



FÉVRIER 2025

RECHERCHE DE LA GRANDE MULETTE ET DE SES POISSONS HÔTES DANS L'INDRE (36)

AVEC LA PARTICIPATION DE :

RÉDIGÉ PAR :
T. LIGOUT & R. VILLALTA



Recherche de la Grande mulette et de ses poissons hôtes dans l'Indre (36)

| | |
|----------------------------------|---|
| Organisme | Indre Nature / Fédération de l'Indre pour la Pêche et la Protection du Milieu Aquatique (FDAAPPMA 36) |
| Réalisation | <p>Inventaires :</p> <p>Indre Nature : Antoine AMAT, Thibault LIGOUT</p> <p>FDAAPPMA 36 : Bruno BARBEY, Flavie BLANCHETON, Philémon LANGE, Tiziano RIGAL, Rémi VILLALTA</p> <p>OFB : Dominique ENIQUE, Coline LEGENDRE, Sébastien MATHIEU, Christophe PETIT, Estelle SOLEM</p> <p>Rédaction : Thibault LIGOUT et Rémi VILLALTA</p> |
| Date de publication | Février 2025 |
| Financements | Fonds Vert, Fédération Nationale de la Pêche en France et de la protection du milieu aquatique (FNPF) |
| Localisation | Département de l'Indre (36). Région Centre-Val de Loire |
| Objectifs de l'étude | <p>Améliorer les connaissances au sujet de la Grande Mulette et de ses poissons-hôtes dans l'Indre.</p> <p>Dans le cas où l'espèce est détectée :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Permettre la prise en compte de la Grande mulette dans les projets d'aménagements où elle est présente. - Communiquer au sujet du PNA et de la Grande Mulette dans les secteurs où elle est présente |
| Référence bibliographique | LIGOUT, T., & VILLALTA, R. (2025). <i>Recherche de la Grande mulette et de ses poissons hôtes dans l'Indre (36)</i> . Indre Nature et FDAAPPMA 36. 65 p. + Annexes |
| Mots-clefs | Grande Mulette, <i>Pseudunio auricularius</i> , Bivalves, Lamproie marine, Anguille européenne, Silure glane, Grande alose, Poissons, ADN environnemental, Anglin, Cher, Creuse, Fouzon, Indre |
| Couverture | Réalisation d'un prélèvement ADNe (©P. LANGE), Barque (©F. BLANCHETON) et Capsule de prélèvement et application du tampon de conservation (©R. VILLALTA). |
| Relecture | Hélène LOPEZ-NIEUL, Bruno BARBEY |

REMERCIEMENTS

Nous adressons nos sincères remerciements au Fonds vert pour le financement de ce projet. Nous remercions également les services de la DREAL pour l'instruction du dossier, ainsi que la DDT de l'Indre pour son précieux appui.

Nous remercions également toutes les personnes ayant participé à la mise en place et à la réalisation de cette étude, en particulier Bénédicte DUROZOI et Laurent JUSSERAND de la direction régionale Centre-Val de Loire de l'Office Français de la Biodiversité (OFB), ainsi que Cyril HERISSE, Chef de service départemental de l'OFB, pour leur appui méthodologique.

Enfin, un grand merci à l'équipe de terrain, notamment Antoine AMAT d'Indre Nature, ainsi qu'aux apprentis et stagiaires de la Fédération : Flavie BLANCHETON, Philémon LANGE et Tiziano RIGAL. Nous remercions également les agents de l'OFB : Dominique ENIQUE, Coline LEGENDRE, Sébastien MATHIEU, Christophe PETIT et Estelle SOLEM, pour leur précieuse collaboration.

Un grand merci à Daniel BRIALIX, élu au conseil d'administration de la Fédération et Président de l'AAPPMA la Gaule Chabriote pour sa connaissance du terrain et sa présence sur la station du Cher.

SOMMAIRE

| | |
|--|-----------|
| 1. Cadre d'étude | 7 |
| 1.1 Les espèces recherchées..... | 7 |
| 1.1.1 La Grande Mulette (<i>Pseudunio auricularius</i>)..... | 7 |
| 1.1.2 Les poissons hôtes de la Grande Mulette..... | 11 |
| 2. Matériels et méthodes | 15 |
| 2.1 L'ADN environnemental (ADNe)..... | 15 |
| 2.2 Protocole employé..... | 15 |
| 2.3 Choix des stations de prélèvement..... | 16 |
| 2.4 Résultats ADNe..... | 17 |
| 2.4.1 Forme des résultats | 17 |
| 2.4.1.1 Réplicas (poissons)..... | 17 |
| 2.4.1.2 Nombre de séquences (cas général)..... | 17 |
| 2.4.2 Limites de détection | 18 |
| 2.5 Plan d'échantillonnage..... | 19 |
| 3. Résultats | 21 |
| 3.1 Bivalves..... | 21 |
| 3.1.1 La Grande Mulette (<i>Pseudunio auricularius</i>)..... | 21 |
| 3.1.2 Autres Bivalves d'intérêt contactés | 21 |
| 3.1.3 Espèces exotiques envahissantes | 23 |
| 3.2 Poissons..... | 23 |
| 3.2.1 Les poissons hôtes de la Grande Mulette..... | 23 |
| 3.2.2 Autres Poissons d'intérêt contactés | 24 |
| 3.2.3 Espèces exotiques et règlementées..... | 25 |
| 3.3 Résultats par station | 26 |
| 3.3.1 Le Cher | 27 |
| 3.3.2 Le Fouzon..... | 29 |
| 3.3.3 L'Indre | 32 |
| 3.3.4 La Creuse..... | 42 |
| 3.3.5 L'Anglin | 50 |
| 4. Discussion | 57 |
| 4.1 La Grande Mulette et ses poissons hôtes | 57 |
| 4.2 Autres bivalves | 57 |
| 4.3 Autres poissons..... | 58 |
| 4.4 La méthode utilisée..... | 62 |
| 5. Conclusion | 63 |
| 6. Bibliographie / Webographie | 66 |

TABLE DES FIGURES

| | |
|---|----|
| Figure 1 : Photographie de Grandes Mulettes..... | 7 |
| Figure 2 : Cycle reproductif de la Grande Mulette | 8 |
| Figure 3 : Répartition passée et actuelle de la Grande Mulette..... | 9 |
| Figure 4 : Localisation des données de <i>Pseudunio auricularius</i> dans l'Indre | 10 |
| Figure 5 : Cycle de vie de l'Anguille européenne..... | 12 |
| Figure 6 : Cycle de vie de la Lamproie marine | 14 |
| Figure 7 : Vampir Sampler prêt à filtrer et la capsule de filtration | 16 |
| Figure 8 : Localisation des stations de prélèvement ADNe | 20 |
| Figure 9 : Localisation des données « Unionidae patrimoniaux »..... | 22 |
| Figure 10 : Localisation des données « Sphaeridae patrimoniaux » | 22 |
| Figure 11 : Localisation des données « Bivalves exotiques envahissants »..... | 23 |
| Figure 12 : Localisation des données « Poissons hôtes de <i>Pseudunio auricularius</i> »..... | 24 |
| Figure 13 : Localisation des données « Poissons à enjeux » | 25 |
| Figure 14 : Localisation des données « Poissons exotiques et réglementés » | 26 |
| Figure 15 : Localisation de la station de prélèvement sur le Cher..... | 27 |
| Figure 16 : Photographie de la station "Cher-1" | 27 |
| Figure 17 : Localisation des stations de prélèvement sur le Fouzon | 29 |
| Figure 18 : Photographie de la station "Fouzon-1" | 29 |
| Figure 19 : Localisation des stations de prélèvement sur l'Indre | 32 |
| Figure 20 : Photographie de la station "Indre-5" | 32 |
| Figure 21 : Localisation des stations de prélèvement sur la Creuse..... | 42 |
| Figure 22 : Photographie de la station "Creuse-5..... | 42 |
| Figure 23 : Localisation des stations de prélèvement sur l'Anglin..... | 50 |
| Figure 24 : Photographie de la station "Anglin-2" | 50 |

TABLE DES TABLEAUX

| | |
|--|----|
| Tableau I : Exemple de résultats d'analyses ADNe pour les poissons | 17 |
| Tableau II : Exemple de résultats d'analyses ADNe pour les bivalves..... | 17 |
| Tableau III : Liste bivalves (base SPYGEN); non identifiables à l'espèce | 18 |
| Tableau IV : Liste des taxons de Poissons (base SPYGEN) ; non identifiables à l'espèce | 18 |
| Tableau V : Liste des Bivalves à enjeux détectés | 21 |
| Tableau VI : Liste des Poissons hôtes détectés | 23 |
| Tableau VII : Liste des Poissons d'intérêt contactés | 24 |
| Tableau VIII : Liste des espèces piscicoles exotiques et réglementées..... | 25 |

1. Cadre d'étude

1.1 Les espèces recherchées

1.1.1 La Grande Mulette (*Pseudunio auricularius*)

La Grande Mulette (*Pseudunio auricularius*) appartient à la famille des Margaritiferidae, et est reconnaissable par sa forme singulière de laquelle elle tire son nom : *auricularius*. Toutefois, son principal critère de reconnaissance est sa taille (**Figure 1**). En effet, il s'agit du plus grand invertébré continental autochtone d'Europe, pouvant mesurer jusqu'à 18 cm et peser près de 500 g.



Figure 1 : Photographie de Grandes Mulettes (©V. PRIÉ)

- **Une biologie particulière**

Tout comme les autres espèces appartenant à l'ordre des Unionida, la Grande Mulette possède un cycle de vie particulièrement complexe. Chez cette espèce, la maturité sexuelle semble atteinte aux environs de cinq ans. Les individus peuvent être sexés ou hermaphrodites. La reproduction n'a lieu qu'une seule fois par an, au cours de l'hiver (décembre à mars). Les gamètes mâles sont libérés dans la colonne d'eau pour être absorbés par filtration par les femelles, la reproduction a lieu. Les œufs sont incubés, jusqu'à ce qu'ils prennent la forme de larves parasites nommées « glochidies ». Ces dernières sont expulsées dans le milieu à partir de mars et ce jusqu'à avril. Elles n'ont alors que quelques heures pour réussir à se fixer aux branchies d'un poisson hôte. La période d'enkystement est variable selon les conditions thermiques, allant d'une trentaine de jours (Wantzen & Araujo 2019), à 65 jours (Araujo & Ramos 2000a ; Araujo et al. 2002). À la fin de cet enkystement, les glochidies se métamorphosent pour devenir des juvéniles. Ces derniers se laissent tomber de leur hôte pour s'enfouir dans le sédiment et poursuivre leur croissance (**Figure 2**).

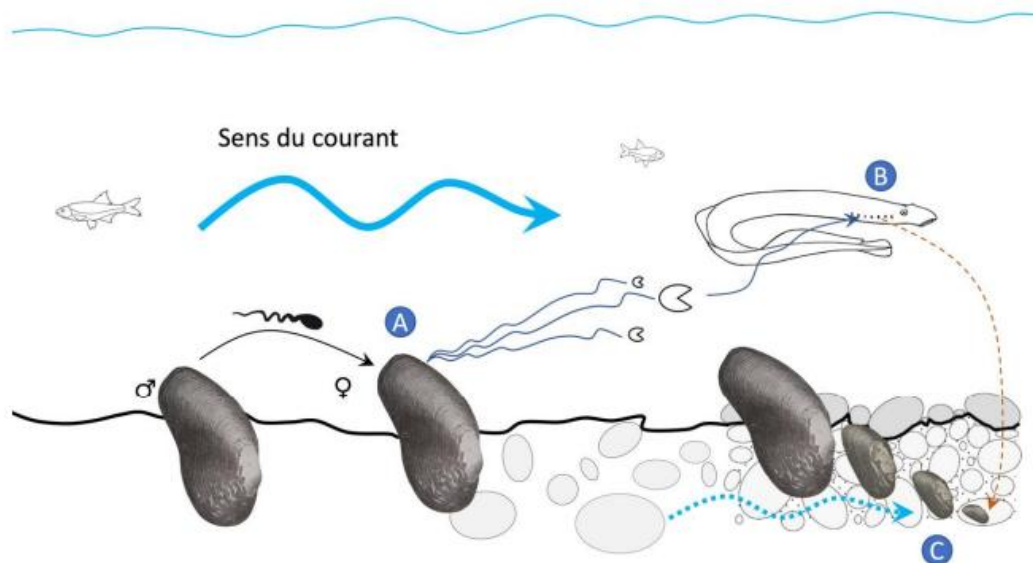


Figure 2 : Cycle reproductif de la Grande Mulette. A : fécondation et maturation des glochidies ; B : enkystement dans le poisson-hôte et métamorphose des glochidies ; C : croissance des juvéniles dans le sous-écoulement. Source : PNA 2022 - 2031 en faveur de la Grande Mulette (RICHARD N. & PRIÉ V. 2022)

• Répartition de l'espèce

La Grande Mulette est une espèce fréquentant les grands cours d'eau de basse altitude, situés dans un contexte alcalin et composés de substrats stables riches en graviers et en pierres fines.

Historiquement, elle était connue des grands fleuves d'Europe de l'ouest. Aujourd'hui sa répartition se limite à l'aval de quelques bassins versants en France et en Espagne (**Figure 3**) :

- Charente (Charente)
- Garonne (Dronne et Save)
- Adour (Adour, Arros et Luy)
- Loire (Creuse et Vienne)
- Ebre (Ebre)

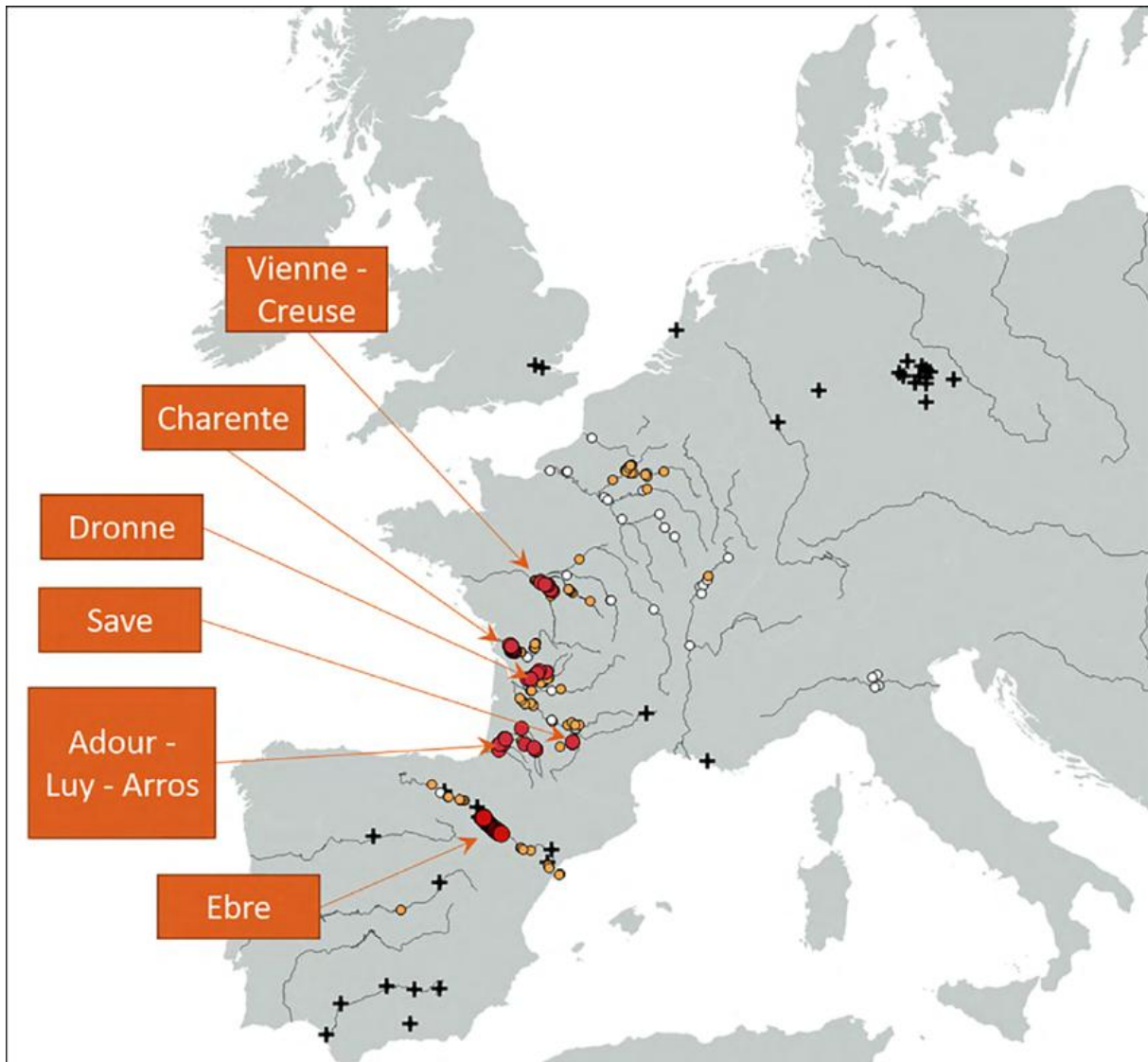


Figure 3 : Répartition passée et actuelle de la Grande Mulette (Prié et al. 2018). Points rouges : populations vivantes ; points jaunes : populations connues de coquilles uniquement ; points blancs : données historiques (bibliographie et spécimens de musées) ; croix noires : données fossiles. Source : PNA 2022 - 2031 en faveur de la Grande Mulette (RICHARD N. & PRIÉ V. 2022)

Dans le département de l'Indre, les observations de l'espèce se limitent à la partie de l'Indre aval (de Fléré-la-Rivière à Étretchet) où plusieurs dizaines de coquilles ont pu être récoltées (**Figure 4**). Aucune mention vivante de l'espèce n'a été faite dans le département.



Légende

- Cours d'eau échantillonnés
- Données de *Pseudunio auricularius* (Nombre de coquilles)

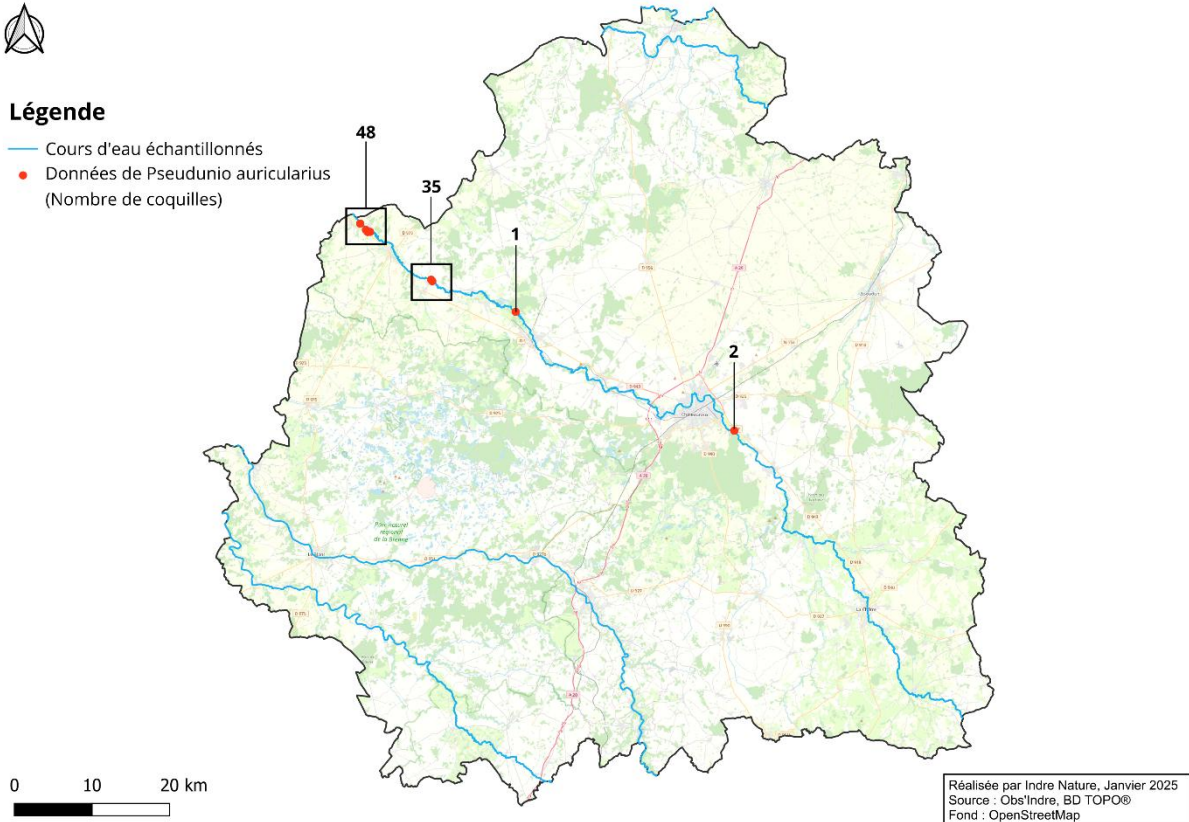


Figure 4 : Localisation des données de *Pseudunio auricularius* dans l'Indre

• Menaces, statuts de conservation et de protection

Parmi les bivalves dulçaquicoles d'Europe, la Grande Mulette est l'espèce la plus menacée. En effet, son aire de répartition est particulièrement réduite et les populations relictuelles menacent de disparaître dans les décennies à venir. Plusieurs facteurs influent sur cette espèce :

- La raréfaction de ces poissons hôtes et, par conséquent, du recrutement de nouveaux individus au sein des populations connues.
- La dégradation de son habitat suite à l'aménagement et l'artificialisation des cours d'eau, qui causent aujourd'hui de nombreuses ruptures de continuités (piscicole, sédimentaire, ...). Ces ruptures réduisent l'aire de distribution de certains hôtes, et l'accumulation de sédiments en amont des ouvrages hydrauliques peut rapidement être fatale pour l'espèce.
- Le changement climatique est également une menace pour la Grande Mulette et plus généralement une grande partie de la biodiversité aquatique autochtone. Les phénomènes induits par ce dérèglement peuvent être fatals pour l'espèce : augmentation de la température des eaux, assèchement partiel ou total de certaines stations, pics d'eutrophisation, ...
- Les déséquilibres physico-chimiques de l'eau à la suite de diverses pollutions peuvent également constituer une menace pour cette espèce. En effet, l'espèce se développe dans des milieux eutrophes et bien oxygénés. En cas de pollution chimique ou organique, l'espèce peut être amenée à disparaître.

- Le développement d'espèces exotiques envahissantes accentue également le risque de disparition. Parmi ces espèces, plusieurs bivalves allochtones dont les capacités de filtration sont extrêmement développées. Ces dernières concurrencent directement nos moules autochtones pour l'accès aux ressources alimentaires. D'autres espèces exotiques peuvent modifier les habitats aquatiques où est présente la Grande Mulette, c'est le cas des herbiers de Jussieu qui modifient les structures physique et chimique de ces derniers.

Les différents facteurs cités précédemment laissent craindre l'extinction de plusieurs stations de Grande Mulette dans un futur proche. C'est pourquoi l'espèce est considérée en danger critique d'extinction à toutes les échelles (du niveau mondial à régional).

Par conséquent, l'espèce est listée aux annexes II de la Convention de Berne et IV de la Directive Habitats-Faune-Flore (Directive 92/43/CEE). De plus, l'espèce est protégée au niveau national par l'article 2 de l'arrêté du 23 avril 2007 fixant les listes des mollusques protégés sur l'ensemble du territoire et les modalités de leur protection. Enfin, en région Centre-Val de Loire, la Grande Mulette est considérée comme étant une espèce déterminante dans la mise en place de Zone Naturelle d'Intérêt Ecologique Faunistique et Floristique (ZNIEFF).

En raison des enjeux qui reposent sur cette espèce, plusieurs programmes européens et nationaux ont été mis en place. Notamment un **Plan d'Action Européen** proposé en 2001 (Araujo & Ramos 2001), un projet **LIFE+ conservation de la Grande Mulette** (Conservation of the Giant Pearl Mussel in Europe, LIFE13 BIO/FR/001162) orienté sur la recherche et les modalités de conservation de l'espèce. Enfin, des **Plans Nationaux d'Actions** (PNA) ont été mis œuvre en faveur de l'espèce. Le premier de 2012 à 2017 (Prié et al. 2011) et un second actuellement en vigueur portant sur la période 2022 à 2031 (RICHARD N. & PRIÉ V. 2022).

1.1.2 Les poissons hôtes de la Grande Mulette

En France, huit espèces de poissons ont été identifiées comme hôtes potentiels de la Grande Mulette. Sur le bassin de la Loire, six d'entre elles ont été recensées, chacune présentant la capacité d'accueillir les glochidies.

- **Poissons hôtes en conditions naturelles**

- L'Esturgeon européen (*Acipenser sturio*)

L'Esturgeon européen est une espèce amphihaline gravement menacée, dont il ne reste qu'une seule population concentrée dans le bassin Gironde-Garonne-Dordogne en France. Cette espèce migre entre la mer et l'eau douce, se reproduisant dans les zones gravillonneuses de la Garonne et de la Dordogne au printemps. Les juvéniles passent leur première année dans l'estuaire avant de rejoindre le plateau continental à partir de 5 ans.

L'esturgeon peut vivre jusqu'à 100 ans, mais sa population a fortement diminué au XXe siècle en raison de la surpêche, de la pollution, de la destruction des habitats et des obstacles à la migration. Aujourd'hui, quelques milliers d'individus subsistent avec une structure d'âge déséquilibrée.

L'espèce est protégée par divers arrêtés et conventions internationales, notamment la Convention de Barcelone, la Directive Habitats-Faune-Flore, et la CITES, classant l'esturgeon parmi les espèces menacées d'extinction.

L'espèce est éteinte dans la région Centre Val de Loire.

- L'Anguille d'Europe (*Anguilla anguilla*)

L'Anguille européenne est une espèce migratrice amphihaline thalassotoque, se reproduisant en mer (probablement dans la mer des Sargasses) et effectuant sa croissance en eau douce. Après la ponte à

grande profondeur, les larves leptocephales traversent l'Atlantique, portées par le Gulf Stream, pour atteindre les estuaires européens, où elles se métamorphosent en civelles transparentes. Ces dernières se pigmentent et colonisent les bassins versants, s'adaptant à divers milieux aquatiques accessibles.

Les anguilles grandissent en rivière, où elles adoptent un mode de vie sédentaire et carnassier. Certaines peuvent atteindre des tailles et des âges importants, avec des records de longévité allant jusqu'à 85 ans (en captivité). Avant la reproduction, elles subissent une seconde métamorphose pour devenir des anguilles argentées, qui retournent en mer pour rejoindre les zones de ponte, un trajet supposé durer entre 4 et 6 mois (**Figure 5**).

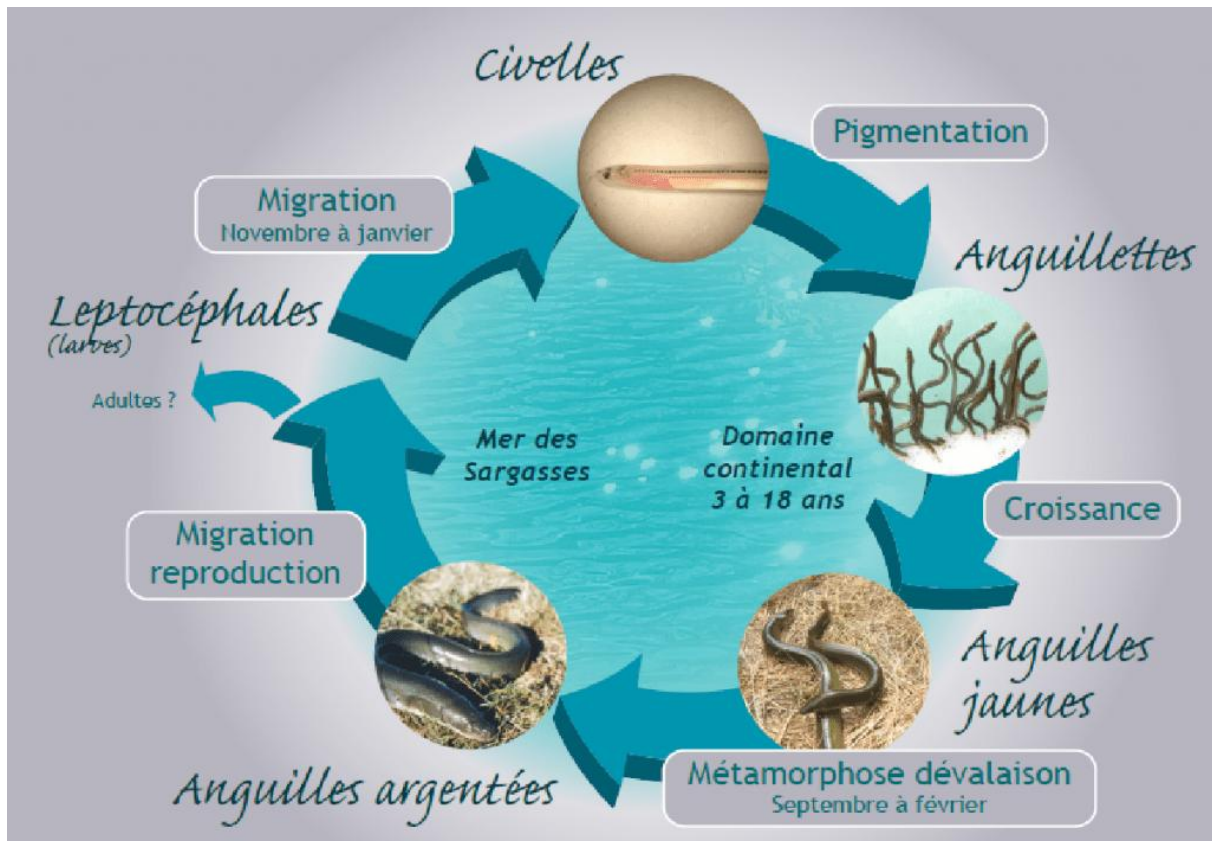


Figure 5 : Cycle de vie de l'Anguille européenne (source : LOGRAMI)

Autrefois très abondante, représentant parfois plus de 50 % des biomasses piscicoles dans les parties aval des bassins, l'espèce est aujourd'hui classée comme menacée d'extinction. Les principales causes de son déclin incluent :

- La pêche excessive.
- Les obstacles à la migration (barrages, turbines).
- La pollution (notamment pesticides et xénobiotiques).
- L'introduction de parasites (comme *Anguillicola*).
- Les modifications du Gulf Stream et des conditions dans la mer des Sargasses, liées aux changements climatiques.

Un plan de gestion européen a été mis en place pour réduire la mortalité, restaurer les habitats et favoriser la libre circulation dans les cours d'eau. L'Anguille européenne est également protégée par des conventions internationales telles que la CITES (citée en Annexe II) et la convention OSPAR.

L'Anguille européenne est « en danger critique d'extinction » (UICN) sur la liste rouge nationale des poissons de France métropolitaine.

- L'Épinoche à trois épines (*Gasterosteus aculeatus*)

L'Épinoche est un petit poisson (3,5 - 12 cm max) avec une durée de vie courte (1 à 4 ans). Elle se retrouve surtout en plaine. La reproduction a lieu de mars à juillet et donne lieu à des parades nuptiales spectaculaires qui ont fait la renommée de cette espèce. Le mâle défend un territoire et s'occupe des œufs fécondés (ventilation et défense). L'épinoche est carnassière, se nourrissant de plancton, invertébrés, alevins etc. D'après les connaissances actuelles, l'espèce n'est pas présente dans le département de l'Indre. L'épinoche n'est pas considérée comme menacée en France.

- **Poissons hôtes en conditions artificielles**

- La Gambusie (*Gambusia holbrooki*)

La Gambusie est un poisson de petite taille (3-6 cm) originaire du sud des États-Unis. Elle préfère les eaux calmes, riches en végétations et peu profondes. Cette espèce est vivipare. La reproduction a lieu de début juin à fin septembre (été). D'après les connaissances les plus récentes, la gambusie est absente du département.

- La Lamproie marine (*Petromyzon marinus*)

La Lamproie marine est l'une des plus grandes espèces parasites anadromes. La maturité sexuelle atteinte, elle quitte les eaux côtières pour se reproduire dans les fleuves et les rivières dont les eaux atteignent 15-18 °C, soit entre fin avril et fin mai pour l'ensemble de la façade atlantique française (**Figure 6**). Au printemps, les lamproies creusent leurs nids dans des zones courantes à fonds de graviers. Elles construisent un vaste nid en forme de cuvette (diamètre pouvant atteindre 2 m). La lamproie marine peut également se reproduire sur des faciès moins profonds de type radier. Les géniteurs ne survivent pas à la reproduction.

Après l'éclosion, les larves s'enfouissent dans des zones sablo-limoneuses appelées « lits d'ammocètes » où elles restent 5 à 7 ans avant de migrer vers la mer. La croissance en zone côtière dure environ 2 ans. Au stade adulte, la lamproie est un parasite : elle se ventouse sur un poisson pour en digérer la chair.

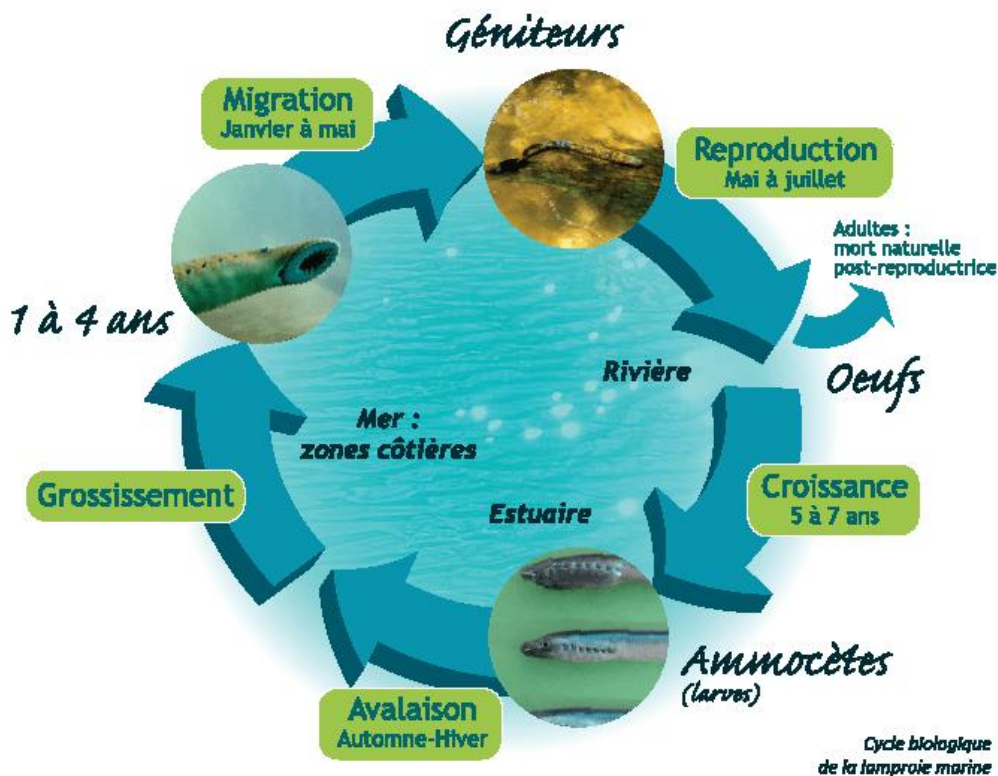


Figure 6 : Cycle de vie de la Lamproie marine (source : LOGRAMI)

Sur le bassin de la Loire, la population de Lamproie marine est très importante, en particulier sur l'axe Vienne où les plus gros effectifs d'Europe ont été observés ces dernières années. Les comptages ont atteint près de 93 000 individus en 2007.

L'espèce est « en danger » en France, son aire de répartition s'est considérablement réduite ainsi que ses effectifs. Les activités anthropiques entraînant une dégradation des cours d'eau (barrages, recalibrages, dragages, pollutions, ...). Les populations atlantiques, les plus abondantes, montrent des signes de déclin inquiétants. Aucune mesure conservatoire n'est envisagée, mais l'espèce peut bénéficier dans le cadre des arrêtés de biotope de mesures de protection sur les frayères (arrêté du 8/12/88).

La Lamproie marine est en forte régression dans le bassin Loire, elle est présente dans le département.

- La Blennie fluviatile (*Salariopsis fluviatilis*)

La Blennie fluviatile est absente du bassin Loire. Ce poisson vit en eau courante. Elle est territoriale et se cache sous les pierres et se nourrit principalement d'invertébrés et notamment de mollusques. La Blennie est classée « Préoccupation mineure » (LC) sur la liste rouge nationale des poissons d'eau douce.

- Le Silure glane (*Silurus glanis*)

Le Silure glane est un poisson carnivore opportuniste, originaire des eaux calmes et profondes d'Europe, du sud de la Suède à l'Oural. Après des introductions en France dès 1851, il est aujourd'hui largement répandu. Ce poisson rustique et thermophile mesure en moyenne 1,5 m pour 25 kg, mais peut dépasser 2,7 m et 130 kg. Il se reproduit à partir de 3 à 5 ans dans des eaux à 20°C, le mâle protégeant les œufs jusqu'à l'éclosion.

Le Silure est actif surtout la nuit et au crépuscule, avec une grande capacité d'adaptation à divers habitats. Malgré des inquiétudes concernant son impact sur les écosystèmes, aucune menace significative n'a été observée sur les poissons d'eau douce en France. En revanche, en ce qui concerne les migrateurs amphihalins (Lamproie marine, Aloses, Saumon atlantique) la pression de prédation du silure couplée à d'autres facteurs anthropiques est préoccupante. Cette espèce est classée "Non évaluée" (NA) sur la liste rouge nationale des poissons d'eau douce.

2. Matériels et méthodes

2.1 L'ADN environnemental (ADNe)

Parmi les nombreuses méthodes de détection existantes pour recenser ou acter de la présence de bivalves et/ou de poissons, une méthode est aujourd'hui particulièrement employée : l'ADN environnemental. Cette méthode a l'avantage d'être non invasive et de détecter de manière relativement exhaustive les espèces présentes dans le milieu au moment du prélèvement.

Cette méthode est basée sur la présence de l'ADN dissout dans le milieu échantillonné. L'ADN présent est issu de mucus, d'écaillés, de poils, de gamètes, d'urine, de fèces ou de la décomposition d'organismes morts.

Dans le cas des milieux aquatiques, qu'ils soient courants ou stagnants, un prélèvement de quelques litres d'eau permet de connaître les espèces qui fréquentent ce milieu. Pour cela, les échantillons récoltés sont transmis à un laboratoire spécialisé. Ce dernier va amplifier l'ADN récolté pour pouvoir le comparer à des séquences ADN de référence. Lorsqu'une correspondance est faite, cela signifie que l'espèce ou groupe d'espèces est présent.

2.2 Protocole employé

Le protocole employé est celui du laboratoire SPYGEN, et plus précisément le kit RW2 adapté aux milieux aquatiques courants. Ce protocole est présenté ci-après :

1. Placer le portoir sur le côté du Vampir Sampler (**Figure 7**).
2. Ouvrir le sachet « Vampire tubing kit » et mettre une paire de gants neuve.
3. Sortir la capsule de filtration de son emballage et coller l'étiquette sur le côté de la capsule.
4. Sortir l'extrémité du tuyau sans crépine du sachet et insérer la capsule de filtration en respectant le sens d'écoulement (flèche « Flow » sur le côté de la capsule) puis fixer la capsule sur le côté du portoir.
5. Placer le tuyau dans le Vampir Sampler.
6. Fixer l'extrémité du tuyau avec la crépine sur une tige préalablement munie de la protection plastique.
7. Filtrer l'eau à l'aide du Vampire Sampler (position 1) pendant 30 minutes (filtration d'un litre par minute soit 30 litres filtrés au total) ou jusqu'à saturation de la capsule de filtration. Noter le temps total de filtration sur la feuille terrain (Annexe I).
8. Expulser l'eau restante dans la capsule en filtrant l'air.
9. Ouvrir le sachet « CL1 buffer kit » et mettre une nouvelle paire de gants.
10. Fermer le bas de la capsule à l'aide du bouchon prévu à cet effet et la détacher du tuyau.
11. Placer l'entonnoir sur le haut de la capsule et verser doucement le tampon de conservation jusqu'à atteindre le haut de la capsule.

12. Fermer le haut de la capsule à l'aide du second bouchon (bien l'insérer pour éviter toute fuite). Retourner le filtre, enlever le bouchon du bas et verser le reste du tampon de conservation à l'aide de l'entonnoir.
13. Refermer le bas de la capsule puis agiter vigoureusement pendant environ une minute, en mettant la capsule dans le sens horizontal et en faisant pivoter régulièrement.
14. Renseigner la date de prélèvement, le nom du préleveur et le temps total de filtration sur les deux étiquettes à l'aide d'un marqueur indélébile.
15. Ranger la capsule dans sa boîte.
16. Prendre une nouvelle paire de gants dans le sachet « Vampir tubing kit ».
17. Sortir la deuxième capsule de sa boîte et coller l'étiquette correspondante. Insérer la capsule sur le tuyau en respectant le sens d'écoulement puis la fixer sur le côté du portoir.
18. Répéter les étapes 7 à 15.
19. Stocker les capsules à température ambiante en évitant les fortes variations de température et les renvoyer à SPYGEN sous un délai d'un mois.



Figure 7 : Vampir Sampler prêt à filtrer (à gauche) et la capsule de filtration (à droite)

2.3 Choix des stations de prélèvement

Le choix des stations de prélèvement s'est effectué en deux temps. Le premier se rapporte à la sélection des cours d'eau échantillonnés, le second concerne la distribution des points de prélèvement.

Les cours d'eau ont été retenus selon deux critères :

- La présence de données historiques ou récente de *Pseudunio auricularius* ;
- La probabilité que le cours d'eau possède des tronçons favorables à l'espèce (PRIÉ et al. 2014, RICHARD N. & PRIÉ V. 2022)

Par conséquent, les cours d'eau prélevés dans le cadre de cette étude sont : L'Anglin, le Cher, la Creuse, le Fouzon et l'Indre.

Afin d'obtenir le meilleur rapport coût/bénéfice, en application des bonnes règles actuelles de l'ADNe, et en raison des diverses études et avis disponibles sur le sujet (V. PRIÉ pers. comm. & E. LE ROY pers. comm.), les prélèvements ont été espacés d'une dizaine de kilomètres.

2.4 Résultats ADN

La méthode utilisée est le (VigiNDA M), qui comprend l'amplification, le séquençage ainsi que l'analyse bio-informatique avant d'identifier les espèces. Les explications complètes sont présentes en Annexe II.

2.4.1 Forme des résultats

Les résultats ADN ne se présentent pas sous la même forme selon le groupe taxonomique. Les tableaux ci-dessous illustrent ces différences.

Deux paramètres sont mis en évidence pour les résultats des espèces piscicoles, le nombre de répliques positifs ainsi que le nombre de séquences lues par espèce et par échantillon lors de l'analyse (Tableau I).

Tableau I : Exemple de résultats d'analyses ADN pour les poissons

| Nom scientifique | Base de référence | Station n°1 SPYXX1234 | | Station n°2 SPYXX1235 | |
|----------------------------|-------------------|---------------------------|----------------------|---------------------------|----------------------|
| | | Nbr de répliques positifs | Nbr de séquences ADN | Nbr de répliques positifs | Nbr de séquences ADN |
| <i>Anguilla anguilla</i> | SPYGEN | | | 12 | 59195 |
| <i>Oncorhynchus mykiss</i> | SPYGEN | | * | 6 | 3854 |
| <i>Oncorhynchus sp.</i> | GenBank v247 | | | 2 | 1235 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | SPYGEN | | | 12 | 215077 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | SPYGEN | | | 7 | 3527 |
| <i>Salaria fluviatilis</i> | SPYGEN | | | 12 | 23375 |
| <i>Salmo trutta</i> | SPYGEN | 11 | 324240 | 12 | 164497 |

Pour les bivalves, seul le nombre de séquences lues est présenté (Tableau II).

Tableau II : Exemple de résultats d'analyses ADN pour les bivalves

| Ordre | Nom scientifique | Base de référence | Station n°1 SPYXX1234 | Station n°2 SPYXX1235 | Station n°3 SPYXX1236 |
|-----------------|----------------------------|-------------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|
| | | | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
| <i>Unionida</i> | <i>Unio mancus</i> | SPYGEN | 14 511 | 14 511 | 14 511 |
| <i>Venerida</i> | <i>Euglesa milium</i> | SPYGEN | 1 166 | 1 166 | 1 166 |
| <i>Venerida</i> | <i>Euglesa subtruncata</i> | SPYGEN | 926 | 926 | 926 |
| <i>Venerida</i> | <i>Sphaerium lacustre</i> | SPYGEN | 1 766 | 1 766 | 1 766 |
| <i>Venerida</i> | <i>Sphaerium ovale</i> | SPYGEN | 57 | 57 | 57 |
| <i>Venerida</i> | <i>Sphaerium sp.</i> | SPYGEN | 126 | 126 | 126 |

2.4.1.1 Répliques (poissons)

Le nombre de répliques positifs indique combien de fois l'ADN d'un taxon a été détecté sur 12 amplifications par échantillon. Plus ce nombre est élevé, plus la quantité d'ADN est importante. Une case vide signifie une absence de détection, tandis qu'un « * » indique une détection trop faible pour confirmer la présence de l'espèce.

2.4.1.2 Nombre de séquences (cas général)

Le nombre de séquences affiché représente le nombre de séquences ADN lues lors du séquençage. Il est corrélé au nombre de brins d'ADN initialement présent dans l'échantillon et constitue donc l'abondance de ces derniers dans l'échantillon.

2.4.2 Limites de détection

Le **Tableau III**, ci-dessous liste les taxons de bivalves (présents dans la base de référence SPYGEN) ne pouvant pas être identifiés à l'espèce :

Tableau III : Liste bivalves (base SPYGEN); non identifiables à l'espèce

| Ordre | Nom scientifique tel que présenté dans les rapports | Nom scientifique | Nom vernaculaire |
|-----------------|---|--|---|
| Unionida | <i>Unio crassus</i> spp. <i>Unio mancus</i> spp. | <i>Unio crassus crassus</i> / <i>Unio crassus courtillieri</i> <i>Unio mancus mancus</i> / <i>Unio mancus requienii</i> / <i>Unio mancus turtonii</i> | Mulette épaisse / Mulette ligérienne Mulette méridionale / Mulette rhodanienne / Mulette corse |
| Venerida | <i>Corbicula</i> sp. | <i>Corbicula fluminalis</i> / <i>Corbicula fluminea</i> / <i>Corbicula leana</i> | Corbicule striée / Corbicule asiatique / Corbicule japonaise |

Certains taxons de Poissons ne peuvent pas être identifiés à l'espèce (**Tableau IV**) :

Tableau IV : Liste des taxons de Poissons (base SPYGEN) ; non identifiables à l'espèce

| Nom affiché sur les rapports | Nom scientifique | Nom vernaculaire |
|------------------------------|---|--|
| <i>Alosa</i> sp. | <i>Alosa alosa</i> / <i>Alosa fallax</i> | Grande alose / Alose feinte |
| Ammodytidae | <i>Ammodytes marinus</i> / <i>Ammodytes tobianus</i> / <i>Hyperoplus lanceolatus</i> | Laçon écuille / Laçon commun |
| <i>Barbatula</i> sp. | <i>Barbatula barbatula</i> / <i>Barbatula quignardi</i> | Loche franche / Loche du Languedoc |
| <i>Barbus barbus</i> | <i>Barbus barbus</i> | Barbeau fluviatile |
| <i>Barbus meridionalis</i> | <i>Barbus meridionalis</i> | Barbeau méridional |
| <i>Carassius</i> sp. | <i>Carassius auratus</i> / <i>Carassius carassius</i> / <i>Carassius gibelio</i> | Carassin doré / Carassin commun / Carassin argenté |
| <i>Coregonus</i> sp. | <i>Coregonus lavaretus</i> / <i>Coregonus oxyrinchus</i> | Lavaret / Bondelle |
| <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> / <i>Cottus rhenanus</i> | Chabot du Béarn / Chabot d'Auvergne / Chabot commun / Chabot des Pyrénées / Chabot fluviatile / Chabot du Lez / Chabot de Rhénanie |
| 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> / <i>Blicca bjoerkna</i> | Brème commune / bordelière |
| Cyprinidae - Complexe 4 | <i>Alburnus alburnus</i> / <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | Ablette / Rotengle |
| <i>Gobio</i> sp. | <i>Gobio alvernai</i> / <i>Gobio gobio</i> / <i>Gobio lozanoi</i> / <i>Gobio occitaniae</i> | Goujon d'Auvergne / Goujon / Goujon de l'Adour / Goujon occitan |
| <i>Lampetra</i> sp. | <i>Lampetra fluviatilis</i> / <i>Lampetra planeri</i> | Lamproie fluviatile / Lamproie de Planer |
| <i>Leuciscus</i> sp. | <i>Leuciscus idus</i> / <i>Leuciscus leuciscus</i> | Gardon rouge / Vandoise |
| <i>Phoxinus</i> sp. | <i>Phoxinus bigerri</i> / <i>Phoxinus phoxinus</i> / <i>Phoxinus septimaniae</i> | Vairon basque / Vairon / Vairon du Languedoc |
| Pleuronectidae - Complexe 1 | <i>Platichthys flesus</i> / <i>Pleuronectes platessa</i> | Flet d'Europe / Plie d'Europe |
| Pleuronectidae - Complexe 2 | <i>Hippoglossoides platessoides</i> / <i>Limanda limanda</i> | Balai / Limande |
| <i>Pomatoschistus</i> sp. | <i>Pomatoschistus microps</i> / <i>Pomatoschistus minutus</i> | Gobie tacheté / Gobie buhotte |
| <i>Salvelinus</i> sp. | <i>Salvelinus fontinalis</i> / <i>Salvelinus alpinus</i> | Ombre de fontaine / Ombre chevalier |

Les connaissances bibliographiques, les inventaires piscicoles nous permettent de définir pour beaucoup de ces taxons une espèce in fine :

- *Alosa* sp. : D'après les retours de Loire Grands Migrateurs (LOGRAMI) (pers. comm. Thomas LESNE) l'Alose feinte n'est pas présente dans le département, c'est la Grande alose qui remonte jusque dans nos cours d'eau ;
- *Barbatula* sp. : La Loche franche (*Barbatula barbatula*), est la seule espèce présente dans le département ;
- *Cottus* sp. : L'Indre fait partie de l'aire de répartition du Chabot celtique (*Cottus perifretum*) ;
- Cyprinidae complexe 1 : Le Hotu (*Chondrostoma nasus*) est la seule espèce du complexe présente dans le département ;
- Cyprinidae complexe 2 : L'Amour blanc (*Ctenopharyngodon idella*) est présent dans le département, principalement dans les étangs. Il est très peu probable qu'il s'agisse d'Amour argentée (*Hypophthalmichthys molitrix*), puisque cette espèce ne possède pas d'intérêt halieutique ou de gestion.
- *Leuciscus* sp. : La Vandoise commune (*Leuciscus leuciscus*) n'est pas présente dans le département, il s'agit donc de l'Idé mélanote (*Leuciscus idus*).

2.5 Plan d'échantillonnage

Au total, 25 stations de prélèvements ADNe ont été identifiées et réparties entre les cinq cours d'eau sélectionnés. Le protocole employé est celui recommandé par le prestataire (SPYGEN), c'est-à-dire le protocole de prélèvement en milieu courant ([cf. 23.2](#)). Chaque station correspond à l'utilisation de 2 capsules de prélèvements. Ces prélèvements ont dans la mesure du possible été réalisés au niveau de chaque berge (**Figure 8**).

Chaque station a fait l'objet d'un repérage, avant tout prélèvement. Ce travail préparatoire a permis d'identifier les accès, les zones de prélèvement, mais également les éventuelles sources de perturbations.

Les prélèvements ont été réalisés à pied ou en bateau motorisé en fonction des conditions hydriques de chaque station. Par ailleurs, les prélèvements ont été menés entre le 28 mai et le 6 juin.

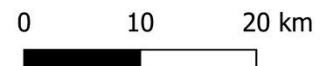
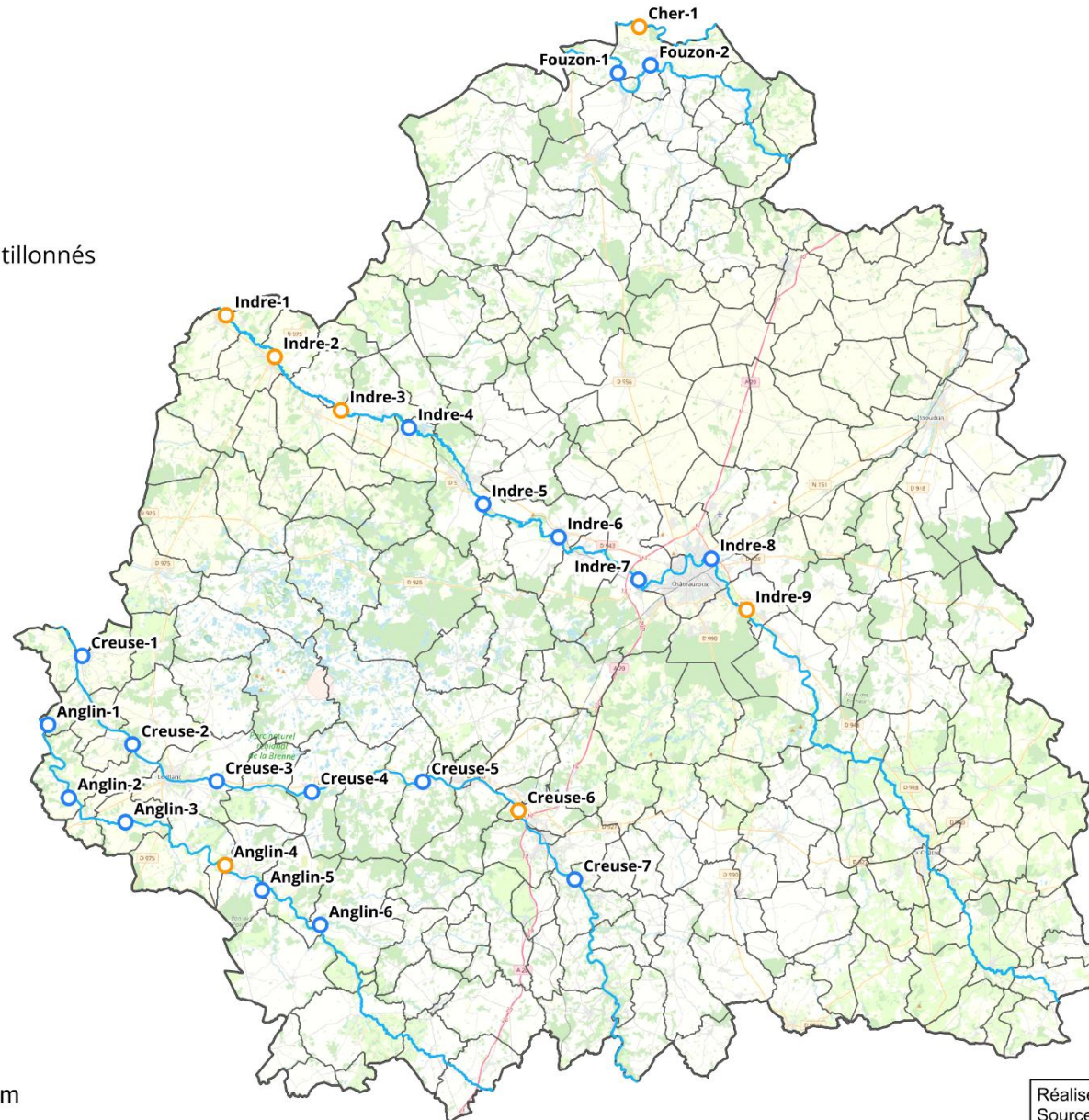


Légende

- Communes
- Cours d'eau échantillonnés

Stations ADNe

- A pied
- Bateau



Réalisée par Indre Nature, Janvier 2025
Source : Obs'Indre, BD TOPO®
Fond : OpenStreetMap

Figure 8 : Localisation des stations de prélèvement ADNe

3. Résultats

3.1 Bivalves

3.1.1 La Grande Mulette (*Pseudunio auricularius*)

Les relevés ADNe réalisés sur les cours de l'Anglin, du Cher, de la Creuse, du Fouzon et de l'Indre ont permis de détecter 25 taxons et 1 complexe (*Euglesa subtruncata* / *E. pulchella*). *Pseudunio auricularius* ne figure pas parmi les espèces détectées.

3.1.2 Autres Bivalves d'intérêt contactés

Plusieurs espèces à enjeux ont été détectées à l'aide des prélèvements ADNe. Parmi ces espèces certaines possèdent des enjeux de conservation européens, nationaux et régionaux. Cinq espèces d'Unionidae et six de Sphaeriidae détectées peuvent être considérées comme patrimoniales au regard de leurs statuts (**Tableau V**).

Tableau V : Liste des Bivalves à enjeux détectés

| Famille | Nom | Nom français | DHFF An. II | DHFF An. IV | PN Art.2 | LRE | LRF | LRR | ZNIEFF |
|-------------|---------------------------------|------------------------|-------------|-------------|----------|-----|-----|-----|--------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | | | | LC | VU | LC | |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | Anodonte des étangs | | | | NT | VU | LC | |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | | | | NT | EN | LC | |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | Anodonte comprimée | | | | NT | EN | VU | x |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | x | x | x | VU | LC | EN | x |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa hibernica</i> | Pisidie septentrionale | | | | LC | LC | VU | |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa milium</i> | Pisidie des rives | | | | LC | LC | NT | x |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | Pisidie des sources | | | | LC | LC | VU | |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium lacustre</i> | Cyclade de vase | | | | LC | LC | NT | x |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium nucleus</i> | Cyclade cerise | | | | LC | DD | DD | x |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium ovale</i> | Cyclade ovale | | | | LC | DD | DD | x |

Les espèces d'Unionidae ont pour la plupart été détectées sur l'ensemble des cours d'eau (**Figure 9, Annexe III**). Concernant les espèces de Sphaeriidae, les espèces recensées varient grandement entre les cours d'eau et les stations (**Figure 10, Annexe IV**). Plusieurs espèces de cette famille, qu'elles soient patrimoniales ou non ont fait l'objet d'une première mention à l'échelle départementale (*Euglesa hibernica*, *Odhneripisidium tenuilineatum*) et régionale (*Sphaerium nucleus*, *Sphaerium ovale*).

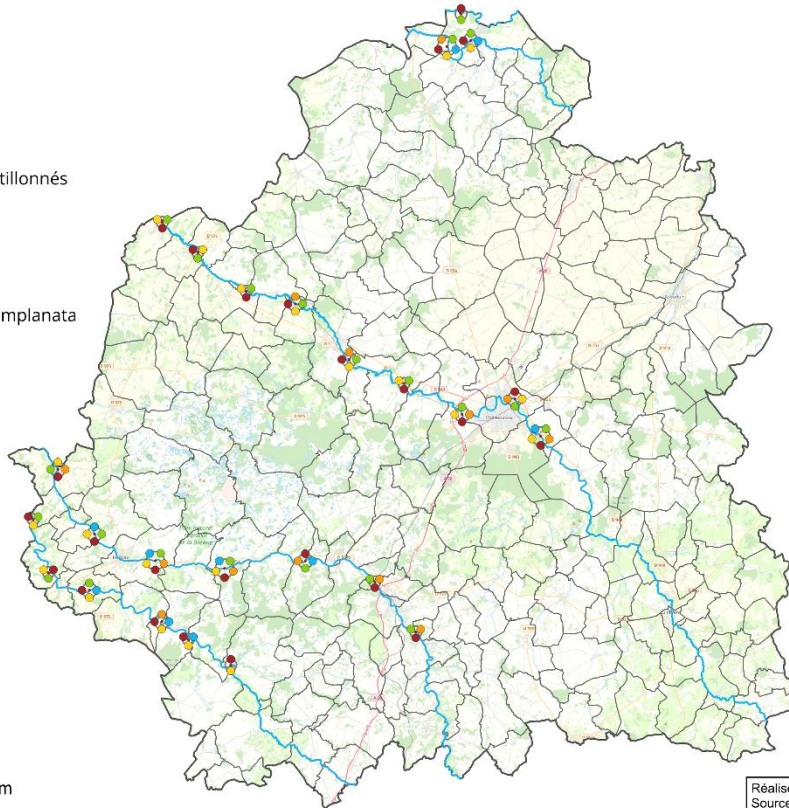


Légende

- Communes
- Cours d'eau échantillonnés

Unionidae détectés

- Anodonta anatina
- Anodonta cygnea
- Potomida littoralis
- Pseudanodonta complanata
- Unio crassus



Réalisée par Indre Nature, Janvier 2025
Source : Obs'Indre, BD TOPO®
Fond : OpenStreetMap

Figure 9 : Localisation des données « Unionidae patrimoniaux »



Légende

- Communes
- Cours d'eau échantillonnés

Sphaeriidae détectés

- Euglesa hibernica
- Euglesa milium
- Euglesa personata
- Sphaerium lacustre
- Sphaerium nucleus
- Sphaerium ovale



Réalisée par Indre Nature, Janvier 2025
Source : Obs'Indre, BD TOPO®
Fond : OpenStreetMap

Figure 10 : Localisation des données « Sphaeriidae patrimoniaux »

3.1.3 Espèces exotiques envahissantes

Parmi les 25 espèces de bivalves détectés à minima deux espèces exotiques envahissantes ont été recensées. En effet, l'ADNe ne permet pas de déterminer les Corbicules à l'espèce. Par conséquent, plusieurs espèces peuvent être présentes : *Corbicula fluminea*, *C. fluminalis* et *C. leana*. Les Corbicules ont été détectées sur toutes les stations à l'exception de la station Anglin-6 (Figure 6).

L'Anodonte chinoise (*Sinanodonta woodiana*) a également été détectée. Celle-ci a été contactée sur la station Anglin-6, à la confluence de l'Anglin et de l'Abloux (Figure 11, Annexe V).



Légende

- Communes
- Cours d'eau échantillonnés
- Espèces exotiques envahissantes**
- Corbicula sp.
- *Sinanodonta woodiana*



0 10 20 km

Réalisée par Indre Nature, Janvier 2025
Source : Obs'Indre, BD TOPO®
Fond : OpenStreetMap

Figure 11 : Localisation des données « Bivalves exotiques envahissants »

3.2 Poissons

3.2.1 Les poissons hôtes de la Grande Mulette (Tableau VI, Figure 12, Annexe VI)

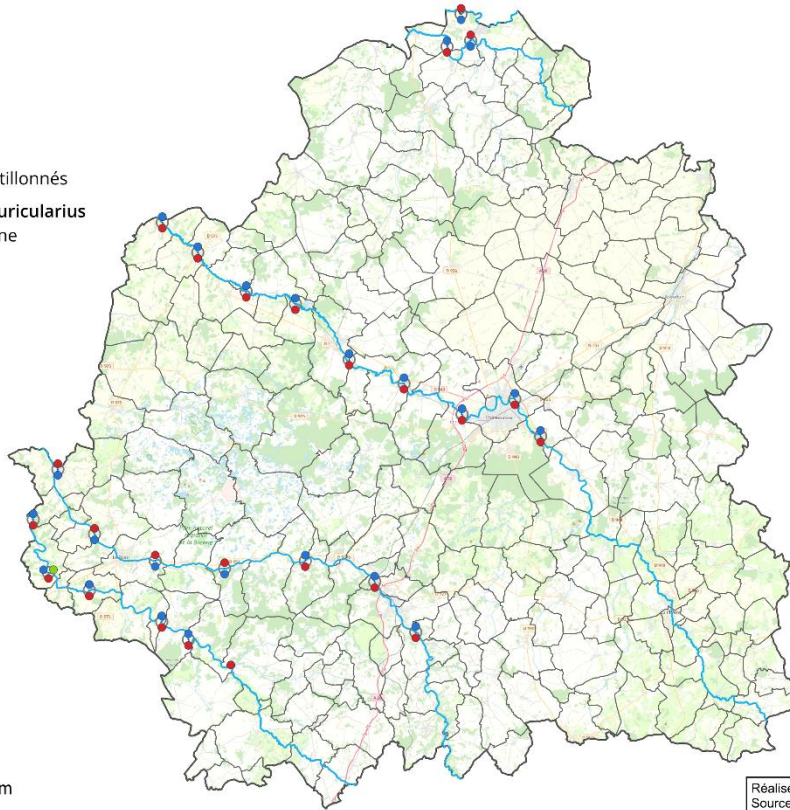
Tableau VI : Liste des Poissons hôtes détectés

| Famille | Nom | Nom français | DHFF An. II | PN Art.2 | LRE | LRF | LRR | ZNIEFF |
|-----------------|---------------------------|---------------------|-------------|----------|-----|-----|-----|--------|
| Anguillidae | <i>Anguilla anguilla</i> | Anguille européenne | | | CR | CR | VU | x |
| Petromyzontidae | <i>Petromyzon marinus</i> | Lamproie marine | x | x | LC | EN | VU | x |
| Siluridae | <i>Silurus glanis</i> | Silure glane | | | LC | NA | NA | |



Légende

- Communes
- Cours d'eau échantillonnés
- Poissons hôtes de *P. auricularius***
 - Anguille européenne
 - Lamproie marine
 - Silure glane



Réalisée par Indre Nature, Janvier 2025
 Source : Obs'Indre, BD TOPO®
 Fond : OpenStreetMap

Figure 12 : Localisation des données « Poissons hôtes de *Pseudunio auricularius* »

3.2.2 Autres Poissons d'intérêt contactés (Tableau VII, Figure 13, Annexe VII)

Tableau VII : Liste des Poissons d'intérêt contactés

| Famille | Nom | Nom français | DHFF An. II | PN Art.2 | LRE | LRF | LRR | ZNIEFF |
|------------------|--------------------------------|--------------------|-------------|----------|-----|-----|-----|--------|
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | x | x | LC | LC | LC | x |
| Alosidae | <i>Alosa alosa</i> | Grande alose | x | x | LC | CR | VU | x |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | | x | LC | VU | VU | x |
| Petromyzontidae | <i>Lampetra planeri</i> | Lamproie de Planer | x | x | LC | LC | LC | x |
| Salmonidae | <i>Salmo trutta</i> | Truite de rivière | x | x | LC | NT | | x |
| Salmonodae | <i>Salmo salar</i> | Saumon atlantique | x | x | VU | VU | EN | |
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | x | | LC | LC | LC | |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | | x | LC | NT | | |



Légende

- Communes
- Cours d'eau échantillonnés

Poissons à enjeux

- Bouvière
- Brochet
- Chabot Celtique
- Grande alose
- Lamproie de Planer
- Saumon atlantique
- Truite de rivière
- Vandoise rostrée

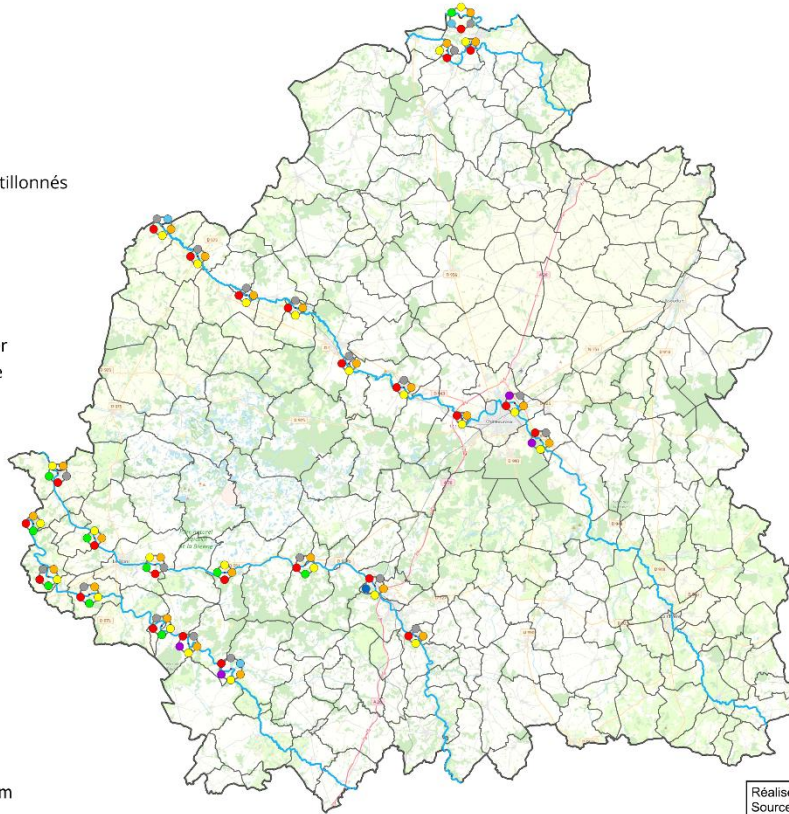


Figure 13 : Localisation des données « Poissons à enjeux »

3.2.3 Espèces exotiques et réglementées (Tableau VIII, Figure 14, Annexe VIII)

Tableau VIII : Liste des espèces piscicoles exotiques et réglementées

| Nom | Nom français | Règlementations | |
|--------------------------------|---------------|---|--|
| <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | Règlement d'exécution (UE) 2016/1141 : Article 1 (France métropolitaine). | Arrêté du 14 février 2018 relatif à la prévention de l'introduction et de la propagation des espèces animales exotiques envahissantes sur le territoire métropolitain R.432.5 du Code de l'environnement |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche-soleil | Règlement d'exécution (UE) 2016/1141 : Article 1 (France métropolitaine). | Arrêté du 14 février 2018 relatif à la prévention de l'introduction et de la propagation des espèces animales exotiques envahissantes sur le territoire métropolitain R.432.5 du Code de l'environnement |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | Règlement d'exécution (UE) 2016/1141 : Article 1 (France métropolitaine). | Arrêté du 14 février 2018 relatif à la prévention de l'introduction et de la propagation des espèces animales exotiques envahissantes sur le territoire métropolitain R.432.5 du Code de l'environnement |
| <i>Ctenopharyngodon idella</i> | Amour blanc | Introduction interdite en eau libre et soumise à autorisation préfectorale en eau close | Arrêté du 6 août 2013 fixant en application de l'article R. 432-6 du code de l'environnement la forme et le contenu des demandes d'autorisations prévues au 2° de l'article L. 432-10 et à l'article L. 436-9 du Code de l'environnement |



Légende

- Communes
- Cours d'eau échantillonnés
- Poissons exotiques et réglementés**
 - Poisson-chat
 - Amour blanc / A. argentée
 - Perche-soleil
 - Pseudorasbora

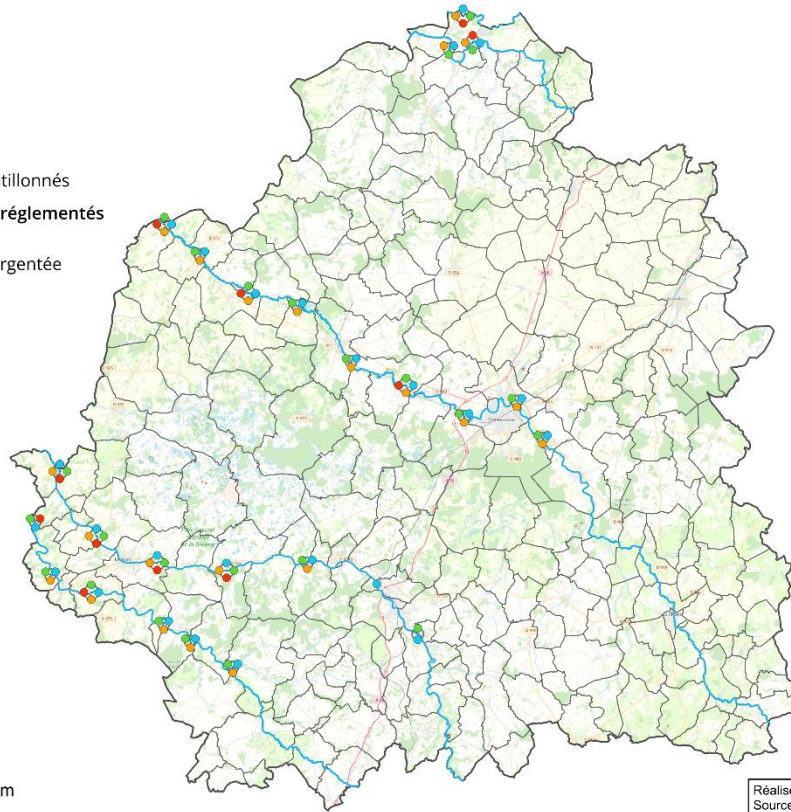


Figure 14 : Localisation des données « Poissons exotiques et réglementés »

3.3 Résultats par station

Les résultats présentés ci-après mettent en évidence les espèces à enjeux de conservation, mais également les espèces envahissantes, qu'elles soient exotiques ou non. Pour le compartiment piscicole, le pourcentage d'ADN des espèces présentées par rapport à la quantité d'ADN total prélevée par station sera présenté. Les résultats complets faisant mention de l'ensemble des espèces contactées sont présentés en annexe (**Annexes IX & X**).

L'étoile (*) indique que des traces d'ADN du taxon correspondant ont été détectées mais pas en quantité suffisante pour certifier la détection.

3.3.1 Le Cher

Le Cher n'a fait l'objet que d'une station de prélèvement ADNe (Figure 15 et 16).

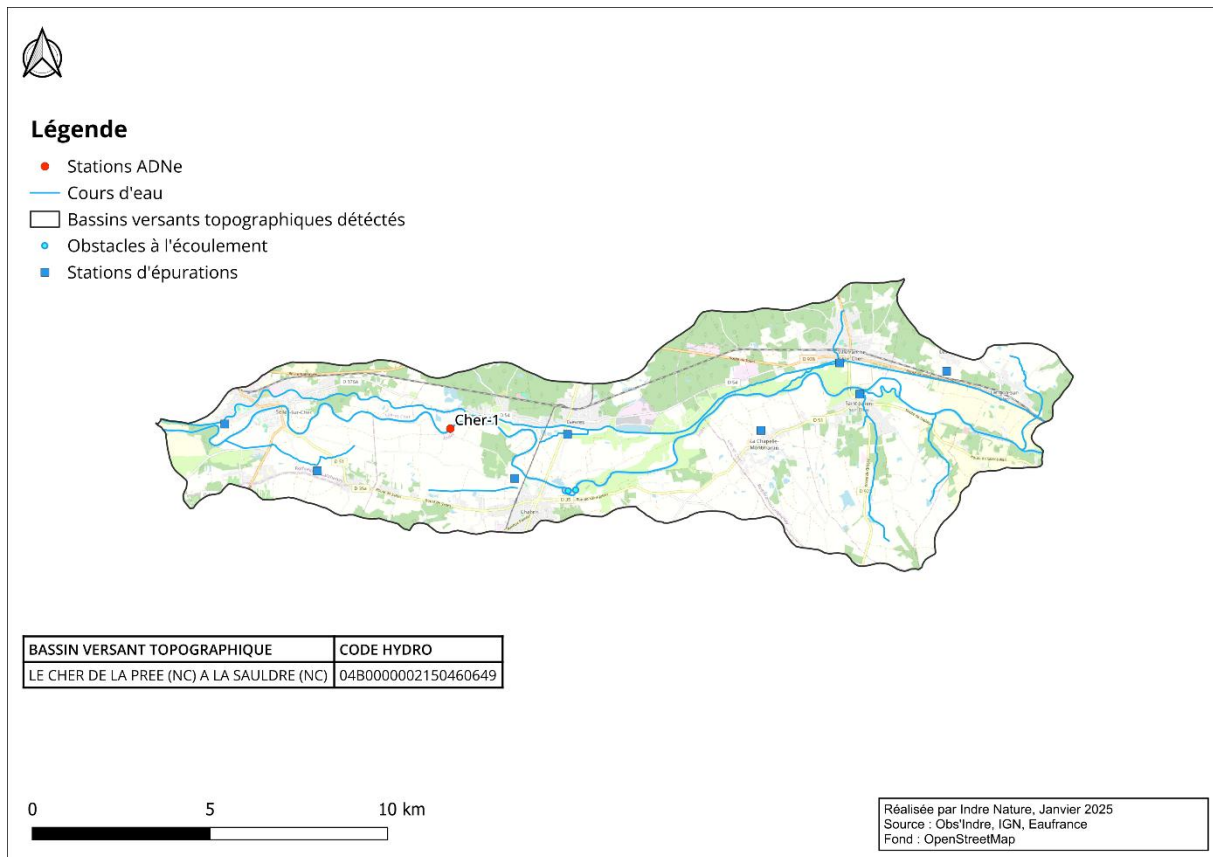


Figure 15 : Localisation de la station de prélèvement sur le Cher



Figure 16 : Photographie de la station "Cher-1" (©B. BARBEY)

- **Cher-1**

- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|-----------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 90 | 16 | 0 | Fort | Très chargé | 16,3 | 7,38 | 8,93 | 90,8 | 372 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 3 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 63,5 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 33,5 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | Pisidie des sources | 9,5 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 6 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|------------------|-------------------------------|------------|
| Alosidae | <i>Alosa alosa</i> | Grande alose | 23 477 | 7,47 |
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 639 | 0,20 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 1 267 | 0,41 |
| Petromyzontidae | <i>Lampetra sp.</i> | Lamproie sp. | 29 | 0,01 |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | * | * |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 1 003 | 0,32 |

- **Espèces exotiques réglementées : 5 espèces**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|--------------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 430 786 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 100 | 0,03 |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 958 | 0,30 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 6440 | 2,05 |
| Poissons | <i>Ctenopharyngodon idella</i> | Amour blanc | 415 | 0,13 |

3.3.2 Le Fouzon

Au total, **2 stations de prélèvement** ont été réalisées sur le Fouzon (**Figure 17 et 18**).

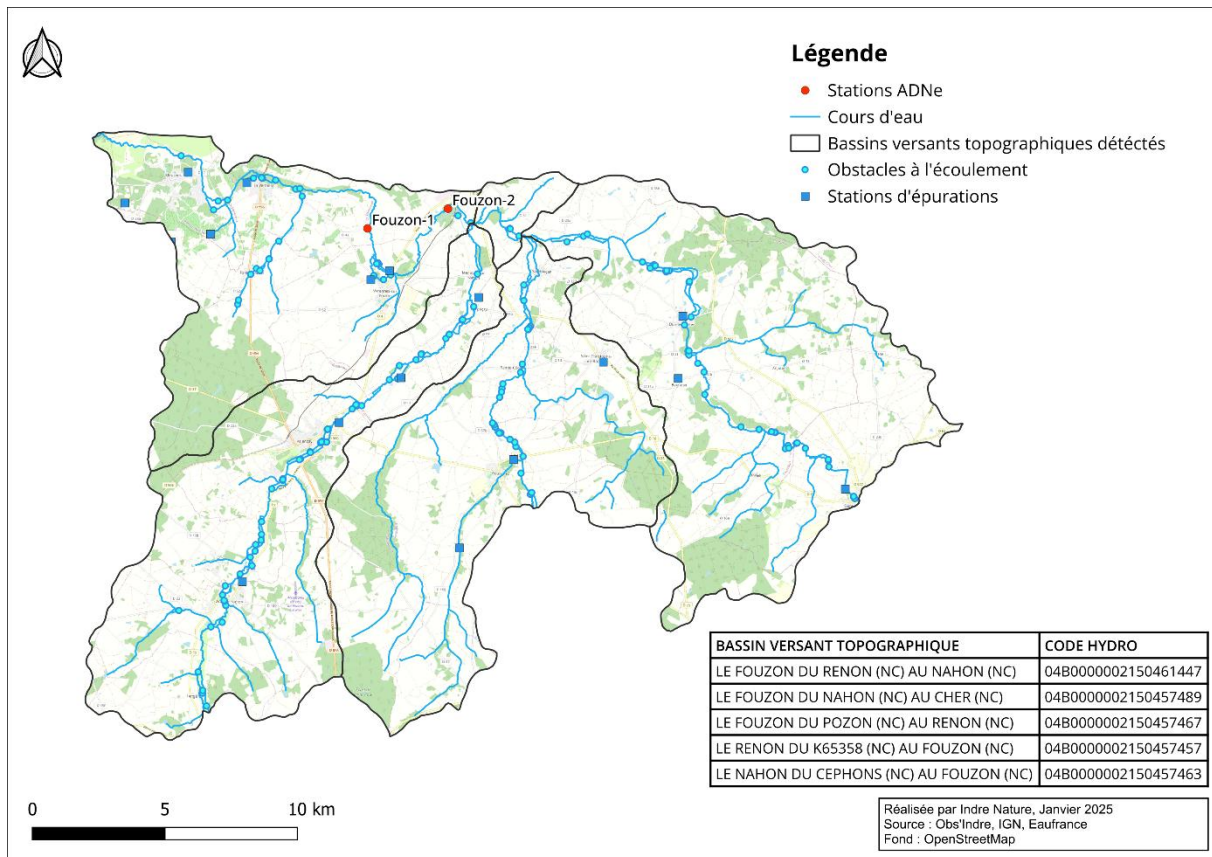


Figure 17 : Localisation des stations de prélèvement sur le Fouzon



Figure 18 : Photographie de la station "Fouzon-1" (©B. BARBEY)

- **Fouzon-1**

- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|--------------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 90 | 19 | 0 | Moyen à fort | Moyennement chargé | 15,6 | 7,39 | 9,36 | 93,6 | 661 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 6 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-------------|---------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 179 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | Anodonte des étangs | 23 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 157,5 |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | Anodonte comprimée | 64,5 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 9 859 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | Pisidie des sources | 5,5 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 4 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|------------------|-------------------------------|------------|
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 2591 | 0,87 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 1368 | 0,46 |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | * | * |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 7537 | 2,54 |

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|----------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 249 016 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 746 | 0,25 |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 2637 | 0,79 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 2230 | 0,74 |

- **Fouzon-2**

- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|--------------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 80 | 19 | 0 | Moyen à fort | Moyennement chargé | 15,2 | 7,59 | 9,71 | 96,5 | 649 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 6 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-------------|---------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 105 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 385 |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | Anodonte comprimée | 42,5 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 2 847 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | Pisidie des sources | 15,5 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium lacustre</i> | Cyclade de vase | 6 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 3 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------|-----------------|-------------------------------|------------|
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 2854 | 0,95 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 1047 | 0,36 |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 18489 | 6,29 |

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|--------------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 254 504 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 1379 | 0,45 |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 2035 | 0,68 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 1740 | 0,59 |
| Poissons | <i>Ctenopharyngodon idella</i> | Amour blanc | * | * |

3.3.3 L'Indre

Au total, **9 stations de prélèvement** ont été réalisées sur l'Indre (**Figure 19 et 20**).

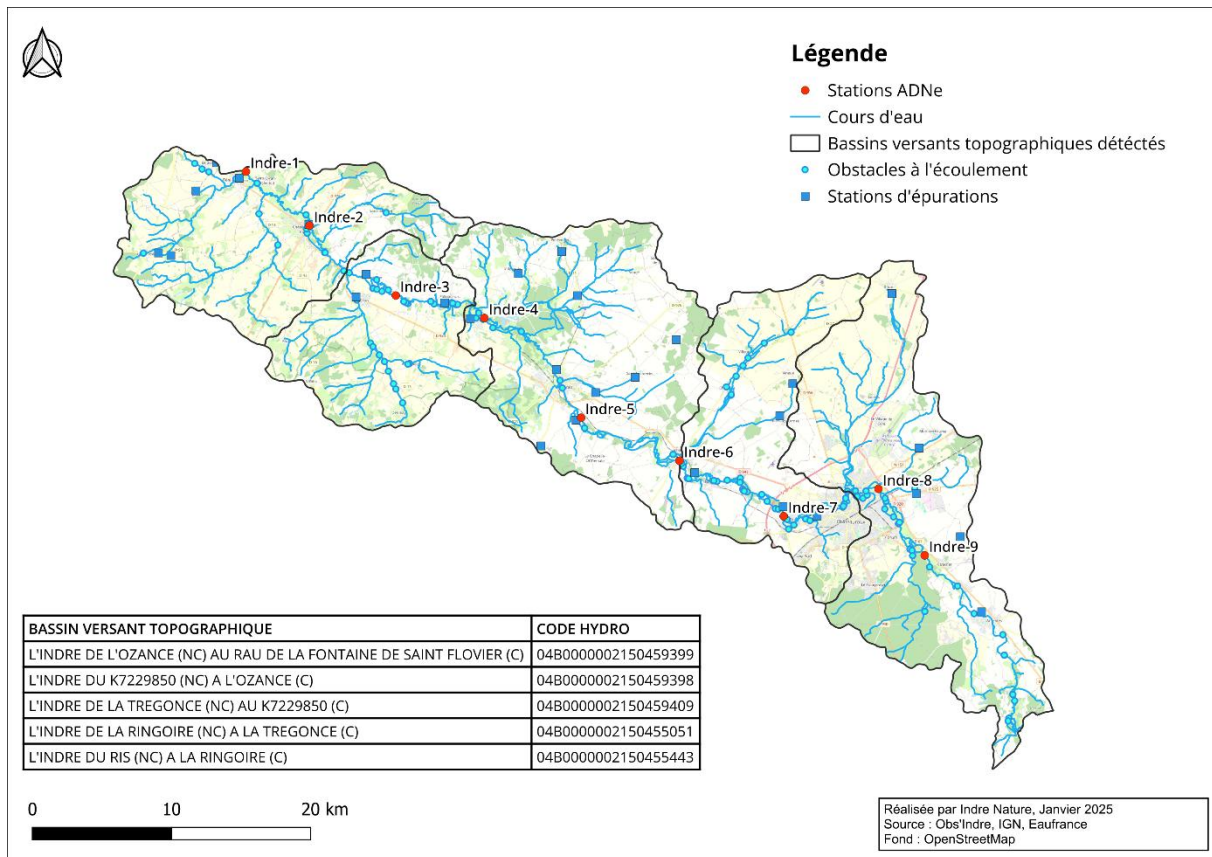


Figure 19 : Localisation des stations de prélèvement sur l'Indre



Figure 20 : Photographie de la station "Indre-5" (©B. BARBEY)

- **Indre-1**

- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|--------------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 80 | 16 | 0 | Moyen à fort | Moyennement chargé | 15,9 | 6,83 | 9,2 | 91,2 | 487 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 5 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 9 426,5 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 589,5 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 3 605 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | Pisidie des sources | 48,5 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium lacustre</i> | Cyclade de vase | 39 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 5 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|--------------------|-------------------------------|------------|
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 726 | 0,21 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 4032 | 1,12 |
| Petromyzontidae | <i>Lampetra planeri</i> | Lamproie de Planer | * | * |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | 70 | 0,02 |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 8729 | 2,43 |

Les connaissances locales permettent de valider l'espèce *Lampetra planeri* sur l'Indre.

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|--------------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 165 187 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 532 | 0,14 |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 1479 | 0,41 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 2044 | 0,57 |
| Poissons | <i>Ctenopharyngodon idella</i> | Amour blanc | 207 | 0,06 |

- **Indre-2**

- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|--------------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 80 | 16 | 0 | Moyen à fort | Moyennement chargé | 15,6 | 7,21 | 9,2 | 92,6 | 490 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 6 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 244 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 154 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 2 064 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | Pisidie des sources | 59 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium lacustre</i> | Cyclade de vase | 30 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium nucleus</i> | Cyclade cerise | 12 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 4 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|------------------|-------------------------------|------------|
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 1106 | 0,48 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 5408 | 2,33 |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | 159 | 0,06 |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 6555 | 2,77 |

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|----------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 352 742 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 717 | 0,31 |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 4267 | 1,84 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 1391 | 0,60 |

- **Indre-3**

- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|--------------------|------------------|-----|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 100 | 16 | 0,2 | Moyen à fort | Moyennement chargé | 15,9 | 7,2 | 9,41 | 95,4 | 492 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 8 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 297 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 7 517 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 63,5 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa milium</i> | Pisidie des rives | 14 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa nitida</i> | Pisidie ubiquie | 37 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | Pisidie des sources | 360,5 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium lacustre</i> | Cyclade de vase | 86 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium ovale</i> | Cyclade ovale | 21 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 4 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|------------------|-------------------------------|------------|
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 1128 | 0,37 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 3570 | 1,16 |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | 216 | 0,07 |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 5901 | 1,96 |

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|--------------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 272 528,5 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 287 | 0,09 |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 2807 | 0,93 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 1318 | 0,43 |
| Poissons | <i>Ctenopharyngodon idella</i> | Amour blanc | 452 | 0,15 |

- **Indre-4**
- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|--------------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 100 | 16 | 0,2 | Moyen à fort | Moyennement chargé | 15,7 | 7,25 | 9,05 | 92,8 | 482 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 7 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 19,5 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | Anodonte des étangs | 12,5 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 693,5 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 23 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa milium</i> | Pisidie des rives | 7 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | Pisidie des sources | 460,5 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium lacustre</i> | Cyclade de vase | 74 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 4 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|------------------|-------------------------------|------------|
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 1252 | 0,41 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 6038 | 1,99 |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | 555 | 0,18 |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 3284 | 1,07 |

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|----------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 243 595,5 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 279 | 0,09 |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 1471 | 0,48 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 1084 | 0,36 |

- **Indre-5**
- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|-------------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 90 | 14 | 0 | Moyen à fort | Faiblement chargé | 15,2 | 7,23 | 8,88 | 89,2 | 467 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 4 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-----------|----------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 11,5 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | Anodonte des étangs | 5,5 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 3 525 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 12 919 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 4 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|------------------|-------------------------------|------------|
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 1260 | 0,43 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 9844 | 3,36 |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | 209 | 0,07 |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 4479 | 1,54 |

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|----------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 314 782 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 565 | 0,19 |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 1223 | 0,43 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 329 | 0,11 |

- **Indre-6**
- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|-------------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 90 | 15 | 0 | Moyen à fort | Faiblement chargé | 15,3 | 7,18 | 9,06 | 91,7 | 442 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 3 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-----------|----------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 12 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 137 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 26 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 4 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|------------------|-------------------------------|------------|
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 618 | 0,28 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 1618 | 0,76 |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | 230 | 0,11 |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 5883 | 2,64 |

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|----------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 218 817,5 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 898 | 0,42 |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 786 | 0,33 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 193 | 0,09 |

- **Indre-7**
- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|-----------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 100 | 17 | 0,7 | Moyen à fort | Très chargé | 15,8 | 6,85 | 9,02 | 91,2 | 423 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 4 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-----------|----------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 38 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | Anodonte des étangs | 52,5 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 391,5 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 138 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 4 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|------------------|-------------------------------|------------|
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 1177 | 0,56 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 4297 | 2,1 |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | 945 | 0,48 |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 2136 | 1,05 |

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|----------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 268 308,5 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 3825 | 1,85 |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 2055 | 1 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 292 | 0,14 |

- **Indre-8**
- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|-----------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 100 | 17 | 0,7 | Moyen à fort | Très chargé | 15,8 | 6,85 | 9,02 | 91,2 | 423 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 5 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 1 170,5 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | Anodonte des étangs | 132,5 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 2 617 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 2 416 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | Pisidie des sources | 5,5 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 5 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|-------------------|-------------------------------|------------|
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 1401 | 0,63 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 11027 | 4,93 |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | 1432 | 0,64 |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 6617 | 2,97 |
| Salmonidae | <i>Salmo trutta</i> | Truite de rivière | 37 | 0,02 |

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|----------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 232 831 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 6764 | 3,03 |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 5506 | 2,47 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 792 | 0,35 |

- **Indre-9**
- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|-------------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 70 | 17 | 0 | Moyen à fort | Faiblement chargé | 15,7 | 6,77 | 9,22 | 92,9 | 180 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 7 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-------------|---------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 2 174 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | Anodonte des étangs | 650,5 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 1 988 |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | Anodonte comprimée | 46,5 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 1 690 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | Pisidie des sources | 12 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium nucleus</i> | Cyclade cerise | 11,5 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 5 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|-------------------|-------------------------------|------------|
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 982 | 0,29 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 2348 | 0,69 |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | 1808 | 0,53 |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 18403 | 5,39 |
| Salmonidae | <i>Salmo trutta</i> | Truite de rivière | 81 | 0,02 |

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|----------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 186 473,5 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 3964 | 1,16 |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 6390 | 1,87 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 1020 | 0,30 |

3.3.4 La Creuse

Au total, **7 stations de prélèvements ADNe** ont été réalisées sur la Creuse (**Figure 21 et 22**)

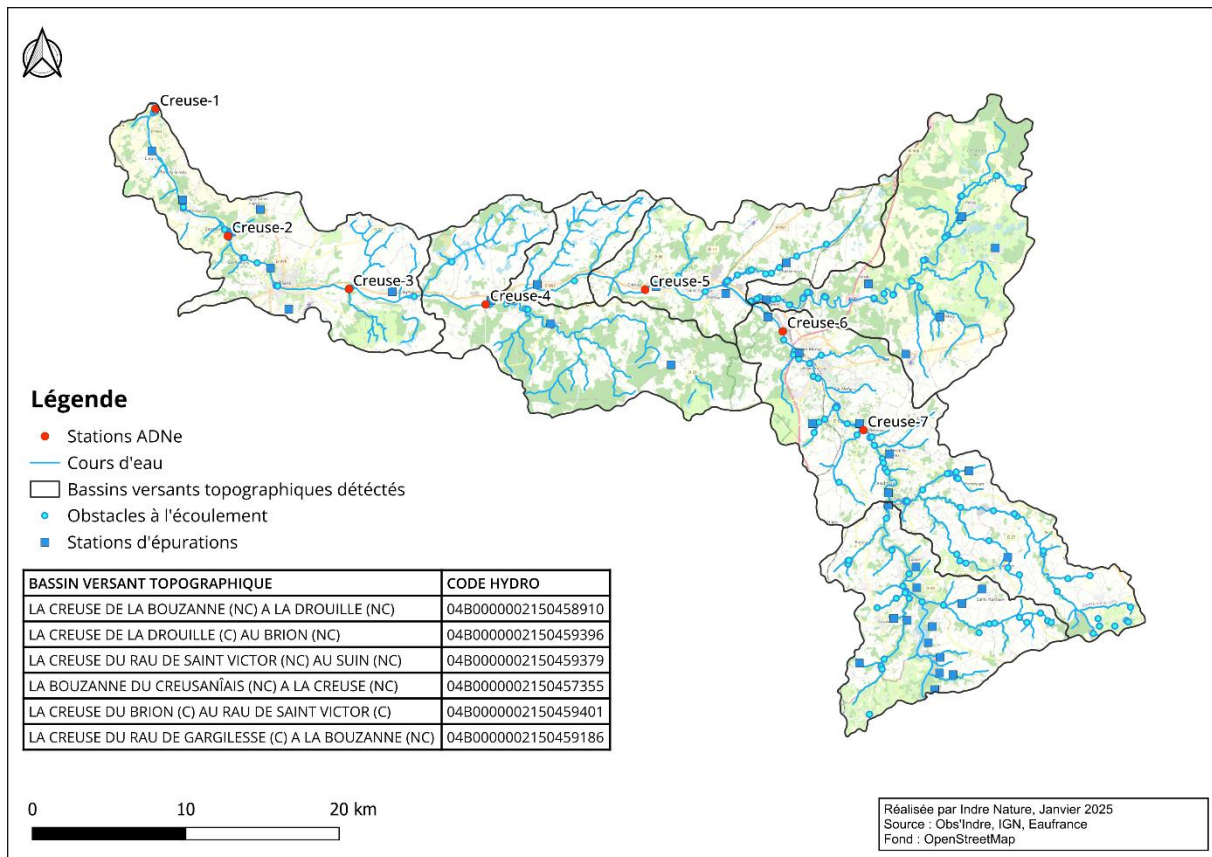


Figure 21 : Localisation des stations de prélèvement sur la Creuse

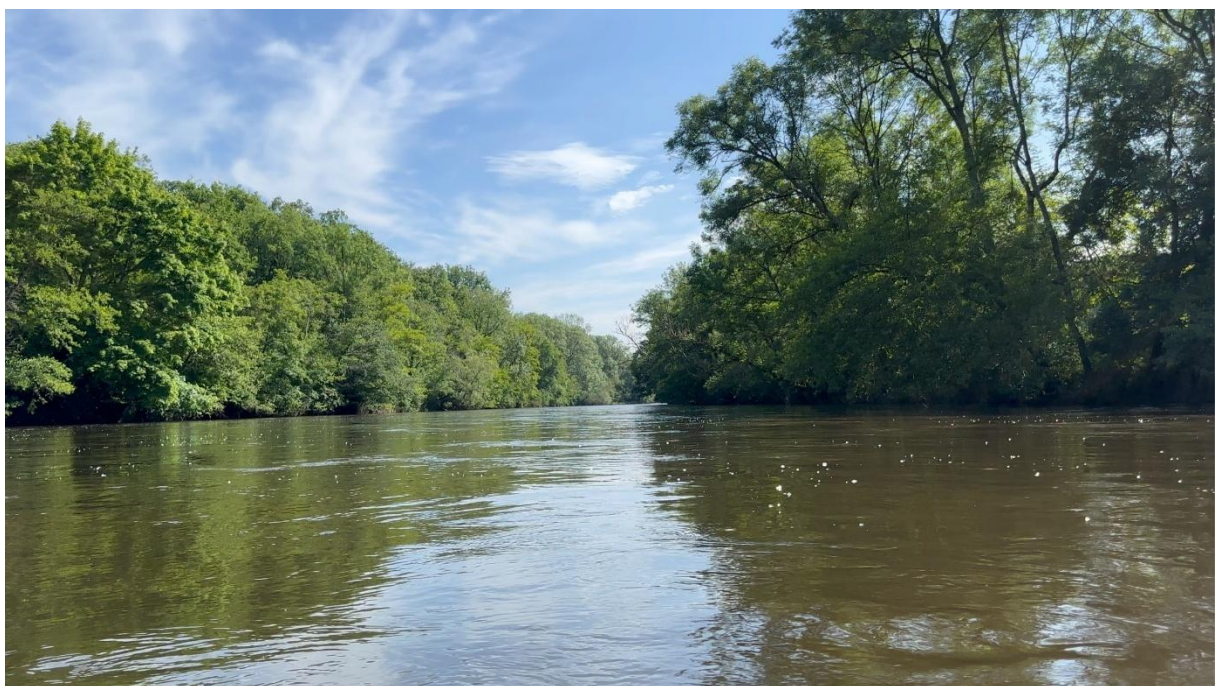


Figure 22 : Photographie de la station "Creuse-5" (©P. LANGE)

- **Creuse-1**
- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|-----------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 90 | 16 | 0 | Fort | Très chargé | 16,3 | 7,38 | 8,93 | 90,8 | 372 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 5 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 277 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | Anodonte des étangs | 181,5 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 5 048 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 1 714 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium lacustre</i> | Cyclade de vase | 6 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 5 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|------------------|-------------------------------|------------|
| Alosidae | <i>Alosa alosa</i> | Grande alose | 18 898 | 6,23 |
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 776 | 0,26 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 650 | 0,21 |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | * | * |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 1874 | 0,62 |

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|--------------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 174 721,5 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 200 | 0,07 |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 5911 | 1,95 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 2832 | 0,93 |
| Poissons | <i>Ctenopharyngodon idella</i> | Amour blanc | 391 | 0,13 |

- Creuse-2
- Condition de prélèvement :

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|-------------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 90 | 17 | 0,5 | Moyen à fort | Faiblement chargé | 15,7 | 6,89 | 9,38 | 94,1 | 175 |

- Espèces de bivalves à enjeux détectées : 5 espèces

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-------------|---------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 1 682 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 1 828 |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | Anodonte comprimée | 23 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 529 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | Pisidie des sources | 14,5 |

- Espèces de poissons à enjeux détectées : 4 espèces

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------|-----------------|-------------------------------|------------|
| Alosidae | <i>Alosa alosa</i> | Grande alose | 18 389 | 6,05 |
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 1095 | 0,36 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 2731 | 0,90 |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 3023 | 1 |

- Espèces exotiques réglementées :

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|--------------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 346 140,5 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 506 | 0,17 |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 7579 | 2,49 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 1243 | 0,41 |
| Poissons | <i>Ctenopharyngodon idella</i> | Amour blanc | 374 | 0,12 |

- **Creuse-3**
- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|-------------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 60 | 18 | 0 | Moyen à fort | Faiblement chargé | 15,7 | 6,94 | 9,41 | 94,9 | 159 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 6 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-------------|---------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 930,5 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | Anodonte des étangs | 139 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 419 |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | Anodonte comprimée | 27 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 267,5 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | Pisidie des sources | 6 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 5 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|------------------|-------------------------------|------------|
| Alosidae | <i>Alosa alosa</i> | Grande alose | 3461 | 1,10 |
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 1909 | 0,61 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 3557 | 1,12 |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | * | * |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 1654 | 0,53 |

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|--------------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 228 014,5 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 696 | 0,22 |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 6464 | 2,05 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 1549 | 0,49 |
| Poissons | <i>Ctenopharyngodon idella</i> | Amour blanc | 720 | 0,23 |

- **Creuse-4**
- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|-------------------|------------------|-----|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 100 | 17 | 1 | Moyen à fort | Faiblement chargé | 15,9 | 6,8 | 9,25 | 93,7 | 167 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 7 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-------------|---------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 6 879 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | Anodonte des étangs | 294,5 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 175,5 |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | Anodonte comprimée | 109,5 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 411 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | Pisidie des sources | 7 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium nucleus</i> | Cyclade cerise | 21 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 5 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|------------------|-------------------------------|------------|
| Alosidae | <i>Alosa alosa</i> | Grande alose | 3899 | 1,56 |
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 2997 | 1,18 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 2609 | 1,04 |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | * | * |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 1631 | 0,66 |

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|--------------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 473 188 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 550 | 0,21 |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 8269 | 3,29 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 624 | 0,25 |
| Poissons | <i>Ctenopharyngodon idella</i> | Amour blanc | 229 | 0,09 |

- Creuse-5
- Condition de prélèvement :

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|-------------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 10 | 20 | 0 | Moyen à fort | Faiblement chargé | 15,6 | 6,35 | 9,7 | 97,7 | 147,9 |

- Espèces de bivalves à enjeux détectées : 4 espèces

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-----------|---------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 8 082 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | Anodonte des étangs | 265,5 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 4 045,5 |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | Anodonte comprimée | 163 |

- Espèces de poissons à enjeux détectées : 5 espèces

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|------------------|-------------------------------|------------|
| Alosidae | <i>Alosa alosa</i> | Grande alose | 6393 | 2,48 |
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 2043 | 0,80 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 417 | 0,16 |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | 152 | 0,06 |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 985 | 0,39 |

- Espèces exotiques réglementées :

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|----------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 274 362 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 124 | 0,05 |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 2295 | 0,90 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 314 | 0,12 |

- Creuse-6
- Condition de prélèvement :

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|-------------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 10 | 21 | 0 | Moyen à fort | Faiblement chargé | 16,2 | 6,35 | 10,6 | 103 | 109,4 |

- Espèces de bivalves à enjeux détectées : 3 espèces

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-----------|----------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 19 424,5 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | Anodonte des étangs | 1 994,5 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 1 054,5 |

- Espèces de poissons à enjeux détectées : 4 (?) espèces

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|-------------|--------------------------------|-------------------|-------------------------------|------------|
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 1191 | 0,54 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 1992 | 0,39 |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | 1098 | 0,22 |
| Salmonidae | <i>Salmo salar</i> | Saumon atlantique | * | * |

- Espèces exotiques réglementées :

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|-------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 274 542 | - |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 1823 | 0,73 |

- **Creuse-7**

- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|-------------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 10 | 24 | 0 | Moyen à fort | Faiblement chargé | 16,9 | 6,44 | 9,95 | 103 | 117,7 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 3 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-----------|----------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 24 527 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | Anodonte des étangs | 4 408,5 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 62 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 4 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|------------------|-------------------------------|------------|
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 928 | 0,40 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 2477 | 1,18 |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | 695 | 0,35 |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 398 | 0,20 |

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|----------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 274 542 | - |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 1823 | 0,73 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | * | * |

3.3.5 L'Anglin

Au total, 6 stations de prélèvements ADNe ont été réalisées sur l'Anglin (Figure 23 et 24)

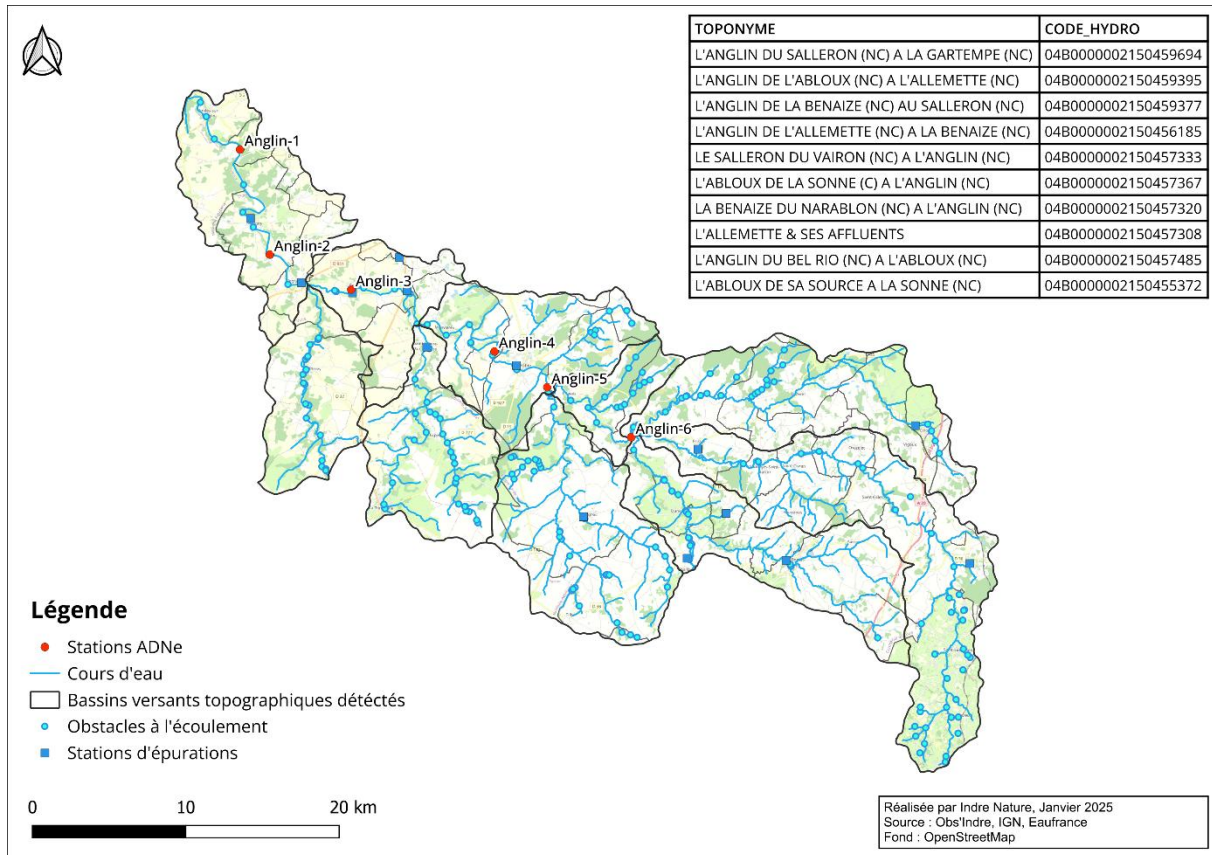


Figure 23 : Localisation des stations de prélèvement sur l'Anglin

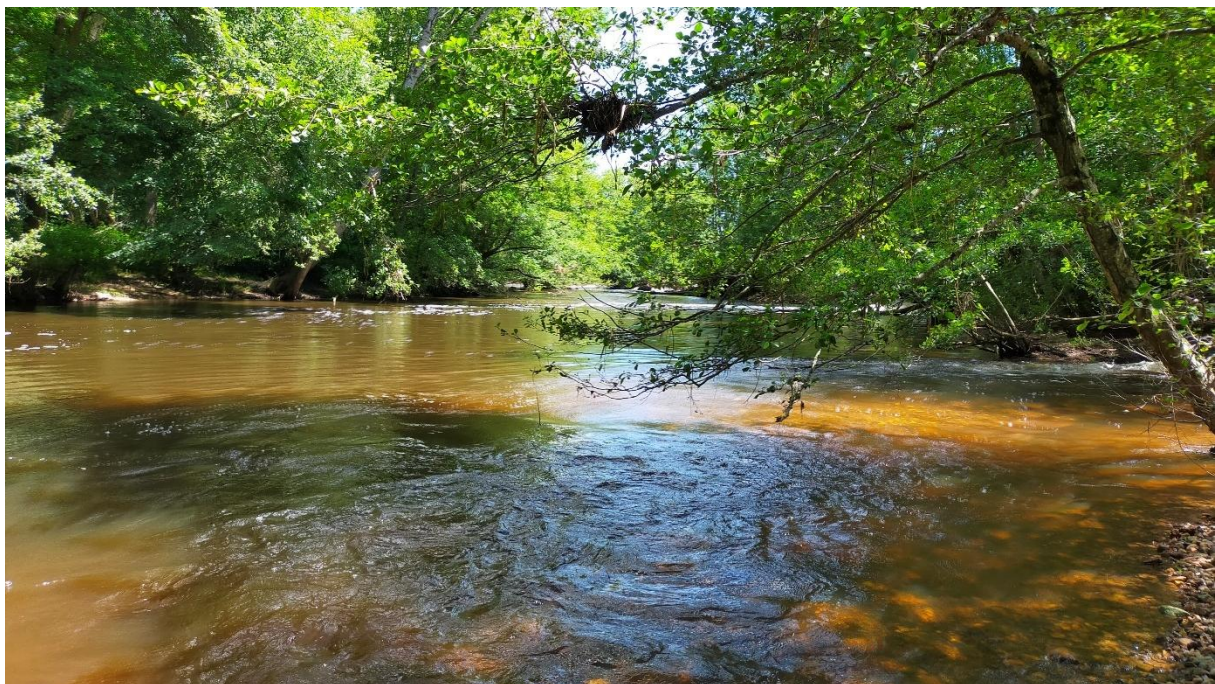


Figure 24 : Photographie de la station "Anglin-2" (©R. VILLALTA)

- **Anglin-1**

- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|-------------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 10 | 16 | 0 | Moyen à fort | Faiblement chargé | 16,9 | 7,32 | x | x | 223 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 3 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-----------|----------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 497 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 4 181 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 453,5 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 4 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------|-----------------|-------------------------------|------------|
| Alosidae | <i>Alosa alosa</i> | Grande alose | 106 480 | 40,70 |
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 258 | 0,10 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 1089 | 0,43 |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 1729 | 0,67 |

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|--------------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 255 152,5 | - |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 1032 | 0,39 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 218 | 0,08 |
| Poissons | <i>Ctenopharyngodon idella</i> | Amour blanc | * | * |

- **Anglin-2**
- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|-------------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 5 | 17 | 0 | Moyen à fort | Faiblement chargé | 17,8 | 7,15 | x | x | 216 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 3 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-----------|----------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 851,5 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 2 291,5 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 428,5 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 6 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|------------------|-------------------------------|------------|
| Alosidae | <i>Alosa alosa</i> | Grande alose | 16066 | 5,62 |
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 344 | 0,12 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 503 | 0,18 |
| Petromyzontidae | <i>Petromyzon marinus</i> | Lamproie marine | * | * |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | * | * |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 4552 | 1,59 |

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|----------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 216 989,5 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | * | |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 3821 | 1,34 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 727 | 0,25 |

- **Anglin-3**
- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|-------------------|------------------|----|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 5 | 25 | 0 | Moyen à fort | Faiblement chargé | 17,9 | 7 | x | x | 191 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 4 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-----------|---------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 1 386 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | Mulette des rivières | 479 |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | Anodonte comprimée | 31,5 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 173,5 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 5 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|------------------|-------------------------------|------------|
| Alosidae | <i>Alosa alosa</i> | Grande alose | 46422 | 18,88 |
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 612 | 0,25 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 470 | 0,19 |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | * | * |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 8090 | 3,29 |

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|--------------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 303 493 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 96 | 0,04 |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 5501 | 2,24 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 984 | 0,40 |
| Poissons | <i>Ctenopharyngodon idella</i> | Amour blanc | 96 | 0,04 |

- **Anglin-4**
- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|-----------------|------------------|-----|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 5 | 18 | 0 | Moyen | Très chargé | 16,7 | 7,2 | x | x | 250 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 4 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-----------|---------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 5 603 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | Anodonte des étangs | 33,5 |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | Anodonte comprimée | 100 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 3 525,5 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 5 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|------------------|-------------------------------|------------|
| Alosidae | <i>Alosa alosa</i> | Grande alose | 131 | 0,04 |
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 522 | 0,16 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 2855 | 0,82 |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | * | * |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 8038 | 2,56 |

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|----------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 204 956,5 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 737 | 0,22 |
| Poissons | <i>Ameiurus nebulosus</i> | Barbotte brune | * | * |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 5284 | 1,59 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 1118 | 0,36 |

- **Anglin-5**
- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|-----------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 5 | 24 | 0 | Moyen | Chargé | 17 | 7,11 | x | x | 239 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 4 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-------------|---------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 3 078,5 |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | Anodonte comprimée | 51,5 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 21 452,5 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | Pisidie des sources | 13,5 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 5 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|-------------------|-------------------------------|------------|
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 548 | 0,18 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 897 | 0,29 |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | 63 | 0,02 |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 1626 | 0,53 |
| Salmonidae | <i>Salmo trutta</i> | Truite de rivière | * | * |

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|----------------------------|--|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Corbicula sp.</i> | Corbicule asiatique / C. striolée / C. japonaise | 204 956,5 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 494 | 0,16 |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 1041 | 0,34 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 143 | 0,05 |

- **Anglin-6**
- **Condition de prélèvement :**

| Conditions météorologiques | | | Conditions hydrologiques | | Physico-Chimie | | | | |
|----------------------------|------------------|-------------------|--------------------------|-----------------|------------------|------|--------------------|-----------------|----------------------|
| Couverture nuageuse (%) | Température (°C) | Pluviométrie (mm) | Débit | Présence de MES | Température (°C) | pH | Oxygénation (mg/L) | Oxygénation (%) | Conductivité (µS/cm) |
| 5 | 22 | 0 | Moyen | Très chargé | 16,6 | 7,05 | x | x | 197 |

- **Espèces de bivalves à enjeux détectées : 4 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN |
|-------------|---------------------------|------------------------|-------------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | Anodonte des rivières | 1083 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | Mulette épaisse | 113 275,5 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa hibernica</i> | Pisidie septentrionale | 87,5 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | Pisidie des sources | 819 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium lacustre</i> | Cyclade de vase | 8 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium nucleus</i> | Cyclade cerise | 3 148,5 |

- **Espèces de poissons à enjeux détectées : 6 espèces**

| Famille | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|------------------|--------------------------------|--------------------|-------------------------------|------------|
| Cottidae | <i>Cottus perifretum</i> | Chabot Celtique | 418 | 0,14 |
| Esocidae | <i>Esox lucius</i> | Brochet | 659 | 0,10 |
| Petromyzontidae | <i>Lampetra planeri</i> | Lamproie de Planer | 30 | 0,01 |
| Leuciscidae | <i>Leuciscus burdigalensis</i> | Vandoise rostrée | 77 | 0,02 |
| Acheilognathidae | <i>Rhodeus amarus</i> | Bouvière | 1894 | 0,62 |
| Salmonidae | <i>Salmo trutta</i> | Truite de rivière | 27 | 0,01 |

- **Espèces exotiques réglementées :**

| Groupe | Nom | Nom français | Nombre moyen de séquences ADN | % du total |
|----------|-----------------------------|-------------------|-------------------------------|------------|
| Bivalves | <i>Sinanodonta woodiana</i> | Anodonte chinoise | 8 | - |
| Poissons | <i>Ameiurus melas</i> | Poisson-chat | 585 | 0,19 |
| Poissons | <i>Lepomis gibbosus</i> | Perche soleil | 919 | 0,30 |
| Poissons | <i>Pseudorasbora parva</i> | Pseudorasbora | 322 | 0,11 |

4. Discussion

4.1 La Grande Mulette et ses poissons hôtes

Cette étude a permis de confirmer l'absence de *Pseudunio auricularius* dans le département de l'Indre. La raréfaction et la contraction de son aire de répartition sont préoccupantes. Plusieurs facteurs liés aux activités anthropiques peuvent expliquer la disparition de l'espèce dans l'Indre. À partir des données issues des stations de suivi de la qualité des eaux, les conditions optimales pour le développement de l'espèce sont de plus en plus rarement atteintes. Cette situation s'explique par la présence de pollutions diffuses, de micro- et macro-polluants, ainsi que par d'importantes ruptures de continuité écologique (seuils, barrages). Ces perturbations ont une incidence directe non seulement sur l'habitat préférentiel de la Grande Mulette, mais également sur ses poissons hôtes indispensables à son cycle de vie.

Plusieurs de ses hôtes ont pu être contactés de manière certaine (Silure glane, Anguille européenne) et probable (Lamproie marine). Le Silure glane est mentionné sur l'ensemble des stations de prélèvement ADNe, ce qui en fait l'hôte potentiel le plus commun. L'Anguille européenne est présente sur tous les cours d'eau prélevés, en particulier sur les sections les plus à l'aval, celle-ci ne pouvant pas atteindre certains tronçons plus en amont en raison de plusieurs seuils et barrages limitant ou stoppant sa migration. Enfin, la Lamproie marine n'a fait l'objet que d'un seul contact, sous forme de traces (*) au niveau de la station 2 de l'Anglin, à proximité de plusieurs zones recensées comme frayère à Lamproie marine par LOGRAMI. Cela signifie que l'ADN de l'espèce a été détecté en faible quantité, empêchant de confirmer sa présence de manière certaine. D'après les données recueillies au cours de cette étude et d'autres études faisant l'objet de recherches par ADNe (Etude E. Champion FDAAPPMA77), il est probable que les Lamproies soient difficilement détectables lorsqu'elles sont enfouies dans les sédiments, ce qui expliquerait le faible nombre de séquences ADN recueillies.

4.2 Autres bivalves

Malgré l'absence de *Pseudunio auricularius*, d'autres espèces de bivalves patrimoniaux en région Centre-Val de Loire ont pu être détectées. Parmi ces espèces : 5 Unionidae et 6 Sphaeriidae.

- La **Mulette épaisse (*Unio crassus*)** a pu être détectée sur tous les cours d'eau prélevés à l'exception du Cher. Sa présence est régulière sur le Fouzon, l'Indre et l'Anglin. Elle est absente des prélèvements réalisés sur les stations les plus en amont de la Creuse. Enfin, le nombre de séquences ADN détectées est variable en fonction des stations ($\bar{x} = 7115$), avec un nombre médian maximum sur la station Anglin-6 ($\bar{x} = 113275,5$), à la confluence entre l'Abloux et l'Anglin.
- La **Mulette des rivières (*Potomida littoralis*)** est présente sur tous les cours d'eau échantillonnés. Au regard de la quantité d'ADN détectée sur certaines stations de l'Indre (Indre-3 à 5) et de la Creuse (Creuse-5), ces cours d'eau semblent abriter des populations plus importantes. L'Anglin n'abrite l'espèce que sur sa partie aval.
- L'**Anodonte comprimée (*Pseudanodonta complanata*)** est ponctuellement présente sur le Fouzon, l'Indre, la Creuse et l'Anglin. La quantité d'ADN détecté est relativement faible par rapport aux autres Anodontes.
- L'**Anodonte des étangs (*Anodonta cygnea*)** est présente dans tous les cours d'eau prélevés à l'exception du Cher. Sa présence est récurrente, toutefois, le nombre de séquences ADN détectées est très variable en fonction des stations. Cette variabilité peut s'expliquer par la présence de faciès lentique en amont de certaines stations, mais également par la présence d'étangs localisés sur des affluents.

- L'**Anodonte des rivières** (*Anodonta anatina*) est l'espèce la plus fréquente, puisqu'elle a pu être détectée sur l'ensemble des stations.

Les données ADNe de Sphaeriidae sont moins récurrentes que celles d'Unionidae. Cela peut s'expliquer par leur taille inférieure et par conséquent les plus faibles quantités d'ADN émises dans le milieu.

- La **Pisidie septentrionale** (*Euglesa hibernica*), il s'agit de la première mention de l'espèce dans le département. Elle a fait l'objet que d'une seule détection sur la station Anglin-6.
- La **Pisidie des rives** (*Euglesa milium*), elle n'a été détectée que dans l'Indre (Indre-3 et 4).
- La **Pisidie des sources** (*Euglesa personata*), cette espèce a pu être détectée sur tous les cours d'eau échantillonnés.
- La **Cyclade de vase** (*Sphaerium lacustre*), l'espèce a été détectée dans les cours du Fouzon, de l'Indre et de l'Anglin.
- La **Cyclade cerise** (*Sphaerium nucleus*), nouvelle espèce pour la région, celle-ci a été détectée à quatre reprises sur les cours de l'Indre (2), de la Creuse (1) et de l'Anglin (1).
- La **Cyclade ovale** (*Sphaerium ovale*), nouvelle espèce pour la région, celle-ci a fait l'objet d'une détection dans l'Indre (Indre-3).

Quelques espèces exotiques envahissantes ont également pu être détectées. Les Corbicules sont les plus fréquentes. Elles sont présentes en nombre, sur toutes les stations à l'exception de la station Anglin-6. Sur cette dernière, une autre espèce a été recensée : l'Anodonte chinoise. Cette dernière constitue une menace majeure pour les Anodontes autochtones.

4.3 Autres poissons

- **Grande alose** (*Alosa alosa*) : La Grande Alose a pu être détectée sur le **Cher**, la **Creuse** (5/7 stations) et l'**Anglin** (4/6 stations).

Sur le **Cher**, la quantité d'ADNe de Grande alose correspond à **7,47%** de l'ADNe de la station. C'est également le site le plus en amont sur lequel l'espèce a été détectée en 2024 (pers. comm. LOGRAMI).

Concernant l'axe **Creuse**, à l'hiver 2024, deux ouvrages ont subi des dégradations : les seuils de Tournon Saint Martin (**ROE6426**) et de Bénavent (**ROE6547**). Des brèches se sont formées, permettant un franchissement facilité de ces ouvrages jusque-là problématiques.

- Pour les deux premières stations (**Creuse 1** et **2**) de la Creuse, la Grande alose représente **6 %** (environ 18 500 séquences d'ADN) de l'ADNe récolté. Cette proportion diminue à partir de la **station 3** avec **1,1 %** (3 461 séquences) et remonte à la **station 5** avec **2,48 %** (6 939 séquences). La dernière station (**Creuse 5**) était située 5 km à l'aval du seuil de St Gaultier (**ROE7957**), premier obstacle avant la station 6 qui était située à l'aval du moulin de Saint-Marin (**ROE8002**).
- L'espèce n'a plus été détectée au niveau des stations suivantes (**Creuse 6** et **Creuse 7**).

La **Grande Alose** est l'espèce la plus détectée à la première station de l'**Anglin**, représentant **40,70 %** de l'ADNe avec 106 480 séquences. Entre la **Anglin 1** et **Anglin 2**, trois ouvrages sont présents, dont deux – le Moulin de la Roche Bellusson (**ROE15093**) et le barrage de Mérygny (**ROE16542**) – qui ne sont pas aménagés pour assurer la continuité écologique.

À la **station 2**, la proportion de Grande Alose détectée chute à **5,62 %** de l'ADNe, soit 16 066 séquences. Elle remonte ensuite à **18,88 %** (46 422 séquences) à la **station 3**, malgré plusieurs obstacles à l'écoulement franchis, dont le Moulin de Puychévrier (**ROE16545**), le Seuil de

Pontigny (**ROE16547**), dont la rampe n'a été pleinement opérationnelle que fin 2024, et enfin le Moulin de Salleron (**ROE14086**). En revanche, à la **station 4**, la détection devient très faible, avec seulement **0,04 %** de l'ADNe, soit 131 séquences. L'espèce n'a pas été détectée au niveau des stations 5 et 6.

- **Saumon atlantique** (*Salmo salar*) : Des traces d'ADNe de saumon atlantique ont été détectées à la station **Creuse 6**, située en aval d'Argenton-sur-Creuse. Deux hypothèses sont envisageables : soit ces traces proviennent de saumons consommés et rejetés par la station d'épuration d'Argenton-sur-Creuse, soit il s'agit réellement d'une petite quantité d'ADNe de Saumon atlantique.

Cependant, une autre espèce consommée, la **sardine** (*Sardina pilchardus*), a également été détectée à la station **Creuse 6**. Ce résultat tend à favoriser la première hypothèse, à savoir une détection due à la consommation humaine.

- **Maquereau commun** (*Scomber scombrus*) : Le maquereau commun a été détecté sous forme de traces d'ADN au niveau de la station Creuse 2, située à l'aval du Blanc.
- **Brochet** (*Esox lucius*) : Le Brochet est présent sur toutes les stations des cours d'eau étudiés avec des proportions allant de **0,1%** sur la station **Anglin 6** à **4,93%** sur la station **Indre 8**, cours d'eau où l'espèce a été la plus détectée. **Migrateur holobiotique**¹, affectionnant les eaux calmes et végétalisées, le brochet se déplace en hiver pour atteindre les zones humides en bordure des cours d'eau. Les **frayères** se trouvent souvent dans le **lit majeur** de la rivière et constituent des **zones humides** (marais, prairies inondables, bras morts...). Les travaux hydrauliques du remembrement agricole, le changement d'occupation des prairies en culture ainsi que l'artificialisation des zones humides ont contribué à sa régression. La rivière **Indre** abrite autant de frayères à brochet que l'ensemble des autres cours d'eau du département réunis.
- **Vandoise rostrée** (*Leuciscus burdigalensis*) :
 - Cette espèce, également migratrice holobiotique lithophile², a été détectée sous forme de traces dans le **Cher** ainsi qu'à la station 1 du Fouzon.
 - Sur la rivière **Indre**, l'espèce a été détectée sur l'ensemble des neuf stations. La proportion d'ADNe suit un gradient croissant de l'aval vers l'amont, passant de **0,02%** (70 séquences) à la station **Indre 1**, en aval, à **0,53 %** (1 808 séquences) à la station **Indre 9**, en amont.
 - La vandoise rostrée a été détectée sur 6 des 7 stations de la **Creuse**. Sur les stations 1, 3, 4 et 7, l'analyse n'a révélé que des traces d'ADNe. Au niveau de la station 5, la vandoise représente **0,06%** de la quantité d'ADNe (152 séquences) et **0,22%** (1098 séquences) pour la station 6.
 - L'espèce n'a pas été détectée sur la première station (**Anglin 1**). Des traces ADNe de Vandoise ont été détectées sur les stations **Anglin 2** à **4**. Pour les stations 5 et 6, la

¹ Migrateur holobiotique : espèce qui réalise sa migration en eau douce

² Les espèces lithophiles déposent leurs oeufs sur des fonds constitués de blocs, de roche, de gravier ou de sable

proportion d'ADNe de Vandoise dans l'échantillon est identique avec **0,02%** (63 séquences pour **Anglin 5** et 77 séquences pour **Anglin 6**).

Cette espèce représente une faible part de l'ADNe lorsqu'elle a été détectée autrement que sous forme de traces. Elle a souvent été relevée sous forme de traces, indiquant une faible densité d'individus. La Vandoise est une espèce en régression, principalement à cause des obstacles à la migration, la régulation des débits, la disparition des zones de frayères, le déficit en granulométrie ainsi que du parasitisme par *Trachelisastes polycopus*.

- **Truite de rivière** (*Salmo trutta*) : La Truite de rivière, migrateur holobiotique affectionnant les eaux froides et courante, n'a été détectée que sur deux cours d'eau, l'Indre et l'Anglin.

→ La Truite de rivière a été détectée à partir de la station **Indre 8** (0,02%, 37 séquences) et jusqu'à la dernière station, **Indre 9** (**0,02%, 81** séquences). Ces résultats montrent la présence de l'espèce, bien qu'apparemment en faible effectif, en dehors de sa zone de prédilection qui se situe plutôt en amont d'Ardentes.

→ Sur l'Anglin, des traces de Truite de rivière ont été détectées sur la station **Anglin 5** et l'espèce a été confirmée sur la station **Anglin 6** (**0,01 %**, 27 séquences). La localisation de la station empêche de conclure sur la présence de l'espèce sur l'Anglin même ou des affluents (Sonne, Abloux, dont on sait que l'espèce est présente et se reproduit).

La situation de la Truite de rivière dans le département demeure assez incertaine. L'absence de détection par ADNe de Truite dans la Creuse est inquiétante. Elle est assez révélatrice d'une tendance à la raréfaction de ce poisson, véritable sentinelle des cours d'eau frais et bien oxygénés. Très sensible à la température de l'eau, la Truite subit les effets du ralentissement des écoulements provoqué par les obstacles à la continuité écologique et amplifié par le changement climatique. Par ailleurs, les ruptures de continuité exercent également une influence sur l'état des habitats, avec le colmatage des frayères ou encore la simplification de l'habitat consécutive des anciens travaux hydrauliques.

- **Chabot celtique** (*Cottus perifretum*) : le Chabot a été détecté sur toutes les stations des cours d'eau échantillonnés en 2024 avec un minimum sur **l'Anglin 1** (0,10%, 258 séquences) et un maximum sur la station **Creuse 4** (1,18%, 2854 séquences). Cette espèce de chabot possède une grande plasticité puisqu'on le retrouve sur les ruisseaux de têtes de bassin versant comme dans les grandes rivières et fleuves. C'est une espèce qui a besoin de substrat grossier (pierres, graviers).

- **Lamproie de Planer** (*Lampetra planeri*) : La Lamproie de Planer est une espèce d'eau douce vivant préférentiellement dans les têtes de bassin et les cours d'eau de faible ordre de drainage. Les adultes se reproduisent dans des eaux comprises entre 8 et 11 °C. Les juvéniles grandissent dans le sédiment jusqu'à maturité sexuelle. La méthode ADNe utilisée ne permet pas de distinguer les espèces du genre *Lampetra*, à savoir *Lampetra fluviatilis* (Lamproie fluviatile) et *Lampetra planeri* (Lamproie de Planer). La question s'est posée pour la station du Cher, toutefois, les échanges avec les techniciens de LOGRAMI ont confirmé la très faible probabilité de présence de la lamproie fluviatile aussi haut sur ce cours d'eau.

→ Sur le **Cher**, la lamproie a également été détectée, le retour de LOGRAMI nous incite à l'identifier comme lamproie de Planer.

- La lamproie a été détectée sur la station **Indre 1** sous forme de traces.
 - Sur l'Anglin, la station la plus en amont, **Anglin 6** a été positive pour ce taxon (**0,01 %**, 30 séquences). La quantité d'ADN est toutefois faible.
- **Bouvière** (*Rhodeus amarus*) : La Bouvière est une espèce dont le cycle de vie dépend étroitement des mollusques bivalves de la famille des Unionidae, utilisés comme support pour la ponte. Autrefois considérée comme impliquée dans une symbiose mutualiste, cette relation est aujourd'hui interprétée comme un parasitisme exercé par la bouvière sur les moules d'eau douce. L'évolution climatique de ces dernières décennies contribue à une extension majeure de son aire de répartition. L'espèce est favorisée par des espaces aquatiques artificialisés lenticules (réchauffement de l'eau, eau calme, ...). Dans certaines conditions, elle peut prendre un caractère invasif.
 - La Bouvière a été détectée dans le **Cher**, les stations du **Fouzon**, celle de **l'Indre**, 6 des 7 stations de la **Creuse** (**Creuse 6**) et toutes les stations de **l'Anglin**. C'est sur la station **Fouzon 2** que la bouvière représente la plus grande part de l'ADNe totale (6,29%, 18 489 séquences). La station **Creuse 7**, au contraire, présente la plus petite portion avec 0,20% et 398 séquences.
- **Perche soleil** (*Lepomis gibbosus*) : Ce poisson exotique envahissant originaire d'Amérique du Nord, la perche soleil a été détectée sur toutes les stations des cours d'eau échantillonnés en 2024. C'est une espèce qui affectionne les eaux calmes et plutôt chaudes.
 - C'est sur la Creuse que sa présence subit les plus grandes variations : de **0,35%** (695 séquences) sur la station **Creuse 7** à **3,29%** (8269 séquences) pour sur la station **Creuse 4**.
 - La perche soleil a été détectée sur les 9 stations de l'Indre, avec une valeur minimale de **0,33%** (786 séquences) pour la station **Indre 6** et une valeur maximale de **2,47%** (5 506 séquences) pour la station **Indre 8**.
 - Sur l'Anglin, la perche soleil a été détectée sur les 6 stations, avec une valeur minimale de **0,30%** (919 séquences) pour la station **Anglin 6** et une valeur maximale de **2,24%** (5 501 séquences) pour la station **Anglin 3**
- **Poisson chat** (*Ameiurus melas*) : espèce exotique envahissante originaire d'Amérique du Nord, le poisson-chat a été détecté sur le Cher, le Fouzon, l'Indre, la Creuse et l'Anglin.
 - La station du Cher est celle avec la détection la plus faible : **0,03%** (100 séquences). Le résultat est à mettre en lien avec la taille du cours d'eau ainsi que le faciès d'écoulement du secteur, plutôt courant donc défavorable à l'espèce.
 - Le poisson-chat a été détecté sur les 9 stations de l'Indre, avec une valeur minimale de **0,09%** (279 séquences) pour la station **Indre 4** et une valeur maximale de **3,03%** (6764 séquences) pour la station **Indre 8**.
 - Sur la Creuse, l'espèce a été détectée sur la station **Creuse 1** (0,07%, 200 séquences) à la station **Creuse 5** (0,05%, 124 séquences). Les valeurs restent très faibles sur cet axe, indiquant probablement de l'ADN en provenance des étangs présents sur les affluents.
 - Sur l'Anglin, le poisson-chat a été détecté sur les 5 stations les plus en amont. À l'état de traces sur la station **Anglin 2**, avec une valeur maximale 0,22% (737 séquences) sur la station **Anglin 4**, il est présent jusqu'à la station **Anglin 6** (0,19% et 585 séquences).

- **Pseudorasbora** (*Pseudorasbora parva*) : Poisson exotique envahissant originaire d'Asie, le pseudorasbora est un poisson de petite taille. Il est porteur sain de l'agent rosette (*Sphareothecum destruens*), un protiste eucaryote intracellulaire responsable de sévères déclin de population de cyprinidae *sensu lato*, percidae et salmonidae en Europe et aux États-Unis. Il a été introduit dans l'Indre par une pisciculture de Brenne (pers. comm. B.Barbey) :
 - Le Pseudorasbora a été retrouvé sur le Cher (2,05%, 6440 séquences), les stations du **Fouzon** (max : 0,74%, 2230 séquences), **l'Indre** (9 stations, max : 0,57% 2044 séquences), la **Creuse** (6/7 stations, max 0,93%, 2832 séquences) et **l'Anglin** (6 stations, 0,40%, 984 séquences).

- **Amour blanc** (*Ctenopharyngodon idella*) : Originaire des bassins de l'Amour et du Yangtsé, l'Amour blanc est un poisson herbivore réglementé en France. Son introduction ne peut se faire que dans des plans d'eau sans communication avec le cours d'eau (eaux closes) et une autorisation administrative est nécessaire (arrêté ministériel du 20 mars 2016).
 - Ce poisson herbivore a été retrouvé sur le Cher, le Fouzon (1 station sur 2), l'Indre (4 stations sur 9), la Creuse (4 stations sur 7) et l'Anglin (1 station sur 6). La méthode ADNe relève tout son intérêt pour ce type d'espèce, très difficile à capturer en méthode classique car souvent présent en faible nombre et dans de grandes rivières.

- **Barbotte brune** (*Ameiurus nebulosus*) : Les traces d'ADNe de Barbotte brune sur la station **Anglin 4** demandent une investigation complémentaire. En effet, cette espèce exotique n'est pas connue dans le département de l'Indre ni sur le territoire métropolitain.

4.4 La méthode utilisée

La recherche d'ADN environnemental (ADNe) constitue une méthode de prospection rapide, fiable et particulièrement intégratrice, notamment pour les taxons difficiles à détecter ou à identifier. Pour les bivalves, cette méthode présente l'avantage de détecter des individus vivants plutôt que des restes de coquilles échoués sur les berges, contrairement aux méthodes classiques. Pour les poissons, son principal atout réside dans la capacité à repérer des espèces à faible densité ou en phase de migration, comme cela a été observé dans cette étude.

Cependant, l'ADNe ne permet pas d'estimer les effectifs des populations ni de localiser précisément les espèces détectées. Malgré cette limite, cette technique offre un excellent rapport coût/bénéfice et fournit une vision globale des communautés biologiques présentes dans les milieux étudiés.

En ce qui concerne les poissons, l'une des limites de la méthode est son impossibilité à discriminer certaines espèces au niveau spécifique. C'est notamment le cas des complexes d'espèces et de certains genres ([cf. 4.2.2](#)).

Les conditions hydrologiques du printemps 2024 ont rendu les prélèvements plus compliqués, et la détection a probablement été plus difficile en raison d'une forte dilution de l'ADN liée aux hauteurs d'eau et des débits élevés. Toutefois, les conditions de débit ont facilité la migration des espèces amphihalines tels que la Grande alose, l'Anguille européenne et la Lamproie marine. Par ailleurs, les forts débits ont probablement étendu le linéaire de détection.

5. Conclusion

Ce projet collaboratif entre Indre Nature, la Fédération de l'Indre pour la pêche et la protection du milieu aquatique et l'Office français de la biodiversité a permis de banqueriser près de 870 données.

Les recherches ADNe menées n'ont pas permis de révéler la présence de la Grande Mulette (*Pseudunio auricularius*) dans les cours de l'Anglin, du Cher, de la Creuse, du Fouzon et de l'Indre. Toutefois, plusieurs hôtes de l'espèce ont pu être détectés comme le Silure glane, de l'Anguille et de la Lamproie marine. Il s'agit des mêmes hôtes présents dans l'Indre-et-Loire, où la Grande Mulette est recensée.

Malgré l'absence de *Pseudunio auricularius*, d'autres espèces patrimoniales ont pu être détectées, grâce à cette étude. Parmi elles, plusieurs espèces d'Unionidae fortement menacées aux échelles régionale et nationale. La Mulette épaisse (*Unio crassus*), est la seule espèce protégée et d'intérêt communautaire détectée. Au-delà des données issues de cette étude, *Unio crassus* est connue de nombreux cours d'eau du département de l'Indre. Toutefois, les mentions faites sont localisées et généralement issues d'individus retrouvés morts. À l'échelle nationale, l'espèce semble se raréfier suite à la destruction de son habitat et aux diverses pollutions présentes dans les cours d'eau. Les trois espèces d'Anodontes autochtones (*Anodonta anatina*, *Anodonta cygnea* et *Pseudanodonta complanata*) ont pu être détectées. L'Anodonte des rivières et l'Anodonte des étangs sont particulièrement communes, ce qui n'est pas le cas de l'Anodonte comprimée. Les données réalisées sur ces espèces sont particulièrement intéressantes puisqu'elles sont de plus en plus menacées à l'échelle nationale. En effet, ces espèces sont sensibles à la qualité de l'eau, mais surtout de plus en plus en concurrence avec l'Anodonte chinoise (*Sinanodonta woodiana*) et les Corbicules (*Corbicula sp.*). Enfin, la Mulette des rivières (*Potomida littoralis*) a pu être détectée sur tous les cours d'eau échantillonnés. Cette espèce autrefois commune a fortement régressé, c'est pourquoi elle est aujourd'hui considérée comme « en danger » à l'échelle nationale.

Quelques espèces de Sphaeriidae patrimoniales ont également pu être détectées. Les connaissances sur leur répartition sont très lacunaires en région Centre-Val de Loire. Cette étude a permis de mettre à jour une partie de ces connaissances sur plusieurs d'entre elles : *Euglesa hibernica*, *Euglesa milium*, *Euglesa personata*, *Sphaerium lacustre*. Deux autres espèces patrimoniales supposées présentes à l'échelle de la région ont pu être contactées : *Sphaerium nucleus* et *Sphaerium ovale*.

Concernant les poissons, ce projet a mis en évidence la présence de poissons migrateurs amphihalins dans les cinq cours d'eau échantillonnés, avec des différences marquées. Une attention particulière a été portée à la Grande alose, détectée dans le Cher, la Creuse et l'Anglin. Ce poisson, exigeant en matière de continuité écologique (espèce non sauteuse), a pu franchir des obstacles non aménagés pour remonter la Creuse et l'Anglin, des secteurs sans données depuis environ 10 ans. Les forts débits de 2024, ainsi que l'effacement de certains obstacles expliquent cela. La Creuse et l'Anglin sont classés pour la continuité écologique de l'Anguille européenne, la Grande alose, le Saumon et la Lamproie marine, des espèces en voie de disparition.

Le projet a également recueilli des données précieuses sur des poissons migrateurs holobiotiques tels que le Brochet, la Truite de rivière et la Vandoise rostrée. Espèce peu connue, l'absence de la Lote de rivière (*Lota lota*) dans les résultats confirme la disparition de cette espèce du département. La dernière observation de l'espèce a eu lieu sur l'Indre (2015). Les hypothèses sur les causes de la disparition incluent le réchauffement de l'eau, les perturbations du cycle de vie par les ouvrages et la baisse des débits, ainsi que la prédation.

Ces résultats soulignent l'urgence de renforcer les actions de restauration de la continuité écologique pour garantir la préservation des populations migratrices. Il est également essentiel de restaurer ou de maintenir les zones de reproduction de ces espèces, car la capacité de franchir un obstacle n'a de valeur biologique que si ces habitats critiques sont préservés.

La méthode ADNe a permis de détecter des espèces exotiques, dont certaines étaient déjà connues (Poisson-chat, Perche soleil, etc.) et d'autres dont la présence était suspectée, comme l'Amour blanc. La détection de traces de Barbotte brune à la station Anglin-4 nécessite un examen approfondi. Si ce résultat est authentique et non un faux positif, il représenterait la première mention de cette espèce nord-américaine sur le territoire métropolitain.

À partir des résultats de cette étude, plusieurs secteurs à enjeux ont pu être identifiés. Ces zones à enjeux feront l'objet de recherches approfondies afin de mieux caractériser les peuplements de poissons et de bivalves présents. Dans certains cas, elles feront également l'objet d'une veille des populations autochtones vis-à-vis de certaines espèces exotiques envahissantes. C'est le cas de la station Anglin-6, qui se distingue par la richesse spécifique ainsi que par le nombre de séquences d'ADN de certaines espèces de bivalves "à enjeux", mais qui est menacée par la présence de l'Anodonte chinoise. Cette étude a également permis de mettre en évidence plusieurs sources de pressions sur la pérennité des peuplements de bivalves et de poissons sur les cours d'eau étudiés :

- Les espèces exotiques envahissantes menacent plusieurs des espèces à enjeux contactées.
 - C'est le cas des Corbicules qui modifient physiquement et chimiquement les cours d'eau, et sont en concurrence directe avec les organismes "filtreurs".
 - Une seconde espèce de bivalve exotique envahissante menace une partie des Unionidae, l'Anodonte chinoise. Cette espèce importée via les activités piscicoles a été détectée sur la station de prélèvement réalisée à la confluence de l'Anglin et de l'Abloux. Cette espèce menace particulièrement les Anodontes autochtones, puisque sa présence rend leurs poissons hôtes résistants à l'enkystement et provoque une disparition de ces dernières.
- Les ruptures de continuités sont également un frein à l'expansion et au maintien des migrateurs amphihalins et des bivalves qui leur sont associés. C'est particulièrement le cas pour les vallées de l'Anglin et de la Creuse.
- Les cours d'eau subissent différentes pressions : des pressions chimiques, notamment dues aux pollutions diffuses dont l'intensité varie selon les stations et cours d'eau, ainsi que des pressions physiques liées aux ruptures de continuité écologique et aux travaux hydrauliques. Certaines de ces perturbations pourraient être atténuées, par une application rigoureuse de la réglementation, en matière de continuité écologique et par une évolution des pratiques agricoles visant à réduire l'utilisation des intrants d'origine agricole.
- Le changement climatique est un facteur essentiel à prendre en compte. Son influence sur les débits, la température et l'oxygène dissous va s'intensifier au fil du temps. Associé aux pollutions diffuses, il entraînera une recrudescence des phénomènes d'eutrophisation, dont la fréquence et l'intensité devraient augmenter.

Cette étude a également permis d'actualiser les connaissances sur plusieurs sites Natura 2000 (FR2400536 - Vallée de la Creuse et affluents & FR2400535 - Vallée de l'Anglin et affluents). Le rapport ainsi que les données recueillies seront transmis aux structures animatrices afin de leur fournir des éléments actualisés pour la gestion et la préservation de ces espaces.

L'objectif est d'accompagner les structures et institutions locales dans l'élaboration d'une politique d'aménagement durable, prenant en compte les enjeux environnementaux spécifiques à leur territoire.

Dans une démarche de valorisation des données et d'intégration de la biodiversité aquatique dans les stratégies locales, le rapport complet sera également adressé aux structures en charge de la GEMAPI, aux collectivités locales et aux services de l'État. De plus, les données collectées ont été intégrées à l'actualisation de l'arrêté frayère du département de l'Indre.

Par ailleurs, d'autres tronçons de cours d'eau pourraient également faire l'objet de recherches à l'aide de la méthode ADNe, notamment les têtes de bassin de l'Indre et de ses affluents où a été réalisée la dernière mention de *Margaritifera margaritifera* dans le département. Cette donnée correspond à des restes de coquilles trouvées sur la commune de Briantes en 2006. D'autres bassins versants, tels que

la Bouzanne, la Claise, l'Arnon, la Théols ou le Renon mériteraient également d'être échantillonnés. En effet, ces cours d'eau font mention de bivalves tels que *Unio crassus*, mais rares sont les données vivantes de cette espèce. Sa détection, ainsi que celles d'autres espèces à enjeux (bivalves et poissons), permettraient de mieux accompagner les politiques d'aménagement du territoire.

6. Bibliographie / Webographie

Araujo, R. & M. A. Ramos, 2000. A critical revision of the historical distribution of the endangered *Margaritifera auricularia* (Spengler, 1782) (Mollusca: Margaritiferidae) based on Museum specimens. *Journal of Conchology* 37: 49-59.

Araujo, R., N. Cámara & M. A. Ramos 2002.- Glochidium metamorphosis in the endangered freshwater mussel *Margaritifera auricularia* (Spengler, 1793): A histological and scanning electron microscopy study. *Journal of Morphology* 254 : 259-265.

Arrêté n °2014024-0001 portant inventaires relatifs aux frayères et aux zones de croissance ou d'alimentation de faune piscicole et des crustacés en application de l'article L 432-3 du Code de l'Environnement.

CHAMPION E (2019) Diagnostic de fonctionnalité des affluents du Grand Morin amont et propositions de gestion- Fédération de Seine-et-Marne pour la Pêche et la Protection du Milieu Aquatique (FDAAPPMA77)

Houeix, Lesimple, Villalta (2017), Etude des frayères à brochets sur les axes navigables de Seine-et-Marne. Fédération de Seine-et-Marne pour la Pêche et la Protection du Milieu Aquatique

Keith P., Poulet N., Denys G., Changeux T., Feunteun E. & Persat H. (coords), 2020 - *Les poissons d'eau douce de France*. 2^{ème} édition. Biotope Editions, Mèze ; Muséum national d'Histoire naturelle, Paris (collection Inventaires et biodiversité), 704p

Philippe Keith, Nicolas Poulet, Gaël Denys, Thomas Changeux, Eric Feunteun, Henri Persat 2020. *Les poissons d'eau douce de France* - 2e édition Biotope 703 p.

Richard, N. & Prie, V. (2022). Plan National d'Actions en faveur de la Grande Mulette *Pseudunio auricularius* 2022-2031. Université de Tours (CETU Elmis Ingénieries) - MNHN - DREAL Centre-Val de Loire - Ministère de la Transition Écologique : 68 p.

Soler, J., C. Boisneau, P. Jugé, N. Richard, Y. Guerez, L. Morisseau, K. M. Wantzen & R. Araujo 2019.- An unexpected host for the endangered giant freshwater pearl mussel *Margaritifera auricularia* (Spengler, 1793) as a conservation tool. *Aquatic Conservation Marine and Freshwater Ecosystems*. DOI: 10.1002/aqc.3164.

THOMAS A. (coord), 2012 - Liste rouge des mollusques de la région Centre : 239 -255, in *Nature Centre, Conservatoire botanique nationale du Bassin parisien, 2014 - Livre rouge des habitats naturels et des espèces menacés de la région Centre* éd, Orléans, 504 p.

UICN Comité français, MNHN, SFI & AFB (2019). *La Liste rouge des espèces menacées en France – Chapitre Poissons d'eau douce de France métropolitaine*. Paris, France.

UICN Comité français, OFB & MNHN (2021). *La Liste rouge des espèces menacées en France – Chapitre Mollusques continentaux de France métropolitaine*. Paris, France

Hydroportail (données débits horaires) : <https://hydro.eaufrance.fr/>

ANNEXES

| | |
|--|----|
| Annexe I : Fiche Terrain ADNe (SPYGEN) | 68 |
| Annexe II : Présentation de SPYGEN et de l'ADN environnemental..... | 71 |
| Annexe III : Localisation des données « Unionidae patrimoniaux »..... | 83 |
| Annexe IV : Localisation des données « Sphaeridae patrimoniaux »..... | 84 |
| Annexe V : Localisation des données « Bivalves exotiques envahissants »..... | 85 |
| Annexe VI : Localisation des données « Poissons hôtes de <i>Pseudunio auricularius</i> » | 86 |
| Annexe VII : Localisation des données « Poissons à enjeux » | 87 |
| Annexe VIII : Localisation des données « Poissons exotiques et réglementés » | 88 |
| Annexe IX : Résultats « Bivalves » par station | 89 |
| Annexe X : Résultats « Poissons » par station | 98 |

Annexe I : Fiche Terrain ADNe (SPYGEN)



Fichier Terrain ADNe

| | |
|--------------------------|--------------|
| Nom de votre structure : | Indre Nature |
| N° ou Nom projet : | SC24136 |
| N° Devis SPYGEN : | DE-24-0196 |

Merci de remplir ce document puis de le renvoyer par mail (format Excel) à votre contact SPYGEN et par papier dans le colis de retour des échantillons.

| Code SPYGEN | Code du site | Nom du site | Lat. (WGS 84 - degrés décimaux) | Long. (WGS 84 - degrés décimaux) | Date d'échantillonnage | Type de milieu (Courant / Stagnant) | Type de kit (Louche / Tuyau) | Réplicat terrain 1 ou 2 (si existant) | Durée filtration (Kit tuyau) | Volume filtré (Kit louche) | Nom du préleveur | Espèces / groupes taxonomiques recherchés |
|-------------|--------------|-------------|---------------------------------|----------------------------------|------------------------|-------------------------------------|------------------------------|---------------------------------------|------------------------------|----------------------------|------------------|---|
| SPY2402166 | 1 | Cher-1 | 1.621 | 47.273 | 28/05/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:37 | | T. LIGOUT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402167 | 1 | Cher-1 | 1.621 | 47.273 | 28/05/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:30 | | T. LIGOUT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402168 | 2 | Fouzon-1 | 1.596 | 47.234 | 28/05/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:30 | | B. BARBEY | Bivalves & Poissons |
| SPY2402169 | 2 | Fouzon-1 | 1.596 | 47.234 | 28/05/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:30 | | T. RIGAL | Bivalves & Poissons |
| SPY2402170 | 3 | Fouzon-2 | 1.636 | 47.241 | 28/05/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:30 | | B. BARBEY | Bivalves & Poissons |
| SPY2402171 | 3 | Fouzon-2 | 1.636 | 47.241 | 28/05/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:30 | | T. RIGAL | Bivalves & Poissons |
| SPY2402172 | 4 | Indre-1 | 1.118 | 47.023 | 29/05/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:30 | | T. LIGOUT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402173 | 4 | Indre-1 | 1.118 | 47.023 | 29/05/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:30 | | T. RIGAL | Bivalves & Poissons |
| SPY2402174 | 5 | Indre-2 | 1.179 | 46.989 | 29/05/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:30 | | B. BARBEY | Bivalves & Poissons |
| SPY2402175 | 5 | Indre-2 | 1.179 | 46.989 | 29/05/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:30 | | T. LIGOUT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402176 | 6 | Indre-3 | 1.262 | 46.945 | 29/05/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:30 | | T. LIGOUT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402177 | 6 | Indre-3 | 1.262 | 46.945 | 29/05/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:30 | | B. BARBEY | Bivalves & Poissons |
| SPY2402179 | 7 | Indre-4 | 1.347 | 46.932 | 29/05/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:30 | | T. RIGAL | Bivalves & Poissons |
| SPY2402178 | 7 | Indre-4 | 1.347 | 46.932 | 29/05/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:30 | | B. BARBEY | Bivalves & Poissons |
| SPY2402180 | 8 | Indre-5 | 1.44 | 46.869 | 30/05/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:30 | | T. LIGOUT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402181 | 8 | Indre-5 | 1.44 | 46.869 | 30/05/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:30 | | B. BARBEY | Bivalves & Poissons |



Fichier Terrain ADNe

| | |
|--------------------------|--------------|
| Nom de votre structure : | Indre Nature |
| N° ou Nom projet : | SC24136 |
| N° Devis SPYGEN : | DE-24-0196 |

Merci de remplir ce document puis de le renvoyer par mail (format Excel) à votre contact SPYGEN et par papier dans le colis de retour des échantillons.

| Code SPYGEN | Code du site | Nom du site | Lat. (WGS 84 - degrés décimaux) | Long. (WGS 84 - degrés décimaux) | Date d'échantillonnage | Type de milieu (Courant / Stagnant) | Type de kit (Louche / Tuyau) | Réplicat terrain 1 ou 2 (si existant) | Durée filtration (Kit tuyau) | Volume filtré (Kit louche) | Nom du préleveur | Espèces / groupes taxonomiques recherchés |
|-------------|--------------|-------------|---------------------------------|----------------------------------|------------------------|-------------------------------------|------------------------------|---------------------------------------|------------------------------|----------------------------|------------------|---|
| SPY2402182 | 9 | Indre-6 | 1.533 | 46.842 | 30/05/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:30 | | T. LIGOUT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402183 | 9 | Indre-6 | 1.533 | 46.842 | 30/05/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:30 | | B. BARBEY | Bivalves & Poissons |
| SPY2402184 | 10 | Indre-7 | 1.632 | 46.808 | 30/05/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:30 | | T. RIGAL | Bivalves & Poissons |
| SPY2402185 | 10 | Indre-7 | 1.632 | 46.808 | 30/05/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:30 | | T. LIGOUT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402187 | 11 | Indre-8 | 1.721 | 46.826 | 30/05/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:30 | | T. RIGAL | Bivalves & Poissons |
| SPY2402186 | 11 | Indre-8 | 1.721 | 46.826 | 30/05/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:30 | | T. LIGOUT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402188 | 12 | Indre-9 | 1.766 | 46.784 | 30/05/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:30 | | T. LIGOUT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402189 | 12 | Indre-9 | 1.766 | 46.784 | 30/05/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:30 | | T. LIGOUT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402190 | 13 | Creuse-1 | 0.952 | 46.733 | 31/05/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:30 | | T. LIGOUT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402191 | 13 | Creuse-1 | 0.952 | 46.733 | 31/05/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:30 | | T. LIGOUT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402192 | 14 | Creuse-2 | 1.016 | 46.66 | 31/05/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:30 | | B. BARBEY | Bivalves & Poissons |
| SPY2402193 | 14 | Creuse-2 | 1.016 | 46.66 | 31/05/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:30 | | T. LIGOUT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402194 | 15 | Creuse-3 | 1.12 | 46.631 | 31/05/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:30 | | T. LIGOUT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402195 | 15 | Creuse-3 | 1.12 | 46.631 | 31/05/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:30 | | T. LIGOUT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402196 | 16 | Creuse-4 | 1.237 | 46.623 | 31/05/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:30 | | B. BARBEY | Bivalves & Poissons |
| SPY2402197 | 16 | Creuse-4 | 1.237 | 46.623 | 31/05/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:30 | | B. BARBEY | Bivalves & Poissons |



Fichier Terrain ADNe

| | |
|--------------------------|--------------|
| Nom de votre structure : | Indre Nature |
| N° ou Nom projet : | SC24136 |
| N° Devis SPYGEN : | DE-24-0196 |

Merci de remplir ce document puis de le renvoyer par mail (format Excel) à votre contact SPYGEN et par papier dans le colis de retour des échantillons.

| Code SPYGEN | Code du site | Nom du site | Lat. (WGS 84 - degrés décimaux) | Long. (WGS 84 - degrés décimaux) | Date d'échantillonnage | Type de milieu (Courant / Stagnant) | Type de kit (Louche / Tuyau) | Réplicat terrain 1 ou 2 (si existant) | Durée filtration (Kit tuyau) | Volume filtré (Kit louche) | Nom du préleveur | Espèces / groupes taxonomiques recherchés |
|-------------|--------------|-------------|---------------------------------|----------------------------------|------------------------|-------------------------------------|------------------------------|---------------------------------------|------------------------------|----------------------------|------------------|---|
| SPY2402198 | 17 | Creuse-5 | 1.373 | 46.634 | 04/06/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:30 | | R. VILLALTA | Bivalves & Poissons |
| SPY2402199 | 17 | Creuse-5 | 1.373 | 46.634 | 04/06/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:30 | | T. LIGOUT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402200 | 18 | Creuse-6 | 1.49 | 46.611 | 04/06/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:30 | | T. LIGOUT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402201 | 18 | Creuse-6 | 1.49 | 46.611 | 04/06/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:30 | | T. LIGOUT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402202 | 19 | Creuse-7 | 1.561 | 46.554 | 04/06/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:30 | | P. LANGE | Bivalves & Poissons |
| SPY2402203 | 19 | Creuse-7 | 1.561 | 46.554 | 04/06/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:30 | | P. LANGE | Bivalves & Poissons |
| SPY2402204 | 20 | Anglin-1 | 0.912 | 46.675 | 05/06/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:26 | | A. AMAT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402205 | 20 | Anglin-1 | 0.912 | 46.675 | 05/06/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:26 | | A. AMAT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402206 | 21 | Anglin-2 | 0.94 | 46.613 | 05/06/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:16 | | A. AMAT | Bivalves & Poissons |
| SPY2402207 | 21 | Anglin-2 | 0.94 | 46.613 | 05/06/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:13 | | P. LANGE | Bivalves & Poissons |
| SPY2402208 | 22 | Anglin-3 | 1.01 | 46.594 | 05/06/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:19 | | P. LANGE | Bivalves & Poissons |
| SPY2402209 | 22 | Anglin-3 | 1.01 | 46.594 | 05/06/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:18 | | P. LANGE | Bivalves & Poissons |
| SPY2402210 | 23 | Anglin-4 | 1.133 | 46.56 | 06/06/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:12 | | P. LANGE | Bivalves & Poissons |
| SPY2402211 | 23 | Anglin-4 | 1.133 | 46.56 | 06/06/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:15 | | P. LANGE | Bivalves & Poissons |
| SPY2402212 | 24 | Anglin-5 | 1.179 | 46.54 | 06/06/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:15 | | P. LANGE | Bivalves & Poissons |
| SPY2402213 | 24 | Anglin-5 | 1.179 | 46.54 | 06/06/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:20 | | R. VILLALTA | Bivalves & Poissons |
| SPY2402214 | 25 | Anglin-6 | 1.251 | 46.511 | 06/06/2024 | Courant | Tuyau | 1 | 0:15 | | P. LANGE | Bivalves & Poissons |
| SPY2402215 | 25 | Anglin-6 | 1.251 | 46.511 | 06/06/2024 | Courant | Tuyau | 2 | 0:22 | | P. LANGE | Bivalves & Poissons |

SPYGEN®



Présentation de SPYGEN et des méthodologies ADNe



www.spygen.com

| | |
|---|---|
| NOS SOLUTIONS | 2 |
| 1. DIX ANNEES D'EXPERIENCE EN ANALYSES ADNE | 2 |
| 2. DES STANDARDS HAUTE QUALITE | 3 |
| 3. ECHANTILLONNAGE | 4 |
| 4. LABORATOIRES SPYGEN ET ANALYSES | 4 |
| REFERENCES TECHNIQUES | 5 |
| REFERENCES SCIENTIFIQUES | 8 |

Nos solutions

1. Dix années d'expérience en analyses ADNe

Créée en 2011, SPYGEN est une société française de biotechnologie issue du LECA (Laboratoire d'Ecologie Alpine ; CNRS – Université Grenoble Alpes – Université Savoie Mont Blanc), un laboratoire précurseur dans le développement des méthodes d'inventaires de la biodiversité basées sur l'étude de l'ADN environnemental (ADNe). Le LECA et SPYGEN sont à l'origine de nombreuses innovations dans ce domaine, avec 8 brevets et plus de 80 publications scientifiques. Depuis sa création, SPYGEN s'efforce d'améliorer sans cesse la diversité et la performance des expertises ADNe proposées grâce à une équipe expérimentée et au soutien de nombreux partenaires institutionnels et scientifiques internationaux. SPYGEN est aujourd'hui leader mondial pour les technologies ADN environnemental.

SPYGEN EN 10 CHIFFRES



Les analyses concernant les amphibiens, les poissons, les mammifères aquatiques et les bivalves sont aujourd'hui réalisées en routine et largement déployées en France et dans le monde.

2. Des Standards Haute Qualité

SPYGEN travaille depuis plus de 10 ans sur l'optimisation des protocoles, de la phase terrain à la bioinformatique (voir références). Nos solutions comprennent :

- ✓ Du matériel de terrain et des protocoles d'échantillonnage permettant une intégration spatiale et temporelle, afin d'optimiser la détection d'espèces rares et d'être représentatif de l'hétérogénéité des diverses conditions environnementales (Fig. 1) ;
- ✓ Des filtres stériles (*DNA-free*) avec une grande surface de filtration (500 cm²), permettant de filtrer des volumes d'eau importants (30 litres) ;
- ✓ Un tampon spécifique permettant une longue conservation de l'ADN à température ambiante ;
- ✓ Un protocole d'extraction optimisé pour maximiser les rendements des ADN rares et des fragments courts ;
- ✓ Un laboratoire conçu pour permettre l'extraction de l'ADNe selon les normes de qualité les plus élevées (pression positive, traitement aux UV, flux de travail unidirectionnel, etc) ;
- ✓ Des amorces développées pour chaque groupe taxonomique, recherchant un équilibre entre la détection d'ADN dégradé (fragments courts) et une résolution taxonomique maximale ;
- ✓ Des réplicats PCR adaptés à chaque groupe taxonomique, conditions environnementales et niveau d'exigence ;
- ✓ Des outils bioinformatiques puissants développés par nos soins spécifiquement pour l'analyse de l'ADNe ;
- ✓ Des bases de données de référence dûment vérifiées, validées sur le plan taxonomique et testées sur le terrain.

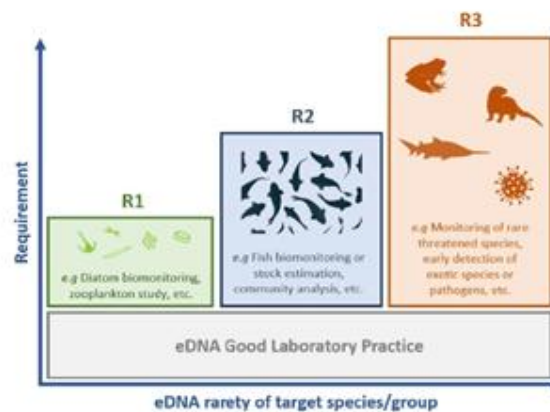


Figure 1 : Niveaux d'exigences schématisés en fonction des objectifs des analyses d'ADN environnemental. SPYGEN s'est spécialisé dans le plus haut niveau d'exigences.

3. Echantillonnage

De nombreux articles scientifiques montrent que la détection est bien meilleure lorsque de grandes quantités d'eau sont filtrées sur chaque site d'échantillonnage (par exemple Cantera *et al.* 2019 ; Bessey *et al.* 2020 ; Lyet *et al.* 2021 ; Macher *et al.* 2021). La solution technique de SPYGEN s'appuie sur des kits de filtration dédiés, spécifiquement développés pour augmenter la détection des espèces et éviter la contamination de l'échantillon par l'ADN. Chaque kit est à usage unique, et il est composé d'une capsule de filtration, fournie dans un sac stérile pour éviter toute contamination, avec un filtre de grande surface permettant la filtration de très grandes quantités d'eau.

4. Laboratoires SPYGEN et analyses

➤ Les laboratoires

Les laboratoires SPYGEN ont été créés spécifiquement pour traiter des échantillons environnementaux contenant de l'ADN rare ou dégradé. Ils offrent un environnement de type « salle blanche » permettant d'éviter les contaminations extérieures et entre échantillons. La plateforme SPYGEN est composée de 5 salles d'analyses correspondant chacune à un niveau de rareté d'ADN différent (Fig. 2). Ces salles sont réparties en 3 blocs : ADN rare (équipé d'un sas d'entrée – préparation des kits d'échantillonnage, extraction à partir d'échantillons d'eau, de sol ou de fèces), ADN classique (extraction à partir de tissus) et ADN amplifié. Pour éviter toute contamination, les personnes responsables des analyses doivent respecter un ordre de passage dans les blocs (Bloc 1 → Bloc 2 → Bloc 3 et jamais l'inverse) et doivent porter un équipement adapté (combinaison, gants, masque, charlotte et surchaussures à usage unique). De plus, les salles sont équipées de pressions différentielles (positives pour les salles d'extraction d'ADN rare, nulle pour la salle ADN classique, négative pour la salle d'amplification), d'un renouvellement d'air fréquent et d'un traitement UV.



Figure 2 : Les différentes salles d'analyse de la plateforme SPYGEN.

➤ Les expertises

SPYGEN travaille sur des matrices et des groupes taxonomiques variés.

En milieu aquatique, SPYGEN possède une grande expérience sur les amphibiens, les poissons, les mammifères aquatiques ou les bivalves. Certaines espèces ne faisant pas partie de ces groupes peuvent également être détectées (écrevisses à pattes blanches et de Louisiane, et divers pathogènes tels que la chytridiomycose des salamandres, les ranavirus ou la peste de l'écrevisse).

➤ Les étapes d'analyse

Les analyses moléculaires sont réalisées dans les laboratoires de SPYGEN présentés plus haut. Elles se décomposent en plusieurs étapes :

- L'ADN est extrait à partir de la capsule de filtration utilisée sur le terrain.
- Un test d'inhibition est réalisé afin de vérifier la présence potentielle d'inhibiteurs qui pourraient occasionner un faux négatif.
- L'amplification de l'ADN est effectuée par PCR à l'aide d'un ou de plusieurs couple(s) d'amorces universel(s) (selon le ou les groupe(s) taxonomique(s) choisi(s)). Pour chaque échantillon et chaque couple d'amorces universel, 12 répliquats PCR sont réalisés.
- Les ADN amplifiés sont ensuite séquencés à l'aide du séquenceur nouvelle génération (Illumina®).

Des contrôles négatifs sont effectués simultanément, à chaque étape du protocole, afin de contrôler la pureté des consommables utilisés et de mettre en évidence une possible contamination croisée au cours de la manipulation.

Les fichiers de séquences ADN obtenus par le séquençage pour tous les échantillons sont analysés par des outils bio-informatiques et comparés aux bases de références génétiques développées par SPYGEN et ses partenaires ainsi qu'à la base de références génétiques publique internationale GenBank®. Le fichier final contient le nom des espèces identifiées ainsi que le nombre de séquences ADN et le nombre de répliquats PCR positifs par espèce et par échantillon.

Références techniques

Depuis sa création en 2011, SPYGEN a participé à de nombreux projets en France ou à travers le monde. Les 10 références notées ci-dessous concernent les principaux projets menés ces dernières années en milieu aquatique courant :

1. ADNe metabarcoding pour le suivi de la faune piscicole dans le fleuve Rhône - Compagnie Nationale du Rhône - 2016 - 198 échantillons

Résumé : La CNR a sollicité les équipes de SPYGEN pour réaliser un inventaire standardisé des peuplements piscicoles du Rhône dans un objectif de suivi à long terme. Après avoir utilisé les méthodes traditionnelles pendant 10 ans (notamment la pêche électrique), notre méthode ADNe, grâce à sa facilité de déploiement à grande échelle, a permis de réaliser pour la première fois l'inventaire des peuplements piscicoles sur la globalité d'un fleuve, sur ses principaux affluents ainsi que sur des annexes. Notre approche « metabarcoding ADNe » offre des résultats exceptionnels, en révélant notamment la présence

d'espèces patrimoniales telles que l'Apron du Rhône ou la Loche d'étang, et en permettant de visualiser les fronts de migrations de certaines espèces.

Ces mêmes échantillons ont ensuite été bancarisés et ont pu être analysés quelques années plus tard pour les Bivalves, révélant à nouveau des informations primordiales sur la présence d'espèces à enjeux, telles que la Mulette épaisse.

2. ADNe Metabarcoding pour le suivi des populations piscicoles sur 4 retenues du Haut-Rhône - Compagnie Nationale du Rhône & Services Industriels de Genève - 2017 à 2022 - 214 échantillons

Résumé : Fort des résultats obtenus en 2016, un nouveau projet a été initié avec la CNR et les SIG dans le cadre d'un INTERREG franco-suisse afin d'identifier les communautés piscicoles présentes sur 4 retenues du Haut-Rhône : Verbois, Chancy-Pougny, Génissiat et Seyssel. L'objectif de ce projet était double : mieux définir les espèces piscicoles présentes sur le Haut-Rhône (variabilité saisonnière, entre retenues, ...) et évaluer les impacts des opérations de gestion sédimentaires sur la biodiversité piscicole. Pour cela, l'ADNe a été utilisé pour le côté qualitatif afin de définir les listes des espèces piscicoles présentes et l'échosondage (mis en place par HEPIA) pour le côté quantitatif afin d'évaluer les biomasses présentes. Les résultats des deux méthodes ont mis en évidence des variations saisonnières et spatiales des communautés piscicoles sur le Haut-Rhône.

3. Optimisation des protocoles d'échantillonnage pour la détection des espèces rares de Poissons et de Bivalves par ADNe metabarcoding dans des milieux aquatiques complexes (la Loire, la Seine, l'Ain, la Somme, l'Oise et la Charente) - Office français de la biodiversité - 2019 à 2020 - 98 échantillons

Résumé : Depuis la création de SPYGEN, l'OFB est un partenaire clé dans le développement des méthodologies ADNe. Ce projet fait suite à plusieurs autres projets mettant en valeur l'apport de l'ADN environnemental dans l'acquisition de données sur les espèces piscicoles en milieu aquatique courant. Ici, un focus est fait sur les espèces de Poissons et de Bivalves, avec une volonté d'identifier les meilleures stratégies d'échantillonnage permettant de détecter les espèces rares (protégées comme exotiques envahissantes par exemple). Les résultats de cette étude indiquent (i) que la stratégie d'échantillonnage doit prendre en compte la diversité des milieux (habitats et régimes hydrologiques) présents sur chaque site d'étude et (ii) qu'à l'échelle d'un transect, il est recommandé d'effectuer plusieurs prélèvements (rive gauche, centre, rive droite), en maintenant un volume de 30 litres par prélèvement.

4. Apport de l'ADN environnemental pour la modélisation de la répartition des espèces guyanaises sur l'Oyapock, le Maroni et le Sinnamary - Laboratoire Evolution et Diversité Biologique (Université Paul Sabatier) - 2017 à 2019 - 170 échantillons

Résumé : Dans ce projet, l'utilisation d'inventaires de poissons basés sur l'ADNe metabarcoding combinée à une approche de modélisation au niveau de la communauté a permis de décrire les règles d'assemblage et de quantifier la contribution relative des facteurs géographiques, environnementaux et anthropiques à l'assemblage des poissons. Les prédictions de ce modèle ont ensuite pu servir pour cartographier la biodiversité spatiale et évaluer la représentativité des sites étudiés en Guyane française dans le cadre de la directive-cadre sur l'eau de l'UE (DCE), ce qui a permis de mettre en évidence les zones qui devraient abriter des assemblages uniques de poissons d'eau douce. Ce projet a ainsi montré que l'ADNe metabarcoding était un bon outil sur lequel se baser pour travailler ensuite sur des indicateurs de biodiversité fonctionnelle et taxonomique et sur de la modélisation.

5. Projet Loire Sentinelle : Etude de la biodiversité (multi-groupes) sur la Loire - Natexplorers & Agence de l'Eau Loire-Bretagne - 2022 à 2023 - 36 échantillons

Résumé : Loire Sentinelle est un projet de recherche-action-crédation porté par l'association Natexplorers qui vise à dresser une première cartographie globale et conjointe de la biodiversité et de la plasticodiversité à l'échelle de la Loire, tout en enquêtant sur les formes que pourrait prendre une culture vivante du fleuve. SPYGEN, en tant que partenaire scientifique du projet, a fourni les kits d'échantillonnage pour la réalisation des filtrations d'eau tout au long du cours de la Loire et réalise à l'heure actuelle les analyses afin d'avoir un maximum d'informations sur la biodiversité présente sur la Loire (eucaryotes, procaryotes, poissons, vertébrés et bivalves).

6. Analyses ADNe pour le suivi des communautés piscicoles du Danube (projet « Joint Danube Survey 4 ») - University of Duisburg-Essen et University of Natural Resources and Life Sciences - 2019 - 113 échantillons

Résumé : Le Joint Danube Survey est un large projet visant à caractériser la qualité de l'eau du Danube afin de mieux le protéger. SPYGEN est intervenu dans une partie de ce projet pour identifier les espèces piscicoles présentes le long des 2850 km du Danube, en parallèle d'opérations de pêches électriques. Au total, 29 sites ont été répartis sur le Danube et 18 sites sur ses affluents. L'ADNe metabarcoding a permis d'identifier les changements de communautés de poissons tout au long de l'axe longitudinal de ce cours d'eau, avec la détection de certaines espèces à enjeux telles que l'esturgeon de Sibérie ou les aloses. Ces résultats, combinés à des données issues de PCR quantitative, ont également permis de donner une estimation de l'abondance relative des espèces présentes.

7. Évaluation de la biodiversité du fleuve Mékong à l'aide de l'ADN environnemental (Laos et Thaïlande) - WWF Laos - 2022 - 32 échantillons

Résumé : L'objectif du projet était d'améliorer les connaissances sur la biodiversité des eaux du Mékong afin de promouvoir des actions de conservation efficaces dans les domaines d'activités du WWF. Les analyses ADNe ont ciblé l'inventaire des poissons dans le Mékong, par le biais d'un échantillonnage ADNe dans plusieurs provinces de la République démocratique populaire du Laos et de la Thaïlande. Les résultats ont contribué à l'amélioration des connaissances sur la présence des espèces cibles, en particulier les espèces rares et menacées.

8. Etude pilote pour l'inventaire des espèces de poissons et de mammifères du fleuve Kinabatangan par ADN environnemental (Bornéo) - Beauval Nature, Association Hutan, Danau Girang Field Centre & Sabah Wildlife Department - 2019 - 36 échantillons

Résumé : Cette étude s'est intéressée au fleuve Kinabatangan, principale artère du Nord de Bornéo. L'objectif était de comparer les communautés de poissons et de relever la présence de mammifères rares et d'espèces invasives sur le fleuve, ses affluents et sur des sites annexes. Sur une mission de terrain de 10 jours, 25 sites ont pu être échantillonnés, ce qui a permis de détecter 96 espèces, dont 14 présentent une vulnérabilité à l'échelle mondiale. Sans surprise, là où les palmiers ont pris le pas sur la forêt, les échantillons collectés se sont avérés bien plus pauvres en espèces... Si les sites préservés du Kinabatangan ont révélé grâce à l'ADNe la présence de nombreux mammifères (deux espèces de loutres, des éléphants d'Asie, une espèce rare de pangolin...), certains manquent à l'appel, comme l'emblématique orang-outan.

9. Une étude de l'ADN environnemental révèle un point chaud unique en matière de biodiversité : la rivière Corubal, Afrique de l'Ouest - CIBIO et VigilIFE - 2022 - 24 échantillons

Résumé : Ce projet illustre la puissance de l'ADN environnemental (ADNe) dans l'identification d'un point chaud de biodiversité négligé en Afrique de l'Ouest, le cours inférieur de la rivière Corubal (Guinée-Bissau). Une étude menée sur 11 stations en Février 2022 sur le cours d'eau principal et les ruisseaux et zones humides qui lui sont associés s'est focalisée sur plusieurs groupes taxonomiques : les vertébrés, les poissons, les bivalves d'eau douce et tous les eucaryotes. L'étude a permis de détecter au moins 65 espèces de mammifères, d'oiseaux, d'amphibiens et de reptiles, y compris des espèces rares et menacées qui vivent dans le fleuve (hippopotame, loutre africaine sans griffes, tortue du Sénégal) et dans les forêts environnantes (chimpanzé, colobe rouge et colobe piqué, phacochère géant), montrant la valeur des études d'ADNe et soulignant l'importance de l'écosystème du cours inférieur de la rivière Corubal, qui est de plus en plus menacé.

10. Surveillance de la biodiversité dans les zones protégées africaines à l'aide de l'ADN environnemental : défis et opportunités dans le nord de la Namibie - CIBIO, VigilIFE, ETH Zurich et Université de Namibie - 2022 - 44 échantillons

Résumé : Dans cette étude, nous avons testé l'efficacité de l'ADN environnemental en tant qu'outil de surveillance rapide dans les quatre principaux bassins fluviaux du nord de la Namibie. Des échantillons d'eau ont été prélevés sur 22 sites (mai 2022) et analysés à l'aide de deux marqueurs ciblant les vertébrés et tous les eucaryotes. Au total, 49 espèces de vertébrés ont été détectées : 16 mammifères, 27 oiseaux, 5 poissons et 1 amphibien (par exemple l'hippopotame, la loutre africaine, le koudou ou la musaraigne éléphantique). Cependant, ces détections ne représentaient que 7 % de la diversité moléculaire des vertébrés retrouvée dans les échantillons. Vingt-deux ordres de champignons et 100 ordres d'algues ont également été retrouvés et représentaient 66 % de la diversité moléculaire des eucaryotes. Des efforts restent à mener sur les bases de références génétiques afin d'améliorer la détection des espèces et ainsi avoir un meilleur suivi de la biodiversité.

Références scientifiques

Avec plus de 80 publications scientifiques à son actif, SPYGEN est un leader mondial sur l'ADN environnemental. Les thématiques varient tant au niveau des groupes taxonomiques recherchés (espèces ciblées, Poissons, Bivalves, Mammifères, Plantes, pathogènes...) que des matrices étudiées (eau douce, milieu marin, sols, fèces, ...). Les 10 publications énoncées ci-dessous présentent les principaux travaux de SPYGEN sur ces 10 dernières années.

1. Dejean, T., **Valentini, A.**, Miquel, C., Taberlet, P., Bellemain, E., & Miaud, C. (2012). Improved detection of an alien invasive species through environmental DNA barcoding: the example of the American bullfrog *Lithobates catesbeianus*. *Journal of Applied Ecology*, 49(4), 953–959. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2664.2012.02171.x>

Résumé : Il s'agit de la première étude comparative montrant l'intérêt de l'ADN environnemental pour une espèce de Vertébrés : la grenouille taureau (*Lithobates catesbeianus*), avec détection de l'espèce sur 38 sites par l'ADNe versus 7 sites par des inventaires classiques (passages diurne et nocturne). Cela a

ouvert le champs des possibles pour cette nouvelle méthode, en montrant notamment son intérêt pour la détection précoce d'espèces exotiques envahissantes.

2. **Valentini, A.**, Taberlet, P., Miaud, C., Civade, R., Herder, J., Thomsen, P. F., Bellemain, E., Besnard, A., Coissac, E., Boyer, F., **Gaboriaud, C.**, **Jean, P.**, Poulet, N., Roset, N., Copp, G. H., Geniez, P., Pont, D., Argillier, C., Baudoin, J., ... Dejean, T. (2016). Next-generation monitoring of aquatic biodiversity using environmental DNA metabarcoding. *Molecular Ecology*, 25(4), 929–942. <https://doi.org/10.1111/mec.13428>

Résumé : Il s'agit du premier article scientifique validant l'utilisation de l'approche ADNe metabarcoding pour l'inventaire des amphibiens et des poissons. Pour les amphibiens, la probabilité de détection avec l'ADNe metabarcoding était de 0,97 (IC = 0,90–0,99) contre 0,58 (IC = 0,50–0,63) pour les méthodes traditionnelles. Pour les poissons, dans 89% des sites étudiés, le nombre de taxons détectés par l'approche ADNe metabarcoding était supérieur ou identique au nombre détecté par les méthodes traditionnelles. Les approches basées sur l'ADNe sont donc des outils performants pour les études écologiques et le suivi de la biodiversité dans un large éventail d'écosystèmes aquatiques.

3. 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(1), 10361. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-28424-8>

Résumé : Cette étude, menée avec la Compagnie Nationale du Rhône, est la première à décrire les communautés piscicoles le long du gradient longitudinal d'un fleuve (le Rhône français, soit environ 500 km). Une seule session d'ADNe metabarcoding a permis de détecter des assemblages de poissons similaires à 10 ans de pêches électriques en termes qualitatifs et quantitatifs (abondance relative des espèces).

4. Pont, D., Meulenbroek, P., Bammer, V., Dejean, T., Erős, T., **Jean, P.**, Lenhardt, M., Nagel, C., Pekarik, L., Schabuss, M., Stoeckle, B. C., Stoica, E., Zornig, H., Weigand, A., & **Valentini, A.** (2022). Quantitative monitoring of diverse fish communities on a large scale combining eDNA metabarcoding and qPCR. *Molecular Ecology Resources*. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13715>

Résumé : Cette étude, réalisée sur 2850 km dans le bassin versant du Danube montre que l'ADNe metabarcoding couplé avec une qPCR (pour estimer l'abondance totale d'ADN amplifié) permet de donner une estimation approximative de l'abondance des espèces de poissons détectées. Elle montre également l'importance d'avoir un effort d'échantillonnage important dans les grandes rivières pour pouvoir arriver à ce résultat. Ces données ont permis de fournir une description complète des changements longitudinaux dans les communautés de poissons du Danube.

5. Cantera, I., Coutant, O., Jézéquel, C., Decotte, J.-B., Dejean, T., Iribar, A., Vigouroux, R., **Valentini, A.**, Murienne, J., & Brosse, S. (2022). Low level of anthropization linked to harsh vertebrate biodiversity declines in Amazonia. *Nature Communications*, 13(1), 3290. <https://doi.org/10.1038/s41467-022-30842-2>

Résumé : Dans cette publication, l'ADNe metabarcoding a été utilisé pour évaluer les relations entre la biodiversité des vertébrés (poissons et mammifères) et l'intensité des perturbations anthropiques (en

termes de pertes de couvert forestier) dans deux rivières amazoniennes (l'Oyapock et le Maroni). Les résultats suggèrent que l'anthropisation a eu un impact spatialement étendu sur la biodiversité. Les pertes de couvert forestier de moins de 11 % dans les zones situées jusqu'à 30 km en amont des sites d'échantillonnage de la biodiversité étaient liées à des réductions de plus de 22 % de la richesse taxonomique et fonctionnelle de la faune terrestre et aquatique. Cela souligne la vulnérabilité de la biodiversité amazonienne, même à de faibles niveaux d'anthropisation.

- Prié, V., Valentini, A., Lopes-Lima, M., Froufe, E., Rocle, M., Poulet, N., Taberlet, P., & Dejean, T. (2020). Environmental DNA metabarcoding for freshwater bivalves biodiversity assessment: methods and results for the Western Palearctic (European sub-region). *Hydrobiologia*, 1–20. <https://doi.org/10.1007/s10750-020-04260-8>

Résumé : Cette publication présente la première étude menée par ADNe metabarcoding sur les Bivalves d'eau douce (sur près de 300 sites). Les résultats ont été comparés à ceux obtenus à l'aide de méthodes traditionnelles et l'ADNe metabarcoding a toujours détecté plus d'espèces, en particulier lorsque les *Sphaeriidae* étaient pris en compte. Les résultats montrent que l'ADNe metabarcoding, utilisé avec les amorces que nous avons développées, est un outil remarquable permettant des études non invasives, la détection d'espèces rares et discrètes, des données sur les absences et un suivi général de la routine des bivalves d'eau douce.

- Coutant, O., Richard-Hansen, C., Thoisy, B. de, Decotte, J., Valentini, A., Dejean, T., Vigouroux, R., Muriene, J., & Brosse, S. (2021). Amazonian mammal monitoring using aquatic environmental DNA. *Molecular Ecology Resources*, 21(6), 1875–1888. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13393>

Résumé : Dans cette publication, le potentiel de l'ADNe metabarcoding pour la détection des mammifères (aquatiques, semi-aquatiques ou terrestres) dans des environnements néotropicaux a été étudié. Pour cela, 96 sites répartis le long de trois bassins versants guyanais ont été échantillonnés puis comparés aux données disponibles sur la distribution des espèces et aux observations de terrain. Les résultats montrent que l'ADNe metabarcoding donne non seulement des résultats concordants avec la distribution attendue des mammifères, mais apporte également des données supplémentaires aux observations concernant les espèces non aquatiques diurnes (terrestres et arboricoles). L'ADNe a également fourni des données sur des espèces non détectables par observation, telles que les espèces semi-aquatiques, aquatiques et nocturnes (terrestres et arboricoles).

- Lopes, C. M., Baêta, D., Valentini, A., Lyra, M. L., Sabbag, A. F., Gasparini, J. L., Dejean, T., Haddad, C. F. B., & Zamudio, K. R. (2020). Lost and found: frogs in a biodiversity hotspot rediscovered with environmental DNA. *Molecular Ecology*. <https://doi.org/10.1111/mec.15594>

Résumé : Cette étude montre l'intérêt de l'ADN environnemental pour la détection d'espèces menacées d'Amphibiens dans différents milieux aquatiques au Brésil. Il a ainsi été possible de détecter des traces d'ADN de quatre espèces en déclin, de deux espèces localement disparues et d'une espèce qui n'a pas été observée depuis 1968, soulignant tout l'intérêt de l'ADNe metabarcoding en biologie de la conservation.

- Yoccoz, N. G., Brathen, K. A., Gielly, L., Haile, J., Edwards, M. E., Goslar, T., Stedingk, H. V., Brysting, A. K., Coissac, E., Pompanon, F., Sønstebo, J. H., Miquel, C., Valentini, A., Bello, F. D., Chave, J., Thuiller, W., Wincker, P., Cruaud, C., Gavory, F., ... Taberlet, P. (2012). DNA from soil mirrors plant

taxonomic and growth form diversity. *Molecular Ecology*, 21(15), 3647–3655. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294x.2012.05545.x>

Résumé : Cette publication montre l'intérêt des méthodes ADNe metabarcoding pour la caractérisation des communautés de plantes dans le sol dans trois situations différentes :

- (i) La diversité végétale détectée par ADNe dans le sol de huit communautés végétales boréales était très cohérente avec la diversité taxonomique des plantes estimées à partir d'études conventionnelles au-dessus du sol.
- (ii) Le nombre de séquences ADN de cultures variait fortement en fonction du nombre d'années écoulées depuis la dernière culture, avec une absence de séquences de ces cultures dans les parcelles voisines non cultivées.
- (iii) Les méthodes ADNe metabarcoding permettent de travailler dans des milieux variés car des analyses dans des échantillons de sol provenant d'environnements tropicaux ont également permis la détection d'une grande proportion d'espèces et de familles de plantes présentes sur les sites d'étude.

10. Giampaoli, S., Berti, A., Maggio, R. M. D., Pili, E., **Valentini, A.**, Valeriani, F., Gianfranceschi, G., Barni, F., Ripani, L., & Spica, V. R. (2014). The environmental biological signature: NGS profiling for forensic comparison of soils. *Forensic Science International*, 240, 41–47. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2014.02.028>

Résumé : Cette publication montre l'intérêt de l'utilisation de l'ADN environnemental pour caractériser des échantillons de sols dans le cadre d'enquêtes médico-légales. En étudiant les eucaryotes, les procaryotes et les plantes, il a ainsi été possible de discriminer des échantillons géologiquement très similaires mais provenant d'environnements distincts.

Annexe III : Localisation des données « Unionidae patrimoniaux »



Légende

□ Communes

— Cours d'eau échantillonnés

Unionidae détectés

● *Anodonta anatina*

● *Anodonta cygnea*

● *Potomida littoralis*

● *Pseudanodonta complanata*

● *Unio crassus*



0 10 20 km

Réalisée par Indre Nature, Janvier 2025
Source : Obs'Indre, BD TOPO®
Fond : OpenStreetMap

Annexe IV : Localisation des données « Sphaeriidae patrimoniaux »



Légende

- Communes
- Cours d'eau échantillonnés

Sphaeriidae détectés

- *Euglesa hibernica*
- *Euglesa milium*
- *Euglesa personata*
- *Sphaerium lacustre*
- *Sphaerium nucleus*
- *Sphaerium ovale*



0 10 20 km

Réalisée par Indre Nature, Janvier 2025
Source : Obs'Indre, BD TOPO®
Fond : OpenStreetMap

Annexe V : Localisation des données « Bivalves exotiques envahissants »



Légende

□ Communes

— Cours d'eau échantillonnés

Espèces exotiques envahissantes

● Corbicula sp.

● Sinanodonta woodiana



0 10 20 km

Réalisée par Indre Nature, Janvier 2025
Source : Obs'Indre, BD TOPO®
Fond : OpenStreetMap

Annexe VI : Localisation des données « Poissons hôtes de *Pseudunio auricularius* »



Légende

- Communes
- Cours d'eau échantillonnés

Poissons hôtes de *P. auricularius*

- Anguille européenne
- Lamproie marine
- Silure glane



0 10 20 km

Réalisée par Indre Nature, Janvier 2025
Source : Obs'Indre, BD TOPO®
Fond : OpenStreetMap

Annexe VII : Localisation des données « Poissons à enjeux »



Légende

- Communes
- Cours d'eau échantillonnés

Poissons à enjeux

- Bouvière
- Brochet
- Chabot Celtique
- Grande alose
- Lamproie de Planer
- Saumon atlantique
- Truite de rivière
- Vandoise rostrée



0 10 20 km

Réalisée par Indre Nature, Janvier 2025
Source : Obs'Indre, BD TOPO®
Fond : OpenStreetMap

Annexe VIII : Localisation des données « Poissons exotiques et réglementés »

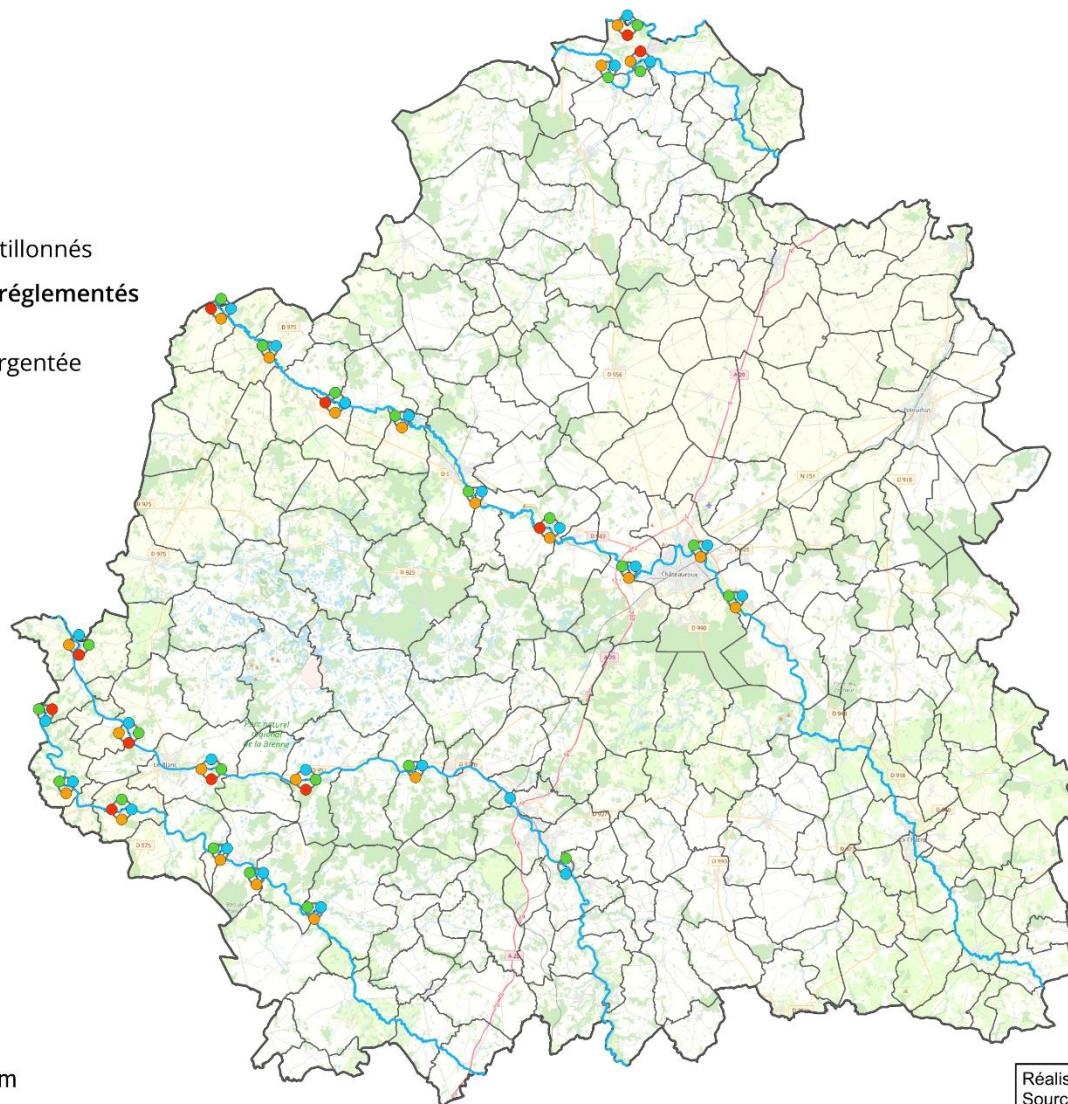


Légende

- Communes
- Cours d'eau échantillonnés

Poissons exotiques et réglementés

- Poisson-chat
- Amour blanc / A. argentée
- Perche-soleil
- Pseudorasbora



0 10 20 km

Réalisée par Indre Nature, Janvier 2025
Source : Obs'Indre, BD TOPO®
Fond : OpenStreetMap

Annexe IX : Résultats « Bivalves » par station

- Cher-1

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 127 | 0 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 29 | 38 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 421825 | 439747 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa casertana</i> | 12 | 12 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | 0 | 19 |
| Sphaeriidae | <i>Pisidium amnicum</i> | 0 | 49 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium corneum</i> | 0 | 25 |

- Fouzon-1

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|---------------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 358 | 0 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | 46 | 0 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 277 | 38 |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | 129 | 0 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 15519 | 4199 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 145 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 339642 | 158390 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | 0 | 11 |
| Sphaeriidae | <i>Pisidium amnicum</i> | 0 | 12 |

- Fouzon-2

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|--|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 84 | 126 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 261 | 509 |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | 42 | 43 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 1761 | 3933 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 137 | 321 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 245710 | 263298 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa henslowana</i> | 0 | 11 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | 16 | 15 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa subtruncata</i> | 0 | 24 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa subtruncata / Euglesa pulchella</i> | 14 | 101 |
| Sphaeriidae | <i>Odhneripisidium moitessierianum</i> | 0 | 20 |
| Sphaeriidae | <i>Pisidium amnicum</i> | 18 | 24 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium lacustre</i> | 0 | 12 |

Indre-1 :

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 4354 | 14499 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 995 | 184 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 1016 | 6194 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 209 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 134451 | 195923 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa casertana</i> | 23 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa henslowana</i> | 0 | 27 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | 40 | 57 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium lacustre</i> | 0 | 77 |

• **Indre-2 :**

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 134 | 354 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 123 | 185 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 0 | 4128 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 338 | 230 |
| Unionidae | <i>Unio pictorum</i> | 0 | 113 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 351890 | 353594 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa nitida</i> | 0 | 36 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | 77 | 41 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa subtruncata</i> | 45 | 14 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium corneum</i> | 60 | 30 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium lacustre</i> | 31 | 29 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium nucleus</i> | 24 | 0 |

• **Indre-3 :**

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 284 | 310 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 11229 | 3805 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 93 | 34 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 689 | 311 |
| Unionidae | <i>Unio pictorum</i> | 111 | 92 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 377194 | 167863 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa casertana</i> | 23 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa milium</i> | 28 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa nitida</i> | 74 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | 658 | 63 |

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|---|-------------------------|-------------------------|
| Sphaeriidae | <i>Euglesa subtruncata</i> | 85 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa subtruncata</i> / <i>Euglesa pulchella</i> | 0 | 12 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa supina</i> | 11 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Odhneripisidium moitessierianum</i> | 13 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Odhneripisidium tenuilineatum</i> | 20 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium corneum</i> | 215 | 39 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium lacustre</i> | 172 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium ovale</i> | 41 | 0 |

- Indre-4 :

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 39 | 0 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | 25 | 0 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 1226 | 161 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 46 | 0 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 133 | 0 |
| Unionidae | <i>Unio pictorum</i> | 31 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 198226 | 288965 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa casertana</i> | 121 | 36 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa milium</i> | 13 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa obtusalis</i> | 12 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | 521 | 400 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa subtruncata</i> | 56 | 52 |
| Sphaeriidae | <i>Pisidium amnicum</i> | 41 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium corneum</i> | 20 | 15 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium lacustre</i> | 100 | 48 |

- Indre-5 :

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 0 | 23 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | 0 | 11 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 1694 | 5356 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 8974 | 16864 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 14 | 47 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 274314 | 355250 |

- Indre-6 :

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 0 | 23 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 242 | 32 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 52 | 0 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 50 | 19 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 285629 | 152006 |

- Indre-7 :

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 35 | 41 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | 28 | 77 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 140 | 643 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 117 | 159 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 0 | 297 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 254602 | 282015 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium corneum</i> | 0 | 11 |

- Indre-8 :

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 615 | 1726 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | 175 | 90 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 2415 | 2819 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 1696 | 3136 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 238203 | 227459 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | 11 | 0 |

- Indre-9 :

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|---------------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 3524 | 824 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | 856 | 445 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 2143 | 1833 |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | 0 | 93 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 2320 | 1060 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 425 | 220 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 191619 | 181328 |

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | 11 | 13 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa subtruncata</i> | 19 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Pisidium amnicum</i> | 0 | 22 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium corneum</i> | 20 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium nucleus</i> | 23 | 0 |

- Creuse-1 :

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|--|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 299 | 255 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | 157 | 206 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 6297 | 3799 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 1860 | 1568 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 302 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 190064 | 159379 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa casertana</i> | 13 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Odhneripisidium moitessierianum</i> | 28 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Pisidium amnicum</i> | 78 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium corneum</i> | 0 | 50 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium lacustre</i> | 11 | 0 |

- Creuse-2 :

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|---------------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 3193 | 171 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 3099 | 557 |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | 0 | 46 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 959 | 99 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 186 | 66 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 498815 | 193466 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa casertana</i> | 25 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | 29 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa subtruncata</i> | 47 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium corneum</i> | 293 | 44 |

- Creuse-3 :

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|---------------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 837 | 1024 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | 109 | 169 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 396 | 442 |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | 0 | 54 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 90 | 445 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 494 | 272 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 227934 | 228095 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | 0 | 12 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa subtruncata</i> | 0 | 18 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium corneum</i> | 95 | 83 |

- Creuse-4 :

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|---------------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 1293 | 12465 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | 370 | 219 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 247 | 104 |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | 39 | 180 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 822 | 0 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 317 | 4224 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 283736 | 662640 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | 14 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium corneum</i> | 56 | 155 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium nucleus</i> | 42 | 0 |

- Creuse-5 :

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|---------------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 6098 | 10066 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | 239 | 292 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 5272 | 2819 |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | 173 | 153 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 712 | 566 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 245695 | 303029 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium corneum</i> | 44 | 26 |

- Creuse-6 :

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 13514 | 25335 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | 936 | 3053 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 0 | 2109 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 0 | 296 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 208975 | 340109 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium corneum</i> | 214 | 80 |

- Creuse-7 :

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 25234 | 23820 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | 6634 | 2183 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 124 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 243580 | 215357 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium corneum</i> | 206 | 19 |

- Anglin-1 :

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 320 | 674 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 1491 | 6871 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 42 | 865 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 416 | 844 |
| Unionidae | <i>Unio pictorum</i> | 75 | 477 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 99622 | 410683 |

- Anglin-2 :

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|----------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 1234 | 469 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 2490 | 2093 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 830 | 27 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 464 | 608 |
| Unionidae | <i>Unio pictorum</i> | 1 381 | 400 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 317716 | 116263 |

- Anglin-3 :

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|---------------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 932 | 1840 |
| Unionidae | <i>Potomida littoralis</i> | 123 | 835 |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | 18 | 45 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 34 | 313 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 465 | 678 |
| Unionidae | <i>Unio pictorum</i> | 925 | 1 261 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 281258 | 325728 |

- Anglin-4 :

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|---------------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 4649 | 6557 |
| Unionidae | <i>Anodonta cygnea</i> | 47 | 20 |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | 22 | 178 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 3288 | 3763 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 591 | 886 |
| Unionidae | <i>Unio pictorum</i> | 1 943 | 345 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 226058 | 183855 |

- Anglin-5 :

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|---------------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 2265 | 3892 |
| Unionidae | <i>Pseudanodonta complanata</i> | 55 | 48 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 13679 | 29226 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 1173 | 2068 |
| Unionidae | <i>Unio pictorum</i> | 736 | 2 555 |
| Sphaeriidae | <i>Corbicula sp.</i> | 204862 | 300005 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa casertana</i> | 0 | 12 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | 0 | 27 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa subtruncata</i> | 0 | 20 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium corneum</i> | 489 | 1195 |

- Anglin-6 :

| Famille | Nom | Nombre de séquences ADN | Nombre de séquences ADN |
|-------------|--------------------------------------|-------------------------|-------------------------|
| Unionidae | <i>Anodonta anatina</i> | 604 | 1562 |
| Unionidae | <i>Sinanodonta woodiana</i> | 16 | 0 |
| Unionidae | <i>Unio crassus</i> | 159741 | 66810 |
| Unionidae | <i>Unio mancus</i> | 2000 | 1526 |
| Unionidae | <i>Unio pictorum</i> | 641 | 1 221 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa casertana</i> | 3 832 | 129 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa hibernica</i> | 175 | 0 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa personata</i> | 88 | 1550 |
| Sphaeriidae | <i>Euglesa subtruncata</i> | 4494 | 43 |
| Sphaeriidae | <i>Odhneripisidium tenuilineatum</i> | 0 | 102 |
| Sphaeriidae | <i>Pisidium amnicum</i> | 613 | 24 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium corneum</i> | 2195 | 4354 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium lacustre</i> | 0 | 16 |
| Sphaeriidae | <i>Sphaerium nucleus</i> | 3781 | 2516 |

Annexe X : Résultats « Poissons » par station

- Cher-1

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Abramis brama</i> | 6 | 898 | 8 | 2 124 |
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 11 | 44 358 | 11 | 48 579 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 11 | 99 888 | 11 | 93 801 |
| <i>Alosa alosa</i> | 11 | 25 285 | 11 | 21 669 |
| <i>Ameiurus melas</i> | 2 | 48 | 3 | 151 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 3 | 588 | 6 | 204 |
| <i>Aspius aspius</i> | 5 | 293 | 2 | 74 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 2 | 126 | 5 | 453 |
| <i>Barbus barbus</i> | 11 | 17 380 | 11 | 17 469 |
| <i>Blicca bjoerkna</i> | 11 | 15 746 | 10 | 12 755 |
| <i>Carassius sp.</i> | 2 | 89 | 4 | 94 |
| <i>Cottus perifretum</i> | 9 | 591 | 9 | 687 |
| Complexe - <i>Xenocyprididae</i> | 8 | 614 | 3 | 215 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 11 | 3 023 | 11 | 2 204 |
| <i>Esox lucius</i> | 10 | 1 986 | 7 | 548 |
| <i>Gobio gobio</i> | 11 | 32 158 | 11 | 35 086 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | | | 4 | 496 |
| <i>Lampetra sp.</i> | 2 | 23 | 2 | 35 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 7 | 946 | 8 | 969 |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | | * | | |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 10 | 1 243 | 11 | 1 920 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 11 | 10 462 | 11 | 10 065 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 11 | 6 101 | 11 | 6 779 |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 9 | 630 | 10 | 1 375 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 11 | 11 232 | 11 | 12 621 |
| <i>Sander lucioperca</i> | | | 4 | 228 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 6 | 383 | 4 | 421 |
| <i>Silurus glanis</i> | 11 | 21 130 | 11 | 26 942 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 11 | 15 759 | 11 | 18 878 |
| <i>Tinca tinca</i> | 8 | 467 | 11 | 863 |

- Fouzon-1

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Abramis brama</i> | 12 | 25 760 | 11 | 32 540 |
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 12 | 13 261 | 11 | 18 152 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 12 | 35 720 | 11 | 41 768 |
| <i>Ameiurus melas</i> | 6 | 645 | 9 | 847 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 5 | 124 | 2 | 37 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 12 | 2 792 | 10 | 2 638 |
| <i>Barbus barbus</i> | 12 | 14 970 | 11 | 23 359 |
| <i>Carassius sp.</i> | 12 | 75 145 | 11 | 1 778 |
| <i>Cottus perifretum</i> | 11 | 2 744 | 11 | 2 437 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 12 | 2 156 | 11 | 1 889 |
| <i>Esox lucius</i> | 12 | 1 558 | 10 | 1 178 |
| <i>Gobio gobio</i> | 12 | 30 741 | 11 | 27 789 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 12 | 10 638 | 11 | 13 407 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 12 | 2 658 | 11 | 2 075 |
| <i>Leuciscus sp.</i> | | * | | * |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | | * | | |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 12 | 3 315 | 11 | 4 052 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 12 | 3 994 | 11 | 4 128 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 12 | 2 770 | 11 | 1 689 |
| <i>Pungitius pungitius</i> | | * | | |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 12 | 7 623 | 11 | 7 451 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 12 | 22 427 | 11 | 25 469 |
| <i>Sander lucioperca</i> | 9 | 631 | 6 | 664 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 10 | 1 876 | 10 | 2 165 |
| <i>Silurus glanis</i> | 12 | 4 246 | 11 | 3 393 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 12 | 51 455 | 11 | 57 801 |
| <i>Tinca tinca</i> | 9 | 677 | 10 | 708 |

- Fouzon-2

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Abramis brama</i> | 12 | 18 461 | 12 | 13 457 |
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 11 | 31 373 | 12 | 41 637 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 12 | 22 133 | 12 | 24 404 |
| <i>Ameiurus melas</i> | 11 | 815 | 12 | 1 942 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 2 | 66 | 1 | 24 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 11 | 4 640 | 12 | 5 202 |
| <i>Barbus barbus</i> | 11 | 36 169 | 12 | 56 911 |
| <i>Carassius sp.</i> | 7 | 174 | 9 | 315 |
| <i>Cottus perifretum</i> | 11 | 2 407 | 12 | 3 301 |
| Complexe - <i>Xenocyprididae</i> | | * | | * |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 11 | 2 070 | 12 | 2 004 |
| <i>Esox lucius</i> | 11 | 1 223 | 10 | 870 |
| <i>Gobio gobio</i> | 12 | 30 204 | 12 | 37 638 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 11 | 7 491 | 12 | 10 213 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 11 | 1 783 | 12 | 2 287 |
| <i>Oncorhynchus mykiss</i> | 2 | 26 | 2 | 94 |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 11 | 1 004 | 12 | 1 678 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 11 | 14 229 | 12 | 21 302 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 11 | 1 796 | 12 | 1 684 |
| <i>Pungitius pungitius</i> | 3 | 68 | 4 | 96 |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 12 | 19 886 | 12 | 17 092 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 12 | 16 652 | 12 | 20 754 |
| <i>Sander lucioperca</i> | 6 | 202 | 6 | 175 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 11 | 985 | 11 | 1 130 |
| <i>Silurus glanis</i> | | | 6 | 245 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 12 | 56 344 | 12 | 61 968 |
| <i>Tinca tinca</i> | 10 | 320 | 8 | 426 |

- Indre-1 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Abramis brama</i> | 12 | 30 713 | 12 | 28 049 |
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 12 | 57 748 | 12 | 47 567 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 12 | 63 640 | 12 | 53 412 |
| <i>Ameiurus melas</i> | 4 | 217 | 11 | 847 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 7 | 229 | 7 | 264 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 11 | 1 468 | 12 | 829 |
| <i>Barbus barbus</i> | 12 | 20 972 | 12 | 20 772 |
| <i>Cottus perifretum</i> | 9 | 962 | 8 | 489 |
| Complexe - <i>Xenocyprididae</i> | 2 | 68 | 6 | 345 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 12 | 4 703 | 12 | 3 226 |
| <i>Esox lucius</i> | 12 | 3 842 | 12 | 4 222 |
| <i>Gobio gobio</i> | 12 | 34 767 | 12 | 35 089 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 12 | 4 041 | 12 | 4 434 |
| <i>Lampetra sp.</i> | | * | | |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 9 | 1 307 | 12 | 1 650 |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | 2 | 48 | 3 | 92 |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 12 | 2 374 | 12 | 2 629 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 12 | 10 458 | 12 | 7 378 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 11 | 1 875 | 12 | 2 213 |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 12 | 8 056 | 12 | 9 401 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 12 | 29 090 | 12 | 25 124 |
| <i>Sander lucioperca</i> | 3 | 140 | 4 | 181 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 11 | 1 953 | 10 | 1 340 |
| <i>Silurus glanis</i> | 12 | 6 598 | 12 | 27 544 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 12 | 53 090 | 12 | 100 427 |
| <i>Tinca tinca</i> | 8 | 586 | 12 | 1 134 |

- Indre-2 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Abramis brama</i> | 11 | 25 968 | 12 | 35 007 |
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 11 | 17 179 | 12 | 20 293 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 11 | 30 912 | 12 | 35 221 |
| <i>Ameiurus melas</i> | 9 | 653 | 4 | 781 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 8 | 647 | 4 | 626 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 10 | 611 | 4 | 439 |
| <i>Barbus barbus</i> | 11 | 5 803 | 12 | 5 778 |
| <i>Carassius sp.</i> | | * | | |
| <i>Cottus perifretum</i> | 11 | 1 080 | 8 | 1 131 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 11 | 3 349 | 11 | 3 671 |
| <i>Esox lucius</i> | 11 | 4 972 | 11 | 5 844 |
| <i>Gobio gobio</i> | 11 | 16 672 | 12 | 18 359 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 11 | 4 326 | 12 | 5 638 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 11 | 3 954 | 11 | 4 580 |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | 2 | 60 | 1 | 258 |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 11 | 1 805 | 10 | 2 171 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 11 | 3 164 | 10 | 3 270 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 11 | 1 323 | 9 | 1 458 |
| <i>Pungitius pungitius</i> | | * | | * |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 11 | 4 676 | 12 | 8 433 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 11 | 21 941 | 12 | 29 303 |
| <i>Sander lucioperca</i> | 11 | 2 704 | 10 | 2 073 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 10 | 1 534 | 10 | 2 197 |
| <i>Silurus glanis</i> | 11 | 4 828 | 11 | 5 821 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 11 | 48 373 | 12 | 64 559 |
| <i>Tinca tinca</i> | 10 | 541 | 6 | 816 |

- Indre-3 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Abramis brama</i> | 12 | 54 699 | 12 | 42 174 |
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 12 | 19 062 | 12 | 20 127 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 12 | 36 627 | 12 | 31 355 |
| <i>Ameiurus melas</i> | 5 | 404 | 2 | 169 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 4 | 121 | 2 | 42 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 11 | 1 452 | 11 | 1 542 |
| <i>Barbus barbus</i> | 12 | 17 860 | 12 | 18 541 |
| <i>Cottus perifretum</i> | 8 | 1 266 | 10 | 990 |
| Complexe - Xenocyprididae | 5 | 389 | 4 | 514 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 12 | 4 693 | 12 | 2 641 |
| <i>Esox lucius</i> | 11 | 4 612 | 11 | 2 527 |
| <i>Gobio gobio</i> | 12 | 22 540 | 12 | 20 343 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 12 | 6 774 | 11 | 4 508 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 12 | 3 358 | 8 | 2 256 |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | 4 | 254 | 2 | 177 |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 12 | 5 189 | 12 | 3 937 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 12 | 7 052 | 12 | 4 657 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 12 | 1 684 | 7 | 952 |
| <i>Pungitius pungitius</i> | | * | | |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 12 | 6 545 | 12 | 5 256 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 12 | 28 248 | 12 | 19 929 |
| <i>Sander lucioperca</i> | 7 | 420 | 4 | 274 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 11 | 3 824 | 12 | 5 936 |
| <i>Silurus glanis</i> | 12 | 6 736 | 12 | 5 058 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 12 | 96 755 | 12 | 74 123 |
| <i>Tinca tinca</i> | 11 | 1 142 | 9 | 1 290 |

- Indre-4 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Abramis brama</i> | 12 | 30 485 | 12 | 31 503 |
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 12 | 52 396 | 12 | 49 259 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 12 | 28 554 | 12 | 32 807 |
| <i>Ameiurus melas</i> | 7 | 266 | 8 | 291 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 2 | 80 | 4 | 101 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 12 | 1 223 | 10 | 1 569 |
| <i>Barbus barbus</i> | 12 | 13 915 | 12 | 17 055 |
| <i>Cottus perifretum</i> | 12 | 910 | 12 | 1 593 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 12 | 1 997 | 12 | 1 813 |
| <i>Esox lucius</i> | 12 | 3 007 | 12 | 9 068 |
| <i>Gobio gobio</i> | 12 | 19 495 | 12 | 20 598 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 12 | 1 359 | 11 | 2 360 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 12 | 1 852 | 10 | 1 090 |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | 10 | 524 | 9 | 585 |
| <i>Micropterus salmoides</i> | | | | * |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 12 | 2 265 | 10 | 1 744 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 12 | 32 579 | 12 | 34 672 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 11 | 801 | 11 | 1 366 |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 12 | 3 718 | 11 | 2 850 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 12 | 24 332 | 12 | 27 509 |
| <i>Sander lucioperca</i> | 6 | 112 | 2 | 103 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 12 | 2 359 | 11 | 2 318 |
| <i>Silurus glanis</i> | 12 | 2 299 | 12 | 2 535 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 12 | 84 271 | 12 | 56 688 |
| <i>Tinca tinca</i> | 12 | 1 576 | 11 | 1 539 |

- Indre-5 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Abramis brama</i> | 12 | 37 589 | 11 | 31 998 |
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 12 | 8 817 | 11 | 8 667 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 12 | 43 244 | 10 | 33 535 |
| <i>Ameiurus melas</i> | 11 | 591 | 9 | 539 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 5 | 118 | 5 | 154 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 12 | 4 488 | 11 | 4 079 |
| <i>Barbus barbus</i> | 12 | 18 197 | 11 | 15 763 |
| <i>Carassius sp.</i> | 5 | 108 | | |
| <i>Cottus perifretum</i> | 12 | 1 342 | 10 | 1 177 |
| Complexe - <i>Xenocyprididae</i> | | | | * |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 12 | 1 293 | 9 | 807 |
| <i>Esox lucius</i> | 12 | 10 885 | 10 | 8 802 |
| <i>Gobio gobio</i> | 12 | 27 639 | 11 | 20 964 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 12 | 2 242 | 10 | 1 396 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 12 | 863 | 10 | 1 582 |
| <i>Leuciscus sp.</i> | | * | | |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | 6 | 166 | 8 | 251 |
| <i>Micropterus salmoides</i> | | * | | |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 12 | 1 786 | 10 | 1 408 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 12 | 24 505 | 11 | 22 005 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 5 | 343 | 8 | 315 |
| <i>Pungitius pungitius</i> | 4 | 181 | 4 | 87 |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 12 | 4 561 | 11 | 4 397 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 12 | 30 135 | 11 | 27 092 |
| <i>Sander lucioperca</i> | 7 | 187 | 5 | 985 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 12 | 23 025 | 11 | 22 365 |
| <i>Silurus glanis</i> | 12 | 2 012 | 11 | 19 935 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 12 | 62 121 | 11 | 44 105 |
| <i>Tinca tinca</i> | 12 | 3 550 | 11 | 2 588 |

- Indre-6 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Abramis brama</i> | 10 | 28 849 | 12 | 31 903 |
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 10 | 3 674 | 11 | 8 881 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 10 | 27 981 | 12 | 32 976 |
| <i>Ameiurus melas</i> | 10 | 997 | 10 | 799 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 4 | 65 | 1 | 30 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 10 | 1 417 | 10 | 1 730 |
| <i>Barbus barbus</i> | 10 | 18 508 | 12 | 28 020 |
| <i>Cottus perifretum</i> | 10 | 612 | 10 | 624 |
| Complexe - Xenocyprididae | | | | * |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 10 | 1 272 | 11 | 1 385 |
| <i>Esox lucius</i> | 10 | 1 948 | 11 | 1 287 |
| <i>Gobio gobio</i> | 10 | 14 896 | 12 | 14 795 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 10 | 2 255 | 12 | 4 135 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 5 | 148 | 11 | 1 423 |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | 8 | 346 | 4 | 114 |
| <i>Micropterus salmoides</i> | 2 | 59 | 2 | 41 |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 10 | 3 463 | 12 | 3 880 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 10 | 10 182 | 12 | 10 605 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 5 | 179 | 9 | 206 |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 10 | 4 517 | 12 | 7 249 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 10 | 22 134 | 12 | 21 312 |
| <i>Salmo trutta</i> | | * | | * |
| <i>Sander lucioperca</i> | 5 | 153 | 5 | 209 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 5 | 177 | 5 | 142 |
| <i>Silurus glanis</i> | 10 | 1 034 | 11 | 2 154 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 10 | 53 608 | 12 | 65 443 |
| <i>Tinca tinca</i> | 8 | 625 | 12 | 1 375 |

- Indre-7 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Abramis brama</i> | 11 | 27 112 | 11 | 33 019 |
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 8 | 703 | 9 | 1 034 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 11 | 13 559 | 11 | 18 082 |
| <i>Ameiurus melas</i> | 11 | 3 338 | 11 | 4 312 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 4 | 90 | 5 | 230 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 11 | 5 705 | 11 | 5 028 |
| <i>Barbus barbus</i> | 11 | 10 057 | 11 | 12 122 |
| <i>Cottus perifretum</i> | 10 | 820 | 11 | 1 533 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 10 | 1 492 | 11 | 1 869 |
| <i>Esox lucius</i> | 11 | 4 209 | 11 | 4 384 |
| <i>Gobio gobio</i> | 11 | 13 836 | 11 | 14 231 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 11 | 3 831 | 11 | 3 384 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 9 | 1 840 | 11 | 2 269 |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | 9 | 1 209 | 10 | 681 |
| <i>Micropterus salmoides</i> | 2 | 77 | 1 | 38 |
| <i>Oncorhynchus mykiss</i> | | | | * |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 11 | 4 892 | 11 | 5 659 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 11 | 10 020 | 11 | 7 680 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 5 | 241 | 7 | 342 |
| <i>Pungitius pungitius</i> | 7 | 238 | 4 | 112 |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 11 | 2 278 | 11 | 1 994 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 11 | 35 324 | 11 | 41 244 |
| <i>Sander lucioperca</i> | 1 | 32 | 3 | 165 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 8 | 733 | 9 | 609 |
| <i>Silurus glanis</i> | 10 | 706 | 7 | 270 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 11 | 41 188 | 11 | 62 210 |
| <i>Tinca tinca</i> | 11 | 2 514 | 11 | 3 603 |

- Indre-8 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Abramis brama</i> | 12 | 28 711 | 12 | 23 827 |
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 12 | 4 468 | 12 | 3 828 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 12 | 18 660 | 12 | 16 633 |
| <i>Ameiurus melas</i> | 12 | 8 173 | 12 | 5 354 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 1 | 16 | 3 | 1 538 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 12 | 2 299 | 12 | 2 374 |
| <i>Barbus barbus</i> | 12 | 3 888 | 12 | 3 512 |
| <i>Cottus perifretum</i> | 12 | 1 509 | 12 | 1 293 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 11 | 1 245 | 12 | 1 226 |
| <i>Esox lucius</i> | 12 | 6 152 | 12 | 15 901 |
| <i>Gobio gobio</i> | 12 | 15 612 | 12 | 14 324 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 12 | 4 265 | 12 | 4 155 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 12 | 6 282 | 12 | 4 729 |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | 12 | 1 537 | 11 | 1 327 |
| <i>Micropterus salmoides</i> | 1 | 42 | 2 | 33 |
| <i>Oncorhynchus mykiss</i> | | | | * |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 12 | 3 034 | 12 | 2 329 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 12 | 4 233 | 12 | 4 955 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 11 | 860 | 11 | 723 |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 12 | 7 563 | 12 | 5 671 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 12 | 18 216 | 12 | 17 321 |
| <i>Salmo trutta</i> | 2 | 24 | 1 | 49 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 10 | 888 | 12 | 1 426 |
| <i>Silurus glanis</i> | 11 | 1 088 | 12 | 2 825 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 12 | 81 820 | 12 | 87 427 |
| <i>Tinca tinca</i> | 12 | 1 438 | 12 | 1 539 |

- Indre-9 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Abramis brama</i> | 7 | 10 717 | 1 | 1 297 |
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 12 | 9 688 | 12 | 10 846 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 12 | 23 847 | 12 | 24 325 |
| <i>Ameiurus melas</i> | 12 | 3 651 | 12 | 4 276 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | | * | | |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 12 | 2 735 | 12 | 3 266 |
| <i>Barbus barbus</i> | 12 | 10 793 | 12 | 12 204 |
| <i>Cottus perifretum</i> | 12 | 783 | 12 | 1 180 |
| Complexe - <i>Leuciscidae</i> | 12 | 29 394 | 12 | 35 363 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 12 | 2 593 | 12 | 2 252 |
| <i>Esox lucius</i> | 12 | 2 790 | 12 | 1 906 |
| <i>Gobio gobio</i> | 12 | 26 352 | 12 | 29 441 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 12 | 11 701 | 12 | 15 049 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 12 | 5 500 | 12 | 7 279 |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | 12 | 1 685 | 12 | 1 930 |
| <i>Micropterus salmoides</i> | | * | | |
| <i>Oncorhynchus mykiss</i> | 4 | 95 | 5 | 207 |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 12 | 4 076 | 12 | 4 221 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 12 | 7 081 | 12 | 7 420 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 12 | 1 105 | 12 | 935 |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 12 | 21 026 | 12 | 15 780 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 12 | 27 363 | 12 | 25 746 |
| <i>Salmo trutta</i> | 2 | 39 | 4 | 122 |
| <i>Sander lucioperca</i> | 5 | 139 | 3 | 63 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 11 | 2 479 | 10 | 1 616 |
| <i>Silurus glanis</i> | 12 | 3 394 | 12 | 3 004 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 12 | 128 609 | 12 | 135 241 |
| <i>Tinca tinca</i> | 12 | 809 | 10 | 636 |

- Creuse-1 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Abramis brama</i> | 1 | 819 | 4 | 3 546 |
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 12 | 5 867 | 12 | 62 613 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 12 | 361 | 12 | 37 484 |
| <i>Alosa alosa</i> | 12 | 19 253 | 12 | 18 543 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 8 | 725 | 8 | 265 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 11 | 1 288 | 11 | 1 718 |
| <i>Barbus barbus</i> | 12 | 1 119 | 12 | 11 135 |
| <i>Carassius sp.</i> | 7 | 211 | 6 | 139 |
| <i>Cottus perifretum</i> | 11 | 76 | 11 | 846 |
| Complexe - <i>Leuciscidae</i> | 12 | 11 311 | 12 | 11 628 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 12 | 2 442 | 12 | 1 775 |
| <i>Esox lucius</i> | 1 | 79 | 8 | 59 |
| <i>Gobio gobio</i> | 12 | 1 891 | 12 | 2 178 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 12 | 8 363 | 12 | 983 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 12 | 645 | 12 | 5 416 |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | | * | | |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 1 | 68 | 7 | 799 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 12 | 4 322 | 12 | 428 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 12 | 313 | 12 | 2 533 |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 12 | 2 565 | 1 | 1 182 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 12 | 34 535 | 12 | 32 951 |
| <i>Sander lucioperca</i> | 7 | 418 | 5 | 34 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 6 | 272 | 4 | 235 |
| <i>Silurus glanis</i> | 12 | 13 667 | 12 | 1 155 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 12 | 73 865 | 12 | 6 299 |
| <i>Tinca tinca</i> | 12 | 44 | 6 | 366 |

- Creuse-2 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Abramis brama</i> | 3 | 333 | 8 | 8 425 |
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 12 | 41 211 | 12 | 463 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 12 | 379 | 12 | 2 974 |
| <i>Alosa alosa</i> | 12 | 1 656 | 12 | 2 218 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 6 | 179 | 7 | 431 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 12 | 23 | 12 | 2 214 |
| <i>Barbus barbus</i> | 12 | 1 342 | 12 | 14 579 |
| <i>Cottus perifretum</i> | 1 | 948 | 12 | 1 241 |
| Complexe - Leuciscidae | 12 | 14 419 | 12 | 18 521 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 12 | 311 | 12 | 2 152 |
| <i>Esox lucius</i> | 12 | 2 788 | 12 | 2 673 |
| <i>Gobio gobio</i> | 12 | 2 934 | 12 | 28 739 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 12 | 12 528 | 12 | 13 622 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 12 | 661 | 12 | 997 |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 12 | 1 734 | 12 | 2 528 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 12 | 6 767 | 12 | 3 496 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 1 | 1 198 | 11 | 1 287 |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 12 | 3 853 | 12 | 2 192 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 12 | 38 412 | 12 | 3 277 |
| <i>Sander lucioperca</i> | 11 | 941 | 9 | 88 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 6 | 458 | 9 | 794 |
| <i>Scomber scombrus</i> | | * | | |
| <i>Silurus glanis</i> | 12 | 9 761 | 12 | 9 847 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 12 | 6 227 | 12 | 6 199 |
| <i>Tinca tinca</i> | 7 | 342 | 8 | 461 |

- Creuse-3 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Abramis brama</i> | 7 | 584 | 5 | 245 |
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 12 | 9316 | 12 | 15638 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 12 | 3394 | 12 | 26598 |
| <i>Alosa alosa</i> | 11 | 3696 | 12 | 3226 |
| <i>Ameiurus melas</i> | 6 | 588 | 9 | 84 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 5 | 382 | 7 | 873 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 1 | 2256 | 12 | 2198 |
| <i>Barbus barbus</i> | 12 | 17717 | 12 | 14821 |
| <i>Cottus perifretum</i> | 11 | 1899 | 12 | 1919 |
| <i>Chondrostoma nasus</i> | | * | | |
| Complexe - <i>Xenocyprididae</i> | 3 | 116 | 7 | 334 |
| Complexe - <i>Leuciscidae</i> | 1 | 7235 | 11 | 9375 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 12 | 1996 | 12 | 1861 |
| <i>Esox lucius</i> | 9 | 5768 | 11 | 1346 |
| <i>Gobio gobio</i> | 12 | 33687 | 12 | 27871 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 12 | 493 | 12 | 6285 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 11 | 6493 | 12 | 6434 |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | | | | * |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 1 | 757 | 7 | 69 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 12 | 595 | 12 | 9181 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 12 | 1675 | 11 | 1423 |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 11 | 1746 | 11 | 1562 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 12 | 25113 | 12 | 22842 |
| <i>Sander lucioperca</i> | 7 | 78 | 11 | 662 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 2 | 19 | 2 | 42 |
| <i>Silurus glanis</i> | 11 | 5746 | 12 | 7786 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 12 | 621 | 12 | 55733 |
| <i>Tinca tinca</i> | 3 | 158 | 3 | 131 |

- Creuse-4 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Abramis brama</i> | 4 | 2 768 | 5 | 258 |
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 11 | 75 539 | 12 | 63 838 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 11 | 23 763 | 12 | 2 884 |
| <i>Alosa alosa</i> | 11 | 2 698 | 12 | 599 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 6 | 443 | 8 | 548 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 11 | 1 278 | 11 | 1 153 |
| <i>Barbus barbus</i> | 11 | 16 925 | 12 | 15 451 |
| <i>Cottus perifretum</i> | 11 | 353 | 11 | 2 941 |
| <i>Chondrostoma nasus</i> | | | | * |
| Complexe - <i>Leuciscidae</i> | 1 | 7 824 | 12 | 7 849 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 11 | 1 885 | 12 | 164 |
| <i>Esox lucius</i> | 11 | 1 862 | 12 | 3 355 |
| <i>Gobio gobio</i> | 11 | 2 422 | 12 | 23 474 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 11 | 846 | 12 | 5 845 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 11 | 696 | 12 | 9 631 |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | | | | * |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 8 | 575 | 4 | 491 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 11 | 1 694 | 12 | 519 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 8 | 652 | 7 | 596 |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 1 | 91 | 12 | 236 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 11 | 211 | 12 | 26 687 |
| <i>Sander lucioperca</i> | 11 | 1 411 | 9 | 645 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | | * | | |
| <i>Silurus glanis</i> | 11 | 4 387 | 12 | 3 927 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 11 | 46 919 | 12 | 38 431 |
| <i>Tinca tinca</i> | 2 | 72 | 3 | 141 |

- Creuse-5 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|--------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 12 | 73 979 | 12 | 984 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 12 | 961 | 12 | 896 |
| <i>Alosa alosa</i> | 9 | 232 | 12 | 1 465 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 5 | 191 | 6 | 471 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 12 | 1 583 | 1 | 137 |
| <i>Barbus barbus</i> | 12 | 29 149 | 12 | 26 569 |
| <i>Cottus perifretum</i> | 12 | 187 | 12 | 2 279 |
| <i>Chondrostoma nasus</i> | 3 | 335 | 4 | 4 611 |
| Complexe - <i>Leuciscidae</i> | 12 | 31 215 | 12 | 35 112 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 12 | 2 577 | 12 | 2 162 |
| <i>Esox lucius</i> | 5 | 284 | 6 | 55 |
| <i>Gobio gobio</i> | 12 | 23 174 | 12 | 1 847 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 12 | 64 | 12 | 5 721 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 12 | 257 | 11 | 2 532 |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | 4 | 142 | 2 | 161 |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 1 | 1 371 | 9 | 122 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 12 | 15 679 | 12 | 1 872 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 5 | 266 | 6 | 361 |
| <i>Pungitius pungitius</i> | | * | | |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 12 | 185 | 11 | 884 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 12 | 1 593 | 12 | 12 818 |
| <i>Sander lucioperca</i> | 1 | 697 | 9 | 1 135 |
| <i>Silurus glanis</i> | 12 | 1 415 | 12 | 285 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 12 | 22 778 | 12 | 22 214 |
| <i>Tinca tinca</i> | 7 | 189 | 5 | 185 |

- Creuse-6 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 11 | 3 161 | 12 | 41 441 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 8 | 8 539 | 12 | 1 343 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 4 | 626 | 6 | 166 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | | | 5 | 372 |
| <i>Barbus barbus</i> | 9 | 22 486 | 12 | 29 854 |
| <i>Blicca bjoerkna</i> | | * | | * |
| <i>Cottus perifretum</i> | 1 | 1 232 | 8 | 1 149 |
| <i>Chondrostoma nasus</i> | 6 | 9 757 | 1 | 616 |
| Complexe - <i>Leuciscidae</i> | 11 | 6 356 | 12 | 8 752 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 5 | 892 | 12 | 429 |
| <i>Esox lucius</i> | | | 1 | 1 992 |
| <i>Gobio gobio</i> | 9 | 11 469 | 12 | 7 548 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 6 | 3 269 | 11 | 3 626 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 1 | 289 | 1 | 3 357 |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | | | 5 | 198 |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 4 | 1 859 | 12 | 3 127 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 9 | 7 287 | 12 | 11 343 |
| <i>Rhodeus amarus</i> | | | | * |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 9 | 1 432 | 12 | 13 848 |
| <i>Salmo salar</i> | | | | * |
| <i>Sander lucioperca</i> | 2 | 167 | 7 | 1 739 |
| <i>Sardina pilchardus</i> | | | | * |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | | | | * |
| <i>Silurus glanis</i> | 4 | 2 744 | 12 | 337 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 6 | 1 869 | 12 | 27 377 |
| <i>Tinca tinca</i> | | | | * |

- Creuse-7 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 11 | 11 558 | 1 | 439 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 11 | 4 185 | 11 | 2 955 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 1 | 1 471 | 6 | 848 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 7 | 548 | | |
| <i>Barbus barbus</i> | 11 | 15 655 | 11 | 8 225 |
| <i>Cottus perifretum</i> | 1 | 133 | 4 | 553 |
| <i>Chondrostoma nasus</i> | 6 | 4 318 | | |
| Complexe - <i>Leuciscidae</i> | 11 | 16 191 | 11 | 121 632 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 1 | 1 577 | 9 | 1 748 |
| <i>Esox lucius</i> | 1 | 186 | 4 | 393 |
| <i>Gobio gobio</i> | 11 | 4 875 | 1 | 5 676 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 11 | 6 613 | 1 | 5 191 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 11 | 226 | 3 | 1 521 |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | 5 | 317 | 3 | 172 |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 11 | 4 565 | 9 | 2 453 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 11 | 5 298 | 11 | 243 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | | * | | * |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 2 | 14 | 2 | 655 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 11 | 15 884 | 11 | 861 |
| <i>Sander lucioperca</i> | 11 | 57 | 8 | 2 294 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | | * | | |
| <i>Silurus glanis</i> | 11 | 5 621 | 9 | 4 491 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 11 | 8 653 | 11 | 883 |

- Anglin-1 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Abramis brama</i> | 4 | 529 | 3 | 79 |
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 9 | 33 851 | 1 | 34 241 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 9 | 51 | 1 | 5 999 |
| <i>Alosa alosa</i> | 1 | 91 538 | 1 | 121 421 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 4 | 28 | 4 | 58 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 9 | 261 | 1 | 1 814 |
| <i>Barbus barbus</i> | 9 | 4 145 | 1 | 3 979 |
| <i>Cottus perifretum</i> | 7 | 19 | 1 | 326 |
| Complexe - Xenocyprididae | | | | * |
| Complexe - Leuciscidae | 8 | 1 597 | 1 | 32 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 7 | 38 | 1 | 58 |
| <i>Esox lucius</i> | 8 | 1 563 | 9 | 615 |
| <i>Gobio gobio</i> | 9 | 13 456 | 1 | 15 729 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 9 | 49 | 1 | 5 862 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 9 | 822 | 1 | 1 241 |
| <i>Oncorhynchus mykiss</i> | | * | | * |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 9 | 427 | 1 | 558 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 9 | 133 | 1 | 12 793 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 6 | 28 | 7 | 228 |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 9 | 1 664 | 1 | 1 794 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 9 | 6 419 | 1 | 7 436 |
| <i>Sander lucioperca</i> | 8 | 324 | 9 | 363 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 1 | 16 | 5 | 124 |
| <i>Silurus glanis</i> | 9 | 964 | 1 | 321 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 9 | 53 485 | 1 | 54 744 |
| <i>Tinca tinca</i> | 4 | 17 | 6 | 169 |

- Anglin-2 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Abramis brama</i> | 9 | 3 717 | 8 | 4 352 |
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 12 | 23 638 | 12 | 25 699 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 12 | 13 463 | 12 | 12 127 |
| <i>Alosa alosa</i> | 12 | 15 428 | 12 | 1 674 |
| <i>Ameiurus melas</i> | | * | | * |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 2 | 32 | 3 | 49 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 12 | 1 639 | 1 | 1 387 |
| <i>Barbus barbus</i> | 12 | 6 773 | 12 | 716 |
| <i>Carassius sp.</i> | 2 | 41 | 2 | 98 |
| <i>Cottus perifretum</i> | 12 | 361 | 8 | 327 |
| Complexe - <i>Leuciscidae</i> | 12 | 6 184 | 1 | 6 721 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 12 | 993 | 12 | 267 |
| <i>Esox lucius</i> | 8 | 4 | 6 | 66 |
| <i>Gobio gobio</i> | 12 | 26 616 | 12 | 27 524 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 12 | 967 | 12 | 829 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 12 | 3 875 | 12 | 3 786 |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | | | | * |
| <i>Oncorhynchus mykiss</i> | | * | | * |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 12 | 1 568 | 11 | 1 483 |
| <i>Petromyzon marinus</i> | | * | | |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 12 | 1 248 | 12 | 13 975 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 11 | 511 | 7 | 942 |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 12 | 3 916 | 12 | 5 188 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 12 | 11 265 | 12 | 1 569 |
| <i>Sander lucioperca</i> | 1 | 534 | 6 | 593 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 6 | 159 | 2 | 123 |
| <i>Silurus glanis</i> | 12 | 4 177 | 12 | 3 572 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 12 | 136 213 | 12 | 133 888 |
| <i>Tinca tinca</i> | 4 | 92 | 4 | 116 |

- Anglin-3 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Abramis brama</i> | 5 | 3 741 | 1 | 5 941 |
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 1 | 34 973 | 12 | 3 615 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 1 | 1 526 | 12 | 12 759 |
| <i>Alosa alosa</i> | 1 | 43 912 | 12 | 48 931 |
| <i>Ameiurus melas</i> | 2 | 44 | 4 | 148 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 4 | 55 | 3 | 35 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 1 | 23 | 12 | 247 |
| <i>Barbus barbus</i> | 1 | 8 369 | 12 | 6 169 |
| <i>Carassius sp.</i> | 4 | 193 | 5 | 79 |
| <i>Cottus perifretum</i> | 7 | 461 | 1 | 763 |
| Complexe - <i>Xenocyprididae</i> | 1 | 145 | 2 | 47 |
| Complexe - <i>Leuciscidae</i> | 1 | 1 463 | 12 | 9 693 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 1 | 2 172 | 12 | 1 528 |
| <i>Esox lucius</i> | 8 | 37 | 12 | 569 |
| <i>Gobio gobio</i> | 1 | 3 385 | 12 | 2 929 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 1 | 1 763 | 12 | 129 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 1 | 562 | 12 | 5 399 |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | | * | | |
| <i>Micropterus salmoides</i> | | * | | * |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 9 | 1 789 | 12 | 2 447 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 1 | 1 291 | 12 | 13 263 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 9 | 114 | 12 | 827 |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 1 | 7 638 | 12 | 8 542 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 1 | 13 773 | 12 | 18 148 |
| <i>Sander lucioperca</i> | 6 | 575 | 7 | 385 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 7 | 634 | 11 | 836 |
| <i>Silurus glanis</i> | 1 | 2 544 | 12 | 322 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 1 | 31 225 | 12 | 31 999 |
| <i>Tinca tinca</i> | 3 | 273 | 7 | 285 |

- Anglin-4 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 12 | 11 425 | 12 | 12 831 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 12 | 9 313 | 12 | 7 358 |
| <i>Alosa alosa</i> | 5 | 185 | 2 | 77 |
| <i>Ameiurus melas</i> | 9 | 695 | 8 | 778 |
| <i>Ameiurus nebulosus</i> | | * | | |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 4 | 977 | 5 | 2 249 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 12 | 2 625 | 12 | 229 |
| <i>Barbus barbus</i> | 12 | 2 427 | 12 | 2 193 |
| <i>Carassius sp.</i> | 5 | 155 | | |
| <i>Cottus perifretum</i> | 8 | 54 | 11 | 54 |
| Complexe - <i>Leuciscidae</i> | 12 | 2 321 | 12 | 17 359 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 12 | 118 | 11 | 53 |
| <i>Esox lucius</i> | 12 | 133 | 9 | 4 379 |
| <i>Gobio gobio</i> | 12 | 12 812 | 12 | 1 616 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 12 | 12 971 | 12 | 1 791 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 12 | 4 464 | 12 | 613 |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | | * | | |
| <i>Oncorhynchus mykiss</i> | | | | * |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 12 | 6 673 | 12 | 424 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 12 | 628 | 12 | 4 139 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 12 | 1 789 | 7 | 446 |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 12 | 1 183 | 12 | 4 992 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 12 | 24 246 | 12 | 14 964 |
| <i>Sander lucioperca</i> | 6 | 372 | 3 | 12 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 11 | 783 | 12 | 797 |
| <i>Silurus glanis</i> | 12 | 1 569 | 12 | 361 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 12 | 74 285 | 12 | 189 195 |
| <i>Tinca tinca</i> | 7 | 286 | 6 | 321 |

- Anglin-5 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 12 | 9 316 | 12 | 7 929 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 12 | 76 443 | 12 | 67 317 |
| <i>Ameiurus melas</i> | 11 | 615 | 11 | 372 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | 4 | 61 | 1 | 44 |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 12 | 2 234 | 12 | 241 |
| <i>Barbus barbus</i> | 12 | 1 829 | 12 | 252 |
| <i>Carassius sp.</i> | | * | | * |
| <i>Cottus perifretum</i> | 11 | 588 | 11 | 58 |
| Complexe - <i>Leuciscidae</i> | 12 | 15 732 | 12 | 13 288 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 12 | 667 | 11 | 42 |
| <i>Esox lucius</i> | 9 | 957 | 1 | 836 |
| <i>Gobio gobio</i> | 12 | 1 158 | 12 | 889 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 12 | 4 231 | 12 | 3 955 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 11 | 983 | 11 | 198 |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | 1 | 11 | 4 | 115 |
| <i>Oncorhynchus mykiss</i> | 3 | 66 | 2 | 39 |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 12 | 3 243 | 12 | 32 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 12 | 5 144 | 12 | 4 237 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 5 | 148 | 5 | 137 |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 12 | 199 | 12 | 1 342 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 12 | 633 | 12 | 585 |
| <i>Salmo trutta</i> | | * | | |
| <i>Sander lucioperca</i> | 4 | 63 | | |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 1 | 472 | 8 | 339 |
| <i>Silurus glanis</i> | 4 | 17 | | |
| <i>Squalius cephalus</i> | 12 | 181 379 | 12 | 145 |
| <i>Tinca tinca</i> | 2 | 69 | 2 | 59 |

- Anglin-6 :

| Nom scientifique | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN | Nombre de répliques positifs (/12) | Nombre de séquences ADN |
|------------------------------------|------------------------------------|-------------------------|------------------------------------|-------------------------|
| <i>Abramis brama</i> | | * | | |
| <i>Alburnoides bipunctatus</i> | 12 | 35 786 | 12 | 37 967 |
| <i>Alburnus alburnus</i> | 12 | 31 111 | 12 | 3 762 |
| <i>Ameiurus melas</i> | 11 | 348 | 12 | 821 |
| <i>Anguilla anguilla</i> | | * | | * |
| <i>Barbatula barbatula</i> | 12 | 521 | 12 | 7 261 |
| <i>Barbus barbus</i> | 12 | 581 | 12 | 832 |
| <i>Cottus perifretum</i> | 9 | 324 | 12 | 512 |
| Complexe - Leuciscidae | 9 | 347 | 9 | 311 |
| <i>Cyprinus carpio</i> | 8 | 233 | 8 | 226 |
| <i>Esox lucius</i> | | | 9 | 659 |
| <i>Gobio gobio</i> | 12 | 1 618 | 12 | 2 356 |
| <i>Gymnocephalus cernua</i> | 12 | 572 | 1 | 363 |
| <i>Lampetra sp.</i> | 1 | 21 | 3 | 38 |
| <i>Lepomis gibbosus</i> | 12 | 728 | 12 | 119 |
| <i>Leuciscus burdigalensis</i> | 4 | 59 | 5 | 95 |
| <i>Oncorhynchus mykiss</i> | | * | | * |
| <i>Perca fluviatilis</i> | 12 | 569 | 12 | 847 |
| <i>Phoxinus sp.</i> | 12 | 11 236 | 12 | 12 744 |
| <i>Pseudorasbora parva</i> | 8 | 281 | 1 | 363 |
| <i>Rhodeus amarus</i> | 12 | 175 | 12 | 238 |
| <i>Rutilus rutilus</i> | 12 | 172 | 12 | 2 347 |
| <i>Salmo trutta</i> | 2 | 31 | 2 | 23 |
| <i>Scardinius erythrophthalmus</i> | 8 | 262 | 5 | 146 |
| <i>Squalius cephalus</i> | 12 | 175 823 | 12 | 199 869 |
| <i>Tinca tinca</i> | 12 | 555 | 12 | 386 |