



**FISH  
PASS**



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

Pôle commun ADNe indicateurs de fonctionnalité écologique



**Utilisation de l'ADN environnemental pour la détection de l'écrevisse à pattes blanches, des écrevisses invasives et de la peste de l'écrevisse en cours d'eau**

**Metabarcoding taxons poissons**

**Bassin versant de la Clarence**

**Campagne d'échantillonnage Juin 2025**



**AGENCE DE L'EAU  
ARTOIS - PICARDIE**  
Etablissement public du Ministère chargé  
du développement durable



**Pôle thématique ADNe SCIMABIO-Interface/Fish-Pass**

**Valentin Vasselon (SCIMABIO-Interface)**

**Eloïse Duval (Fish-Pass)**

**Novembre 2025**



Les cyclades 8  
5, rue des Quatre Vents  
74200 Thonon-les-Bains  
[www.scimabio-interface.fr](http://www.scimabio-interface.fr)



**FISH  
PASS**

**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 (FD62)

**Dossier suivi par :**

Benoît Rigault (FD62)

## Sommaire

---

<b>1</b>	<b>Contexte et objectifs de l'étude</b>	<b>3</b>
<b>2</b>	<b>Matériel et méthodes</b>	<b>4</b>
2.1	L'ADN environnemental	4
2.1.1	Principe général de la ddPCR	4
2.1.2	Stratégie et protocole d'échantillonnage	6
2.2	Analyses de biologie moléculaire	9
2.2.1	Extraction de l'ADN total	9
2.2.2	Suivis spécifiques par ddPCR	9
<b>3</b>	<b>Résultats</b>	<b>10</b>
3.1	Description des stations et validation de l'échantillonnage	10
3.2	Détection spécifique par ddPCR	11
3.2.1	Validation des données	11
3.2.2	Résultats de détection par ADNe dans l'eau	11
<b>4</b>	<b>Conclusions et perspectives</b>	<b>17</b>
<b>5</b>	<b>Bibliographie</b>	<b>18</b>
<b>6</b>	<b>Fiches terrain</b>	<b>20</b>

## 1 Contexte et objectifs de l'étude

### 1.1 Ecrevisse à pattes blanches, invasives et peste

L'écrevisse à pattes blanches (*Austropotamobius pallipes*) est l'une des 3 espèces d'écrevisses autochtones retrouvées dans les cours d'eau d'Europe de l'Ouest. Elle peut occuper des habitats diversifiés, mais on la retrouve principalement dans les petits cours d'eau en tête de bassin versant, là où les pressions sont généralement les moins importantes.

En effet, au cours de la dernière décennie, les populations d'écrevisses à pattes blanches ont fortement décliné, plusieurs facteurs pouvant être mis en avant pour expliquer ce phénomène (Alonso et al., 2000; Dunn et al., 2009) :

- La dégradation des milieux aquatiques, à la fois en termes de réduction des habitats (dégradation des berges) et de la qualité de l'eau (états écologique et chimique) ;
- L'introduction d'espèces d'écrevisses non indigènes (allochtones) envahissantes, plus agressives et compétitives (habitat, ressources) que les espèces autochtones ;
- L'apparition de maladies, souvent liée à l'introduction d'espèces allochtones, comme la peste de l'écrevisse causée par l'oomycète *Aphanomyces astaci*.

De ce fait, l'écrevisse à pattes blanches est classée « en danger » sur la liste rouge mondiale de l'IUCN depuis 2010 (Füreder et al., 2010) et « vulnérable » de manière générale en France métropolitaine (MNHN & OFB, 2003). L'espèce fait l'objet de mesures réglementaires de protection (habitat, pêche, transport) et différents programmes de conservation sont mis en place par les gestionnaires, notamment un plan national d'actions décliné au niveau régional.

C'est dans ce contexte que la FD62 a souhaité mieux appréhender la distribution de l'écrevisse à pattes blanches (*Austropotamobius pallipes*), des invasives écrevisse de Californie (*Pacifastacus leniusculus*), écrevisse américaine (*Faxonius limosus*), et écrevisse de Louisiane (*Procambarus clarkii*), et de la peste de l'écrevisse (*Aphanomyces astaci*) sur le bassin versant de la Clarence.

### 1.2 Inventaire taxonomique poissons

Les échantillons prélevés sur les 11 stations du bassin de la Clarence ont également été analysés en metabarcoding poissons, afin d'obtenir une liste des taxons détectables sur les différentes stations. Cette analyse s'intègre dans la continuité du Plan de Gestion Départemental pour la Protection des milieux aquatiques et la Gestion des ressources piscicoles du Pas-de-Calais (PDG 2018-2022), en complément des autres suivis réalisés sur le secteur (pêche électrique, suivi de frayères...).

## 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 1; 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.

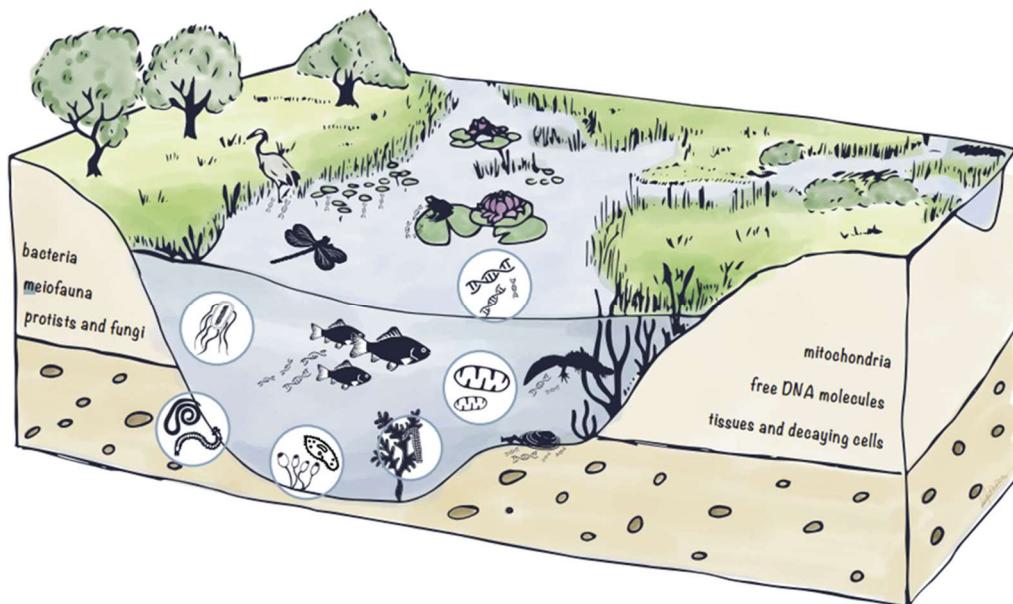


Figure 1. Origine et forme de l'ADN environnemental dans les milieux aquatiques (Pawlowski et al., 2020)

#### 2.1.1 Détection ciblée des écrevisses et de la peste

Les écrevisses relarguent généralement très peu d'ADN dans leur environnement, conséquence de leur organisme comprenant un exosquelette composé majoritairement de chitine qui laisse très peu de place pour l'excration de mucus (Dougherty et al., 2016).

Afin de maximiser les chances de détecter le signal ADNe potentiellement relargué par les écrevisses dans l'eau, potentiellement présent en très faible quantité, 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 2). 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 ciblé dans un échantillon d'eau. Les nouvelles technologies de dPCR comme la ddPCR QX600 (Droplet Digital PCR, Biorad) offrent

même la possibilité de co-détecter 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 multispécifiques.

Grâce à cette approche de biologie moléculaire, **les signaux ADNe de 5 espèces d'intérêt ont pu être suivis dans cette étude : *A. pallipes*, *P. leniusculus*, *P. clarkii*, *F. limosus* et l'agent de la peste *A. astaci***. Pour ce dernier le signal détecté est à interpréter avec précaution car il pourrait également correspondre à d'autres espèces du même genre, potentiellement non pathogènes (Viljamaa-Dirks & Heinikainen, 2019).

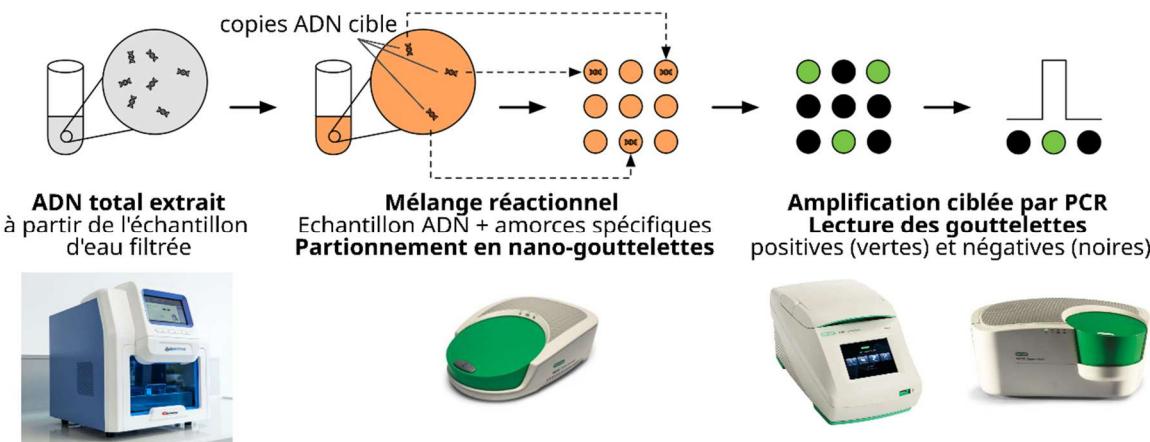


Figure 2. Schéma de fonctionnement de la ddPCR et appareils associés (automate d'extraction, générateur de gouttelettes, thermocycleur et lecteur de gouttelettes), modifié à partir de Mojarral et al. (2017).

### 2.1.2 Metabarcoding poissons

Une liste des taxons détectés aux différents points de prélèvements a été obtenue par la technique dite du metabarcoding par le laboratoire Argaly. Cette méthode permet d'amplifier une région cible, présente chez toutes les espèces de poissons par le biais d'amores spécifiques à ce groupe. Cette région cible est ensuite amplifiée puis séquencée avant de pouvoir assigner les différentes séquences obtenues à des espèces/groupes d'espèces grâce à une base de données génétiques regroupant les séquences disponibles (Ruppert et al., 2019). L'analyse en bioinformatique des données de séquençage permet d'assigner un certain pourcentage de séquences lues aux différentes espèces référencées dans une base de données (Figure 3). Le metabarcoding permet ainsi d'obtenir un inventaire de la liste des espèces piscicoles détectées aux différents points de prélèvement.

Les résultats de l'analyse par metabarcoding sont présentés sous forme de pourcentage de séquences ADN assignées aux différentes espèces détectées, indiquant également le nombre de réplicas techniques positifs. Chaque station (un pool des 3 réplicas de terrain) est analysée en 8 réplicas techniques, avec le marqueur Fish16S (Shaw et al., 2016).

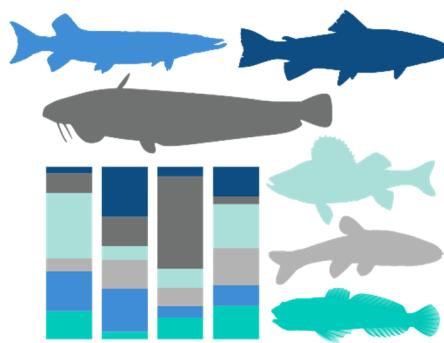


Figure 3. Illustration de résultats obtenus en metabarcoding. Les graphes empilés représentent le pourcentage de séquences assignées aux différentes espèces sur 4 prélèvements différents.

Toutefois, une espèce fortement abondante, et/ou qui relargue beaucoup d'ADN au moment du prélèvement se voir assigner un fort nombre et donc pourcentage de séquences. A l'inverse, une espèce présente en faible densité ou relarguant peu d'ADN dans son milieu obtient un faible pourcentage de séquences assignées à son espèce. De ce fait, les espèces peu abondantes risquent de ne pas pouvoir être détectées en présence d'espèces qui relarguent beaucoup d'ADN (Bylemans et al., 2019).

### 2.1.3 Stratégie et protocole d'échantillonnage

L'échantillonnage pour détection d'ADN a été réalisé par la FD62 sur 11 stations du bassin de la Clarence, dont 6 sur le linéaire principal, une sur le Marest (affluent de la Clarence amont), et 4 sur la Nave (affluent principal).



Figure 4. Localisation des 11 stations prélevées sur le bassin de la Clarence. Fond de carte ©OpenStreetMap

#### 2.1.3.1 Caractérisation des stations échantillonnées

Une fiche descriptive de la station a été complétée sur le terrain par la FD62 sur chaque station lors de la mise en place de l'échantillonnage, elles sont retranscrites en fin de rapport.

### 2.1.3.2 Echantillonnage eau de rivière

#### 2.1.3.2.1 Capsules de filtration Sterivex

Des échantillons ADNe correspondant à des prélèvements d'eau filtrée ont été collectés par la FD62 en 3 répliques sur chaque station en suivant le protocole fourni avec le matériel d'échantillonnage. Les grandes étapes sont rappelées brièvement (Figure 4) :

- 4 prélèvements d'eau de 250 mL ont été réalisés dans la mesure du possible à 5-20 cm de profondeur à différents endroits de la station pour couvrir la largeur de la rivière. Les prélèvements ont ensuite été mélangés dans un bidon décontaminé pour atteindre un volume total d'eau de 1L.
- L'eau a ensuite été filtrée sur des capsules « Sterivex » de porosité 0.45µm à l'aide d'une seringue 60 mL, ce jusqu'à ce que la filtration ne soit plus possible à cause du colmatage du filtre (entre 200 et 2000 mL selon la turbidité de l'eau).
- Une fois la filtration terminée, l'eau résiduelle a été expulsée du « Sterivex » en faisant une chasse d'air avec la seringue, puis 2mL de solution de préservation MC1 ont été ajoutés à l'échantillon filtré pour le préserver. Les échantillons ont ensuite été maintenus à température ambiante ou à 4°C jusqu'à extraction de l'ADN en laboratoire.

**3 échantillons d'eau filtrée par capsule Sterivex ont été obtenus par station et envoyés à SCIMABIO pour analyse.**



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

## 2.2 Analyses de biologie moléculaire

### 2.2.1 Extraction de l'ADN total

Les extractions d'ADN total à partir des échantillons d'eau filtrée (Sterivex) ont été réalisées par SCIMABIO en laboratoire de biologie moléculaire avec le kit d'extraction « NucleoMag Water » (Macherey-Nagel). Des contrôles négatifs ont été intégrés lors des expériences d'extraction pour valider la qualité des résultats obtenus et évaluer l'absence de contamination des échantillons environnementaux.

La qualité et la quantité d'ADN total extrait ont ensuite été mesurées au spectrophotomètre NanoDrop™ One/OneC (ThermoFisher).

### 2.2.2 Suivis spécifiques par ddPCR

L'analyse ddPCR a été réalisée par SCIMABIO sur les extraits ADN obtenus à partir des échantillons d'eau filtrée. La technologie permettant une quantification absolue sans variabilité, 1 seul réplica technique est nécessaire par échantillon ADN étudié. Toutefois, si la profondeur d'analyse ne répond pas aux critères de satisfaction de la technologie ddPCR, les échantillons peuvent être analysés plusieurs fois jusqu'à atteindre un niveau de qualité satisfaisant permettant leur interprétation écologique. Des échantillons contrôles (positif, négatif) ont été intégrés dans chaque analyse pour valider la qualité des résultats et évaluer la présence potentielle de contamination des échantillons.

**Dans le cadre de cette étude il a été proposé de co-déetecter le signal ADNe de 5 espèces via la technologie ddPCR (Bio-rad) : *A. pallipes*, *P. leniusculus*, *P. clarkii*, *F. limosus* et l'agent de la peste *A. astaci* pour les prélèvements d'eau. Le logiciel QX Manager™ (Bio-rad) a été utilisé pour analyser les données de ddPCR. Grâce aux différents témoins négatifs (terrain, extraction, ddPCR), un signal de fluorescence dit basal a été défini pour permettre la validation des détections positives.**

Les résultats bruts par échantillon correspondent à un nombre de gouttelettes fluorescentes dites positives pour chaque espèce ramené au nombre total de gouttelettes générées pour l'échantillon. Pour les prélèvements d'eau, la stabilité du signal ADNe a été évaluée en comparant les résultats des 3 réplicas (3 capsules Sterivex), puis les 3 résultats ont été moyennés. Les résultats présentés sont corrigés afin de présenter un nombre de copies 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.

## 3 Résultats

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

L'ensemble des prélèvements a pu être réalisé par la FD62 lors de la campagne de terrain des 18 et 19 Juin 2025. Les conditions d'écoulement ont permis les prélèvements et filtration d'eau pour la recherche d'ADNe dans de bonnes conditions et les échantillons réceptionnés étaient en bon état.

Table 1. Description et mesures physicochimiques des stations étudiées

Site	Cours d'eau	Localisation	Date et heure de prélèvement	Température de l'eau (°C)	Conductivité (µs/cm)	O <sub>2</sub> (mg/L)	pH	Volume filtré par échantillon (mL)
CLA_1	Clarence	Gonnehem	18/06/2025 10:00	16,9	740	9,5	7,8	A 720
								B 720
								C 780
CLA_2	Clarence	Chocques	18/06/2025 10:45	15,7	704	10,5	7,8	A 780
								B 900
								C 720
CLA_3	Clarence	Lapugnoy	18/06/2025 11:35	14,9	680	10,8	7,7	A 960
								B 960
								C 1020
CLA_4	Clarence	Calonne-Ricouart	18/06/2025 12:25	14,0	617	12,0	8,1	A 1200
								B 1200
								C 1320
CLA_5	Clarence	Camblain-Châtelain	18/06/2025 14:10	14,9	589	11,9	8,2	A 1140
								B 1020
								C 1140
CLA_6	Clarence	Pernes	18/06/2025 15:40	14,0	593	11,1	7,7	A 1140
								B 1140
								C 1080
MAR_1	Marais du Cotentin	Marest	18/06/2025 15:00	13,7	630	10,6	7,9	A 900
								B 960
								C 960
NAV_1	Nave	Robecq	18/06/2025 09:00	21,6	1342	2,0	7,4	A 540
								B 540
								C 540
NAV_2	Nave	Lilliers	19/06/2025 09:15	17,8	651	7,6	7,6	A 960
								B 840
								C 960
NAV_3	Nave	Lilliers	19/06/2025 09:50	17,6	669	9,8	7,8	A 660
								B 720
								C 660
NAV_4	Nave	Lespess	19/06/2025 10:30	16,6	604	10,1	7,8	A 780
								B 780
								C 720

Les volumes d'eau filtrée sont répétables entre les réplicas d'une même station (Table 1). Le volume total filtré par station oscille entre 1620 et 3720mL par station, volume jugé suffisant pour la mise en place de l'extraction de l'ADN total et l'analyse par dPCR (> 300mL par filtre, 1L par station après cumul des 3 réplicas).

## 3.2 Détection spécifique par ddPCR

### 3.2.1 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 station ( $>10\ 000$ ) 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.

Le témoin d'extraction et ddPCR ont tous donné des résultats négatifs pour l'amplification de l'ADN de *A. pallipes*, *A. astaci*, *F. limosus*, *P. clarkii* et *P. leniusculus*. Des témoins positifs constitués d'extrait ADN de tissu ou de culture pour les 5 espèces recherchées ont donné des résultats positifs, validant la mise en place de l'approche ddPCR. Ces échantillons ont servi de témoins afin d'identifier le seuil de discrimination des gouttelettes positives et négatives.

### 3.2.2 Résultats de détection par ADNe dans l'eau

Les résultats de la détection de *A. pallipes*, *A. astaci*, *F. limosus*, *P. clarkii* et *P. leniusculus* par ddPCR à partir des extraits ADN obtenus à partir des échantillons d'eau filtrée sont présentés dans la Table 2.

Etant donné que la majeure partie des résultats étaient négatifs pour la détection des écrevisses, certains échantillons ont été passés plusieurs fois en analyse pour confirmer la détection ou l'absence de détection. La truite *S. trutta* et l'anguille *A. anguilla* ont également été recherchées en tant que témoins environnementaux pour attester de la qualité des échantillons. La truite et/ou l'anguille ont bien été détectées sur les différents échantillons passés en test, ce qui atteste de la qualité de l'échantillonnage et de la bonne conservation des échantillons jusqu'à leur analyse. Seule la station du Marest, parmi les stations testées avec les marqueurs anguille et truite, ne présentait pas de détection. Cependant, son analyse en metabarcoding conforte la qualité de l'échantillonnage réalisé.

*Table 2. Résultats de l'amplification ciblée de l'ADN de *A. pallipes*, *A. astaci*, *F. limosus*, *P. clarkii* et *P. leniusculus* par ddPCR à partir des échantillons d'eau filtrée*

Code site	<i>A. astaci</i>		<i>A. pallipes</i>		<i>F. limosus</i>		<i>P. clarkii</i>		<i>P. leniusculus</i>		<i>S. trutta</i>		<i>A. anguilla</i>	
	Copies d'ADN*	Replicas positifs	Copies d'ADN*	Replicas positifs	Copies d'ADN*	Replicas positifs	Copies d'ADN*	Replicas positifs	Copies d'ADN*	Replicas positifs	Copies d'ADN*	Replicas positifs	Copies d'ADN*	Replicas positifs
CLA_1	0	0/3	0	0/3	0	0/3	0	0/3	0	0/3	-	-	-	-
CLA_2	0	0/3	0	0/3	0	0/3	0	0/3	0	0/3	-	-	-	-
CLA_3	0	0/3	7,79E+01	2/9	1,84E+02	3/9	0	0/3	0	0/3	2,53E+03	3/3	2,74E+03	3/3
CLA_4	1,50E+02	2/3	0	0/6	0	0/6	0	0/3	0	0/3	8,55E+02	3/3	1,34E+03	3/3
CLA_5	0	0/3	0	0/3	0	0/3	0	0/3	0	0/3	-	-	-	-
CLA_6	0	0/3	0	0/6	0	0/6	0	0/3	0	0/3	0	0/3	1,93E+02	3/3
MAR_1	0	0/3	0	0/6	0	0/6	0	0/3	0	0/3	0	0/3	0	0/3
NAV_1	1,92E+02	1/3	0	0/6	0	0/6	0	0/3	0	0/3	0	0/3	3,86E+02	3/3
NAV_2	0	0/3	0	0/6	0	0/6	0	0/3	0	0/3	0	0/3	5,19E+02	3/3
NAV_3	1,35E+02	1/3	0	0/3	0	0/3	0	0/3	0	0/3	-	-	-	-
NAV_4	0	0/3	0	0/3	0	0/3	0	0/3	0	0/3	-	-	-	-

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

➤ Signal ADNe *Austropotamobius pallipes*

**Le signal ADNe de l'écrevisse à pattes blanches a été très faiblement détecté sur une seule station (Table 2, Figure 6).** Ce signal est très peu répétable, avec 2 répliques positifs sur les 9 passés en analyse, chaque réplica de terrain ayant été passé 3 fois en analyse. Cela indique une suspicion de présence de l'écrevisse à pattes blanches à l'amont de la station CLA\_3.

➤ Signal ADNe *Aphanomyces astaci*

**Le signal ADNe de l'agent responsable de la peste de l'écrevisse, *A. astaci* a été détecté sur une station de la Clarence et deux stations de la Lawe (Table 2, Figure 6).** Ce signal est répétable uniquement pour la station CLA\_4.

➤ Signaux ADNe des espèces d'écrevisse invasives *Faxonius limosus*, *Procambarus clarkii* et *Pacifastacus leniusculus*

**Le signal ADNe de l'écrevisse américaine *F. limosus* a été détecté sur une seule des stations échantillonnées (Table 2, Figure 6).** Le signal a été détecté 3 fois sur les 9 analyses réalisées pour la station CLA\_3, suggérant la présence de l'espèce à l'amont de cette station.

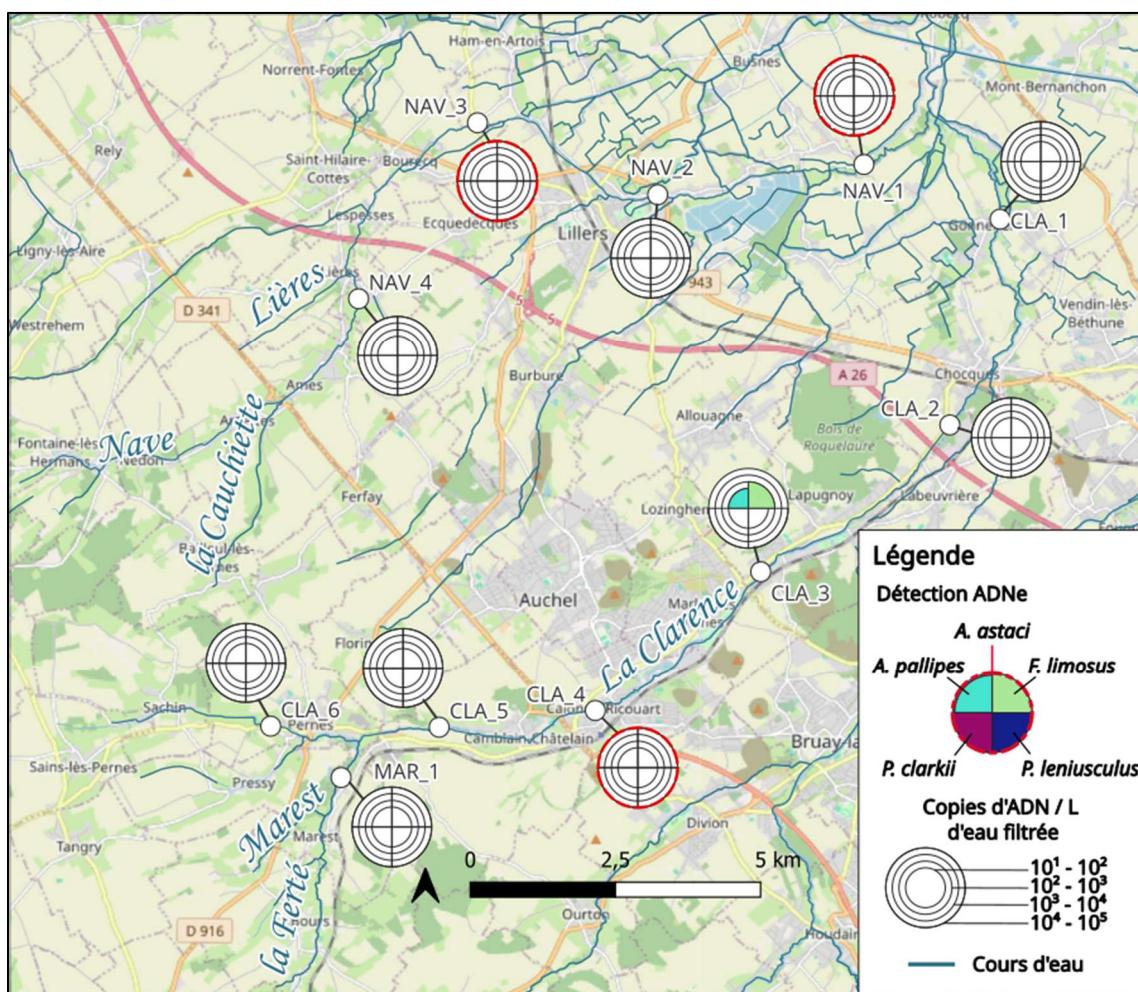


Figure 6. Détection par ddPCR des 4 espèces d'écrevisses (*Austropotamobius pallipes*, *Faxonius limosus*, *Procambarus clarkii* et *Pacifastacus leniusculus*) et de la peste (*Aphanomyces astaci*) à partir des échantillons d'eau filtrée. Fond de carte : ©OpenStreetMap

## 4 Inventaire piscicole par metabarcoding

Les échantillons prélevés pour la recherche des taxons astacicoles en dPCR ont également été analysés en metabarcoding afin de réaliser des inventaires piscicoles. Un échantillon représente le pool des 3 réplicas de terrain extraits.

En moyenne, 79000 séquences attribuées aux poissons ont été lues par station (33000-146000). Au total, 25 taxons ont été détectés sur l'ensemble des stations prospectées, avec 2 à 16 taxons par station (Figure 7).

Pour certains taxons, appartenant à l'ordre des Cypriniformes, l'assignation n'a pas pu aller jusqu'à l'espèce et s'est arrêtée au genre, ou à un complexe d'espèces. Dans ce dernier cas, les espèces sont ordonnées dans les codes selon la probabilité que les séquences leur soit effectivement attribuée:

- GAR/ROT/TOX : *Rutilus rutilus* (gardon), ou moins probablement *Scardinius erythrophthalmus* (rotengle) ou *Parachondrostoma toxostoma* (toxostome)
- VAN/IDE : *Leuciscus leuciscus* (vandoise) ou moins probablement *Leuciscus idus* (ide mélanoïte)
- CHE/ROT/VAN : *Squalius cephalus* (chevesne) ou moins probablement *Scardinius erythrophthalmus* (rotengle) ou *Leuciscus leuciscus* (vandoise)
- *Carassius* sp/CCO : Carassins ou carpe commune (*Cyprinus carpio*)
- *Cyprinus* sp : poissons du genre *Cyprinus*

La présence du colin d'Alaska *Gadus chalcogrammus* et de *Gadus* sp dans les inventaires pour certaines stations indiquent l'influence de rejets ménagers.

**- Inventaire piscicole par metabarcoding -**

*Table 3. Liste des taxons détectés et leur classification. Quand l'assignation ne va pas jusqu'à l'espèce, l'alignement des séquences avec l'outil BLAST de NCBI permet d'identifier les taxons les plus probables.*

Ordre	Famille	Genre	Assignation	Taxon le plus probable	Nom commun	Code
Cypriniformes	Leuciscidae	<i>Abramis</i>	<i>Abramis brama</i>	<i>Abramis brama</i>	Brème commune	BRE
Cypriniformes	Leuciscidae	<i>Alburnus</i>	<i>Alburnus alburnus</i>	<i>Alburnus alburnus</i>		ABL
Anguilliformes	Anguillidae	<i>Anguilla</i>	<i>Anguilla</i>	<i>Anguilla anguilla</i>	Anguille	ANG
Cypriniformes	Nemacheilidae	<i>Barbatula</i>	<i>Barbatula</i>	<i>Barbatula barbatula</i>	Loche franche	LOF
Cypriniformes	Cobitidae	<i>Cobitis</i>	<i>Cobitis taenia</i>	<i>Cobitis taenia</i>	Loche de rivière	LOR
Cypriniformes	Leuciscidae	<i>Blicca</i>	<i>Blicca bjoerkna</i>	<i>Blicca bjoerkna</i>	Brème bordelière	BRB
Perciformes	Cottidae	<i>Cottus</i>	<i>Cottus sp</i>	<i>Cottus sp</i>	Chabot	CHA
Cypriniformes	Cyprinidae	-	Cyprinidae	<i>Carassius sp</i> ou <i>Cyprinus carpio</i>	Carassins / Carpe commune	Carassius sp/CCO
Cypriniformes	Cyprinidae	-	Cyprininae	<i>Cyprinus sp</i>	Cyprinidé du genre <i>Cyprinus</i> (carpes)	Cyprinus sp
Cypriniformes	-	-	Cyprinoidei	<i>Squalius cephalus</i> ou <i>Scardinius erythrophthalmus</i> ou <i>Leuciscus leuciscus</i>	Chevesne ou moins probablement rotengle ou vandoise	CHE/ROT/VAN
Esociformes	Esocidae	<i>Esox</i>	<i>Esox lucius</i>	<i>Esox lucius</i>	Brochet	BRO
Perciformes	Gasterosteidae	<i>Gasterosteus</i>	<i>Gasterosteus</i>	<i>Gasterosteus aculeatus</i>	Épinoche	EPI
Gadiformes	Gadidae	<i>Gadus</i>	<i>Gadus chalcogrammus</i>	<i>Gadus chalcogrammus</i>	Colin d'Alaska	Gadus chalcogrammus*
Gadiformes	Gadidae	<i>Gadus</i>	-	<i>Gadus</i>	Colin sp	Gadus sp*
Cypriniformes	Gobionidae	<i>Gobio</i>	<i>Gobio</i>	<i>Gobio gobio</i>	Goujon	GOU
Perciformes	Percidae	<i>Gymnocephalus</i>	<i>Gymnocephalus cernua</i>	<i>Gymnocephalus cernua</i>	Grémille	GRE
Cypriniformes	Leuciscidae	-	Leuciscinae	<i>Rutilus rutilus</i> ou <i>Scardinius erythrophthalmus</i> ou <i>Parachondrostoma toxostoma</i>	Gardon ou moins probablement rotengle ou toxostome	GAR/ROT/TOX
Cypriniformes	Leuciscidae	<i>Leuciscus</i>	<i>Leuciscus</i>	<i>Leuciscus leuciscus</i> ou <i>Leuciscus idus</i>	Vandoise ou moins probablement ide mélanote	VAN/IDE
Cypriniformes	Leuciscidae	<i>Leuciscus</i>	<i>Leuciscus leuciscus</i>	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Vandoise	VAN
Perciformes	Percidae	<i>Perca</i>	<i>Perca fluviatilis</i>	<i>Perca fluviatilis</i>	Perche	PER
Perciformes	Gasterosteidae	<i>Pungitius</i>	<i>Pungitius pungitius</i>	<i>Pungitius pungitius</i>	Épinochette	EPT
Salmoniformes	Salmonidae	<i>Salmo</i>	<i>Salmo</i>	<i>Salmo trutta</i>	Truite fario	TRF
Salmoniformes	Salmonidae	-	Salmonidae	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Truite arc-en-ciel	TAC
Cypriniformes	Leuciscidae	<i>Scardinius</i>	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotengle	ROT
Cypriniformes	Tincidae	<i>Tinca</i>	<i>Tinca tinca</i>	<i>Tinca tinca</i>	Tanche	TAN

Parmi les espèces détectées, 6 présentent un statut de protection particulier, à savoir l'anguille (*Anguilla anguilla*), le brochet (*Esox lucius*), le chabot (*Cottus sp*), la loche de rivière, la truite fario (*Salmo trutta*) et la vandoise (*Leuciscus leuciscus*, Table 4**Error! Reference source not found.**).

*Table 4. Espèces détectées au sein des échantillons prélevés sur le bassin de la Clarence présentant un statut de protection particulier*

Code espèce	Nom vernaculaire	Nom latin	Statut de conservation				Statut de protection						
			CR	CR	CR	CR	Directive Habitats	Faune	Convention de Washington (CITES)	Arrêté du 8-12-1998	Convention de Berne	Convention de Barcelone	Convention OSPAR
ANG	Anguille européenne	<i>Anguilla anguilla</i>	CR	CR	CR	CR	II			X		III	V
BRO	Brochet	<i>Esox lucius</i>	VU	VU	LC	LC							
CHA	Chabot	<i>Cottus sp.</i>	LC	LC	LC	LC	II						
LOR	Loche de rivière	<i>Cobitis taenia</i>	NT	NT	LC	LC	II		X		III		
TRF	Truite de rivière	<i>Salmo trutta fario</i>	NT	LC	LC	LC			X				
VAN	Vandoise	<i>Leuciscus leuciscus</i>	VU	LC	LC	LC			X				

Les taxons les plus détectés toutes stations confondues sont le chabot et l'épinoche, avec respectivement 43 et 15% du total des séquences lues qui leur sont attribuées (Figure 7). La Figure 7 permet de représenter visuellement les taxons retrouvés le plus abondamment dans les prélèvements. La Figure 8 permet de visualiser l'ensemble des taxons détectés, y compris ceux avec une très faible abondance de séquences.

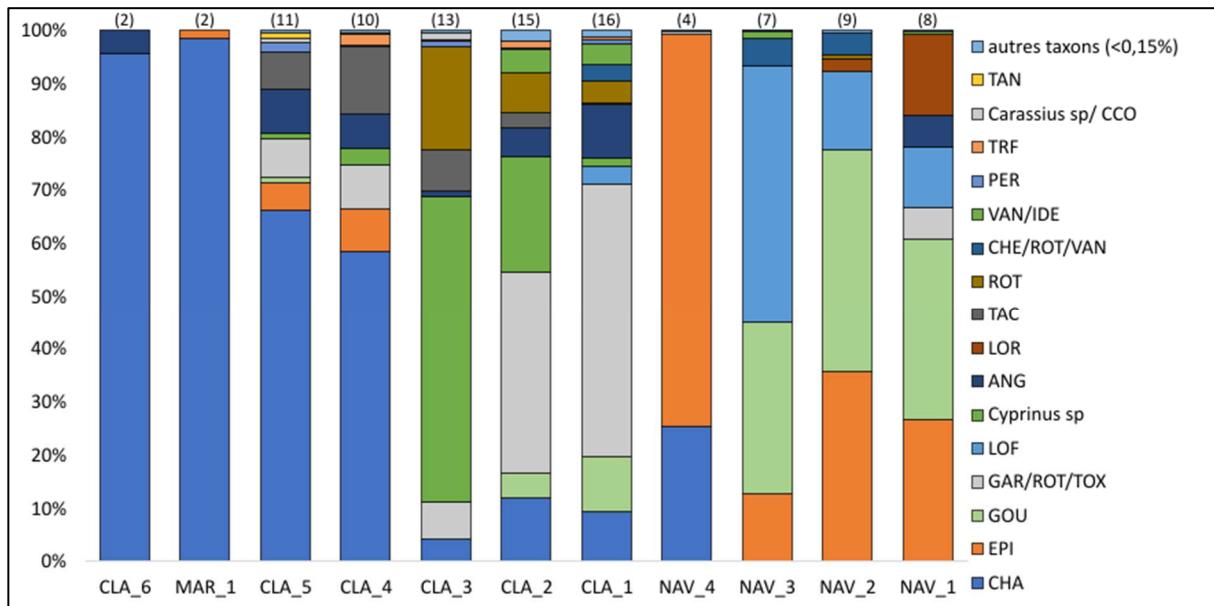


Figure 7. Représentation en histogrammes empilés du pourcentage de séquences attribuées aux différents taxons pour chaque station échantillonnée. La correspondance des codes espèces est disponible en Table 3.

Le chabot est détecté sur toutes les stations, sauf sur les 3 stations les plus amont de la Nave. L'anguille est détectée sur toutes les stations du linéaire principal de la Clarence, tout comme la truite fario (sauf sur les 2 stations les plus amont, CLA\_6 et CLA\_5). La vandoise et le brochet sont détectés de façon moins marquée, sur l'aval de la Clarence et sur la Nave (Figure 8). La vandoise est néanmoins potentiellement aussi détectée sous le complexe VAN\_IDE. La loche de rivière est détectée sur les 2 stations les plus aval de la Nave (Figure 8).

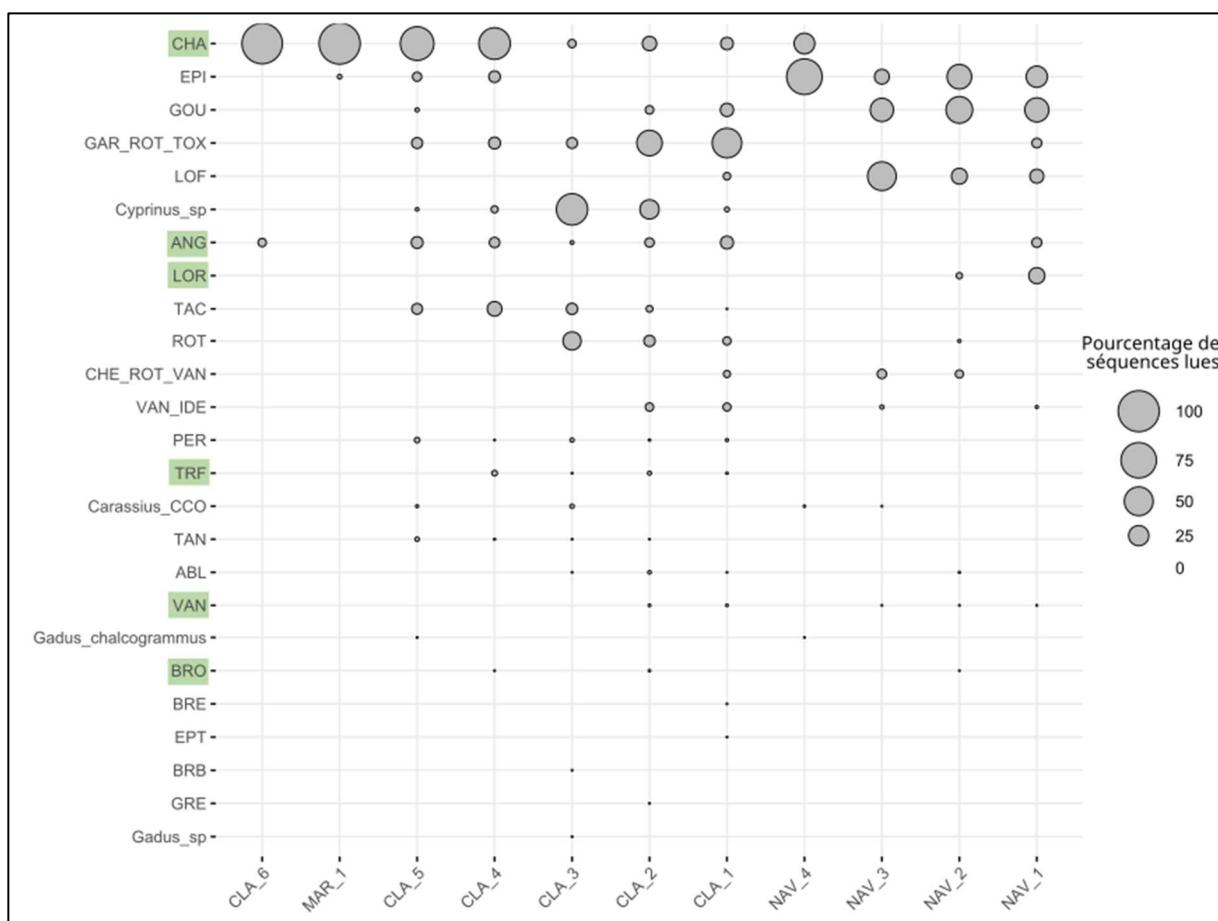


Figure 8. Taxons détectés sur le bassin versant de la Clarence et pourcentage de séquences attribué pour chacune des stations. Les espèces protégées sont indiquées en vert.

Afin de pouvoir comparer les résultats obtenus en metabarcoding avec les données de pêche, la FD62 nous a transmis les tableaux récapitulant les espèces contactées en pêche durant les dernières années. Les stations n'étant pas exactement les mêmes, nous avons conservé les informations des pêches réalisées le plus à proximité des stations échantillonnées en ADNe. Ainsi, une pêche a été réalisée en 2012 sur la station CLA\_6, et une autre en 2013 à 1km en amont de la station MAR\_1. Une station à 1km en amont de CLA\_2 a quant à elle été suivie entre 2011 et 2023 (réseau de suivi OFB) avec au total 7 opérations de pêche électrique. La détection cumulée des espèces lors de ces opérations et la comparaison aux données ADNe 2025 sont présentées en Table 5.

Table 5. Comparaison des résultats ADNe avec les données historiques de pêche.

Code	CLA_2 ADNe	CLA2_2011-2023 pêche	CLA_6 ADNe	CLA6_2012 pêche	MAR_1 ADNe	MAR1_2013 pêche
ABL	X					
ANG	X	X	X			
BRB		X				
BRE		X				
BRO	X	X				
Carassius sp/ Cyprinus carpio		CAG				
CHA	X	X	X	X	X	X
CHE/ROT/VAN		CHE/ROT/VAN				
Cyprinus sp	X					
EPI		X		X	X	X
GAR/ROT/TOX	X	GAR/ROT				
GOU	X	X				
GRE	X	X				
LOF		X				
PER	X	X				
ROT	X	X				
SAN		X				
TAC	X					
TAN	X	X				
TRF	X	X				
VAN	X	X				
VAN/IDE	X	VAN				

Sur les stations CLA\_6 et MAR\_1, peu d'espèces ont été détectées, que ce soit en pêche ou en ADNe. Sur le Marest, le chabot et l'épinoche ont été détectés à la fois en ADNe et en pêche. D'autre part, ni l'anguille ni la truite n'ont été contactées, confortant les tests réalisés avec les échantillons en ddPCR. Sur la CLA\_6, l'anguille n'avait pas été détectée en pêche et l'épinoche n'est pas détectée en ADNe en 2024. Ces discordances peuvent s'expliquer par l'intervalle de temps entre les prélèvements.

Sur la station CLA\_2, pêchée à 7 reprises, toutes les espèces détectées en ADNe ont été contactées au moins une fois lors des pêches, sauf l'ablette et la truite arc-en-ciel. Le fait de trouver le gardon en pêche indique que c'est très probablement cette espèce qui est désignée par le complexe GAR/ROT/TOX, bien que le rotengle soit également présent sur cette station. Les brèmes ne sont pas retrouvées en ADNe, cela peut s'expliquer par le fait que la brème bordelière ait été pêchée uniquement en 2013 (16 individus), et qu'un seul individu de brème commune avait été pêché en 2021. De même, 3 sandres avaient été détectés ponctuellement en 2017, ce qui explique qu'on ne le retrouve pas dans le prélèvement ADNe. En revanche, la loche franche est retrouvée régulièrement dans les inventaires par pêche électrique et n'est pas détectée dans l'inventaire ADNe sur cette station. Cela pourrait s'expliquer par le fait que l'espèce n'est plus présente sur le site en 2025, ou bien avec une abondance trop faible pour être détectée (selon les années, 0 à 36 individus ont été retrouvés en pêche, 8 en 2023).

## 5 Conclusions et perspectives

### Détection des espèces astacicoles

La recherche des espèces d'écrevisses sur le bassin de la Clarence indique une faible probabilité de présence de populations d'écrevisses, sur le bassin, qu'elles soient autochtones (écrevisse à pattes

blanches) ou invasives (écrevisse américaine, écrevisse signal ou écrevisse de Louisiane). De faibles signaux ont été détectés sur la station CLA\_3, à la fois pour l'écrevisse à pattes blanches et l'écrevisse américaine. D'après de précédentes études, le signal ADNe des espèces aquatiques et notamment de l'écrevisse à pattes blanches resterait localisé, dévalant au maximum jusqu'à 2km à l'aval. Une investigation plus fine sur ce secteur permettrait de trancher quant à la véritable présence de ces espèces. Il est également possible que le signal détecté pour l'écrevisse américaine sur cette station provienne des pièces d'eau situées en amont. La peste de l'écrevisse a été détectée sur 3 des stations échantillonnées. Cependant, le marqueur utilisé pourrait également amplifier d'autres espèces du genre *Aphanomyces*, non pathogènes, c'est pourquoi sa détection est à considérer avec précautions, d'autant que ce parasite ne peut survivre que quelques semaines dans le milieu sans la présence d'hôtes écrevisses (WOAH, 2019).

#### *Metabarcoding poissons*

L'analyse en metabarcoding a détecté un total de 25 taxons sur les 11 stations échantillonnées. Les résultats obtenus sont à mettre en parallèle avec les connaissances des gestionnaires sur les espèces que l'on s'attend à trouver sur ce secteur, notamment lorsque l'assignation ne va pas jusqu'à l'espèce, ou lorsque des taxons sont retrouvés en faible abondance alors qu'ils ne sont pas censés être présents (ex. colin, issu de rejets ménagers). Les stations prélevées sur les secteurs plus en aval présentent une diversité de taxons détectés plus importante (CLA\_5 à CLA\_1, NAV\_3 à NAV\_1) que les stations prélevées sur les têtes de bassins. La forte abondance de séquences attribuées au chabot sur les stations CLA\_6 et MAR\_1 correspond à ce qui avait été observé en pêche sur ces stations en 2012 et 2013.

## 6 Bibliographie

Alonso, F., Temiño, C., & Diéguez-Uribeondo, J. (2000). Status of the white-clawed crayfish, *Austropotamobius pallipes* (Lereboullet, 1858), in Spain : Distribution and legislation. *Bulletin Français de La Pêche et de La Pisciculture*, 356, 31-53. <https://doi.org/10.1051/kmae:2000003>

Bylemans, J., Gleeson, D. M., Duncan, R. P., Hardy, C. M., & Furlan, E. M. (2019). A performance evaluation of targeted eDNA and eDNA metabarcoding analyses for freshwater fishes. *Environmental DNA*, 1(4), 402-414. <https://doi.org/10.1002/edn3.41>

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>

Dougherty, M. M., Larson, E. R., Renshaw, M. A., Gantz, C. A., Egan, S. P., Erickson, D. M., & Lodge, D. M. (2016). Environmental DNA (eDNA) detects the invasive rusty crayfish *Orconectes rusticus* at low abundances. *Journal of Applied Ecology*, 53(3), 722-732. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.12621>

Dunn, J. C., McClymont, H. E., Christmas, M., & Dunn, A. M. (2009). Competition and parasitism in the native White Clawed Crayfish *Austropotamobius pallipes* and the invasive Signal Crayfish *Pacifastacus leniusculus* in the UK. *Biological Invasions*, 11(2), 315-324. <https://doi.org/10.1007/s10530-008-9249-7>

## - Bibliographie -

Füreder, L., Gherardi, F., Holdich, D., Reynolds, J., Sibley, P., & Souty-Grosset, C. (2010). *Austropotamobius pallipes* : Füreder, L., Gherardi, F., Holdich, D., Reynolds, J., Sibley, P. & Souty-Grosset, C.: The IUCN Red List of Threatened Species 2010: e.T2430A9438817 [Jeu de données]. <https://doi.org/10.2305/IUCN.UK.2010-3.RLTS.T2430A9438817.en>

MNHN, & OFB. (2003, 2023). *Fiche de Austropotamobius pallipes (Lereboullet, 1858)*. Inventaire national du patrimoine naturel (INPN).

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.

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>

Ruppert, K. M., Kline, R. J., & Rahman, M. S. (2019). Past, present, and future perspectives of environmental DNA (eDNA) metabarcoding : A systematic review in methods, monitoring, and applications of global eDNA. *Global Ecology and Conservation*, 17, e00547. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2019.e00547>

Shaw, J. L. A., Clarke, L. J., Wedderburn, S. D., Barnes, T. C., Weyrich, L. S., & Cooper, A. (2016). Comparison of environmental DNA metabarcoding and conventional fish survey methods in a river system. *Biological Conservation*, 197, 131-138. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2016.03.010>

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>

Viljamaa-Dirks, S., & Heinikainen, S. (2019). A tentative new species *Aphanomyces fennicus* sp. Nov. Interferes with molecular diagnostic methods for crayfish plague. *Journal of Fish Diseases*, 42(3), 413-422. <https://doi.org/10.1111/jfd.12955>

WOAH. (2019). INFECTION WITH APHANOMYCES ASTACI (CRAYFISH PLAGUE). In *Manual of diagnostic tests for aquatic animals*.

## 7 Fiches terrain

Fiche station CLA_1			
Désignation station			
Cours d'eau	Clarence	Commune	Gonnehem / 10m amont pont D181
Date et heure prélèvement	18/06/2025 10:00	Météo	-
Structure	FD62		
Description du point de prélèvement			
Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	3,70
Vitesse estimée (cm/s)	25-75	Hauteur d'eau (cm)	35
Limpidité	moyenne	Coloration	légèrement colorée
Colmatage	fort	Ombrage	ouvert
Volume total filtré (mL)	2220	Nombre d'échantillons	3
Mesures physico-chimiques			
Température eau (°C)	16,9	Conductivité (µS)	740
Concentration O <sub>2</sub> (mg/L)	9,5	Saturation O <sub>2</sub> (%)	97
pH	7,8		
Remarques	-		
			

- Fiches terrain -

Fiche station CLA\_2

Désignation station			
Cours d'eau	Clarence	Commune	Chocques / rue de Lapugnoy
Date et heure prélèvement	18/06/2025 10:45	Météo	-
Structure	FD62		
Description du point de prélèvement			
Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	2,73
Vitesse estimée (cm/s)	25-75	Hauteur d'eau (cm)	65
Limpidité	faible	Coloration	très colorée
Colmatage	fort	Ombrage	fermé
Volume total filtré (mL)	2400	Nombre d'échantillons	3
Mesures physico-chimiques			
Température eau (°C)	15,7	Conductivité (µS)	704
Concentration O <sub>2</sub> (mg/L)	10,5	Saturation O <sub>2</sub> (%)	104
pH	7,8		
Remarques			-



- Fiches terrain -

Fiche station CLA\_3

Désignation station

Cours d'eau Clarence  
Date et heure prélèvement 18/06/2025 11:35  
Structure FD62

Description du point de prélèvement			
Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	2,90
Vitesse estimée (cm/s)	25-75	Hauteur d'eau (cm)	40
Limpidité	faible	Coloration	légèrement colorée
Colmatage	fort	Ombrage	fermé
Volume total filtré (mL)	2940	Nombre d'échantillons	3

Mesures physico-chimiques			
Température eau (°C)	14,9	Conductivité (µS)	680
Concentration O <sub>2</sub> (mg/L)	10,8	Saturation O <sub>2</sub> (%)	105
pH	7,7		

Remarques

rive gauche bétonnées (parapet)



- Fiches terrain -

Fiche station CLA\_4

Désignation station

Cours d'eau	Clarence	Commune	Calonne-Ricouart / 60m aval pont rue du marais
Date et heure prélèvement	18/06/2025 12:25	Météo	-
Structure	FD62		

Description du point de prélèvement

Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	2,15
Vitesse estimée (cm/s)	>75	Hauteur d'eau (cm)	35
Limpidité	moyenne	Coloration	légèrement colorée
Colmatage	fort	Ombrage	fermé
Volume total filtré (mL)	3720	Nombre d'échantillons	3

Mesures physico-chimiques

Température eau (°C)	14,0	Conductivité (µS)	617
Concentration O <sub>2</sub> (mg/L)	12,0	Saturation O <sub>2</sub> (%)	116
pH	8,1		

Remarques

tronçon contraint latéralement, RD bétonnée, RG planches métalliques, berges anarchiques



- Fiches terrain -

Fiche station CLA\_5

Désignation station

Cours d'eau	Clarence	Commune	Camblain-Châtelain / rue Casimir Beugnet 40m aval
Date et heure prélèvement	18/06/2025 14:10	Météo	seuil
Structure	FD62		

Description du point de prélèvement

Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	3,90
Vitesse estimée (cm/s)	25-75	Hauteur d'eau (cm)	40
Limpidité	moyenne	Coloration	légèrement colorée
Colmatage	fort	Ombrage	fermé
Volume total filtré (mL)	3300	Nombre d'échantillons	3

Mesures physico-chimiques

Température eau (°C)	14,9	Conductivité (µS)	589
Concentration O <sub>2</sub> (mg/L)	11,9	Saturation O <sub>2</sub> (%)	117
pH	8,2		

Remarques



- Fiches terrain -

Fiche station CLA\_6

Désignation station

Cours d'eau Clarence Commune Pernes / rue du 8 mai  
Date et heure prélèvement 18/06/2025 15:40 Météo -  
Structure FD62

Description du point de prélèvement

Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	2,35
Vitesse estimée (cm/s)	25-75	Hauteur d'eau (cm)	40
Limpidité	forte	Coloration	incolore
Colmatage	fort	Ombrage	semi-ouvert
Volume total filtré (mL)	3360	Nombre d'échantillons	3

Mesures physico-chimiques

Température eau (°C)	14,0	Conductivité (µS)	593
Concentration O <sub>2</sub> (mg/L)	11,1	Saturation O <sub>2</sub> (%)	107
pH	7,7		

Remarques



**FISH  
PASS**

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

- Fiches terrain -

Fiche station MAR\_1

Désignation station

Cours d'eau Ruisseau du Marest  
Date et heure prélèvement 18/06/2025 15:00  
Structure FD62

Description du point de prélèvement

Faciès d'écoulement lotique  
Vitesse estimée (cm/s) 5-25  
Limpidité moyenne  
Colmatage fort  
Volume total filtré (mL) 2820

Largeur mouillée (m) 2,20  
Hauteur d'eau (cm) 10  
Coloration légèrement colorée  
Ombrage semi-ouvert  
Nombre d'échantillons 3

Mesures physico-chimiques

Température eau (°C) 13,7  
Concentration O<sub>2</sub> (mg/L) 10,6  
pH 7,9

Conductivité (µS) 630  
Saturation O<sub>2</sub> (%) 101

Remarques



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

- Fiches terrain -

Fiche station NAV_1			
Désignation station			
Cours d'eau	Nave	Commune	Robecq amont pont chemin des Hallès
Date et heure prélèvement	18/06/2025 09:00	Météo	-
Structure	FD62		
Description du point de prélèvement			
Faciès d'écoulement	lentique	Largeur mouillée (m)	3,20
Vitesse estimée (cm/s)	<5	Hauteur d'eau (cm)	63
Limpidité	faible	Coloration	très colorée
Colmatage	fort	Ombrage	ouvert
Volume total filtré (mL)	1620	Nombre d'échantillons	3
Mesures physico-chimiques			
Température eau (°C)	21,6	Conductivité (µS)	1342
Concentration O <sub>2</sub> (mg/L)	2,0	Saturation O <sub>2</sub> (%)	23
pH	7,4		
Remarques	-		



- Fiches terrain -

Fiche station NAV\_2

Désignation station

Cours d'eau Nave  
Date et heure prélèvement 19/06/2025 09:15  
Structure FD62

Description du point de prélèvement

Faciès d'écoulement lotique  
Vitesse estimée (cm/s) 5-25  
Limpidité moyenne  
Colmatage fort  
Volume total filtré (mL) 2760

Largeur mouillée (m) 2,45  
Hauteur d'eau (cm) 30  
Coloration légèrement colorée  
Ombrage ouvert  
Nombre d'échantillons 3

Mesures physico-chimiques

Température eau (°C) 17,8  
Concentration O<sub>2</sub> (mg/L) 7,6  
pH 7,6

Conductivité (µS) 651  
Saturation O<sub>2</sub> (%) 73

Remarques



**FISH  
PASS**



**SCIMABIO** *interface*

science-management interface for biodiversity conservation

- Fiches terrain -

Fiche station NAV_3			
Désignation station			
Cours d'eau	Nave	Commune	Lilliers 40m aval D188
Date et heure prélèvement	19/06/2025 09:50	Météo	-
Structure	FD62		
Description du point de prélèvement			
Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	1,75
Vitesse estimée (cm/s)	5-25	Hauteur d'eau (cm)	10
Limpidité	moyenne	Coloration	légèrement colorée
Colmatage	-	Ombrage	semi-ouvert
Volume total filtré (mL)	2040	Nombre d'échantillons	3
Mesures physico-chimiques			
Température eau (°C)	18	Conductivité (µS)	669
Concentration O <sub>2</sub> (mg/L)	9,8	Saturation O <sub>2</sub> (%)	102
pH	7,8		
Remarques	-		



- Fiches terrain -

Fiche station NAV_4			
Désignation station			
Cours d'eau	Nave	Commune	Lespess / 10m aval pont Ru du Paradis
Date et heure prélèvement	19/06/2025 10:30	Météo	-
Structure	FD62		
Description du point de prélèvement			
Faciès d'écoulement	lotique	Largeur mouillée (m)	1,90
Vitesse estimée (cm/s)	5-25	Hauteur d'eau (cm)	8
Limpidité	moyenne	Coloration	légèrement colorée
Colmatage	fort	Ombrage	semi-ouvert
Volume total filtré (mL)	2280	Nombre d'échantillons	3
Mesures physico-chimiques			
Température eau (°C)	16,6	Conductivité (µS)	604
Concentration O <sub>2</sub> (mg/L)	10,1	Saturation O <sub>2</sub> (%)	102
pH	7,8		
Remarques	-		

