</i>	SPYGEN	1	898	11	20 318	12	27 899	12	35 856	12	17 570	12	20 375	12	22 211	12	14 470	7	11 018		
<i>Carassius sp.</i>	SPYGEN	5	754	6	469	3	208	4	168	2	24	4	150	3	76	3	81	2	108		
<i>Chelon auratus</i>	SPYGEN																				
<i>Chelon ramada</i>	SPYGEN					12	6 030	12	3 712	12	20 090	12	21 944	12	37 611	12	26 242	12	174 690		
<i>Cyprinidae - Complexe 1</i>	SPYGEN																				
<i>Cyprinidae - Complexe 2</i>	SPYGEN					12	3 702	12	6 569	12	1 962	12	2 758	12	2 053	12	787	2	1 071		
<i>Cyprinidae - Complexe 3</i>	SPYGEN	7	5 317	5	9 155													2	5 967		
<i>Cyprinus carpio</i>	SPYGEN	12	8 315	12	5 124	12	8 570	12	13 398	12	7 898	12	7 766	12	6 833	12	2 441	8	3 290		
<i>Esox lucius</i>	SPYGEN	6	2 624	4	1 683			10	1 110	9	1 065							2	4 190		
<i>Gobio sp.</i>	SPYGEN	12	13 458	10	15 429	12	34 416	12	34 978	12	18 109	12	23 806	12	18 464	12	14 928	5	24 582		
<i>Gymnocephalus cernuus</i>	SPYGEN	11	8 126	9	4 703	10	1 529	12	3 051	12	6 896	12	6 784	12	6 900	12	5 778				
<i>Istiophorus albicans</i>	GENBANK																				
<i>Lampetra sp.</i>	SPYGEN							*		*		*									
<i>Lepomis gibbosus</i>	SPYGEN	12	30 456	12	39 407	12	6 741	12	9 779	12	9 235	12	9 594	12	6 588			*			
<i>Leuciscus burdigalensis</i>	SPYGEN	11	4 223	9	4 141	12	19 319	12	16 327	12	7 464	12	10 039	12	13 458	12	9 104	6	9 465		
<i>Micropodus salmoides</i>	SPYGEN	4	2 299	8	7 169	1	31	2	272	2	301	1	140			*					
<i>Mugil cephalus</i>	SPYGEN																				
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	SPYGEN	1	856	2	991																
<i>Pachychilon pictum</i>	SPYGEN	2	235	1	126	*															
<i>Perca fluviatilis</i>	SPYGEN	1	395	3	1 227	9	2 749	9	1 838	4	399	4	437	6	241	2	44	*			
<i>Petromyzon marinus</i>	SPYGEN									*				*							
<i>Phoxinus sp.</i>	SPYGEN	*		*																	
<i>Pomatoschistus sp.</i>	SPYGEN																	*			
<i>Pseudorasbora parva</i>	SPYGEN	10	5 231	10	6 393	12	11 062	12	9 093	12	4 920	12	6 231	12	4 034	12	3 442	2	4 548		
<i>Rhodeus amarus</i>	SPYGEN	8	3 568	8	3 445	12	1 132	12	1 512	7	298	6	380								
<i>Rutilus rutilus</i>	SPYGEN	12	114 319	12	91 657	12	47 050	12	55 288	12	39 993	12	46 769	12	51 775	12	33 206	8	18 759		
<i>Salmo trutta</i>	SPYGEN	2	631	2	531																
<i>Sander lucioperca</i>	SPYGEN	2	1 764	4	1 164			5	783	12	1 161	8	591	11	1 145	10	460				
<i>Sardina pilchardus</i>	GENBANK																				
<i>Scardinus erythrophthalmus</i>	SPYGEN	8	3 015			11	2 921	12	2 447	11	1 895	10	1 613	12	1 482	11	1 126				
<i>Silurus glanis</i>	SPYGEN	12	20 897	12	28 622	12	12 004	12	14 568	12	12 293	12	16 681	12	15 550	12	9 646	11	41 408		
<i>Squalius cephalus</i>	SPYGEN	12	93 757	8	12 267	11	17 623	7	12 216	6	6 774	9	7 729	6	7 029	8	4 252	4	9 183		
<i>Syngnathus acus</i>	SPYGEN																				
<i>Tinca tinca</i>	SPYGEN	11	9 260	9	5 322	4	251	3	87	1	221	2	94	4	95	2	156				

		Dordogne 6				Dordogne 7			
		Libourne - Le Galet				St Pardon			
		SPY192981		SPY192977		SPY192973		SPY192978	
Nom scientifique	Base de référence	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								
<i>Alburnoides bipunctatus</i>	SPYGEN								
<i>Alburnus alburnus</i>	SPYGEN	2	23 434						
<i>Alosa sp.</i>	SPYGEN					7	23 731	2	3 469
<i>Alosa fallax</i>	GENBANK								
<i>Ameiurus melas</i>	SPYGEN								
<i>Anguilla anguilla</i>	SPYGEN							*	
<i>Argyrosomus regius</i>	SPYGEN					2	2 037		
<i>Barbatula barbatula</i>	SPYGEN								
<i>Barbus barbus</i>	SPYGEN								
<i>Blicca bjoerkna</i>	SPYGEN								
<i>Carassius sp.</i>	SPYGEN								
<i>Chelon auratus</i>	SPYGEN					2	22 219		
<i>Chelon ramada</i>	SPYGEN	6	171 046			10	108 290	8	53 805
<i>Cyprinidae - Complexe 1</i>	SPYGEN					*			
<i>Cyprinidae - Complexe 2</i>	SPYGEN								
<i>Cyprinidae - Complexe 3</i>	SPYGEN								
<i>Cyprinus carpio</i>	SPYGEN	*				2	2 595		
<i>Esox lucius</i>	SPYGEN								
<i>Gobio sp.</i>	SPYGEN								
<i>Gymnocephalus cernuus</i>	SPYGEN								
<i>Istiophorus albicans</i>	GENBANK							3	26 680
<i>Lampetra sp.</i>	SPYGEN								
<i>Lepomis gibbosus</i>	SPYGEN					*		*	
<i>Leuciscus burdigalensis</i>	SPYGEN								
<i>Micropterus salmoides</i>	SPYGEN								
<i>Mugil cephalus</i>	SPYGEN								
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	SPYGEN	*							
<i>Pachychilon pictum</i>	SPYGEN								
<i>Perca fluviatilis</i>	SPYGEN								
<i>Petromyzon marinus</i>	SPYGEN								
<i>Phoxinus sp.</i>	SPYGEN								
<i>Pomatoschistus sp.</i>	SPYGEN	*				4	53 859	4	15 560
<i>Pseudorasbora parva</i>	SPYGEN								
<i>Rhodeus amarus</i>	SPYGEN								
<i>Rutilus rutilus</i>	SPYGEN								
<i>Salmo trutta</i>	SPYGEN								
<i>Sander lucioperca</i>	SPYGEN								
<i>Sardina pilchardus</i>	GENBANK					3	54 993	1	2 477
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	SPYGEN								
<i>Silurus glanis</i>	SPYGEN	3	22 568			2	8 212	3	20 628
<i>Squalius cephalus</i>	SPYGEN	*							
<i>Syngnathus acus</i>	SPYGEN					*		*	
<i>Tinca tinca</i>	SPYGEN								

Annexe 3 : Résultats des analyses spygen 2020 par site

Des analyses complémentaires ont été réalisées dans l'Isle à l'aval du rejet de la Station d'expérimentation de Saint Seurin sur l'Isle afin d'aider à la calibration des tests dans le cadre du projet AGIS.



Analyses VigiDNA M pour l'inventaire des Poissons en milieu aquatique courant
INRAE - Centre de Bordeaux - DE200281 - 1^{er} Février 2021

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

Acipenser sp. : *Acipenser sturio* ou *Acipenser oxyrinchus*

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 1 : *Chondrostoma nasus*, *Parachondrostoma toxostoma* ou *Telestes souffia*

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*

Leuciscus sp. : *Leuciscus idus* ou *Leuciscus leuciscus*

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

Pleuronectidae - Complexe 1 : *Platichthys flesus* ou *Pleuronectes platessa*

Squalius sp. : *Squalius cephalus* ou *Squalius laietanus*

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

Nom scientifique	Base de référence	Garonne 1				Garonne 2				Garonne 3				Garonne 4				Garonne 5			
		Tonneins		Caumont		Couthure Amont		Couthure Aval		Meilhan											
		SPY203380		SPY203381		SPY203371		SPY203372		SPY203393		SPY203397		SPY203384		SPY203394		SPY203388		SPY203389	
		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	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN
<i>Abramis brama</i>	SPYGEN	6	3 245	2	691	3	1 203	3	431	5	1 787	5	6 074	2	314	5	2 991	3	1 212	4	946
<i>Acipenser sp.</i>	SPYGEN																				
<i>Acipenser baeri</i>	SPYGEN																				
<i>Acipenser gueldenstaedtii</i>	SPYGEN																				
<i>Acipenser ruthenus</i>	SPYGEN																				
<i>Alburnoides bipunctatus</i>	SPYGEN	2	922	1	70	*		*		4	496										
<i>Alburnus alburnus</i>	SPYGEN	12	188 462	12	119 156	12	199 984	12	149 606	12	109 006	12	137 384	12	131 043	12	129 352	11	189 977	12	132 998
<i>Alosa sp.</i>	SPYGEN							*													
<i>Alosa sp.</i>	EMBL									*		*						*			
<i>Ameiurus melas</i>	SPYGEN	5	625							*											
<i>Anguilla anguilla</i>	SPYGEN	12	7 250	12	4 669	10	1 446	11	1 148	11	1 523	7	940	11	3 649	10	5 854	10	3 532	12	4 915
<i>Barbatula barbatula</i>	EMBL	9	2 351	5	718	6	692	8	658	4	774			2	2 042	1	77	4	438	2	95
<i>Barbus barbus</i>	SPYGEN	12	112 977	12	90 764	12	100 304	12	82 949	12	92 655	12	123 055	12	84 215	12	96 877	10	132 343	12	101 950
<i>Blicca bjoerkna</i>	SPYGEN	12	24 395	2	1 190	9	8 096	4	1 128	11	11 921	10	10 355	8	7 904	6	2 445	3	1 939	7	2 451
<i>Brevoortia sp.</i>	EMBL																				
<i>Carassius sp.</i>	SPYGEN	4	192	2	50	*		*						*		*				4	98
<i>Chelon ramada</i>	SPYGEN	7	1 405	7	2 027	*				12	4 963	11	5 471	11	7 642	12	11 102	11	26 027	12	19 400
<i>Cottus sp.</i>	SPYGEN																				
<i>Cyprinidae - Complexe 1</i>	SPYGEN			*																	
<i>Cyprinidae - Complexe 2</i>	SPYGEN	5	1 915	10	1 333	11	5 067	12	3 674	12	3 760	12	5 239	4	1 552	9	1 754	10	4 573	12	4 399
<i>Cyprinidae - Complexe 3</i>	SPYGEN	5	4 143	8	3 709	4	1 426	7	1 191	5	1 089	3	2 772	2	2 838	4	4 191	8	4 138	7	3 873
<i>Cyprinus carpio</i>	SPYGEN	12	6 936	12	3 548	12	8 872	12	3 883	10	2 166	11	3 595	8	3 993	10	2 754	11	3 491	12	3 960
<i>Esox lucius</i>	SPYGEN																				
<i>Gambusia holbrooki</i>	SPYGEN	*		*																	
<i>Gobio sp.</i>	SPYGEN	12	21 758	12	10 908	12	14 466	12	10 597	12	12 775	12	13 058	11	8 948	12	10 435	11	16 127	12	6 266
<i>Gymnocephalus cernua</i>	SPYGEN	12	12 711	12	7 990	11	8 198	12	7 513	12	3 971	12	6 241	10	2 458	10	3 649	11	6 341	12	4 020
<i>Lampetra sp.</i>	SPYGEN											*		*							
<i>Lepomis gibbosus</i>	SPYGEN	12	14 063	12	24 465	9	2 856	11	1 849	12	6 296	11	12 792	7	3 068	9	4 954	8	1 122	2	286
<i>Leuciscus sp.</i>	SPYGEN									1	75	3	571								
<i>Leuciscus burdigalensis</i>	SPYGEN	*		*						1	305	2	908	*				5	419	1	56
<i>Merluccius merluccius</i>	EMBL																				
<i>Micropterus salmoides</i>	SPYGEN	5	625	2	231	3	723	7	288												
<i>Oncorhynchus sp.</i>	EMBL			*				*		5	733	4	3 149					6	1 209	4	850
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	SPYGEN					*		*		3	724	4	1 160					3	471	6	802
<i>Pachychilon pictum</i>	SPYGEN	1	21	2	362	2	677	1	59	*								*		*	
<i>Perca fluviatilis</i>	SPYGEN	7	2 129					*								*					
<i>Petromyzon marinus</i>	SPYGEN																				
<i>Phoxinus sp.</i>	SPYGEN	2	34	3	288																
<i>Pleuronectidae - Complexe 1</i>	SPYGEN																				
<i>Pseudorasbora parva</i>	SPYGEN	12	6 422	12	4 291	12	5 885	12	7 792	12	5 091	12	7 948	10	3 117	12	4 828	11	4 710	9	737
<i>Rhodeus amarus</i>	SPYGEN	12	10 021	12	5 980	11	9 745	12	6 519	12	5 227	11	4 329	7	2 494	10	3 410	10	1 826	11	2 268
<i>Rutilus rutilus</i>	SPYGEN	12	27 100	12	17 173	12	6 908	12	5 929	12	6 477	11	7 654	8	2 811	7	2 391	11	7 441	12	5 030
<i>Salaria fluviatilis</i>	SPYGEN	1	1 518	2	266																
<i>Salmo salar</i>	SPYGEN									2	137	1	764								
<i>Salmo trutta</i>	SPYGEN																				
<i>Sander lucioperca</i>	SPYGEN	12	6 771	10	2 770	8	2 274	12	6 057	12	2 280	10	4 433	8	2 580	8	3 099	11	3 220	11	2 327
<i>Sardina pilchardus</i>	EMBL																				
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	SPYGEN	3	95	2	91									*		*					
<i>Scomber sp.</i>	EMBL																				
<i>Silurus glanis</i>	SPYGEN	12	36 278	12	26 655	12	17 984	12	13 036	12	34 810	12	55 270	12	29 459	12	35 441	11	28 777	12	34 316
<i>Squalius sp.</i>	SPYGEN	10	27 417	12	40 908	12	16 977	12	20 775	12	17 871	12	26 800	10	22 871	12	18 454	10	17 790	12	14 155
<i>Tinca tinca</i>	SPYGEN																				

Nom scientifique	Base de référence	Garonne 6				Dordogne 1				Dordogne 2				Dordogne 3				Dordogne 4			
		Caudrot				Bergerac				Le Fleix				Pessac/Dordogne Amont				Pessac/Dordogne Aval			
		SPY203390		SPY203395		SPY203385		SPY203386		SPY203382		SPY203383		SPY203391		SPY203396		SPY203387		SPY203392	
		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	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN
<i>Abramis brama</i>	SPYGEN	8	6781	7	9210	8	12 565	9	16 907	9	9 472	9	5 156	7	2 411	9	8 430	5	893	10	10 453
<i>Acipenser sp.</i>	SPYGEN																				
<i>Acipenser baerii</i>	SPYGEN																				
<i>Acipenser gueldenstaedtii</i>	SPYGEN																				
<i>Acipenser ruthenus</i>	SPYGEN																				
<i>Alburnoides bipunctatus</i>	SPYGEN																				
<i>Alburnus alburnus</i>	SPYGEN	12	61 499	12	104 693	12	36 848	12	34 963	12	81 954	12	66 596	12	57 384	12	121 471	5	8 726	12	78 520
<i>Alasa sp.</i>	EMBL																				
<i>Alasa sp.</i>	EMBL			4	1 205									*		*					
<i>Ameiurus melas</i>	SPYGEN					2	766	4	267					8	594						
<i>Anguilla anguilla</i>	SPYGEN	12	2 090	12	12 516	5	722	10	1 567	8	1 363	8	1 142	10	1 196	11	4 089	4	490	11	2 554
<i>Barbatula barbatula</i>	EMBL	7	1 588	1	390	1	73	5	328	6	1 301	10	1 629	7	463	6	1 002		6		428
<i>Barbus barbus</i>	SPYGEN	12	83 699	12	142 968	12	10 508	12	10 831	12	65 310	12	45 723	12	35 471	12	77 097	5	7 407	12	55 460
<i>Blicca bjoerkna</i>	SPYGEN	2	256	2	905	12	78 841	12	74 962	12	41 672	12	33 759	12	37 050	12	84 899	5	8 362	12	58 245
<i>Brevoortia sp.</i>	EMBL																				
<i>Carassius sp.</i>	SPYGEN			*		11	834	11	1 378	6	1 360	11	639	8	949	11	2 056	3	84	10	605
<i>Chelon ramada</i>	SPYGEN	10	2 363	7	3 081	3	221	5	355	3	392	4	139	4	416	7	1 674		5		125
<i>Cottus sp.</i>	SPYGEN					*		*													
<i>Oyrinidae - Complexe 1</i>	SPYGEN																				
<i>Oyrinidae - Complexe 2</i>	SPYGEN	12	7 319	12	9 896	1	36	3	143	12	4 260	12	3 246	12	4 089	12	8 293	4	618	12	3 287
<i>Oyrinidae - Complexe 3</i>	SPYGEN	5	7 219	8	18 446	3	8 980	3	4 342	2	1 579	2	710	4	3 689	3	8 181	*			
<i>Oyrinus carpio</i>	SPYGEN	11	802	10	3 277	12	2 830	12	5 598	12	9 533	12	3 864	12	3 600	12	12 211	5	448	12	6 484
<i>Esox lucius</i>	SPYGEN					10	3 531	8	1 825	11	948	6	349	7	3 833						1 689
<i>Gambusia holbrooki</i>	SPYGEN					1	1 809	2	140							*					
<i>Gobio sp.</i>	SPYGEN	12	3 220	11	6 726	12	10 497	12	14 521	12	41 623	12	18 149	12	17 509	12	39 327	5	3 309	12	29 238
<i>Gymnocephalus cernua</i>	SPYGEN	11	3 307	10	4 219	11	7 870	12	6 497	10	1 693	12	3 210	12	5 324	12	9 945	5	1 247	12	5 890
<i>Lampetra sp.</i>	SPYGEN					*		*								*					
<i>Lepomis gibbosus</i>	SPYGEN	7	1 520	3	2 065	12	73 825	12	47 426	12	20 785	12	25 109	12	11 208	12	22 386	5	2 653	12	14 658
<i>Leuciscus sp.</i>	SPYGEN																				
<i>Leuciscus burdigalensis</i>	SPYGEN	1	56	2	111	11	3 058	11	5 040	12	21 022	12	13 049	12	15 941	12	34 265	5	3 701	12	29 236
<i>Merluccius merluccius</i>	EMBL																*				
<i>Micropterus salmoides</i>	SPYGEN	*				9	3 395	12	2 496	3	525	3	196	1	164	2	77			*	
<i>Oncorhynchus sp.</i>	EMBL	2	152	3	1 897	*		*		2	175	3	382								
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	SPYGEN	2	333	1	131	2	402	4	614	2	888	3	274								
<i>Pachychlon pictum</i>	SPYGEN					*		*		3	111	*		*		*					
<i>Petca fluviatilis</i>	SPYGEN	3	220	6	1 411	6	1 445	10	2 378			6	697	7	1 231	10	1 459	2	47	11	1 473
<i>Petromyzon marinus</i>	SPYGEN									*		*				4	256	*		*	
<i>Phoxinus sp.</i>	SPYGEN					2	112	1	26												
<i>Pleuronectidae - Complexe 1</i>	SPYGEN									*		*		2	251	3	4 416	1	152	6	681
<i>Pseudorasbora parva</i>	SPYGEN	10	1 240	6	4 376	12	5 432	12	6 441	12	10 397	12	5 499	12	5 234	12	13 226	5	774	12	6 455
<i>Rhodeus amarus</i>	SPYGEN	8	832	6	2 962	10	3 514	12	7 930	11	2 855	12	3 787	10	675	8	2 587	3	148	11	1 376
<i>Rutilus rutilus</i>	SPYGEN	12	3 812	11	8 785	12	71 223	12	75 847	12	70 574	12	59 861	12	37 163	12	93 653	5	6 410	12	58 033
<i>Sabiria fluviatilis</i>	SPYGEN	*																			
<i>Salmo salar</i>	SPYGEN																				
<i>Salmo trutta</i>	SPYGEN					6	2 112	2	392			*									
<i>Sander lucioperca</i>	SPYGEN	10	2 485	9	2 826	9	2 817	12	2 726	4	924	9	605	9	651	9	1 869	2	389	11	2 283
<i>Sardina pilchardus</i>	EMBL					*		*													
<i>Scardinus erythrophthalmus</i>	SPYGEN					8	1 765	11	1 390	8	2 110	11	954	9	2 118	12	4 549	4	336	12	1 423
<i>Scomber sp.</i>	EMBL																				
<i>Silurus glanis</i>	SPYGEN	12	23 354	12	34 582	12	24 418	12	41 867	12	23 153	12	23 144	12	24 146	12	44 456	7	6 187	12	37 655
<i>Squalius sp.</i>	SPYGEN	11	11 361	11	16 638					4	5 474	1	205	*							
<i>Tinca tinca</i>	SPYGEN					12	3 265	12	5 394	7	1 256	8	456	7	345	5	294			6	327

		Isle			
		St Seurin/L'Isle			
		SPY203377		SPY203378	
Nom scientifique	Base de référence	Nombre de réplcats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de réplcats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN
<i>Abramis brama</i>	SPYGEN	10	23 477	9	18 707
<i>Acipenser sp.</i>	SPYGEN	8	1 117	5	1 574
<i>Acipenser baerii</i>	SPYGEN	12	47 453	12	49 431
<i>Acipenser gueldenstaedtii</i>	SPYGEN	12	24 048	12	21 515
<i>Acipenser ruthenus</i>	SPYGEN	9	2 215	7	5 498
<i>Alburnoides bipunctatus</i>	SPYGEN				
<i>Alburnus alburnus</i>	SPYGEN	12	35 304	12	34 139
<i>Alosa sp.</i>	SPYGEN				
<i>Alosa sp.</i>	EMBL				
<i>Ameiurus melas</i>	SPYGEN				
<i>Anguilla anguilla</i>	SPYGEN	4	312	7	750
<i>Barbatula barbatula</i>	EMBL				
<i>Barbus barbus</i>	SPYGEN	11	2 438	10	1 917
<i>Blicca bjoerkna</i>	SPYGEN	12	50 575	12	29 634
<i>Brevoortia sp.</i>	EMBL	5	403	2	74
<i>Carassius sp.</i>	SPYGEN				
<i>Chelon ramada</i>	SPYGEN				
<i>Cottus sp.</i>	SPYGEN				
<i>Cyprinidae - Complexe 1</i>	SPYGEN				
<i>Cyprinidae - Complexe 2</i>	SPYGEN				
<i>Cyprinidae - Complexe 3</i>	SPYGEN	2	5 959	4	8 950
<i>Cyprinus carpio</i>	SPYGEN	12	2 555	12	4 174
<i>Esox lucius</i>	SPYGEN	11	3 954	11	6 817
<i>Gambusia holbrooki</i>	SPYGEN	12	6 638	8	1 595
<i>Gobio sp.</i>	SPYGEN	12	18 897	12	23 404
<i>Gymnocephalus cernua</i>	SPYGEN	12	6 117	11	4 217
<i>Lampetra sp.</i>	SPYGEN	*			
<i>Lepomis gibbosus</i>	SPYGEN	12	28 631	12	22 530
<i>Leuciscus sp.</i>	SPYGEN				
<i>Leuciscus burdigalensis</i>	SPYGEN				
<i>Merluccius merluccius</i>	EMBL				
<i>Micropterus salmoides</i>	SPYGEN	12	2 531	8	2 106
<i>Oncorhynchus sp.</i>	EMBL				
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	SPYGEN				
<i>Pachychilon pictum</i>	SPYGEN				
<i>Perca fluviatilis</i>	SPYGEN	12	15 558	12	11 727
<i>Petromyzon marinus</i>	SPYGEN				
<i>Phoxinus sp.</i>	SPYGEN				
<i>Pleuronectidae - Complexe 1</i>	SPYGEN				
<i>Pseudorasbora parva</i>	SPYGEN	10	5 442	4	341
<i>Rhodeus amarus</i>	SPYGEN	12	23 146	12	21 035
<i>Rutilus rutilus</i>	SPYGEN	12	64 964	12	62 716
<i>Salaria fluviatilis</i>	SPYGEN				
<i>Salmo salar</i>	SPYGEN				
<i>Salmo trutta</i>	SPYGEN				
<i>Sander lucioperca</i>	SPYGEN	10	1 686	8	981
<i>Sardina pilchardus</i>	EMBL	10	1 278	4	307
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	SPYGEN	12	1 714	11	3 187
<i>Scomber sp.</i>	EMBL	*			
<i>Silurus glanis</i>	SPYGEN	12	7 122	12	5 817
<i>Squalius sp.</i>	SPYGEN				
<i>Tinca tinca</i>	SPYGEN	9	965	8	524

Annexe 4 : Résultats des analyses spygen 2021 par site



Analyses VigiDNA M pour l'inventaire des Poissons en milieu aquatique courant
INRAE - DE210316 - 8 Mars 2022

Certains taxons sont identifiés au genre ou à la famille avec la base de référence SPYGEN (cf. onglet "Exception base de référence").

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

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) associée(s)	Nom vernaculaire
<i>Alosa</i> sp.	<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</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 perifretum</i> , <i>Cottus petiti</i> ou <i>Cottus rhenanus</i>	-
Cyprinidae - Complexe 1	<i>Chondrostoma nasus</i> & <i>Parachondrostoma toxostoma</i> & <i>Telestes souffia</i>	Hotu & Toxostome & Blageon
Cyprinidae - Complexe 2	<i>Ctenopharyngodon idella</i> & <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>	-

Nom scientifique	Base de référence	Caudrot				Meilhan				Couthure Amont				Caumont				Tonneins			
		SPY213203		SPY213204		SPY213201		SPY213202		SPY213199		SPY213200		SPY213215		SPY213216		SPY213213		SPY213214	
		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	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN	Nombre de répliquats positifs (/12)	Nombre de séquences ADN
<i>Abramis brama</i>	SPYGEN	11	35 412	12	30 728	10	3 973	8	4 459	5	1 908	10	3 925	6	1 979	4	674			10	2 555
<i>Alburnoides bipunctatus</i>	SPYGEN																	2	73	1	43
<i>Alburnus alburnus</i>	SPYGEN	12	87 359	12	92 541	12	132 935	12	134 120	12	111 918	12	108 228	12	62 482	12	51 707	12	60 425	12	79 660
<i>Alosa sp.</i>	EMBL_142	4	377	7	1 255	12	787	7	795	4	458	8	667	7	535			3	89	3	130
<i>Alosa sp.</i>	SPYGEN			3	214	4	102	2	107	3	91					*				*	
<i>Ameiurus melas</i>	SPYGEN									4	194	2	72								
<i>Anguilla anguilla</i>	SPYGEN	12	2 969	12	4 624	12	3 708	11	2 918	12	13 078	10	4 265	10	612	8	426	11	1 302	11	1 076
<i>Barbatula sp.</i>	EMBL_142									*		*						*		*	
<i>Barbatula sp.</i>	SPYGEN			3	345	11	655	2	92	9	602	4	456	3	182	5	429	10	438	9	398
<i>Barbus barbus</i>	SPYGEN	12	83 364	12	74 951	12	106 288	12	126 351	12	114 804	12	125 364	12	57 639	12	48 205	12	232 151	12	121 886
<i>Barbus meridionalis</i>	SPYGEN	*						*													
<i>Blicca bjoerkna</i>	SPYGEN			*						3	980	3	645	4	1 198					12	11 959
<i>Carassius sp.</i>	SPYGEN	*								*		*		*				*		*	
<i>Chelon ramada</i>	SPYGEN	12	6 756	12	5 431	12	12 583	12	8 559	12	30 462	12	5 281	12	2 082	10	1 230	12	2 028	12	2 912
<i>Cottus sp.</i>	SPYGEN																				
<i>Cyprinidae - Complexe 2</i>	SPYGEN	8	1 438	11	4 030	12	3 057	10	1 440	8	841	9	1 328	12	1 661	4	755	11	744	7	694
<i>Cyprinus carpio</i>	SPYGEN	12	2 332	12	4 023	12	3 592	12	2 344	12	3 048	11	1 509	11	1 237	8	918	11	1 147	11	930
<i>Esox lucius</i>	SPYGEN	3	598	1	12																
<i>Gobio sp.</i>	SPYGEN	8	1 697	8	2 650	12	14 961	12	9 296	12	14 165	12	9 976	12	4 398	8	2 987	12	5 225	12	11 460
<i>Gymnocephalus cernua</i>	SPYGEN	6	341	6	846	12	5 534	12	4 415	12	5 046	12	2 605	12	3 044	9	1 248	12	2 889	12	2 748
<i>Lampetra sp.</i>	SPYGEN																				
<i>Lepomis gibbosus</i>	SPYGEN	5	566	10	1 857	12	1 982	11	3 083	11	2 735	9	3 305	7	518	4	447	12	1 844	11	2 085
<i>Leuciscus burdigalensis</i>	SPYGEN	5	622	4	367	4	174	2	168	2	101	1	77			*					
<i>Leuciscus sp.</i>	SPYGEN	3	225	1	91	3	131	1	12	2	155	1	19								
<i>Micropterus salmoides</i>	SPYGEN			2	180																
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	SPYGEN	1	77	4	391	7	790	7	1 521	12	6 479	10	2 261								
<i>Pachychilon pictum</i>	SPYGEN					*		*		2	183										
<i>Perca fluviatilis</i>	SPYGEN	9	1 003	3	445	3	73	3	247	8	1 012			6	347	2	260	11	745	11	780
<i>Phoxinus sp.</i>	SPYGEN																				
<i>Pleuronectidae - Complexe 1</i>	SPYGEN	3	393			3	190	1	582												
<i>Pomatoschistus sp.</i>	SPYGEN	11	1 708	6	1 331																
<i>Pseudorasbora parva</i>	SPYGEN	*		*		12	2 134	7	886	11	1 294	10	837	6	339	2	344	10	796	12	1 094
<i>Rhodeus amarus</i>	SPYGEN	5	535	3	450	12	4 174	12	3 039	12	7 015	12	5 829	12	2 868	11	2 754	12	8 316	12	12 049
<i>Rutilus rutilus</i>	SPYGEN	12	13 791	12	15 147	12	14 648	12	10 873	12	12 010	12	11 617	12	9 224	12	6 357	12	15 161	12	21 396
<i>Salapia fluviatilis</i>	SPYGEN					3	56	1	19			*						2	66	1	56
<i>Salmo trutta</i>	SPYGEN																				
<i>Sander lucioperca</i>	SPYGEN	12	5 775	9	973	11	778	7	819	6	635	8	890	6	361	1	54	11	1 050	12	883
<i>Sardina pilchardus</i>	EMBL_142																	*			
<i>Scardinus erythrophthalmus</i>	SPYGEN																	5	202	1	38
<i>Silurus glanis</i>	SPYGEN	12	15 376	12	16 279	12	5 150	12	11 042	12	9 432	12	14 817	12	3 474	10	1 334	12	6 224	12	8 260
<i>Squalius cephalus</i>	SPYGEN	12	13 559	11	11 564	12	20 721	12	15 988	12	18 176	12	15 402	12	6 880	12	10 026	12	25 628	12	19 545
<i>Squalius sp.</i>	SPYGEN	7	5 545	5	3 929	11	13 520	8	2 045	8	9 081	9	9 481	7	2 627	5	2 678			8	8 132
<i>Tinca tinca</i>	SPYGEN																				
<i>Trachurus sp.</i>	EMBL_142																				

Nom scientifique	Base de référence	Bergerac				Le Fleix				Pessac sur Dordogne Amont				Pessac sur Dordogne Aval			
		SPY213205		SPY213206		SPY213211		SPY213212		SPY213217		SPY213218		SPY213219		SPY213220	
		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	8	3 578	10	6 775	9	3 699	11	4 975	10	1 454	11	2 412	11	1 551	7	751
<i>Alburnoides bipunctatus</i>	SPYGEN																
<i>Alburnus alburnus</i>	SPYGEN	12	72 421	12	68 204	12	50 102	12	41 066	12	34 688	12	36 849	12	31 076	12	26 942
<i>Alosa sp.</i>	EMBL_142					2	141			1	132	3	143				
<i>Alosa sp.</i>	SPYGEN											*		*			
<i>Ameiurus melas</i>	SPYGEN	2	96	2	171	*		*						*			
<i>Anguilla anguilla</i>	SPYGEN	7	1 322	10	949	11	1 407	10	833	10	1 541	6	677	11	1 906	10	722
<i>Barbatula sp.</i>	EMBL_142																
<i>Barbatula sp.</i>	SPYGEN	7	1 467	4	748	12	2 571	12	2 563	11	1 258	12	1 142	11	892	10	709
<i>Barbus barbus</i>	SPYGEN	12	13 468	12	12 823	12	33 255	12	30 154	12	31 657	12	35 524	12	32 285	12	20 815
<i>Barbus meridionalis</i>	SPYGEN											*					
<i>Blicca bjoerkna</i>	SPYGEN	12	56 077	12	49 985	12	68 103	12	46 574	12	56 790	12	52 605	12	28 809	12	24 100
<i>Carassius sp.</i>	SPYGEN	1	28	3	149	2	24	1	16	2	24	4	116	2	33	2	37
<i>Chelon ramada</i>	SPYGEN	3	754	1	174	10	649	9	718	12	2 354	12	2 795	12	1 576	11	1 285
<i>Cottus sp.</i>	SPYGEN			*		*		*									
<i>Cyprinidae - Complexe 2</i>	SPYGEN	4	569	6	974	12	1 818	12	1 911	12	2 309	12	2 074	11	682	12	750
<i>Cyprinus carpio</i>	SPYGEN	12	3 193	10	1 735	12	2 951	12	2 064	12	2 593	12	3 628	12	2 536	12	1 357
<i>Esox lucius</i>	SPYGEN	2	102	6	830	6	192	6	213	4	114	6	193	4	150	5	170
<i>Gobio sp.</i>	SPYGEN	12	6 797	12	6 941	12	15 864	12	13 088	12	14 680	12	13 147	12	14 524	12	11 483
<i>Gymnocephalus cernua</i>	SPYGEN	12	3 804	12	5 491	11	1 076	12	963	11	1 367	12	1 617	12	1 295	12	1 590
<i>Lampetra sp.</i>	SPYGEN					*											
<i>Lepomis gibbosus</i>	SPYGEN	12	24 935	12	26 752	12	6 495	12	5 804	11	2 541	11	2 596	12	1 711	12	1 798
<i>Leuciscus burdigalensis</i>	SPYGEN	12	5 718	12	6 125	12	17 677	12	12 214	12	21 900	12	24 016	12	32 419	12	17 378
<i>Leuciscus sp.</i>	SPYGEN																
<i>Micropterus salmoides</i>	SPYGEN	4	324	4	310	*		*								*	
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	SPYGEN	3	747	4	304			*									
<i>Pachychilon pictum</i>	SPYGEN	4	423	5	510	4	236	3	137	1	43	2	78	*			
<i>Perca fluviatilis</i>	SPYGEN	5	662	7	602	8	485	4	185	6	328	12	1 118	10	512	7	262
<i>Phoxinus sp.</i>	SPYGEN	2	226	1	67	*											
<i>Pleuronectidae - Complexe 1</i>	SPYGEN	1	503	4	674	3	472	5	356	6	489	6	264	5	284	4	168
<i>Pomatoschistus sp.</i>	SPYGEN																
<i>Pseudorasbora parva</i>	SPYGEN	3	443	4	416	11	893	9	826	8	443	9	298	5	203	10	573
<i>Rhodeus amarus</i>	SPYGEN	12	4 906	12	6 405	11	2 706	12	1 542	6	296	6	353	11	434	6	204
<i>Rutilus rutilus</i>	SPYGEN	12	25 816	12	28 985	12	36 544	12	32 281	12	34 269	12	34 161	12	26 659	12	20 944
<i>Salaria fluviatilis</i>	SPYGEN																
<i>Salmo trutta</i>	SPYGEN	2	110	2	238												
<i>Sander lucioperca</i>	SPYGEN	3	556	6	396	8	340	7	244	9	338	8	351	10	387	10	510
<i>Sardina pilchardus</i>	EMBL_142																
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	SPYGEN	4	720	3	288	11	1 137	11	1 343	11	857	12	940	10	506	9	466
<i>Silurus glanis</i>	SPYGEN	12	20 387	12	23 485	12	10 536	12	6 804	11	5 742	12	6 689	12	11 688	12	5 483
<i>Squalius cephalus</i>	SPYGEN													3	2 552	1	802
<i>Squalius sp.</i>	SPYGEN																
<i>Tinca tinca</i>	SPYGEN	7	688	11	1 531	6	184	7	181	2	44	2	88	3	46	1	26
<i>Trachurus sp.</i>	EMBL_142	10	3 076														

