



**FISH  
PASS**



**SCIMABIO** *Interface*  
science-management interface for biodiversity conservation

Pôle commun ADNe indicateurs de fonctionnalité écologique



Recherche du parasite *Tetracapsuloides bryosalmonae* et de son hôte principal  
le bryozoaire *Fredericella sultana* par détection d'ADN environnemental

*Campagne d'échantillonnage Août 2024*

Pôle thématique ADNe SCIMABIO-Interface/Fish-Pass

Valentin Vasselon (SCIMABIO-Interface)

Eloïse Duval (FISH-PASS)



Novembre 2024



Les cyclades B  
5, rue des Quatre Vents  
74200 Thonon-les-Bains  
[www.scimabio-interface.fr](http://www.scimabio-interface.fr)

**INGÉNIERIE DES MILIEUX AQUATIQUES**  
*Aquatic environment engineering*  
18 rue de la Plaine - ZA des 3 prés - 35890 LAILLÉ - France  
Tél. 33 (0)2 99 77 32 11  
Fax. 33 (0)2 99 77 31 96  
[www.fish-pass.fr](http://www.fish-pass.fr)



**Rédaction et relecture du rapport :**

Eloïse Duval (FishPass) et Valentin Vasselon (SCIMABIO-Interface)

**Maître d'ouvrage de l'étude :**

Fédération du Pas-de-Calais pour la Pêche et la Protection du Milieu Aquatique (FDAAPPMA62)

**Dossier suivi par :**

Benoît Rigault

## Sommaire

<b>Sommaire</b>	<b>2</b>
<b>1 Contexte et objectifs de l'étude</b>	<b>3</b>
<b>2 Matériel et méthodes</b>	<b>4</b>
<b>2.1 L'ADN environnemental</b>	<b>4</b>
2.1.1 Principe général de la dPCR	5
2.1.2 Stratégie et protocole d'échantillonnage	5
<b>3 Analyses</b>	<b>7</b>
<b>3.1 Extraction de l'ADN total</b>	<b>7</b>
<b>3.2 Suivis spécifiques par ddPCR</b>	<b>7</b>
<b>4 Résultats et interprétation</b>	<b>9</b>
<b>4.1 Description des stations et validation de l'échantillonnage</b>	<b>9</b>
<b>4.2 Détection de <i>T. bryosalmonae</i>, <i>F. sultana</i> et <i>S. trutta</i> par ddPCR</b>	<b>10</b>
4.2.1 Validation des données	10
4.2.2 Résultats de détection par ddPCR	10
<b>5 Conclusion et Perspectives</b>	<b>13</b>
<b>6 Analyse annexe : tissu de bryozoaire de l'Authie</b>	<b>13</b>
<b>7 Bibliographie</b>	<b>15</b>
<b>8 Fiches terrain</b>	<b>17</b>



**FISH  
PASS**



**SCIMABIO** *Interface*  
science-management interface for biodiversity conservation

## 1 Contexte et objectifs de l'étude

La maladie rénale proliférative, MRP ou PKD pour proliferative kidney disease en anglais est une maladie infectieuse émergente causée par le parasite myxozoaire *Tetracapsuloides bryosalmonae*. Au cours des deux dernières décennies, de plus en plus d'épidémies de MRP ont été reportées au sein de populations de salmonidés d'Europe et d'Amérique du Nord (Hedrick et al., 1993; Sudhagar et al., 2020). Cette maladie est en effet responsable de pertes importantes en aquaculture et de déclins inquiétants des populations de salmonidés sauvages, avec jusqu'à 95 % de mortalité signalée dans les fermes piscicoles (Okamura et al., 2011). En outre, plusieurs études ont montré que le déclin de la truite fario (*Salmo trutta*) dans les rivières suisses était lié au développement de la MRP (Burkhardt-Holm & Scheurer, 2007; Wahli et al., 2007).

Ce parasite a un cycle de vie complexe et alterne entre deux hôtes : un poisson salmonidé et un bryozoaire, plus particulièrement de l'espèce *Fredericella sultana* (Tops & Okamura, 2005). L'infection chez les poissons peut rester bénigne, mais certains individus développent des symptômes de la maladie, particulièrement lorsque la température de l'eau dépasse les 15°C de façon prolongée, qui peuvent aller de la perte d'efficacité liés à des troubles d'acquisition de l'oxygène, pouvant mener dans les cas les plus sévères à une mort par asphyxie (Bruneaux et al., 2017; Hedrick et al., 1993; Okamura et al., 2011). Les jeunes de l'année sont les plus sensibles au développement de la MRP, et les poissons survivant leur première infection semblent développer une immunité car ils ne redéveloppent pas les symptômes lors d'infections ultérieures (Feist & Longshaw, 2006; Foott & Hedrick, 1987).

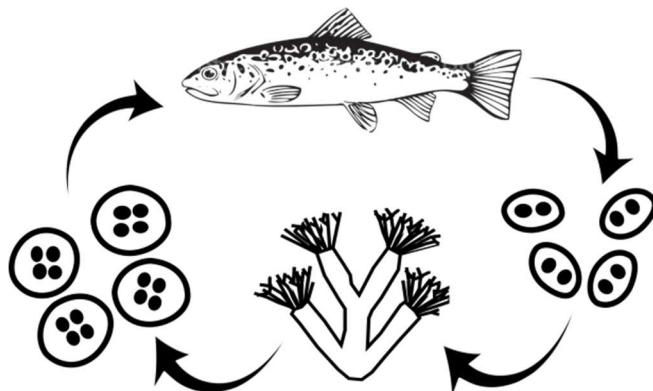


Figure 1 : Cycle parasitaire de *Tetracapsuloides bryosalmonae*. Les spores infectieuses pour les poissons sont émises par les bryozoaires infectés lorsque la température de l'eau atteint 9°C (Gay et al., 2001). Les spores entrent dans leur hôte poisson par la peau et les branchies, circulent dans le sang jusqu'à atteindre les reins. Après multiplication, les spores sont excrétées par les truites infectées et vont pouvoir infecter de nouvelles colonies de bryozoaires (Okamura et al., 2011).

En France, la distribution du parasite et le statut d'infection des populations de salmonidés sauvages restent encore largement méconnus. Le parasite, de par sa taille microscopique et son hôte bryozoaire, de par sa distribution sporadique dans les cours d'eau sont difficilement détectables dans leur environnement. Des outils de détection du parasite et de son hôte bryozoaire par détection d'ADN environnemental ont été développés et utilisés pour cartographier leur présence et estimer leur abondance relative dans les cours d'eau (Carraro et al., 2018; Duval, 2022; Fontes et al., 2017). La présente étude vise à cartographier la présence de ces deux espèces sur le bassin de l'Aa dans le Pas-

de-Calais suite à la baisse de recrutement constatée chez les populations de truite fario de la zone d'étude, en utilisant la méthode ADNe.

## 2 Matériel et méthodes

### 2.1 L'ADN environnemental

L'ADN environnemental (ADNe) peut être défini comme l'ADN total pouvant être extrait à partir d'un échantillon environnemental (eau, biofilm, sol, air...) sans avoir à isoler au préalable les individus qui vivent dans le milieu (Taberlet et al., 2012). Pour les milieux aquatiques, comme les lacs et les rivières, l'ADNe extrait à partir d'un échantillon d'eau intègre à la fois l'ADN des microorganismes vivant dans l'eau (bactéries, microalgues, champignons...), mais aussi l'ADN libéré par les macroorganismes au contact du milieu sous différentes formes (Figure 2; Pawlowski et al., 2020). En fonction des matrices environnementales échantillonnées (eau, biofilm, sédiment) et des techniques déployées en laboratoire, il est possible de réaliser des inventaires de diversité ou le suivi d'espèces d'intérêt grâce à l'ADN des individus retrouvé dans l'environnement.

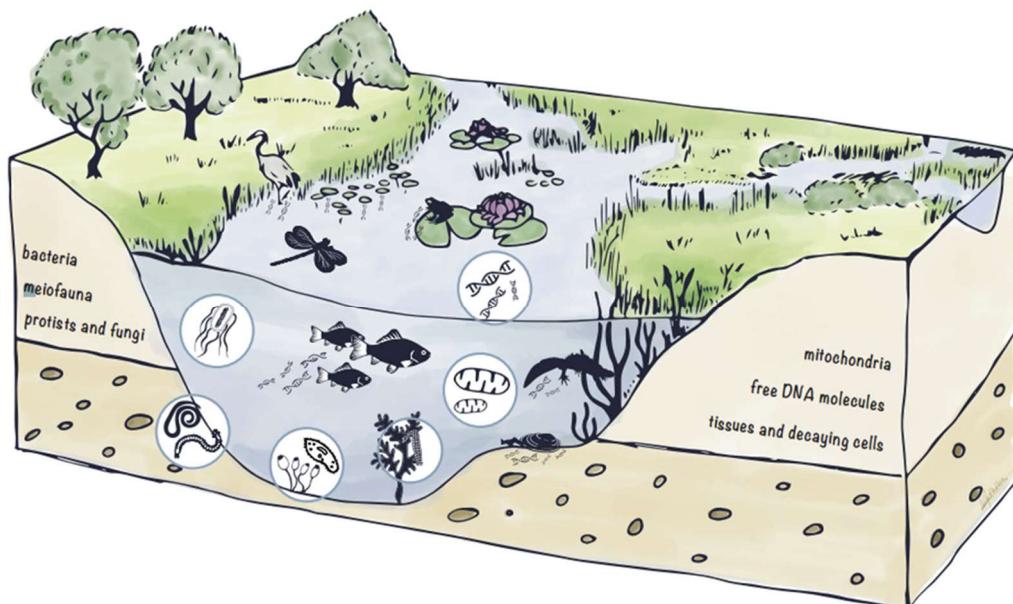


Figure 2 : Origine et forme de l'ADN environnemental dans les milieux aquatiques (Pawlowski et al., 2020)

Dans le cadre de cette étude, le signal ADNe que nous pouvons détecter peut provenir directement de spores de *T. bryosalmonae* émises par les poissons infectés via l'urine, par les cellules de bryozoaires porteuses du parasite ou directement par l'intermédiaire de l'ADN des spores présentes dans l'eau. Il est également possible de détecter de l'ADN libre (extracellulaire) provenant de spores dégradées. Pour ce qui est des bryozoaires et de *F. sultana*, le signal ADN détectable peut provenir de cellules ou fragments de colonies emportés par le courant, mais aussi de statoblastes, spores permettant une reproduction asexuée émises par les colonies sénescentes (Hartikainen et al., 2009, 2013; Hartikainen & Okamura, 2015).

En prélevant et en filtrant de l'eau de la rivière, il est possible d'extraire et d'analyser cet ADNe pour détecter et dans une certaine mesure quantifier la présence d'une ou plusieurs espèces cibles comme *T. bryosalmonae* et *F. sultana*.

### 2.1.1 Principe général de la dPCR

Afin de maximiser les chances de détecter les signaux ADNe potentiellement relargués par *T. bryosalmonae* et *F. sultana* dans des échantillons environnementaux, potentiellement présents en très faible quantité (taille de l'espèce, distribution sporadique, dilution rapide du signal dans l'eau), l'approche de détection ciblée d'ADN par dPCR (Digital PCR) a été privilégiée.

La dPCR est une technique de biologie moléculaire qui permet de cibler et d'amplifier une région génétique propre à une espèce via l'utilisation d'amorces et de sondes génétiques fluorescentes spécifiques (Doi et al., 2015; Figure 3). A partir d'un échantillon d'ADNe, il est donc possible de détecter et de quantifier par fluorescence le nombre de copies du gène spécifique à l'espèce ciblée. Les nouvelles technologies de dPCR comme la ddPCR QX600 (Droplet Digital PCR, Biorad) offrent même la possibilité de co-détruire en une seule analyse jusqu'à 6 signaux de fluorescence dans un échantillon ADNe, donc jusqu'à 6 espèces distinctes. Cette technologie est parfaitement adaptée à des suivis de cycles parasitaires impliquant plusieurs espèces de groupes biologiques différents, comme c'est le cas pour *T. bryosalmonae* et ses hôtes *F. sultana* et *S. trutta*.

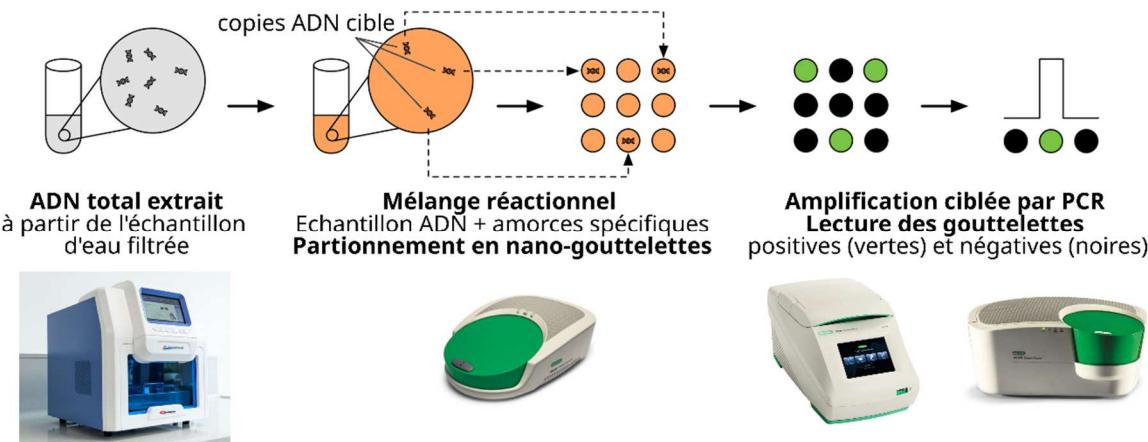


Figure 3. Schéma de fonctionnement de la ddPCR et appareils associés (automate d'extraction, générateur de gouttelettes, thermocycleur et lecteur de gouttelettes), modifié à partir de Mojarro et al. (2017).

### 2.1.2 Stratégie et protocole d'échantillonnage

Les stations échantillonnées ont été sélectionnées la FDAAPPMA 62, avec au total **17 stations** (Figure 4), dont 13 sur le cours principal de l'Aa, et 2 sur le Bléquin, une sur l'Urne et une sur la Vilaine. Sur chaque station, les prélèvements d'eau par filtration ont été réalisés en triplicatas pour la détection d'ADNe du parasite *T. bryosalmonae* et du bryozoaire *F. sultana*, en suivant un protocole d'échantillonnage adapté à partir de Vautier et al. (2021), voir ci-dessous.

Le signal ADNe émis par le parasite et le bryozoaire semble être plus important au cours de l'été (Duval, 2022), et les truites fario infectées relarguent des spores infectieuses pour les bryozoaires détectables par ADNe à cette période de l'année via leur urine (Duval et al., 2021; Hedrick et al., 2004), c'est pourquoi l'échantillonnage, réalisé par la FDAAPPMA 62 a eu lieu au cours de l'été, entre le 19 et le 21 Août 2024.

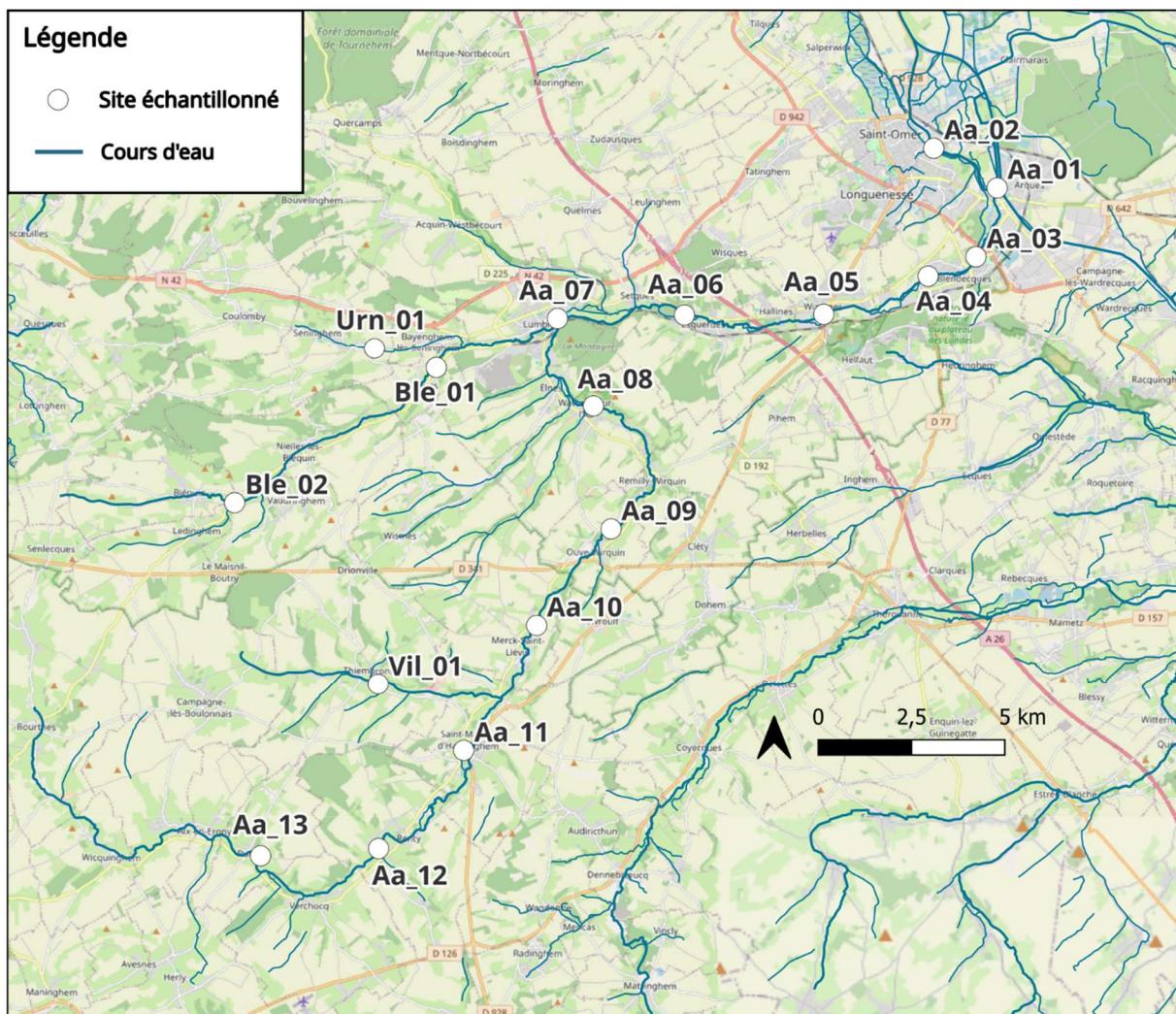


Figure 4. Carte illustrant les 17 sites échantillonnés et les cours d'eau principaux de la zone d'étude (lignes bleues). Fond de carte : ©OpenStreetMap.

Les prélèvements d'eau filtrée ont été réalisés en triplicatas sur les 17 stations de la manière suivante (Figure 5) :

- De l'eau est prélevée en bidon décontaminé à 5-20 cm de profondeur sur des zones de radiers ou en sortie de courant, en plusieurs fois de manière à couvrir la largeur du cours d'eau.
- L'eau est ensuite filtrée à l'aide d'une seringue 60mL sur des capsules Stérivex, jusqu'à ce que la filtration ne soit plus possible à cause du colmatage du filtre (entre 500 et 2000mL environ selon la turbidité de l'eau).
- Une fois la filtration terminée, l'eau résiduelle est expulsée du « Sterivex » en faisant une chasse d'air avec la seringue, puis 2 mL de solution de préservation sont ajoutés à l'échantillon filtré pour le préserver (Vautier et al., 2021). Les échantillons sont ensuite maintenus à température ambiante puis conservés à 4°C à leur arrivée au laboratoire jusqu'à extraction de l'ADN.



Figure 5. Illustration des étapes de prélèvement, de filtration et de préservation des échantillons d'eau filtrés (capsule Sterivex).

Sur chaque station, des sondes ont été utilisées pour mesurer la température de l'eau, les concentration et saturation en oxygène, le pH ainsi que la conductivité. Des fiches terrain relatant les conditions dans lesquelles les prélèvements ont eu lieu ont également été remplies.

## 3 Analyses

### 3.1 Extraction de l'ADN total

Les extractions d'ADN environnemental à partir des capsules Sterivex ont été réalisées avec le kit d'extraction « NucleoMag Water » (Macherey-Nagel) dont le protocole a été adapté aux échantillons d'eau filtrée. La qualité et la quantité d'ADN total ont ensuite été mesurées au spectrophotomètre NanoDrop™ One/OneC (ThermoFisher).

### 3.2 Suivis spécifiques par ddPCR

Les analyses ddPCR ont été réalisées grâce au QX600 Droplet Digital PCR System (Biorad). Afin de valider le protocole d'échantillonnage, le signal ADNe de *T. bryosalmonae* et *F. sultana* est comparé avec celui d'une espèce repère dont la présence est connue sur la majorité des sites échantillonnés (contrôle positif), c'est pourquoi une co-détection de la truite fario (*Salmo trutta*) a été réalisée. Les signaux ADNe de 3 cibles ont ainsi été co-détectés avec des amorces et sondes fluorescentes spécifiques de :

- *T. bryosalmonae* : myxozoaire, parasite responsable de la PKD chez les salmonidés
- *F. sultana* : bryozoaire, hôte de *T. bryosalmonae*
- *S. trutta* : truite fario, hôte de *T. bryosalmonae*

Le logiciel QuantaSoft™ Analysis Pro Software (Bio-rad) a ensuite été utilisé pour visualiser et analyser les données de ddPCR pour les signaux *T. bryosalmonae*, *F. sultana* et *S. trutta* (Figure 6). Les résultats bruts par échantillon correspondent à un nombre de gouttelettes fluorescentes dites positives pour chaque espèce ramené à un nombre total de gouttelette générée pour l'échantillon.

Grace à ces informations, un nombre de copie de gène de l'espèce ciblée est déterminé par  $\mu\text{L}$  d'extrait ADN puis converti en nombre de copies par litre d'eau filtrée.

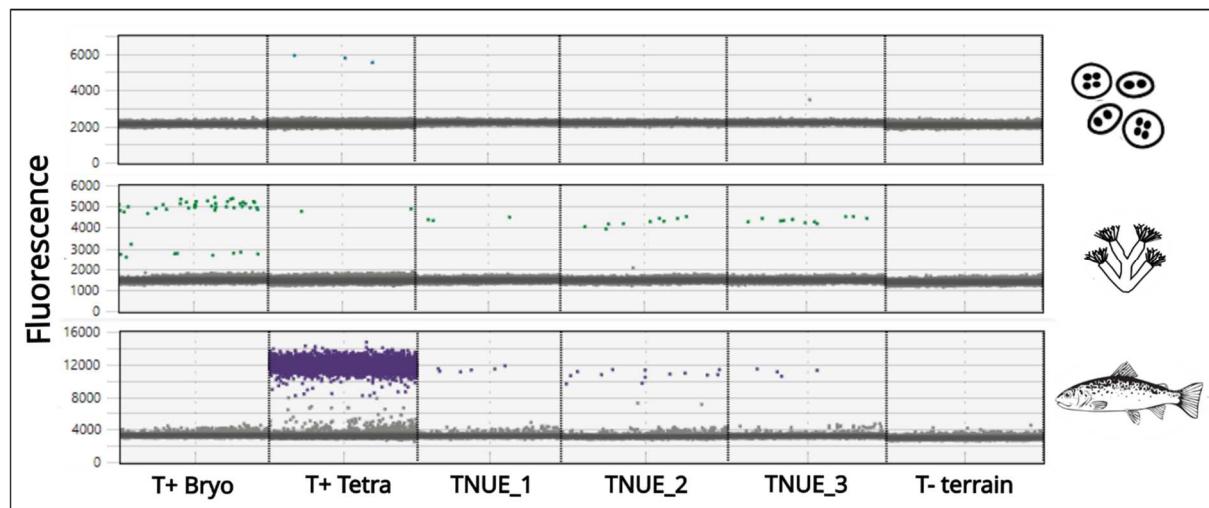


Figure 6 : Illustration des résultats ddPCR sur le logiciel : en bleu clair les gouttelettes positives pour la détection de *T. bryosalmonae* (présentes uniquement sur le témoin positif), en vert les gouttelettes positives pour la détection de *F. sultana*, en violet les gouttelettes positives pour la détection de *S. trutta*, et en gris les gouttelettes négatives (niveau de fluorescence basal pour chaque canal). Les deux premiers échantillons sont des témoins positifs (tissu de bryozoaire et échantillon environnemental positif aux 3 espèces), les trois suivants des échantillons environnementaux, et un témoin de terrain négatif.

Pour chaque station, la stabilité du signal ADNe a été évaluée en comparant les résultats des répliques de terrain, puis les résultats ont été cumulés pour ne garder qu'une valeur à l'échelle de la station.

Des témoins négatifs d'extraction et de ddPCR ont été intégrés aux analyses afin d'évaluer des contaminations potentielles introduites par l'opérateur ainsi que la présence de contaminations croisées entre échantillons. Les témoins positifs et négatifs ont permis de définir un signal de fluorescence dit basal pour permettre la validation des detections positives (Figure 6).

Pour chaque station, la stabilité du signal ADNe a été évaluée en comparant les résultats des 3 répliques, puis les 3 résultats ont été poolés. Les résultats sont rendus en nombre de copie de gène de la cible par  $\mu\text{L}$  de réaction par L d'eau filtrée.

## 4 Résultats et interprétation

### 4.1 Description des stations et validation de l'échantillonnage

Table 1. Description des stations au point de prélèvement ADNe

Site	Date et heure de prélèvement	Température de l'eau (°C)	Conductivité (µS)	Concentration oxygène (mg/L)	Saturation oxygène (%)	pH	Volume filtré par échantillon (mL)
Aa_01	19/08/2024 10:30	15,30	615	8,43	93	8,4	A 1080
							B 1080
							C 1080
Aa_02	19/08/2024 09:30	18,00	703	9,07	95	8,5	A 360
							B 360
							C 360
Aa_03	19/08/2024 11:30	15,00	615	10,20	100	8,4	A 840
							B 840
							C 840
Aa_04	19/08/2024 13:00	15,10	599	10,71	106	8,4	A 780
							B 780
							C 780
Aa_05	19/08/2024 14:00	14,90	598	10,40	102	8,4	A 720
							B 720
							C 720
Aa_06	19/08/2024 15:00	14,50	594	10,30	102	8,3	A 1140
							B 1140
							C 1140
Aa_07	19/08/2024 16:00	14,60	595	10,60	104	8,3	A 1200
							B 1200
							C 1200
Aa_08	20/08/2024 10:00	13,70	600	10,00	97	8,1	A 1200
							B 1200
							C 1200
Aa_09	20/08/2024 11:00	13,60	599	10,30	100	8,3	A 1200
							B 1200
							C 1200
Aa_10	20/08/2024 12:00	13,60	594	10,70	103	8,3	A 1200
							B 1200
							C 1200
Aa_11	20/08/2024 14:00	13,20	605	10,80	104	8,3	A 1200
							B 1200
							C 1200
Aa_12	20/08/2024 15:00	13,80	596	10,20	103	8,1	A 1200
							B 1200
							C 1200
Aa_13	20/08/2024 16:00	13,60	601	10,70	104	8,1	A 960
							B 960
							C 960
Ble_01	21/08/2024 10:10	13,10	589	10,50	99	8,2	A 1020
							B 1020
							C 1020
Ble_02	21/08/2024 12:10	12,50	600	10,70	101	8,2	A 1200
							B 1200
							C 600
Urn_01	21/08/2024 11:10	12,50	593	10,60	100	8,2	A 1020
							B 1020
							C 1020
Vil_01	21/08/2024 14:10	13,70	602	11,16	100	8,2	A 1020
							B 1020
							C 1020

L'ensemble des prélèvements a pu être réalisé lors de la campagne de terrain du 19 au 21 Août 2024 réalisée par la FDAAPPMA62. Les conditions d'écoulement sur les différentes stations ont permis les prélèvements et filtrations d'eau pour la recherche d'ADNe dans de bonnes conditions. L'ensemble des informations récoltées sur les fiches terrain est disponible en fin de rapport.

Les volumes filtrés sont stables entre les 3 répliques de chaque station (Table 1). Les volumes moyens filtrés par station oscillent entre 360 et 1200mL, volumes jugés suffisants pour la quantification de l'ADNe. Les pores des filtres étant fins (0.45µm), il est normal et attendu d'observer des phénomènes de colmatage rapide des filtres sur les stations avec un fort colmatage et une eau très colorée comme Aa\_02 qui était chargée en matière en suspension.

Les quantités d'ADN total extrait par échantillon d'eau filtrée sont supérieures à 10 ng/µL pour l'ensemble des échantillons traités, quantité jugée correcte pour des analyses ddPCR (données non présentées).

Les concentrations d'ADN obtenues dans les témoins négatifs sont inférieures à 4 ng/µL. Ces valeurs très faibles correspondent généralement à une surestimation associée à l'utilisation de l'appareil de mesure de concentration et non à une contamination des échantillons. Les spectrophotomètres comme le Nanodrop sont connus pour avoir de fortes variabilités lors de la quantification d'échantillons contenant peu ou pas d'ADN. Les témoins négatifs de terrain et d'extraction ont été conservés lors des analyses de ddPCR pour vérifier l'absence de signaux ADNe des espèces recherchées et donc l'absence de contamination.

## 4.2 Détection de *T. bryosalmonae*, *F. sultana* et *S. trutta* par ddPCR

### 4.2.1 Validation des données

Un contrôle qualité des runs de ddPCR a été réalisé pour s'assurer qu'un nombre suffisant de gouttelettes soit obtenu pour chaque échantillon ( $>10\ 000$ ) et ainsi permettre une profondeur d'analyse suffisante. Lorsque ce nombre n'était pas atteint, les échantillons concernés sont réanalysés jusqu'à l'obtention d'un nombre suffisant de gouttelettes.

Les témoins positifs constitués d'extrait ADN de tissu du bryozoaire *F. sultana*, et d'un échantillon environnemental connu déjà connu pour être positif à *T. bryosalmonae* et *S. trutta* sont bien sorti positifs en ddPCR avec les amorces et sondes génétiques spécifiques aux espèces recherchées, ce qui valide la qualité des expériences de ddPCR réalisées.

Les témoins négatifs de terrain, d'extraction et de ddPCR ont tous donné des résultats négatifs pour la détection de *T. bryosalmonae*, *F. sultana* et *S. trutta* comme illustré sur la Figure 6. Aucune contamination des échantillons n'a ainsi pu être mise en évidence.

L'ensemble de ces contrôles qualité étant conformes, l'analyse des résultats obtenus en ddPCR pour les échantillons ADNe a pu être réalisée.

### 4.2.2 Résultats de détection par ddPCR

Les résultats cumulés des répliques de terrain pour chaque station sont présentés dans la Table 2 et ramenés après correction par les différents facteurs de dilution à un nombre de copies d'ADN présentes par litre d'eau filtrée.

*Table 2 : Résultats de l'amplification ciblée de l'ADN de *S. trutta*, *F. sultana* et *T. bryosalmonae* en nombre de copies d'ADN détectées par litre d'eau filtrée. Le nombre de répliques de terrain positifs est également reporté.*

Code site	<i>T. bryosalmonae</i> 1		<i>T. bryosalmonae</i> 2		<i>F. sultana</i>		<i>S. trutta</i>	
	Copies d'ADN*	Replicas positifs	Copies d'ADN*	Replicas positifs	Copies d'ADN*	Replicas positifs	Copies d'ADN*	Replicas positifs
Aa_01	0	0/3	0	0/3	1,45E+04	3/3	1,77E+03	3/3
Aa_02	0	0/3	0	0/3	2,36E+04	3/3	2,19E+03	3/3
Aa_03	5,12E+02	3/3	3,42E+03	3/3	2,64E+04	3/3	6,79E+03	3/3
Aa_04	0	0/3	9,00E+02	2/3	1,86E+04	3/3	3,63E+03	3/3
Aa_05	1,42E+02	2/3	1,53E+03	2/3	1,65E+04	3/3	3,44E+03	3/3
Aa_06	1,69E+02	2/3	1,36E+03	2/3	2,01E+04	3/3	3,20E+03	3/3
Aa_07	1,92E+02	2/3	1,52E+03	2/3	1,65E+04	3/3	3,78E+03	3/3
Aa_08	2,22E+02	2/3	1,01E+03	3/3	2,75E+04	3/3	3,38E+03	3/3
Aa_09	1,37E+02	3/3	7,56E+02	3/3	2,11E+04	3/3	3,79E+03	3/3
Aa_10	6,85E+01	2/3	7,48E+02	3/3	1,43E+04	3/3	3,53E+03	3/3
Aa_11	6,92E+01	2/3	7,24E+02	3/3	1,24E+04	3/3	5,81E+03	3/3
Aa_12	0	0/3	1,02E+02	3/3	4,74E+03	3/3	5,04E+03	3/3
Aa_13	0	0/3	0	0/3	2,67E+03	3/3	1,73E+04	3/3
Ble_01	2,83E+02	3/3	1,42E+03	3/3	3,35E+03	3/3	7,90E+03	3/3
Ble_02	0	0/3	0	0/3	3,07E+01	1/3	2,83E+03	3/3
Um_01	0	0/3	0	0/3	8,57E+02	3/3	4,93E+03	3/3
Vil_01	0	0/3	0	0/3	0	0/3	2,00E+03	3/3

\*Les résultats sont présentés en nombre de copies d'ADN cible par litre d'eau filtrée

➤ Signal ADNe Truite fario *Salmo trutta* (témoin environnemental)

**L'ADN de la truite fario a été détecté en quantité conséquente sur l'ensemble des stations.** Ce témoin environnemental permet, en plus des témoins positifs et négatifs, de valider l'échantillonnage et l'efficacité de la détection du signal ADNe au cours de cette étude. De plus, l'espèce a été détectée sur l'ensemble des 3 répliques de chaque station, témoignant d'une bonne abondance de l'espèce le long du linéaire étudié, avec une concentration en ADN légèrement plus forte sur la station la plus amont (Aa\_13, Table 2, Figure 7).

➤ Signal ADNe Bryozoaire *Fredericella sultana*

**Le signal ADNe du bryozoaire *F. sultana* a été détecté sur toutes les stations échantillonées, sauf sur la Vilaine (Table 2, Figure 7).** De la même façon que pour *S. trutta*, les signaux étaient très répétables avec l'ensemble des répliques de terrain positifs lorsque l'espèce est détectée sur la station, sauf pour la station la plus amont du Bléquin (Ble\_02) où seulement un réplica était positif, témoignant d'une plus faible probabilité de présence du bryozoaire à cet endroit. Les concentrations relevées sur

les différentes stations semblent plus importantes sur les stations aval (Figure 7), ce qui pourrait indiquer une plus forte densité des colonies de bryozoaires à l'aval.

➤ Signal ADNe Myxozoaire *Tetracapsuloides bryosalmonae*

**Le signal ADNe de *T. bryosalmonae* a été détecté sur 11 des 17 stations prospectées.** Deux marqueurs situés sur des régions génétiques différentes ont été utilisés pour cette espèce afin de maximiser la sensibilité de sa détection. Chaque fois que le marqueur 1 a été détecté, le marqueur 2 réputé plus sensible a également été détecté, l'interprétation de son signal est donc intégratrice pour cette étude, même si la co-détection avérée des deux marqueurs augmente l'indice de confiance dans le résultat. Le signal de *T. bryosalmonae* n'a pas été détecté sur les stations les plus amont du système, ni sur les stations les plus aval. Son absence en amont pourrait s'expliquer par une plus faible densité de son hôte bryozoaire, ou bien une absence de colonisation de ces milieux. L'absence de détection sur les stations aval est plus complexe à expliquer, l'hypothèse d'une dilution du signal à cause des conditions hydrologiques (potentiels plus forte largeur et débit à l'aval) pouvant être écartée d'après les informations recueillies sur le terrain, ces conditions étant semblables sur les stations Aa\_02 à Aa\_09.

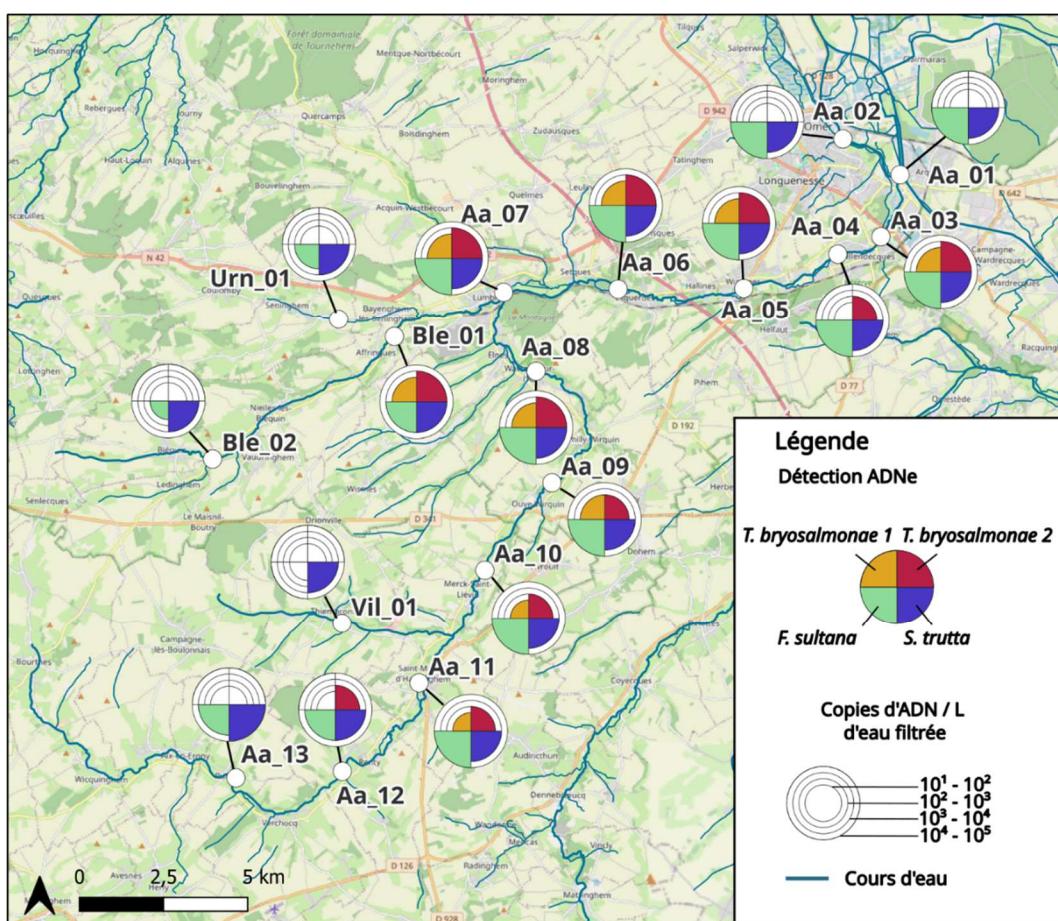


Figure 7. Cartographie de la distribution de la truite fario *Salmo trutta*, du bryozoaire *Fredericella sultana* et du parasite *Tetracapsuloides bryosalmonae* selon leur détection par recherche d'ADNe en ddPCR sur les 17 stations échantillonnées. Chaque quart de cercle correspond à une espèce, et sa taille correspond à l'ampleur de la concentration d'ADNe détectée (échelle logarithmique). La présence de *T. bryosalmonae* a été recherchée à l'aide de deux marqueurs différents pour augmenter la sensibilité de l'analyse. Fond de carte : ©OpenStreetMap.

## 5 Conclusion et Perspectives

La présente étude indique que le bryozoaire *F. sultana*, hôte principal du parasite *T. bryosalmonae* responsable de la PKD des salmonidés est présent sur l'ensemble du réseau hydrographique étudié, avec potentiellement une exception sur la Vilaine, et de plus faibles densités sur les portions les plus amont. Ce résultat indique que l'environnement étudié est propice au développement du parasite *T. bryosalmonae* qui bénéficie de toutes les ressources nécessaires pour boucler son cycle de vie.

En guise de confirmation, le parasite myxozoaire *T. bryosalmonae* a été détecté de façon répétable et relativement abondante sur la majorité des stations échantillonnées, sauf les plus en amont et les plus en aval du système.

L'ensemble de ces résultats suggère que les populations de truite fario, espèce détectée de façon abondante sur l'ensemble de la zone d'étude, sont susceptibles de développer la maladie rénale proliférative si les conditions environnementales favorables à son développement se présentent (notamment plusieurs jours consécutifs avec une température  $>15^{\circ}\text{C}$  au cours de la période estivale). Les résultats suggèrent également que les parties les plus amont n'abritent pas le parasite, ou du moins pas en quantité suffisante pour que son signal ADN puisse être détecté. L'absence de détection du signal de *T. bryosalmonae* sur les stations les plus en aval reste plus énigmatique.

## 6 Analyse annexe : tissu de bryozoaire de l'Authie

En plus des échantillons d'eau filtrée, la FDAAPPMA62 nous a également transmis des échantillons de bryozoaire, après qu'une potentielle colonie de *F. sultana* ait été découverte sur un site de vidéo-comptage situé sur l'Authie, au niveau de la commune de Douriez.

Deux échantillons de la colonie ainsi découverte ont été prélevés et conservés dans de l'éthanol pur, avant envoi pour analyse au laboratoire.

Le but de cet échantillonnage était de confirmer l'identité de *F. sultana*, tout en recherchant à partir du tissu l'ADN de *T. bryosalmonae* pour attester son statut d'infection. Un échantillon a pu être prélevé le 10/04/2024 (Bryo\_0424) et un second a été prélevé sur la même colonie le 28/06/2024 (Bryo\_0624).

Après extraction de l'ADN à partir des échantillons de tissu, une ddPCR semblable à celle utilisée pour les échantillons d'eau a été réalisée, en utilisant les mêmes marqueurs. Les résultats sont présentés ci-dessous sous forme de copies d'ADN de l'espèce recherchée (*F.sultana* ou *T. bryosalmonae*) par  $\mu\text{L}$  de réaction. Ces quantités ne sont pas comparables à celles mesurées par filtration d'eau car ici ce sont les résultats bruts du logiciel, les concentrations obtenues à partir des prélèvements d'eau étant corrigées par le nombre de litres d'eau filtrée.



Figure 8. Photographies de la colonie de bryozoaire se développant sur le dispositif de vidéocomptage de l'Authie ©FDAAPPMA62

Les analyses confirment que le bryozoaire contacté sur cette station est bien *F. sultana* (amplification ciblée de son ADN, Table 3). La colonie ne semblait pas infectée au mois d'Avril car *T. bryosalmonae* n'a été détecté avec aucun des deux marqueurs génétiques, par contre l'infection de la colonie est confirmée au mois de Juin, et ce par les deux marqueurs. Tout comme pour les prélèvements d'eau, le marqueur n°2 s'est avéré plus sensible avec une plus forte concentration détectée.

Table 3. Résultat de l'analyse des échantillons de tissus de bryozoaire prélevés au niveau de la station de vidéo-comptage de l'Authie à Douriez

Echantillon	<i>F. sultana</i> (copies/ $\mu$ L)	<i>T. bryosalmonae</i> 1 (copies/ $\mu$ L)	<i>T. bryosalmonae</i> 2 (copies/ $\mu$ L)
Bryo_0424	6733	0	0
Bryo_0624	905	0,071	0,641

Il semblerait donc que l'infection de la colonie du bryozoaire ait eu lieu entre les mois d'Avril et de Juin 2024, probablement par le relargage de spores infectieuses dans le milieu par des poissons infectés. Cependant, on ne peut exclure la possibilité que le premier prélèvement ait été par hasard réalisé sur un morceau non infecté de la colonie, alors que d'autres parties l'étaient déjà.

## 7 Bibliographie

Bruneaux, M., Visse, M., Gross, R., Pukk, L., Saks, L., & Vasemägi, A. (2017). Parasite infection and decreased thermal tolerance : Impact of proliferative kidney disease on a wild salmonid fish in the context of climate change. *Functional Ecology*, 31(1), Article 1. <https://doi.org/10.1111/1365-2435.12701>

Burkhardt-Holm, P., & Scheurer, K. (2007). Application of the weight-of-evidence approach to assess the decline of brown trout (*Salmo trutta*) in Swiss rivers. *Aquatic Sciences*, 69(1), Article 1. <https://doi.org/10.1007/s00027-006-0841-6>

Carraro, L., Hartikainen, H., Jokela, J., Bertuzzo, E., & Rinaldo, A. (2018). Estimating species distribution and abundance in river networks using environmental DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 201813843. <https://doi.org/10.1073/pnas.1813843115>

Doi, H., Uchii, K., Takahara, T., Matsuhashi, S., Yamanaka, H., & Minamoto, T. (2015). Use of Droplet Digital PCR for Estimation of Fish Abundance and Biomass in Environmental DNA Surveys. *PLOS ONE*, 10(3), Article 3. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0122763>

Duval, E. (2022). *Detection, distribution, and impacts of the emerging parasite *Tetracapsuloides bryosalmonae* on wild populations of the brown trout *Salmo trutta** [Thèse de doctorat, 239p]. Université Toulouse III Paul Sabatier.

Duval, E., Blanchet, S., Quéméré, E., Jacquin, L., Veyssiére, C., Lautraite, A., Garmendia, L., Yotte, A., Parthuisot, N., Côte, J., & Loot, G. (2021). Urine DNA (uDNA) as a non-lethal method for endoparasite biomonitoring : Development and validation. *Environmental DNA*, edn3.228. <https://doi.org/10.1002/edn3.228>

Feist, S. W., & Longshaw, M. (2006). Phylum Myxozoa. In P. T. K. Woo, *Fish diseases and disorders* (CAB International, p. 230-296).

Fontes, I., Hartikainen, H., Holland, J., Secombes, C., & Okamura, B. (2017). *Tetracapsuloides bryosalmonae* abundance in river water. *Diseases of Aquatic Organisms*, 124(2), Article 2. <https://doi.org/10.3354/dao03116>

Foott, J. S., & Hedrick, R. P. (1987). Seasonal occurrence of the infectious stage of proliferative kidney disease (PKD) and resistance of rainbow trout, *Salmo gairdneri* Richardson, to reinfection. *Journal of Fish Biology*, 30(4), Article 4. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.1987.tb05771.x>

Gay, M., Okamura, B., & de Kinkelin, P. (2001). Evidence that infectious stages of *Tetracapsula bryosalmonae* for rainbow trout *Oncorhynchus mykiss* are present throughout the year. *Diseases of Aquatic Organisms*, 46, 31-40. <https://doi.org/10.3354/dao046031>

Hartikainen, H., Fontes, I., & Okamura, B. (2013). Parasitism and phenotypic change in colonial hosts. *Parasitology*, 140(11), Article 11. <https://doi.org/10.1017/S0031182013000899>

Hartikainen, H., Johnes, P., Moncrieff, C., & Okamura, B. (2009). Bryozoan populations reflect nutrient enrichment and productivity gradients in rivers. *Freshwater Biology*, 54(11), Article 11. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2427.2009.02262.x>

Hartikainen, H., & Okamura, B. (2015). Ecology and Evolution of Malacosporean-Bryozoan Interactions. In B. Okamura, A. Gruhl, & J. L. Bartholomew, *Myxozoan Evolution, Ecology and Development* (Springer International Publishing, p. 201-216).

## - Bibliographie -

Hedrick, R. P., Baxa, D. V., De Kinkelin, P., & Okamura, B. (2004). Malacosporean-like spores in urine of rainbow trout react with antibody and DNA probes to *Tetracapsuloides bryosalmonae*. *Parasitology Research*, 92(1), Article 1. <https://doi.org/10.1007/s00436-003-0986-3>

Hedrick, R. P., MacConnell, E., & de Kinkelin, P. (1993). Proliferative kidney disease of salmonid fish. *Annual Review of Fish Diseases*, 3, 277-290. [https://doi.org/10.1016/0959-8030\(93\)90039-E](https://doi.org/10.1016/0959-8030(93)90039-E)

Mojarro, A., Hachey, J., Bailey, R., Brown, M., & Doebler, R. (2017, mars 21). *Nucleic Acid Extraction and Sequencing from Low-Biomass Synthetic Mars Analog Soils*. Lunar & Planetary Science XLVIII, Woodlands, Texas.

Okamura, B., Hartikainen, H., Schmidt-Posthaus, H., & Wahli, T. (2011). Life cycle complexity, environmental change and the emerging status of salmonid proliferative kidney disease. *Freshwater Biology*, 56(4), Article 4. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2427.2010.02465.x>

Pawlowski, J., Apothéloz-Perret-Gentil, L., & Altermatt, F. (2020). Environmental DNA : What's behind the term? Clarifying the terminology and recommendations for its future use in biomonitoring. *Molecular Ecology*, 29(22), Article 22. <https://doi.org/10.1111/mec.15643>

Sudhagar, A., Kumar, G., & El-Matbouli, M. (2020). The Malacosporean Myxozoan Parasite *Tetracapsuloides bryosalmonae* : A Threat to Wild Salmonids. *Pathogens*, 9(1), Article 1. <https://doi.org/10.3390/pathogens9010016>

Taberlet, P., Coissac, E., Hajibabaei, M., & Rieseberg, L. H. (2012). Environmental DNA : ENVIRONMENTAL DNA. *Molecular Ecology*, 21(8), Article 8. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2012.05542.x>

Tops, S., & Okamura, B. (2005). Malacosporean parasites (Myxozoa, Malacosporea) of freshwater bryozoans (Bryozoa, Phylactolaemata) : A review. *Denisia 16, Zugleich Kataloge Der OÖ. Landesmuseen Neue Serie*, 28, Article 28.

Vautier, M., Chardon, C., & Domaizon, I. (2021). *Fish eDNA : Water sampling and filtration through Sterivex filter unit* [Preprint]. <https://doi.org/10.17504/protocols.io.br5rm856>

Wahli, T., Bernet, D., Steiner, P. A., & Schmidt-Posthaus, H. (2007). Geographic distribution of *Tetracapsuloides bryosalmonae* infected fish in Swiss rivers : An update. *Aquatic Sciences*, 69(1), Article 1. <https://doi.org/10.1007/s00027-006-0843-4>

## 8 Fiches terrain

Fiche station Aa_01				
Désignation station				
Cours d'eau	Aa	Commune	Saint-Omer	
Date et heure prélèvement	19/08/2024 10:30	Météo	soleil	
Description du point de prélèvement				
Faciès d'écoulement	lentique	Largeur mouillée (m)	9,60	
Vitesse estimée (cm/s)	5-25	Hauteur d'eau (cm)	50	
Limpidité	moyenne	Coloration	légèrement colorée	
Colmatage	fort	Ombrage	semi-ouvert	
Volume total filtré (mL)	3240	Nombre d'échantillons	3	
Mesures physico-chimiques				
Température eau (°C)	15,30	Conductivité ( $\mu\text{S}$ )	615	
Concentration O <sub>2</sub> (mg/L)	8,43	Saturation O <sub>2</sub> (%)	93	
pH	8,4	Turbidité (NTU)	NA	
Remarques	Aval passerelle Haute Meldyck			
				



**FISH  
PASS**



**SCIMABIO** Interface  
science-management interface for biodiversity conservation

Fiche station Aa_02			
Désignation station			
Cours d'eau	Aa (Basse Meldyck)	Commune	Arques
Date et heure prélèvement	19/08/2024 09:30	Météo	soleil
Description du point de prélèvement			
Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	17,00
Vitesse estimée (cm/s)	25-75	Hauteur d'eau (cm)	33
Limpidité	faible	Coloration	très colorée
Colmatage	fort	Ombrage	ouvert
Volume total filtré (mL)	1080	Nombre d'échantillons	3
Mesures physico-chimiques			
Température eau (°C)	18,00	Conductivité ( $\mu\text{S}$ )	703
Concentration O2 (mg/L)	9,07	Saturation O2 (%)	95
pH	8,5	Turbidité (NTU)	NA
Remarques	plat courant amont grand barrage		




FISH  
PASS



SCIMABIO *Interface*  
science-management interface for biodiversity conservation

Fiche station Aa\_03

Désignation station

Cours d'eau	Aa	Commune	Blendeques
Date et heure prélèvement	19/08/2024 11:30	Météo	soleil

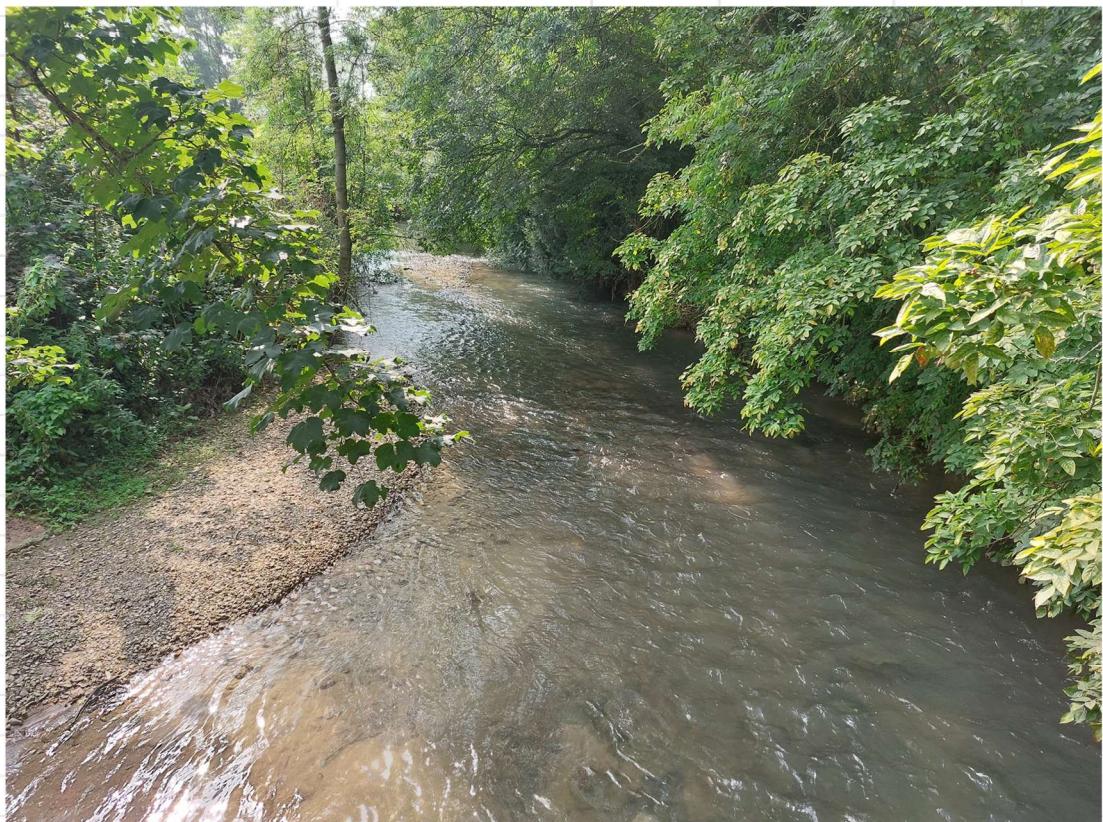
Description du point de prélèvement

Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	7,20
Vitesse estimée (cm/s)	25-75	Hauteur d'eau (cm)	27
Limpidité	moyenne	Coloration	très colorée
Colmatage	fort	Ombrage	fermé
Volume total filtré (mL)	2520	Nombre d'échantillons	3

Mesures physico-chimiques

Température eau (°C)	15,00	Conductivité ( $\mu\text{S}$ )	615
Concentration O2 (mg/L)	10,20	Saturation O2 (%)	100
pH	8,4	Turbidité (NTU)	NA
Remarques			

250m diffluence Haute et Basse Meldyck



**FISH  
PASS**

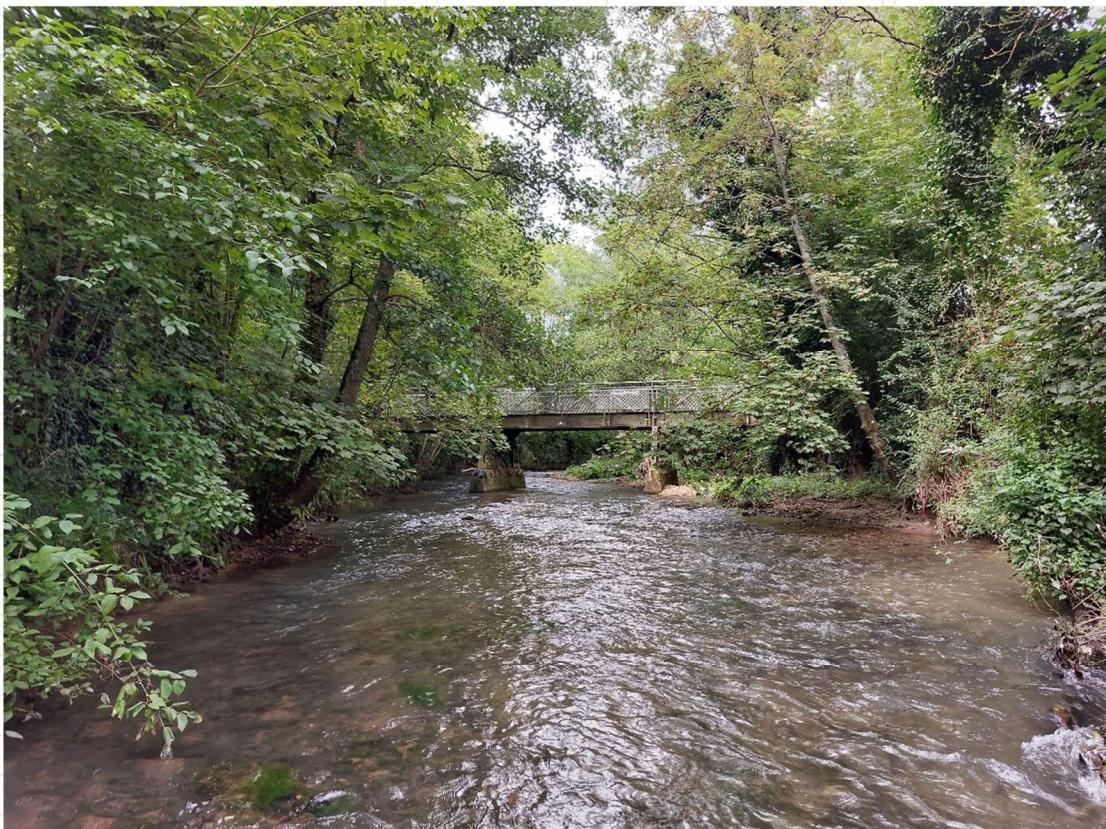


**SCIMABIO** Interface  
science-management interface for biodiversity conservation

Fiche station Aa_04								
Désignation station								
Cours d'eau	Aa	Commune	Blendeck					
Date et heure prélèvement	19/08/2024 13:00	Météo	soleil					
Description du point de prélèvement								
Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	15,60					
Vitesse estimée (cm/s)	25-75	Hauteur d'eau (cm)	37					
Limpidité	moyenne	Coloration	très colorée					
Colmatage	faible	Ombrage	ouvert					
Volume total filtré (mL)	2340	Nombre d'échantillons	3					
Mesures physico-chimiques								
Température eau (°C)	15,10	Conductivité ( $\mu\text{S}$ )	599					
Concentration O2 (mg/L)	10,71	Saturation O2 (%)	106					
pH	8,4	Turbidité (NTU)	NA					
Remarques	aval pont, radier aval							
								

Fiche station Aa_05				
Désignation station				
Cours d'eau	Aa	Commune	Wizernes	
Date et heure prélèvement	19/08/2024 14:00	Météo	soleil	
Description du point de prélèvement				
Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	14,00	
Vitesse estimée (cm/s)	25-75	Hauteur d'eau (cm)	55	
Limpidité	faible	Coloration	très colorée	
Colmatage	fort	Ombrage	semi-ouvert	
Volume total filtré (mL)	2160	Nombre d'échantillons	3	
Mesures physico-chimiques				
Température eau (°C)	14,90	Conductivité (µS)	598	
Concentration O2 (mg/L)	10,40	Saturation O2 (%)	102	
pH	8,4	Turbidité (NTU)	NA	
Remarques	50m aval rivière			
				

Fiche station Aa_06			
Désignation station			
Cours d'eau	Aa bras gauche	Commune	Esquerdes
Date et heure prélèvement	19/08/2024 15:00	Météo	nuages
Description du point de prélèvement			
Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	9,40
Vitesse estimée (cm/s)	25-75	Hauteur d'eau (cm)	27
Limpidité	moyenne	Coloration	légèrement colorée
Colmatage	faible	Ombrage	fermé
Volume total filtré (mL)	3420	Nombre d'échantillons	3
Mesures physico-chimiques			
Température eau (°C)	14,50	Conductivité ( $\mu$ S)	594
Concentration O2 (mg/L)	10,30	Saturation O2 (%)	102
pH	8,3	Turbidité (NTU)	NA
Remarques	120m aval de l'ouvrage Colbert		



Fiche station Aa\_07

Désignation station

Cours d'eau	Aa	Commune	Lumbres
Date et heure prélèvement	19/08/2024 16:00	Météo	nuages

Description du point de prélèvement

Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	10,50
Vitesse estimée (cm/s)	25-75	Hauteur d'eau (cm)	67
Limpidité	faible	Coloration	très colorée
Colmatage	fort	Ombrage	semi-ouvert
Volume total filtré (mL)	3600	Nombre d'échantillons	3

Mesures physico-chimiques

Température eau (°C)	14,60	Conductivité ( $\mu\text{S}$ )	595
Concentration O2 (mg/L)	10,60	Saturation O2 (%)	104
pH	8,3	Turbidité (NTU)	NA
Remarques			

Station limnimétrique de Lumbres



**FISH  
PASS**



**SCIMABIO** Interface  
science-management interface for biodiversity conservation

Fiche station Aa\_08

Désignation station

Cours d'eau	Aa	Commune	Wavrans-sur-l'Aa
Date et heure prélèvement	20/08/2024 10:00	Météo	nuages

Description du point de prélèvement

Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	10,40
Vitesse estimée (cm/s)	25-75	Hauteur d'eau (cm)	30
Limpidité	faible	Coloration	très colorée
Colmatage	fort	Ombrage	ouvert
Volume total filtré (mL)	3600	Nombre d'échantillons	3

Mesures physico-chimiques

Température eau (°C)	13,70	Conductivité (µS)	600
Concentration O2 (mg/L)	10,00	Saturation O2 (%)	97
pH	8,1	Turbidité (NTU)	NA

Remarques

aval pont rue de la Halte (40m)



**FISH  
PASS**



**SCIMABIO** *Interface*  
science-management interface for biodiversity conservation

Fiche station Aa\_09

Désignation station

Cours d'eau	Aa	Commune	Oune-Wirquin	
Date et heure prélèvement	20/08/2024 11:00	Météo	nuages	

Description du point de prélèvement

Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	11,50	
Vitesse estimée (cm/s)	25-75	Hauteur d'eau (cm)	27	
Limpidité	moyenne	Coloration	légèrement colorée	
Colmatage	fort	Ombrage	semi-ouvert	
Volume total filtré (mL)	3600	Nombre d'échantillons	3	

Mesures physico-chimiques

Température eau (°C)	13,60	Conductivité ( $\mu\text{S}$ )	599	
Concentration O2 (mg/L)	10,30	Saturation O2 (%)	100	
pH	8,3	Turbidité (NTU)	NA	
Remarques				

100m amont ancien barrage Cragonnière



**FISH  
PASS**



**SCIMABIO** *Interface*  
science-management interface for biodiversity conservation

SCIENCE ET INGÉNIERIE DES MILIEUX AQUATIQUES

Fiche station Aa_10				
Désignation station				
Cours d'eau	Aa bras droit	Commune	Merck-St-Liévain	
Date et heure prélèvement	20/08/2024 12:00	Météo	averses	
Description du point de prélèvement				
Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	7,40	
Vitesse estimée (cm/s)	25-75	Hauteur d'eau (cm)	30	
Limpidité	forte	Coloration	légèrement colorée	
Colmatage	faible	Ombrage	semi-ouvert	
Volume total filtré (mL)	3600	Nombre d'échantillons	3	
Mesures physico-chimiques				
Température eau (°C)	13,60	Conductivité (µS)	594	
Concentration O2 (mg/L)	10,70	Saturation O2 (%)	103	
pH	8,3	Turbidité (NTU)	NA	
Remarques	30m aval pont rue d'Avrout			
				



Fiche station Aa\_11

Désignation station

Cours d'eau	Aa	Commune	Fauquemberques
Date et heure prélèvement	20/08/2024 14:00	Météo	averses

Description du point de prélèvement

Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	6,60
Vitesse estimée (cm/s)	25-75	Hauteur d'eau (cm)	38
Limpidité	forte	Coloration	légèrement colorée
Colmatage	faible	Ombrage	semi-ouvert
Volume total filtré (mL)	3600	Nombre d'échantillons	3

Mesures physico-chimiques

Température eau (°C)	13,20	Conductivité ( $\mu\text{S}$ )	605
Concentration O2 (mg/L)	10,80	Saturation O2 (%)	104
pH	8,3	Turbidité (NTU)	NA

Remarques

proche rue de la Poterie



**FISH  
PASS**



**SCIMABIO** *Interface*  
science-management interface for biodiversity conservation

Fiche station Aa_12			
Désignation station			
Cours d'eau	Aa	Commune	Renty
Date et heure prélèvement	20/08/2024 15:00	Météo	averses
Description du point de prélèvement			
Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	5,30
Vitesse estimée (cm/s)	>75	Hauteur d'eau (cm)	45
Limpidité	moyenne	Coloration	légèrement colorée
Colmatage	faible	Ombrage	ouvert
Volume total filtré (mL)	3600	Nombre d'échantillons	3
Mesures physico-chimiques			
Température eau (°C)	13,80	Conductivité (µS)	596
Concentration O2 (mg/L)	10,20	Saturation O2 (%)	103
pH	8,1	Turbidité (NTU)	NA
Remarques	300m aval du pont		



**FISH  
PASS**



**SCIMABIO** *Interface*  
science-management interface for biodiversity conservation

Fiche station Aa\_13

Désignation station

Cours d'eau	Aa	Commune	Rumilly
Date et heure prélèvement	20/08/2024 16:00	Météo	nuages

Description du point de prélèvement

Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	5,20
Vitesse estimée (cm/s)	25-75	Hauteur d'eau (cm)	30
Lépidité	moyenne	Coloration	légèrement colorée
Colmatage	faible	Ombrage	ouvert
Volume total filtré (mL)	2880	Nombre d'échantillons	3

Mesures physico-chimiques

Température eau (°C)	13,60	Conductivité ( $\mu$ S)	601
Concentration O2 (mg/L)	10,70	Saturation O2 (%)	104
pH	8,1	Turbidité (NTU)	NA

Remarques

aval pont



**FISH  
PASS**



**SCIMABIO** *Interface*  
science-management interface for biodiversity conservation

Fiche station Ble\_01

Désignation station

Cours d'eau	Bléquin	Commune	Affringues
Date et heure prélèvement	21/08/2024 10:10	Météo	soleil

Description du point de prélèvement

Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	4,90
Vitesse estimée (cm/s)	25-75	Hauteur d'eau (cm)	15
Limpidité	forte	Coloration	incolore
Colmatage	faible	Ombrage	semi-ouvert
Volume total filtré (mL)	3060	Nombre d'échantillons	3

Mesures physico-chimiques

Température eau (°C)	13,10	Conductivité (µS)	589
Concentration O2 (mg/L)	10,50	Saturation O2 (%)	99
pH	8,2	Turbidité (NTU)	NA
Remarques			

long route D202



**FISH  
PASS**



**SCIMABIO** Interface  
science-management interface for biodiversity conservation

Fiche station Ble\_02

Désignation station

Cours d'eau	Bléquin	Commune	Ledinghem
Date et heure prélèvement	21/08/2024 12:10	Météo	soleil

Description du point de prélèvement

Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	2,80
Vitesse estimée (cm/s)	25-75	Hauteur d'eau (cm)	20
Limpidité	forte	Coloration	incolore
Colmatage	faible	Ombrage	semi-ouvert
Volume total filtré (mL)	3000	Nombre d'échantillons	3

Mesures physico-chimiques

Température eau (°C)	12,50	Conductivité ( $\mu\text{S}$ )	600
Concentration O2 (mg/L)	10,70	Saturation O2 (%)	101
pH	8,2	Turbidité (NTU)	NA

Remarques

6m aval confluence ruisseau Ledinghem



**FISH  
PASS**



**SCIMABIO** Interface  
science-management interface for biodiversity conservation

Fiche station Urn\_01

Désignation station

Cours d'eau	Urne	Commune	Bayenghem-les-Seninghem
Date et heure prélèvement	21/08/2024 11:10	Météo	soleil

Description du point de prélèvement

Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	2,80
Vitesse estimée (cm/s)	25-75	Hauteur d'eau (cm)	22
Limpidité	forte	Coloration	incolore
Colmatage	faible	Ombrage	semi-ouvert
Volume total filtré (mL)	3060	Nombre d'échantillons	3

Mesures physico-chimiques

Température eau (°C)	12,50	Conductivité (µS)	593
Concentration O2 (mg/L)	10,60	Saturation O2 (%)	100
pH	8,2	Turbidité (NTU)	NA

Remarques

proximité D204



**FISH  
PASS**



**SCIMABIO** *Interface*  
science-management interface for biodiversity conservation

Fiche station Vil\_01

Désignation station

Cours d'eau	Vilaine	Commune	Thiembronne
Date et heure prélèvement	21/08/2024 14:10	Météo	soleil

Description du point de prélèvement

Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	4,20
Vitesse estimée (cm/s)	25-75	Hauteur d'eau (cm)	17
Limpidité	forte	Coloration	légèrement colorée
Colmatage	faible	Ombrage	semi-ouvert
Volume total filtré (mL)	3060	Nombre d'échantillons	3

Mesures physico-chimiques

Température eau (°C)	13,70	Conductivité (µS)	602
Concentration O2 (mg/L)	11,16	Saturation O2 (%)	100
pH	8,2	Turbidité (NTU)	NA
Remarques			

50m amont pont rue du Marais



**FISH  
PASS**



**SCIMABIO** *Interface*  
science-management interface for biodiversity conservation