



Atlas de la Biodiversité Intercommunale en Puisaye Forterre

Evaluation des communautés piscicoles par l'utilisation de l'ADN*environnemental*

**SUR QUATRE BASSINS
VERSANTS :**

LA VRILLE

LE LOING

LE BRANLIN

LE RU DE BOURDON



Financé
par



GOUVERNEMENT

*Liberté
Égalité
Fraternité*

Réalisé avec le soutien financier de l'Union européenne - NextGenerationEU, de France Relance et de l'Office français de la biodiversité



Financé par
l'Union européenne
NextGenerationEU



OFB
OFFICE FRANÇAIS
DE LA BIODIVERSITÉ

TABLE DES MATIÈRES

1. Contexte de l'étude.....	2
2.Méthodologie	3
3. Résultats des données piscicoles par bassin hydrographique.....	5
3.1. Bassin versant de la Vrille.....	5
3.2. Bassin versant du Loing	8
3.3. Bassin versant du Branlin.....	11
3.4. Bassin versant du ruisseau du Bourdon.....	14
3.5. Synthèse	16

Bibliographie

Annexes

1. CONTEXTE DE L'ÉTUDE

Dans le cadre de l'appel à projet d'un Atlas de la Biodiversité Intercommunale (ABI), la communauté de communes de Puisaye Forterre a proposé, en 2021, à plusieurs acteurs du réseau naturaliste icaunais, de participer à l'élaboration de ce document. Cette opération bénéficie du soutien financier de l'Union Européenne – NextGénérationEU, de France Relance et de l'Office Français de la Biodiversité. C'est dans ce cadre que la Fédération de l'Yonne pour la Pêche et la Protection du Milieu Aquatique, collabore afin de fournir des données piscicoles sur le territoire de concerné par l'étude.

Un atlas de la Biodiversité intercommunale doit permettre, au grand public comme aux collectivités, de bénéficier des informations naturalistes recensées et synthétisées au sein d'un ouvrage. Ce « portée à connaissance » doit permettre une meilleure intégration de la Biodiversité dans le tissu local mais aussi dans les différents documents de planification du territoire. De plus, cet outil met véritablement l'accent sur l'éducation à l'environnement et les sciences participatives afin que la population, qui habite le territoire, s'approprie la biodiversité locale.

Les inventaires piscicoles sur le territoire concerné étaient lacunaires voire inexistant sur certains bassins versants de l'A.B.I. Ainsi, la Fédération de l'Yonne pour la Pêche et la Protection du Milieu Aquatique, a proposé, pour compléter ces données, une campagne d'échantillonnage basée sur l'ADNenvironnemental ou ADN_e avec une approche multi spécifique (recherche de toutes les espèces piscicoles présentes sur la station).

Cette technique novatrice, dont l'efficacité a été prouvée, permet un gain de temps considérable par rapport aux techniques traditionnelles qui reposent généralement sur la pêche aux filets ou la pêche scientifique à l'électricité. De plus, cette méthode ne génère aucune nuisance, ni stress post-capture, car le poisson n'est pas manipulé.

Les données anciennes, associées aux informations apportées par les analyses d'ADN_e doivent aboutir à une image la plus pertinente possible de la richesse spécifique des principaux cours d'eau situés sur le territoire de l'A.B.I.

2.METHODOLOGIE

L'Atlas de la Biodiversité Intercommunale se situe en Puisaye-Forterre, à l'ouest du département de l'Yonne.

Les prélèvements d'ADNe ont été effectués entre le 30 mai 2022 et le 2 juin 2022 sur les huit stations d'études (Planche 1), réparties sur quatre bassins versants :

- 1 station sur le bassin versant de la Vrille
- 2 stations sur le bassin versant du Branlin
- 3 stations sur le bassin versant du Loing
- 2 stations sur le bassin versant du ruisseau du Bourdon

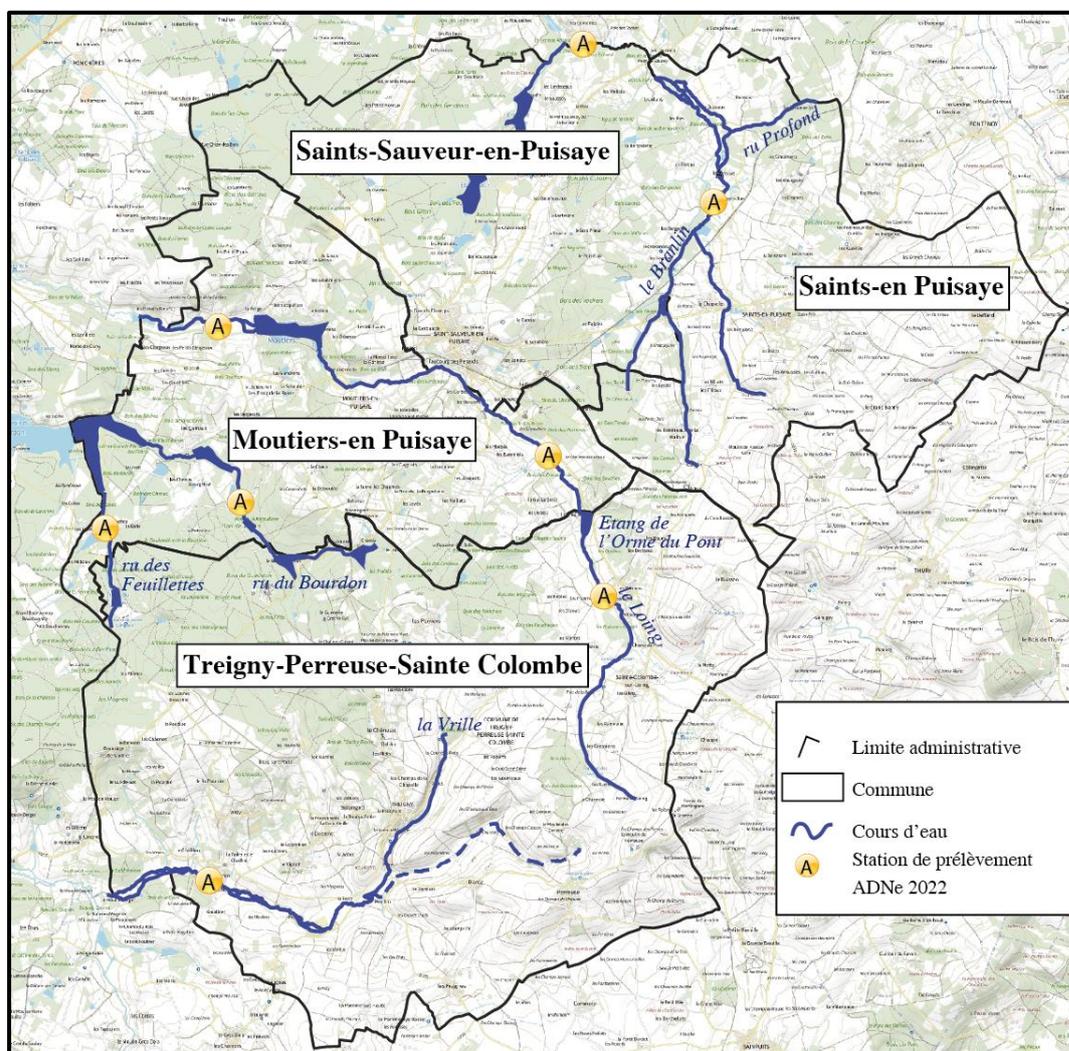


Planche 1 : Localisations des stations ADNe sur les quatre bassins versants du territoire de l'A.B.I.

Le principe de la manipulation pour recueillir l'ADNe dérivant dans la colonne d'eau, consiste à faire passer une importante quantité d'eau dans un filtre encapsulé (Photo 1) (filtration VigiDNA 0,45 µM (SPYGEN)), relié à une tubulure stérile et jetable (Vampir tubing kit). Pour éviter toute contamination extérieure, une pompe péristaltique est utilisée ce qui empêche les éléments internes de la pompe d'être en contact avec l'eau. Une pompe péristaltique fonctionne grâce à une tête rotative, qui en appuyant sur le tuyau fait un appel d'air et permet de faire circuler l'eau (Photo 2). Le volume filtré est de 30 litres par échantillon dans des conditions normales d'utilisation, soit 1L/min pendant 30 minutes.

A la fin de chaque filtration, l'eau à l'intérieur de la capsule est expulsée puis cette dernière est remplie avec 80 ml d'une solution tampon de conservation (CL1 Buffer kit (SPYGEN)).

L'opération est renouvelée une nouvelle fois pour chaque station, soit 16 prélèvements pour les 8 stations, afin de consolider la détection des différents ADN dérivants.

Les capsules sont envoyées au laboratoire SPYGEN qui va extraire, amplifier et séquencer l'ADN en laboratoire. Dans la présente étude, c'est le cortège d'espèces évoluant dans le milieu qui est recherché. Ainsi, on parlera d'ADNe « metabarcoding », à opposer à l'ADNe « barcoding » qui cible une seule espèce.

Pour mener à bien cette manipulation, un stage de formation est nécessaire. Ce dernier a été effectué le 7 avril 2021 (Annexe 1).



Photo. 1 : Filtre encapsulé relié à la tubulure qui prélève l'eau dans le milieu.



Photo. 2 : Pompe péristaltique qui permet d'aspirer l'eau du milieu.

3. RÉSULTATS DES DONNÉES PISCICOLES PAR BASSIN HYDROGRAPHIQUE

3.1. BASSIN VERSANT DE LA VRILLE

Ce petit cours d'eau du bassin de la Loire s'écoule sur près de 11 km dans le département de l'Yonne avant de s'écouler dans le département de la Nièvre et de confluer avec la Loire à Neuvy-sur-Loire (Planche 2). La Vrille icaunaise se situe intégralement sur la commune de Treigny-Péreuse-Sainte Colombe.

Les connaissances sur le peuplement piscicole de ce cours d'eau sont satisfaisantes. Une étude globale a eu lieu en 2017 (O.Blatter, 2017) et une station de suivi est échantillonnée annuellement (FD89).

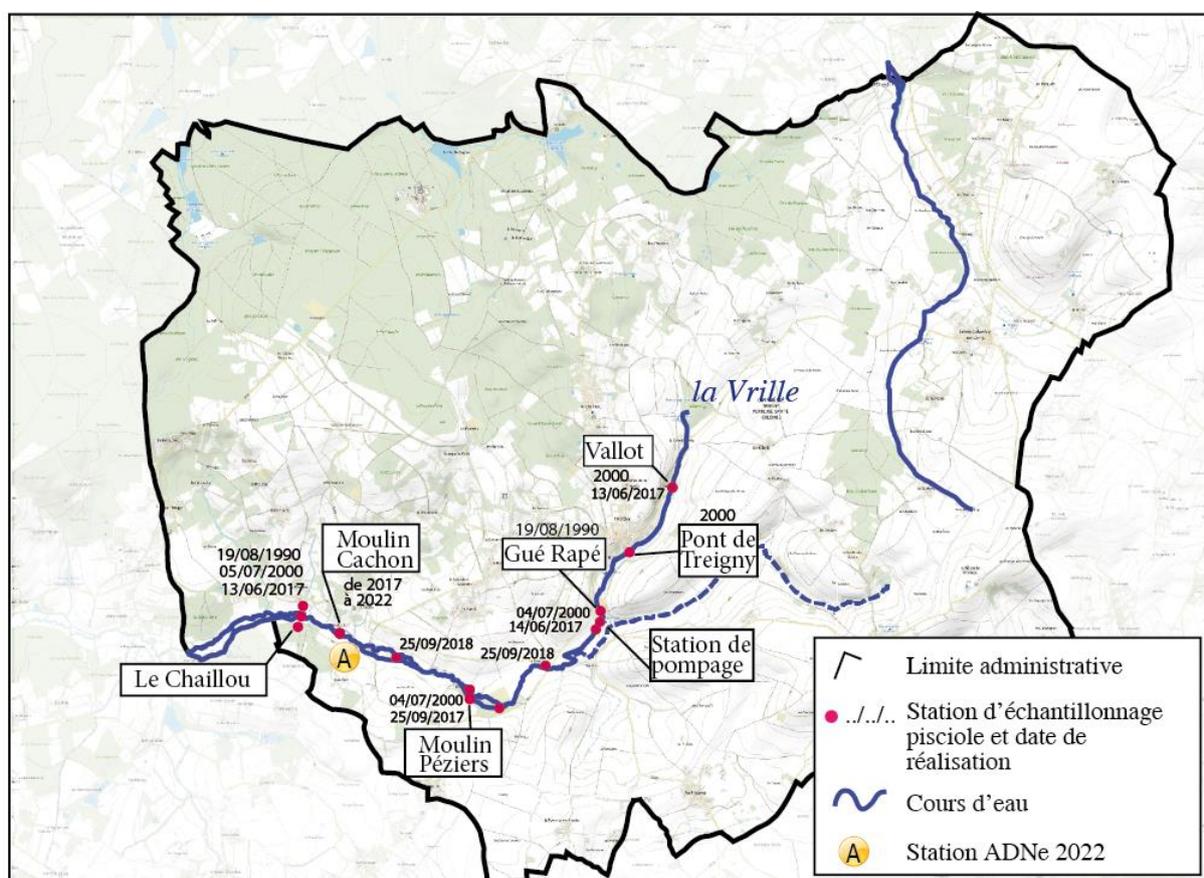


Planche 2 : Localisations et dates des stations d'échantillonnage sur la Vrille.

Les résultats exposés intègrent les données de présence-absence des espèces piscicoles échantillonnées entre 1990 et 2022, toutes techniques d'échantillonnage confondues (Tableau 1).

Tableau 1 : Espèces piscicoles capturées sur la Vrille de 1990 à 2022.

		Gué Rapé	Chaillou	Moulin Péziers	Vallot	Moulin Cachon	Chaillou	Pont de Treigny	Vallot
		X: Y:							
Nom scientifique	Nom Vernaculaire	1990 PE ¹	1990 PE	2000 PE	2000 PE	2000 PE	2000 PE	2000 PE	2017 PE
<i>Cottus sp.</i>	Chabot								
<i>Phoxinus sp.</i>	Vairon								
<i>Salmo trutta</i>	Truite fario								
<i>Barbatula barbatula</i>	Loche franche								
<i>Rutilus rutilus</i>	Gardon								
<i>Pungitius pungitius</i>	Epinochette								
<i>Gasterosteus aculeatus</i>	Epinoche								
<i>Lampetra planeri</i>	Lamproie de planer								
<i>Gobio gobio</i>	Goujon								
<i>Squalius cephalus</i>	Chevaine								
<i>Ameiurus melas</i>	Poisson chat								

		Stat. pompage	Moulin Péziers	Chaillou	Moulin Cachon						
Nom scientifique	Nom Vernaculaire	2017 PE	2017 PE	2017 PE	2017 PE	2018 PE	2019 PE	2020 PE	2021 PE	2022 PE	2022 ADNe
<i>Cottus sp.</i>	Chabot										
<i>Phoxinus sp.</i>	Vairon										
<i>Salmo trutta</i>	Truite fario										
<i>Barbatula barbatula</i>	Loche franche										
<i>Lampetra planeri</i>	Lamproie de planer										
<i>Gobio gobio</i>	Goujon										
<i>Squalius cephalus</i>	Chevaine										
<i>Alburnoides bipunctatus</i>	Spirlin										

¹ Pêche électrique

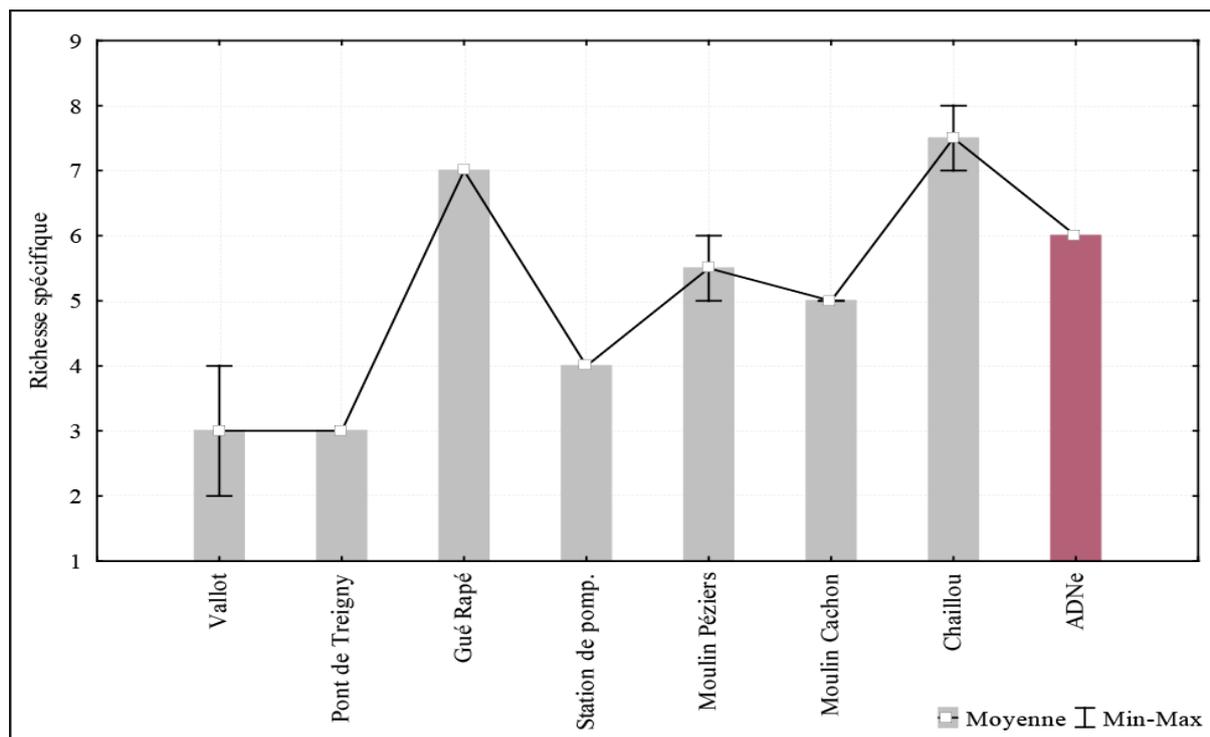


Figure 1 : Richesse spécifique stationnelle sur la Vrille entre 1990 et 2022, évaluée par pêche électrique et ADNe. Stations classées de l’amont à l’aval.

La diversité spécifique stationnelle (Figure 1), sur la période considérée, présente une grande variabilité, notamment sur les données de 1990 et 2000. Plusieurs espèces ont été capturées de façon anecdotique comme le poisson chat, l’épinoche et/ou l’épinochette, le gardon et le chevaine. Ces espèces devaient se tenir dans les nombreux biefs des moulins qui jalonnaient le cours d’eau et qui étaient sûrement plus « fonctionnels » qu’actuellement.

Les données ADNe (Annexe 2) font apparaître du chevaine et du goujon dans le peuplement alors que ces derniers étaient rarement présents dans les échantillonnages piscicoles depuis 2000. A l’inverse, la lamproie de planer ainsi que le spirilin n’ont pas été détectés par l’ADNe. La lamproie de planer, est une espèce faiblement représentée sur la Vrille, de plus elle est benthique et peu mobile, ce qui engendre un faible relargage des molécules d’ADN dans le milieu, hors période de reproduction. Pour le Spirilin, ce dernier n’a été échantillonné que sur la station la plus basale du bassin versant au lieu-dit « Le chaillou » en 2017. Nous pouvons considérer cette espèce comme toujours présente dans le milieu.

Ainsi, la diversité spécifique sur le bassin versant de la Vrille en 2022 peut être estimée à 8 espèces piscicoles :

- Chabot
- Vairon
- Chevaine
- Spirilin
- Lamproie de planer
- Goujon
- Truite fario
- Loche franche

3.2. BASSIN VERSANT DU LOING

Deux communes sont concernées par ce cours d'eau, qui prend sa source sur la commune de Treigny puis s'écoule sur la commune de Moutiers.

Plusieurs stations d'inventaires piscicoles ont été échantillonnées en 1996 et 2015 (Planche 3) (Tableau 2). A noter, la présence de deux importants plans d'eau situés sur le cours du Loing, l'étang de Moutiers et l'étang de l'Orme du Pont

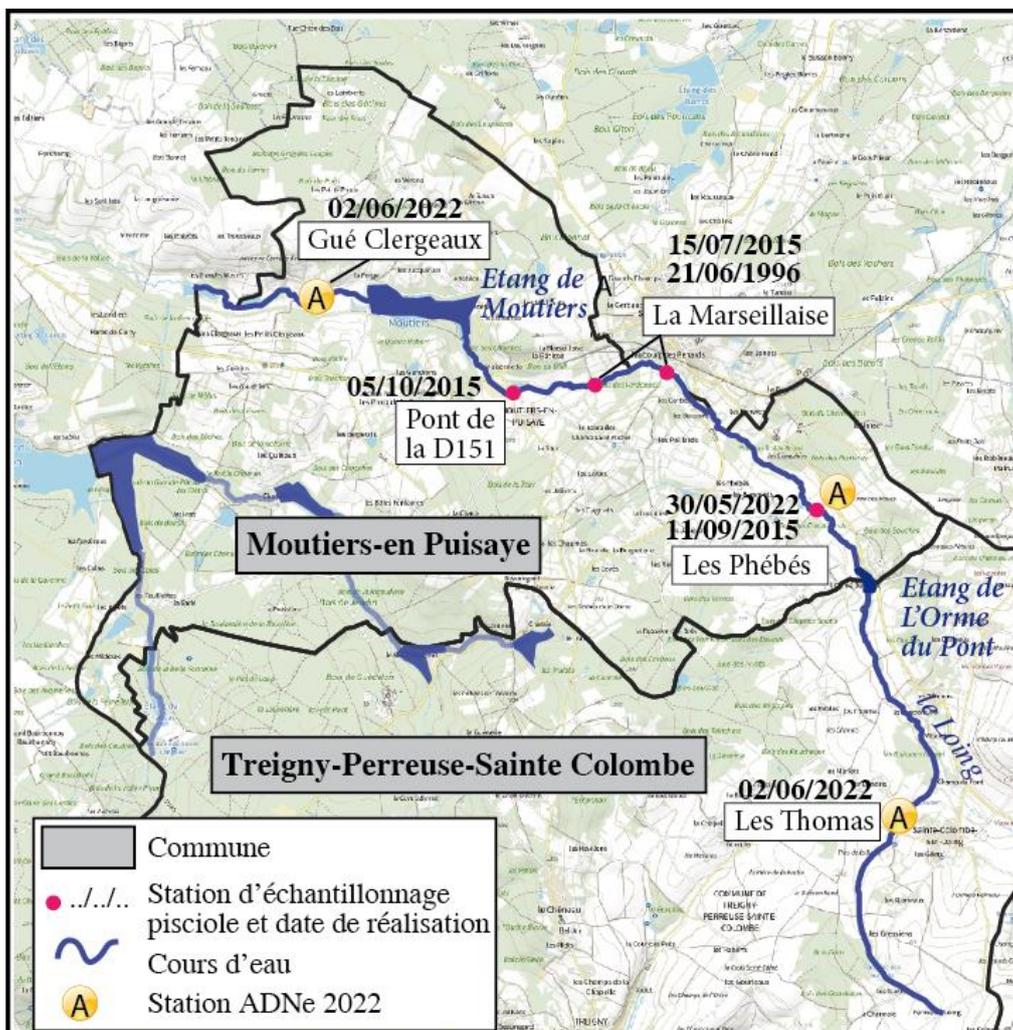


Planche 3 : Localisations et dates des stations d'échantillonnage sur le Loing.

Tableau 2 : Espèces piscicoles capturées sur le Loing entre 1996 et 2022.

		La Marseillaise	Pont D 151	La Marseillaise	Les Phébés	Gué Clergeaux	Les Phébés	Les Thomas
Nom scientifique	Nom Vernaculaire	1996 PE	2015 PE	2015 PE	2015 PE	2022 ADNe	2022 ADNe	2022 ADNe
<i>Ameiurus melas</i>	Poisson chat							
<i>Abramis brama</i>	Brème commune							
<i>Barbatula barbatula</i>	Loche franche							
<i>Blicca bjoerkna</i>	Brème bordelière							
<i>Carassius sp.</i>	Carassin							
<i>Cottus sp.</i>	Chabot							
<i>Cyprinus carpio</i>	Carpe commune							
<i>Esox luscus</i>	Brochet							
<i>Gobio gobio</i>	Goujon							
<i>Lepomis gibbosus</i>	Perche soleil							
<i>Perca fluviatilis</i>	Perche commune							
<i>Phoxinus sp.</i>	Vairon							
<i>Rutilus rutilus</i>	Gardon							
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotengle							
<i>Sander lucioperca</i>	Sandre							
<i>Silurus glanis</i>	Silure							
<i>Squalius cephalus</i>	Chevaine							

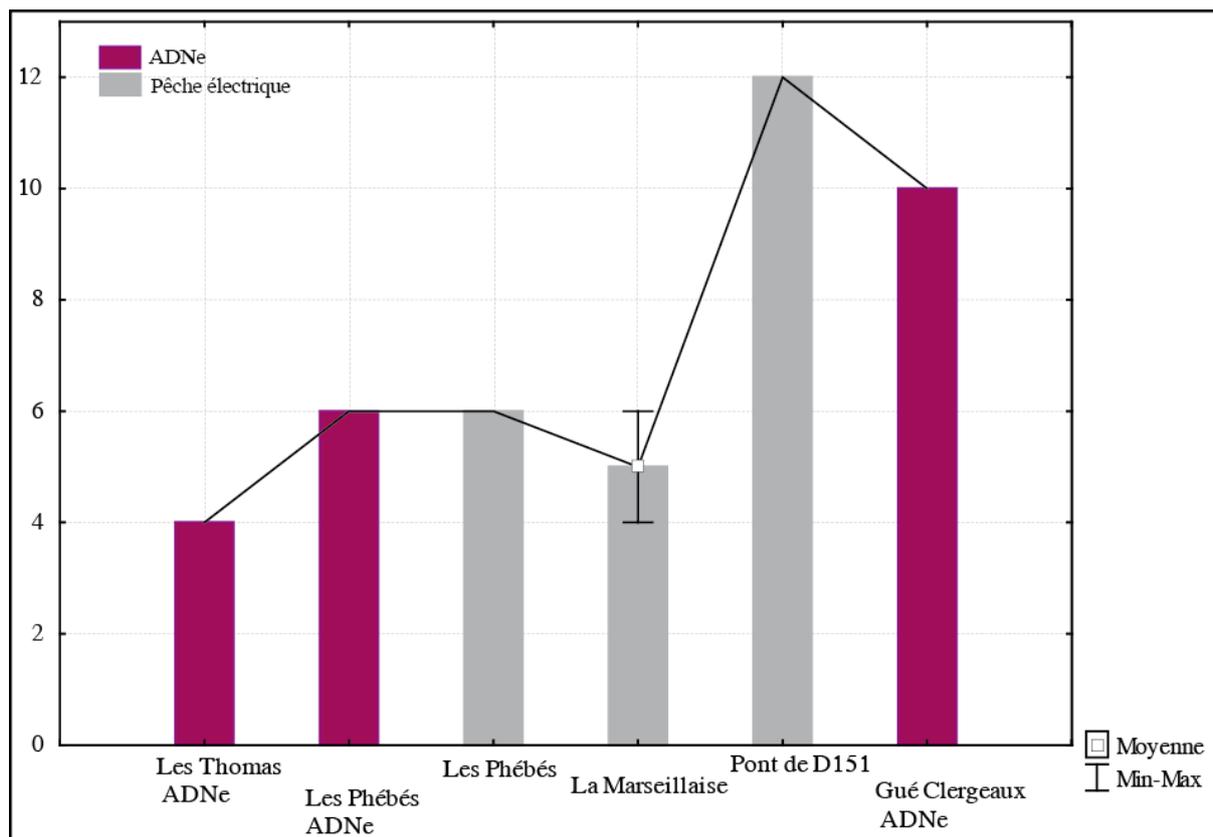


Figure 2 : Richesse spécifique stationnelle sur le Loing entre 1996 et 2022, évaluée par pêche électrique et ADNe. Stations classées de l'amont à l'aval.

Sur les 13 kilomètres de cours d'eau considérés (de la source du Loing à la limite communale), la richesse spécifique augmente logiquement de 4 espèces piscicoles « Aux Thomas » à 12 espèces piscicoles au niveau du pont de la D151 (Figure 2),

La station la plus apicale est composée, d'après les analyses ADNe, de loche franche, de vairon, de chabot et de gardon. Si cette dernière espèce provient des étangs situés sur le cours d'eau, il subsiste malgré tout un peuplement typique de cours d'eau frais de type salmonicole (composé du vairon, du chabot et de la loche franche). Sur ce secteur amont, la lamproie de planer et la truite fario n'ont pas été détectées alors que ces espèces étaient historiquement présentes.

Plus à l'aval au lieu-dit « les Phébés », la station présente une richesse spécifique composée de 6 espèces en 2022, suite aux analyses ADNe. Le peuplement composé de la loche franche, du chabot, du goujon, du vairon, du chevaine et du rotengle, est cohérent avec un milieu lotique relativement frais, à l'exception du rotengle. Cette dernière espèce est caractéristique des plans d'eau, et provient certainement de l'étang de l'Orme du Pont qui se situe à l'amont de la station. En 2015, l'échantillonnage piscicole à l'électricité avait permis la capture du même nombre d'espèces mais le vairon n'avait été capturé, par contre la perche commune complétait l'inventaire.

La station située au niveau du pont de la D151, à l'amont immédiat de l'étang de Moutiers, a été échantillonnée en 2015 et présentait un peuplement composé de 12 espèces piscicoles. L'analyse du peuplement fait ressortir des espèces inféodées au petit cours d'eau comme le chabot, la loche franche, le chevaine et le goujon, ainsi que des espèces issues des étangs comme la brème, le poisson chat, le brochet, la perche soleil, le gardon, le rotengle et le sandre.

La dernière analyse ADNe a été effectuée à l'aval de l'étang de Moutiers au lieu-dit « Gué Clergeaux ». 10 espèces ont été détectées, provenant majoritairement de l'étang de Moutiers, comme le silure, le sandre, le gardon, la carpe, le carassin, le poisson chat et la brème. Seules trois espèces (chabot, goujon et chevaine) sont inféodées au milieu lotique.

3.3. BASSIN VERSANT DU BRANLIN

Le Branlin s'écoule sur deux communes, Saints-en-Puisaye et Saint-Sauveur-en-Puisaye. Il n'existe aucune donnée émanant de pêche d'échantillonnage sur la tête de bassin du Branlin. Les seules données proviennent de l'étude sur la Mulette épaisse (Biotope, 2019) commandée par la communauté de communes de Puisaye-Forterre dans le cadre de la mise en œuvre des Docob Natura 2000. Un point d'échantillonnage par ADNe avait été effectué, fournissant des données piscicoles ainsi que sur les bivalves (Planche 4). En 2022, deux nouvelles stations ont été échantillonnées sur le Branlin afin de compléter et de comparer avec les résultats de 2019 (Tableau 3).

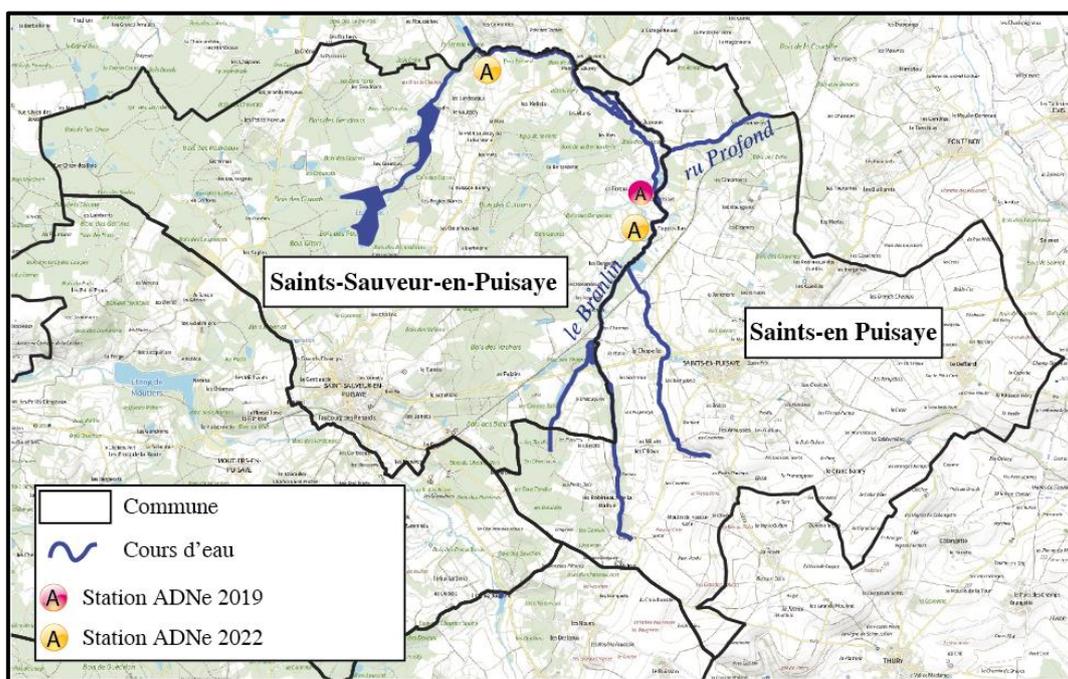


Planche 4 : Localisations des stations ADNe sur le Branlin.

Tableau 3 : Espèces piscicoles capturées sur le Branlin en 2019 et 2022.

Nom scientifique	Nom Vernaculaire	Le Branlin	Le Branlin	Le Branlin
		Aux Bressus - 2019	Aux Dupuits - 2022	Les Comailles - 2022
			X: Y:	
<i>Ameiurus melas</i>	Poisson chat			
<i>Anguilla anguilla</i>	Anguille	(*) ²	(*)	
<i>Barbatula barbatula</i>	Loche franche			
<i>Cottus sp.</i>	Chabot			
<i>Cyprinidae - Complexe 2</i>	Amour blanc & Carpe argentée			
<i>Cyprinidae - Complexe 4</i>	Ablette & Rotengle			
<i>Cyprinus carpio</i>	Carpe commune			
<i>Esox lucius</i>	Brochet			
<i>Gobio sp.</i>	Goujon			
<i>Lampetra sp.</i>	Lamproie			
<i>Lepomis gibbosus</i>	Perche soleil			
<i>Leucaspis delineatus</i>	Able de Heckel			
<i>Leuciscus sp.</i>	Vandoise			
<i>Micropterus salmoides</i>	Black bass			
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Truite Arc-en-ciel			
<i>Perca fluviatilis</i>	Perche commune			
<i>Phoxinus sp.</i>	Vairon			
<i>Pungitius pungitius</i>	Epinochette			
<i>Rhodeus amarus</i>	Bouvière			
<i>Rutilus rutilus</i>	Gardon			
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotengle			
<i>Squalius cephalus</i>	Chevaine			
<i>Tinca tinca</i>	Tanche			

² Quantité d'ADN insuffisante pour certifier la présence du taxon

Le Branlin présente une importante richesse spécifique notamment en 2022 avec 19 espèces détectées sur la station amont « Aux Dupuits » et 21 espèces détectées sur la station la plus basale « Les Comailles » (Figure 3).

14 espèces supplémentaires ont été détectées en 2022 par rapport aux analyses de 2019 (au lieu-dit « Aux Bressus ») avec notamment la présence de tanche, chevaine, rotengle, gardon, bouvière, épinochette, vairon, truite arc-en-ciel, black bass, vandoise, able de Heckel, goujon, brochet, carpe amour blanc ou argentée.

Deux peuplements se distinguent à partir des analyses ADNe de 2022 :

- un premier cortège d'espèces inféodées aux petits cours d'eau frais comme le chabot, la loche franche, le goujon, la lamproie de planer, la vandoise et le chevaine.

- un second cortège d'espèces inféodées aux milieux lentiques provenant des nombreux étangs qui jalonnent le linéaire du Branlin comme la tanche, le rotengle, le gardon, la bouvière, la perche commune, le black bass, l'able de Heckel, la perche soleil, le brochet, la carpe, l'ablette, la carpe amour et le poisson chat.

L'anguille n'est pas formellement détectée car la quantité d'ADN n'était pas suffisante pour affirmer sa présence. Cette espèce est connue sur le bassin versant du Branlin notamment sur la commune de Mézilles (Comm. Pers.) (Biotope, 2019), commune située juste à l'aval du point de prélèvement « Les Comailles ».

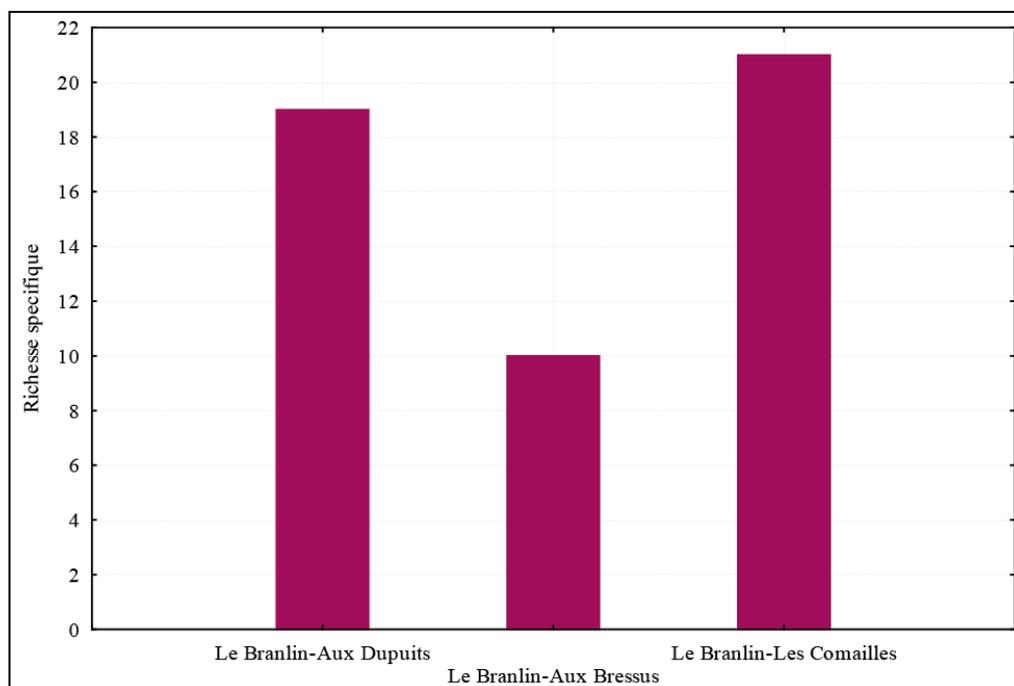


Figure 3 : Richesse spécifique des stations échantillonnées en 2019 (Aux Bressus) et 2022 sur le Branlin par ADNe. Stations classées de l'amont à l'aval

3.4. BASSIN VERSANT DU RUISSEAU DU BOURDON

Le ruisseau du Bourdon prend sa source sur la commune de Treigny et conflue avec le Loing sur la commune de Saint Fargeau (Planche 5). Un chapelet d'étangs punctue toute la tête de bassin du cours d'eau avec un écoulement potentiellement intermittent entre les étangs notamment en période estivale. Les données piscicoles sont lacunaires (absence d'inventaire par pêche électrique) et se limitent aux inventaires effectués lors des vidanges des plans d'eau.

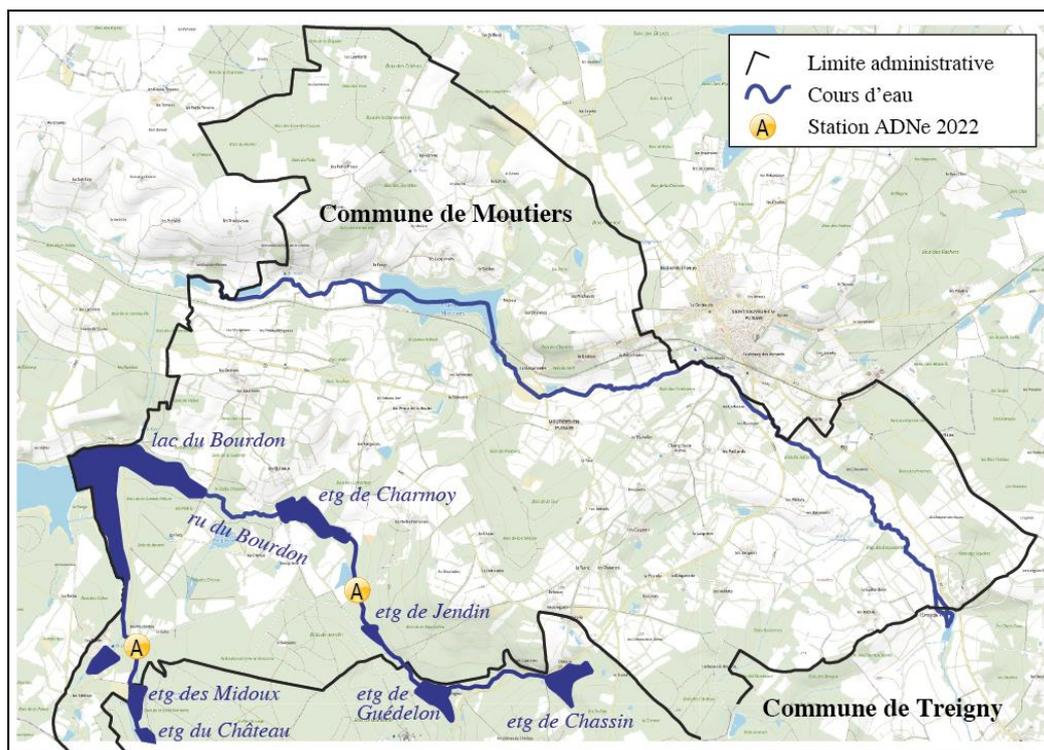


Planche 5 : Bassin versant du ruisseau du Bourdon.

Les données piscicoles résultant des analyses ADNe (Tableau 4) montrent l'existence d'un peuplement inféodé aux milieux lotiques, localisé entre les étangs. Ce peuplement, minimaliste, se caractérise notamment par la présence de la lamproie de Planer, du chevaine, du goujon, et de la loche franche (uniquement sur le ru des Feuillettes).

Les différents taxons peuplant les étangs situés sur la tête de bassin du ruisseau du Bourdon, sont largement détectés comme le poisson chat, l'ablette, le brochet, la perche soleil, la perche commune, le gardon, le rotengle, la tanche et potentiellement le silure.

Tableau 4 : Espèces piscicoles détectées par l'ADNe en 2022.

		Entre Charmoy et Jendin	Ru des Feuillettes
Nom scientifique	Nom Vernaculaire		
<i>Ameiurus melas</i>	Poisson chat		
<i>Cyprinidae complexe</i>	Ablette & Rotengle		
<i>Barbatula barbatula</i>	Loche franche		
<i>Esox luscius</i>	Brochet		
<i>Gobio gobio</i>	Goujon		
<i>Lepomis gibbosus</i>	Perche soleil		
<i>Perca fluviatilis</i>	Perche commune		
<i>Lampetra sp.</i>	Lamproie de planer		
<i>Rutilus rutilus</i>	Gardon		
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotengle		
<i>Silurus glanis</i>	Silure		(*)
<i>Squalius cephalus</i>	Chevaine		
<i>Tinca tinca</i>	Tanche		

(*) Quantité d'ADN insuffisante pour certifier la présence du taxon

La richesse spécifique est « surévaluée » (Figure 4), sur les deux stations d'échantillonnage, par la détection d'espèces évoluant dans les plans d'eau. Le nombre de taxons est compris entre 10 et 11 alors que théoriquement il devrait évoluer entre 4 et 6 espèces sans la présence des étangs.

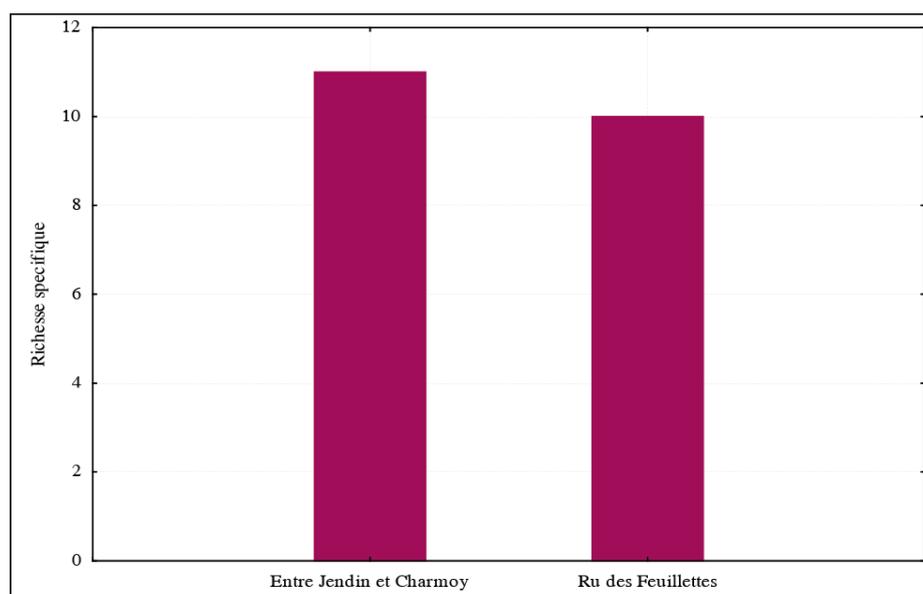


Figure 4 : Richesse spécifique des stations échantillonnées en 2022 par ADNe.

3.5. SYNTHÈSE

La représentation spécifique stationnelle (Figure 5a) basée sur le nombre de séquences d'ADN lu, permet d'avoir une approche globale des peuplements piscicoles sur les cours d'eau étudiés. Mais la relation entre abondance spécifique et le nombre de séquences d'ADN doit être nuancée car la quantité d'ADN dérivants est corrélée à de nombreuses variables biologiques et abiotiques.

Bien que figurative, l'illustration met l'accent sur une forte représentation de la loche franche et du chabot, sur l'ensemble du territoire, en terme de quantité de séquences lues et d'occurrences. Ces deux espèces sont inféodées aux têtes de bassin et leurs presences sont concordantes avec la typologie des cours d'eau étudiés.

L'absence du chabot est remarquable sur la bassin versant du ruisseau du Bourdon et indique un dysfonctionnement de l'hydrosystème. Le chapelet d'étangs sur ce secteur doit impacter thermiquement, qualitativement et quantitativement la masse d'eau. La disparition de l'espèce est certainement la résultante d'un ensemble de facteurs et la recolonisation est impossible du fait de la fragmentation de l'habitat.

Dans une moindre mesure, des espèces comme le goujon et le chevaine ont une représentativité moyenne en terme de nombre de séquences d'ADN lues, mais possèdent une forte occurrence (détection sur 14 filtrations/16). Ces deux espèces, aux exigences écologiques moins élevées que le chabot et la loche franche, trouvent sur le territoire d'étude des conditions idéales pour leur développement.

Les taxons inféodés aux milieux lentiques ont été largement détectés sur l'ensemble de la zone d'étude. Sur les 28 taxons répertoriés, 16 taxons se trouvent plus généralement en plan d'eau. Ainsi, le poisson chat, la perche soleil, la perche commune ou le gardon sont fortement présents dans les résultats de l'échantillonnage.

La non détection d'espèces emblématiques sur le territoire de l'ABI, qui abrite les têtes de bassin du Loing, du Branlin et de la Vrille, implique des dysfonctionnements importants sur ces masses d'eau. En effet, la truite fario a été détectée uniquement sur la Vrille, où elle colonise l'intégralité du linéaire mais n'a pas été détectée sur les autres cours d'eau. Les modifications globales des bassins versants, les nombreux étangs qui impactent le milieu, les travaux historiques etc..., ont dégradé les hydrosystèmes qui sont devenus incompatibles avec le développement de l'espèce.

Le second taxon, absent du territoire ou très peu présent (traces d'ADN uniquement, pas suffisantes pour confirmer l'espèce) est l'anguille européenne. Ce migrateur amphihaline thalassotoque (reproduction en mer et croissance en eau douce) devrait théoriquement coloniser l'ensemble des têtes de bassin versant étudiées. La présence de l'espèce est avérée sur les cours d'eau en question, mais à l'aval de territoire de l'ABI (Comm. pers.). Les secteurs amont semblent inaccessibles à l'espèce, qui est déjà peu présente et bloquée par les nombreux ouvrages qui jalonnent ces cours d'eau.



Figure 5 : Abondance des taxons, basée sur le nombre de séquences lues pour les 2 prélèvements par station (a). (b) Richesse spécifique maximale stationnelle relevée par l'ADNe.

La diversité spécifique des cours d'eau étudiés est comprise entre 4 (Le Loing Aux Thomas) et 21 (La Branlin Aux Cornailles) (Figure 5b). Les peuplements piscicoles sont organisés longitudinalement sur un hydrosystème. Les conditions du milieu diffèrent entre les zones apicales et basales (thermie, hydrologie, physico- chimie, pente, etc...), associées aux exigences écologiques des espèces, cela conditionne la répartition des taxons sur le linéaire du cours d'eau. Ainsi, la richesse spécifique s'accroît de l'amont à l'aval, en corrélation aux modifications physico chimiques et trophiques du milieu (Amorros et Petts, 1993).

Sur ce pattern de distribution des espèces, se greffe les perturbations anthropiques comme les étangs et les ouvrages divers... qui modifient les conditions de l'hydrosystème et permettent la présence de certaines espèces piscicoles en dehors de leurs zones théoriques de développement. Ainsi, les richesses spécifiques observées sur les cours d'eau étudiés, notamment sur le ruisseau du Bourdon et sur le Loing, sont impactées par de nombreux taxons qui ne devraient, théoriquement, pas être présents.

Il est particulièrement difficile d'appréhender la diversité spécifique de l'ensemble des cours d'eau étudiés à partir d'une seule campagne de prélèvements d'ADNe. Si la Vrille bénéficie de nombreuses données émanant des échantillonnages réalisés depuis plusieurs années, cela n'est pas le cas pour les autres cours d'eau.

Les poissons sont des organismes qui ont une capacité de déplacement particulièrement élevée. Cette mobilité, tant transversale que longitudinale est guidé par le cycle biologique : notamment la reproduction mais aussi la croissance et l'alimentation ainsi que l'hydrologie. Cette dynamique de déplacement est variable suivant les espèces et conditionne en partie les résultats des analyses d'ADNe.

La quantité de fragments d'ADN dérivants dans la colonne d'eau, captée lors de l'échantillonnage, est dépendante de nombreux facteurs. Si la thermie et les ultra-violets, entre autres, dégradent l'acide désoxyribonucléique ; les conditions hydrologiques ainsi que les périodes de reproduction des espèces influent positivement sur la détection de l'ADNe des communautés piscicoles (Milhau T., Valentini A., Poulet N., 2019).

Il aurait été souhaitable de multiplier les analyses sur les cours d'eau en fonction des périodes de reproduction et de l'hydrologie afin de détecter un nombre d'espèces plus important et de repérer les espèces rares.

BIBLIOGRAPHIE

Amoros, C. et Petts, G.E., réd. (1993). *Hydrosystèmes fluviaux*. Collection Écologie no 24, Masson, Paris, xix + 300 p., 110 fig., 20 tabl., 16 x 24 cm, 290FF. ISBN 2-225-842246-9.

Blatter O., 2017. Etude de la fonctionnalité piscicole d'un affluent de la Loire. Le ruisseau de la Vrille. 87p.

Biotope, 2019. Recherche de la Mulette épaisse sur le site de la Vallée du Branlin ainsi que ses affluents (89). Rapport méthodologique, CC de Puisaye Forterre. 31 p.

Milhau T., Valentini A., Poulet N., *et al.*, 2019. Seasonal dynamics of riverine fish communities using eDNA. *J Fish bio.* 2019 ;1-12.

ANNEXES

Certificat de formation - 2021

N° 21070

REMIS À

Olivier BLATTER

SPYGEN certifie que la personne susmentionnée a été formée par un formateur agréé à la réalisation des expertises VigiDNA[®] ci-dessous :

EXPERTISES CONCERNÉES

- Expertises VigiDNA[®] S et M en milieux aquatiques stagnants (échantillonnage et interprétation des données génétiques)
- Expertises VigiDNA[®] S et M en milieux aquatiques courants (échantillonnage et interprétation des données génétiques)
- Expertises VigiDNA[®] M à partir de fèces et de miel (échantillonnage et interprétation des données génétiques)

FORMATION ET CERTIFICATION

Date de formation : 7 Avril 2021

Formateur : Éléa ROSTAING ; elea.rostaing@spygen.com

Début de la certification : 7 Avril 2021

Fin de la certification : 7 Avril 2026 (sous réserve du respect des protocoles et règles de bonnes pratiques fournis par SPYGEN)

Signature du représentant de SPYGEN :



Le Bouget du Lac, 7 Avril 2021

SPYGEN[®]



Nom scientifique	Base de référence	Aval Boutissaint		Aval Boutissaint		Cachon		Cachon		Entre Charmoy et Jendlin	
		SPV222292	SPV222293	SPV222294	SPV222295	SPV222290	SPV222290				
		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>	SPVGEN										
<i>Ameiurus meilis</i>	SPVGEN	11	4 904	11	4 042					11	14 664
<i>Anguilla anguilla</i>	SPVGEN										
<i>Barbatula barbatula</i>	SPVGEN	11	164 648	11	156 797						
<i>Barbatula sp.</i>	SPVGEN					11	17 783	11	13 808		
<i>Carassius sp.</i>	SPVGEN										
<i>Cottus sp.</i>	SPVGEN					11	32 370	11	29 084		
<i>Cyprinidae - Complexe 2</i>	SPVGEN										
<i>Cyprinidae - Complexe 4</i>	SPVGEN									11	4 865
<i>Cyprinus carpio</i>	SPVGEN										
<i>Esox lucius</i>	SPVGEN	11	2 935	11	2 608					5	249
<i>Gobio sp.</i>	SPVGEN	11	65 240	11	69 753	11	1 479	11	1 512	11	100 687
<i>Lampetra sp.</i>	SPVGEN	7	154	7	128					3	153
<i>Lepomis gibbosus</i>	SPVGEN	11	60 867	11	69 972					11	7 631
<i>Leuciscus delinectus</i>	SPVGEN										
<i>Leuciscus sp.</i>	SPVGEN										
<i>Micropterus salmoides</i>	SPVGEN										
<i>Onchorhynchus mykiss</i>	SPVGEN										
<i>Perca fluviatilis</i>	SPVGEN	11	8 721	11	8 768					11	25 858
<i>Phoxinus sp.</i>	SPVGEN					11	149 153	11	203 065		
<i>Pungitius pungitius</i>	SPVGEN										
<i>Rhodeus amarus</i>	SPVGEN										
<i>Rutilus rutilus</i>	SPVGEN			8	1 270					9	3 512
<i>Salmo trutta</i>	SPVGEN					11	17 738	11	12 372		
<i>Sander luciperca</i>	SPVGEN										
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	SPVGEN			2	187					1	314
<i>Silurus glanis</i>	SPVGEN		*		*						
<i>Squalius cephalus</i>	SPVGEN	11	15 765	11	17 776	11	541	10	554	11	79 244
<i>Tinca tinca</i>	SPVGEN									5	1 043

Entre Charmoy et Jendrin		Le Branlin -Cornailles		Le Branlin -Cornailles		Le Branlin -Aux Dupuits		Le Branlin -Aux Dupuits		Le Loing- Aux Thomas	
SPY222291		SPY222282		SPY222283		SPY222280		SPY222281		SPY222284	
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
11	13 372	12	2 980	12	1 578	12	18 936	12	7 031		
			*				*				
		12	172 824	12	158 583	12	140 373	12	68 524	12	235 774
		12	84 509	12	58 806	12	387 719	12	246 885	12	115 178
						2	55	6	227		
5	764	7	1 608	10	2 224	3	332	6	151		
		3	60	2	36	2	44	4	77		
8	425	12	9 665	11	1 491	10	4 151	6	857		
11	105 664	12	63 885	12	46 171	12	12 016	12	6 231		
4	121	9	180	7	147	12	1 585	11	586		
11	10 624	12	17 214	12	11 003	12	22 884	12	14 309		
		2	40			5	113	1	15		
		12	3 911	12	3 313	6	370	9	339		
		3	73	5	115						
		4	88	2	31	7	443	7	303		
11	24 835	12	16 452	12	12 484	10	740	11	710		
		12	1 118	12	856					11	494
		4	119	1	18	11	8 757	12	1 327		
		6	133	10	617						
9	1 339	12	2 449	12	1 509	12	7 330	12	4 118	12	1 211
5	882	12	3 186	12	2 495	8	881	7	288		
11	84 057	12	18 526	12	14 300	12	5 038	12	1 974		
		12	1 068	11	704	7	786	5	132		

Le Loing- Aux Thomas SPY222285		Le Loing- Les Phébés SPY222286		Le Loing- Les Phébés SPY222287		Le Loing- Gué Clergeaux SPY222288		Le Loing- Gué Clergeaux SPY222289	
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
						6	19 659	9	18 569
						9	9 618	9	9 686
12	241 775	12	239 350	12	273 618				
						9	9 536	12	7 214
12	122 999	12	31 004	12	36 523			2	4 454
			*						
						11	8 542	11	14 815
		12	97 716	12	93 898	12	134 172	12	99 463
10	471	9	146						
12	1 284					4	3 925	4	6 272
						8	9 330	3	8 584
		8	195	4	157				
						3	4 036	3	940
		12	95 670	12	101 741	12	76 527	12	44 016