

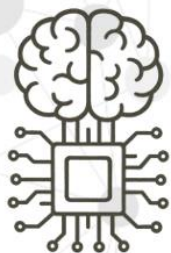


ONE HEALTH

Innovation

R&D

*Recherche
Partenariale*



RAPPORT FINAL

Restitution des résultats

25-A.O.I-03

Prélèvements et analyses d'eau dans les estuaires et les ports maritimes du bassin Artois-Picardie pour inventorier les espèces de poissons par ADN environnemental

 **QUALYSE**
Ensemble pour un territoire sain et sûr



La Rochelle, le 28 mai 2026,
Version 2

Contacts :

Tony AGION

tony.agion@qualyse.fr

Arno BRINGER

arno.bringer@qualyse.fr

SOMMAIRE

1 - RAPPEL DU CONTEXTE	3
2 - MATERIELS & METHODES	4
2.1 - STATIONS D'ECHANTILLONAGE	4
2.2 - PRELEVEMENTS D'EAU & MESURES IN-SITU	14
2.2.1 - MESURES IN-SITU	14
2.2.2 - FILTRATIONS ADNe.....	14
2.3 - ANALYSES EN LABORATOIRE	18
2.3.1 - EXTRACTION DE L'ADNe	18
2.3.2 - AMPLIFICATION CIBLEE.....	18
2.3.3 - REALISATION DES LIBRAIRIES et SEQUENCAGE.....	19
2.3.4 - CONTROLES QUALITES	19
2.4 - BIOINFORMATIQUE.....	20
3 - RESULTATS	21
3.1 - INFORMATIONS GENERALES SUR LE SEQUENÇAGE	21
3.2 - ASSIGNATION TAXONOMIQUE - ADNE	22
3.3 - MESURES PHYSICO-CHIMIQUES.....	25
4 - RICHESSES SPECIFIQUES	26
4.1 - GUILDE ECOLOGIQUE	26
4.2 - DISCUSSION DES RESULTATS DES ESTUAIRES	28
4.2.1 - ESTUAIRE DE LA SOMME.....	28
4.2.2 - ESTUAIRE DE LA CANCHE	30
4.2.3 - ESTUAIRE DE LA SLACK	30
4.3 - DISCUSSION DES RESULTATS DES ZONES PORTUAIRES	33
4.3.1 - PORT DE BOULOGNE	33
4.3.2 - PORT DE DUNKERQUE OUEST.....	34
4.3.3 - PORT DE DUNKERQUE EST.....	34
4.3.4 - PORT DE CALAIS.....	35
5 - COMPARAISONS ADNE ET PECHEES AU CHALUT	37
5.1 - ESTUAIRES	37
5.2 - ZONES PORTUAIRES.....	44
6 - CONCLUSIONS & AXES D'AMELIORATIONS.....	45
7 - BIBLIOGRAPHIE	48
8 - ANNEXES	51

LEXIQUE

ADN : Acide Désoxybonucléique

Amorce : courte séquence d'ARN ou d'ADN servant de point de départ à la synthèse du brin complémentaire de la séquence cible par une polymérase.

ASV : Amplicon Sequence Variants (ou variants de séquence d'amplicon) représentent des séquences d'ADN uniques, corrigées des erreurs et non regroupées.

Barcode : technique d'identification moléculaire permettant la caractérisation d'un échantillon à partir d'une courte séquence d'ADN de synthèse (marqueur distinctif).

Démultiplexage : Chaque échantillon est marqué par une séquence unique appelée barcode. Une fois les échantillons regroupés (pooler), ils peuvent être séquencés ensemble. À la fin du séquençage, le démultiplexage intervient pour réattribuer chaque séquence à son échantillon d'origine grâce à ces barcodes.

Librairies de séquençage : La préparation des librairies (ou banques) de séquençage est la première étape du séquençage, où les ADN doivent être isolés, fragmentés, réparés aux extrémités et liés de façon covalente à des adaptateurs au moyen de protocoles de ligation.

PCR : Polymerase Chain reaction (ou réaction de polymérase en chaîne) permet de synthétiser de manière exponentiel les séquences ADN initialement présentes dans l'échantillon.

Pooler : Regroupement de plusieurs échantillons pour les analyser conjointement.

Trimming : étape de pré-traitement des données brutes de séquençage via la suppression des adaptateurs, des barcodes, des bases de mauvaise qualité et des lectures trop courtes. Cette étape permet d'améliorer la qualité et la fiabilité des données de séquençage.

DIA : Espèces diadromes /Amphihalines

Espèces dont le cycle biologique implique des migrations entre milieux marins et continentaux. Elles regroupent les espèces anadromes se reproduisant en eau douce après une croissance en mer, comme le saumon atlantique (*Salmo salar*), les espèces catadromes se reproduisant en mer après une croissance en eau douce ou en estuaire, comme l'anguille européenne (*Anguilla anguilla*). L'estuaire constitue un corridor de transition essentiel pour ces espèces.

FW : Espèces d'eau douce

Espèces principalement inféodées aux milieux continentaux, présentes surtout dans les secteurs amont ou faiblement salés des estuaires. Leur présence traduit l'influence fluviale, la connectivité avec le bassin versant et les conditions oligohalines.

ER : Espèces résidentes estuariennes

Espèces capables d'accomplir tout ou partie majeure de leur cycle de vie dans l'estuaire. Elles sont adaptées aux variations de salinité, de turbidité, de température et d'oxygène caractéristiques des eaux de transition.

MJ : Espèces marines juvéniles

Espèces marines utilisant l'estuaire principalement au stade juvénile comme zone de nourricerie, de refuge et d'alimentation avant de rejoindre les habitats côtiers ou marins adultes.

MA: Espèces marines adventices

Espèces marines fréquentant l'estuaire de manière occasionnelle ou opportuniste, sans dépendance forte à ce milieu pour leur cycle biologique. Leur présence reflète surtout l'ouverture marine et les échanges avec le domaine côtier adjacent.

1 - RAPPEL DU CONTEXTE

Dans le cadre de la Directive cadre sur l'eau (DCE) de l'Union européenne des suivis de poissons des masses d'eau de transition (MET) sont réalisés afin d'évaluer l'état biologique des eaux littorales. La façade maritime du bassin hydrographique Artois-Picardie a la particularité de comprendre des ports de commerce parmi ses MET.

La diversité des poissons des ports reste encore mal connue contrairement à celle des estuaires de la Somme, de la Canche et de l'Authie qui bénéficient de suivis réguliers dans le cadre de la DCE. Afin de disposer de données de base sur les poissons des eaux portuaires, un inventaire des espèces en présence est nécessaire. Cette première connaissance permettrait de définir une surveillance adéquate des poissons dans les ports. De plus, une meilleure appréciation des espèces de poissons en présence dans les estuaires pourra être mobilisée pour faire évoluer les indicateurs DCE, tout en apportant des informations complémentaires sur les estuaires moins suivis comme celui de la Slack.

L'inventaire des espèces par ADN environnemental (ADNe) est une technique analytique qui se développe depuis plusieurs décennies. Cette méthode non-destructrice permet d'identifier une variété de taxons (ex : poissons, mammifères, invertébrés, plantes) dans plusieurs types de matrices (ex : eau, sédiment). Cette technique d'inventaire s'est considérablement développée ces dernières années dans les milieux aquatiques et plus particulièrement dans les eaux littorales. Il devient ainsi possible de réaliser des prélèvements et des analyses en routine afin d'améliorer la connaissance de la richesse et de la répartition de la biodiversité marine.

Afin de contribuer à une meilleure compréhension de la biodiversité ichtyologique dans les milieux estuariens et portuaires du bassin Artois-Picardie, cette étude s'inscrit dans une dynamique de collaboration scientifique active avec l'Agence de l'Eau Artois-Picardie, au service d'un suivi environnemental renforcé, précis et rigoureux.

2 - MATERIELS & METHODES

2.1 - STATIONS D'ECHANTILLONAGE

Les prélèvements réalisés ont suivi la stratégie d'échantillonnage validée par l'AEAP (cf. en Annexe 1).

Tableau 1. Sites de prélèvements retenus

Numéro station	Site	Secteur	Mode de prélèvement	Coordonnées GPS (degrés décimaux)	
				N	E
1	Estuaire de la Somme	Aval	Navire support	50.21 2723	1.597049
2	Estuaire de la Somme	Amont	Navire support	50.183567	1.64444
3	Estuaire de l'Authie	Aval	Navire support	50.381 258	1.573507
4	Estuaire de l'Authie	Amont	Navire support	50.369864	1.61 3452
5	Estuaire de la Canche	Aval	Navire support	50.5481 53	1.592585
6	Estuaire de la Canche	Amont	Navire support	50.51 9997	1.623888
7	Port de Boulogne	Secteur 2	Navire support	50.729342	1.566782
8	Port de Boulogne	Liane (aval)	Navire support	50.729384	1.5921 98
9	Estuaire de la Slack	Aval	A pied	50.80601 7	1.6031 78
10	Port de Calais	Avant Port	Navire support	50.967809	1.844026
11	Port de Calais	Bassin des chasses	A pied	50.959048	1.833882
12	Port Ouest Dunkerque	Avant Port	Navire support	50.5481 53	1.592585
13	Port Ouest Dunkerque	Bassin Atlantique	Navire support	50.51 9997	1.623888
14	Port Est Dunkerque	Bassin Mardick	Navire support	51.039592	2.263793
15	Port Est Dunkerque	Bassin evolution	Navire support	51.047565	2.353528

La Figure 1 présente la répartition spatiale des différents points de prélèvement réalisés lors de la campagne ADNe au sein des estuaires et zones portuaires investigués.

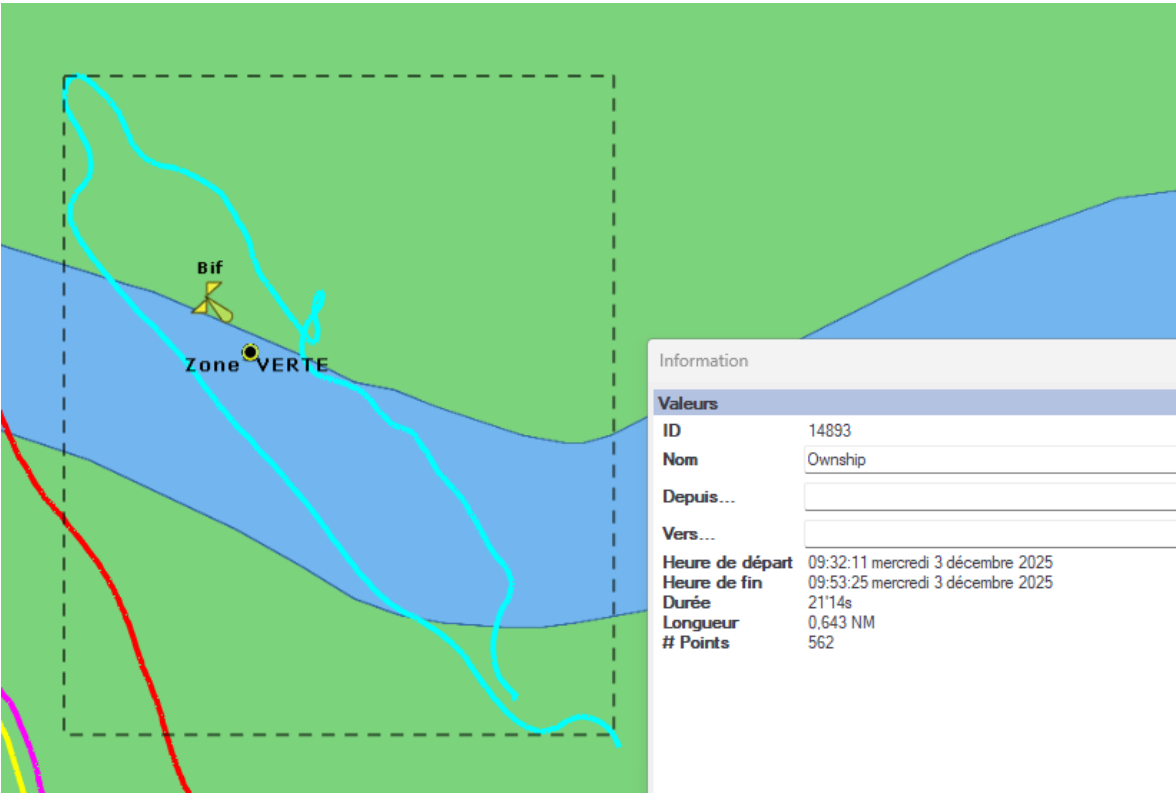


Figure 1. Carte synthétique des différents points de prélèvements lors des campagnes ADNe.

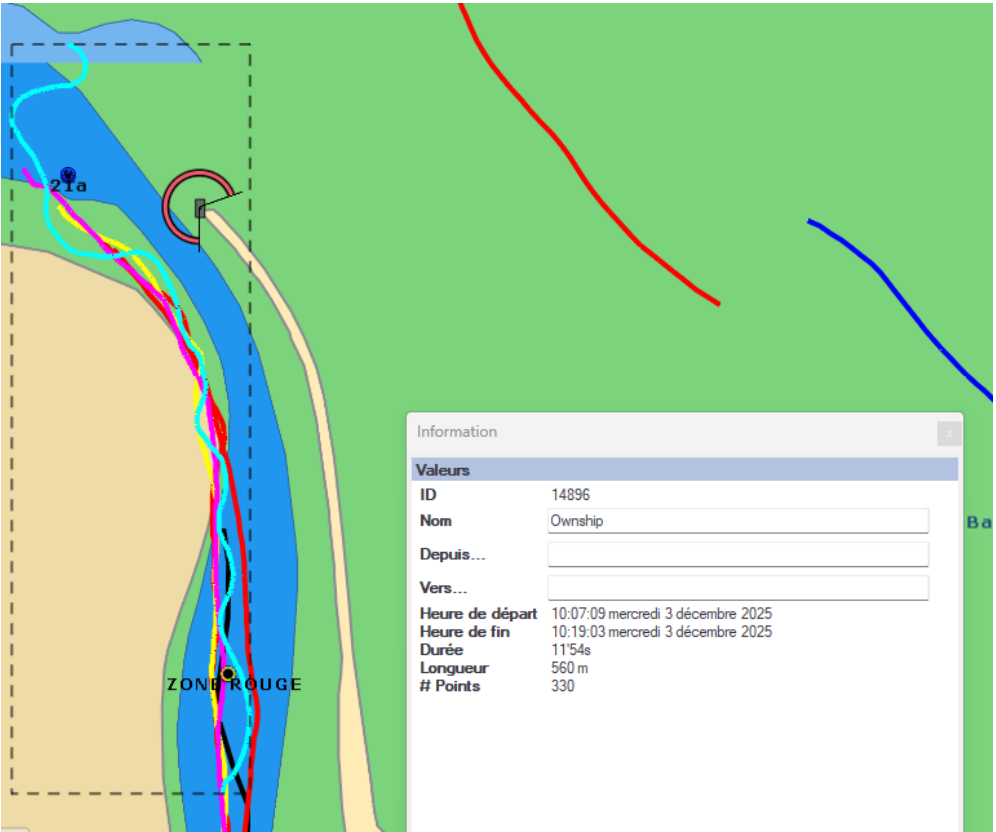
Les mesures *in-situ* ont été réalisées aux points GPS précisés dans la stratégie d'échantillonnage.

Les cartographies associées aux transects de filtration réalisés sur l'ensemble des sites échantillonnés sont présentées ci-après.

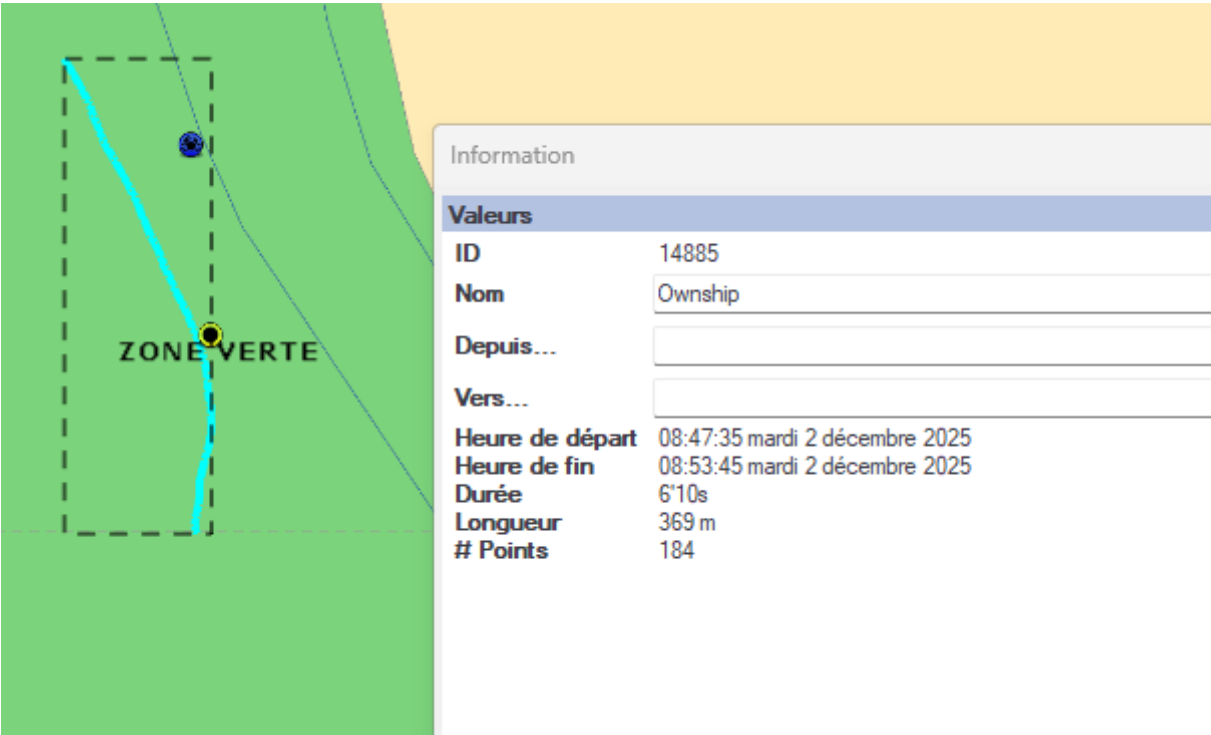
Estuaire de la Somme - Zone verte Aval



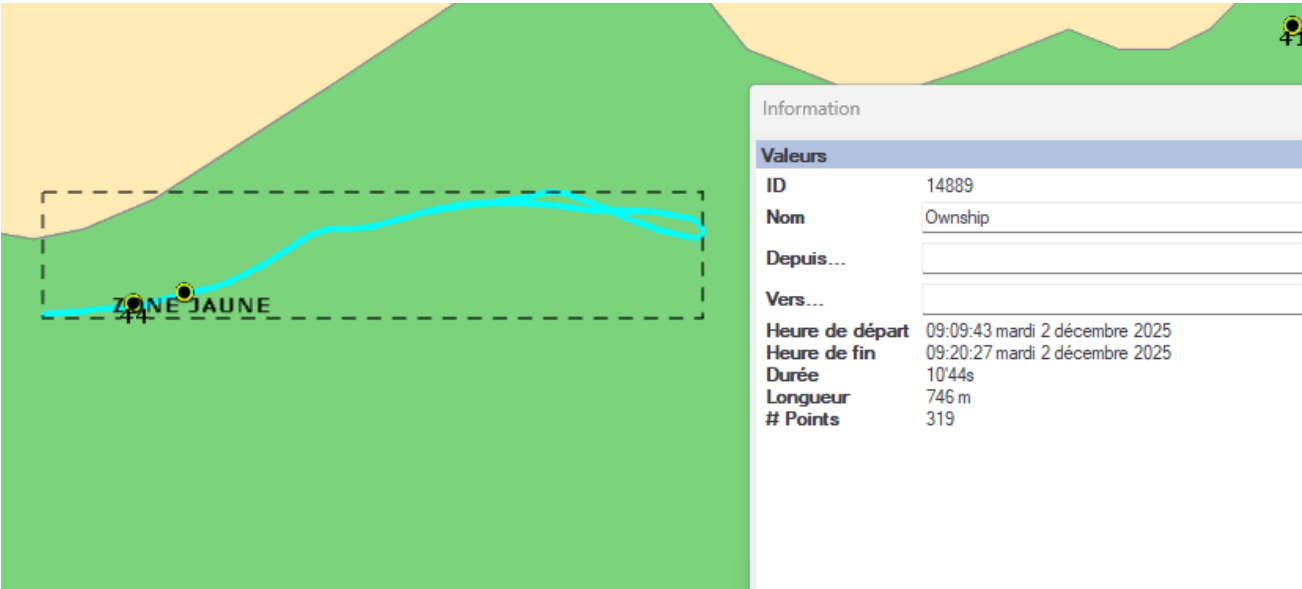
Estuaire de la Somme - Zone rouge Amont



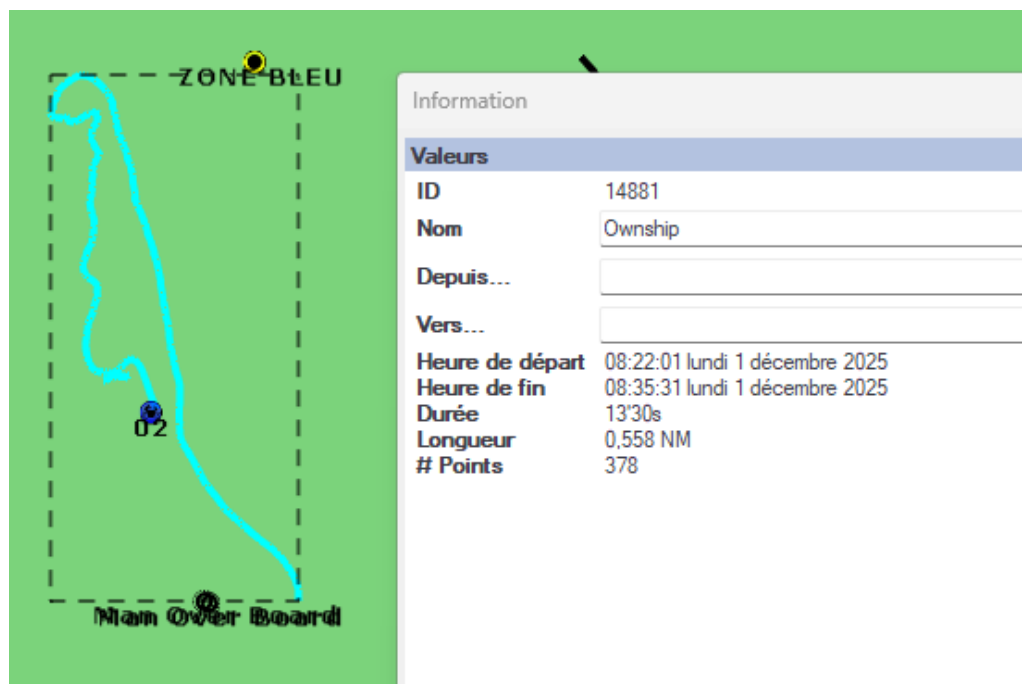
Estuaire de l'Authie - Zone verte Aval



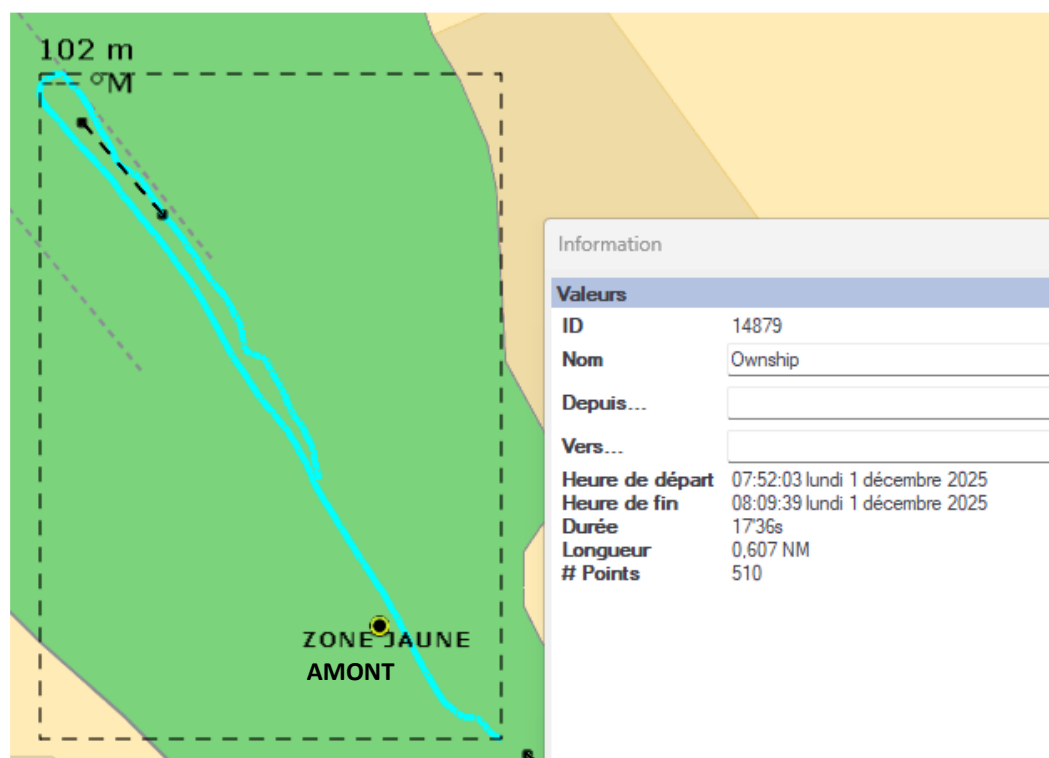
Estuaire de l'Authie - Zone jaune Amont



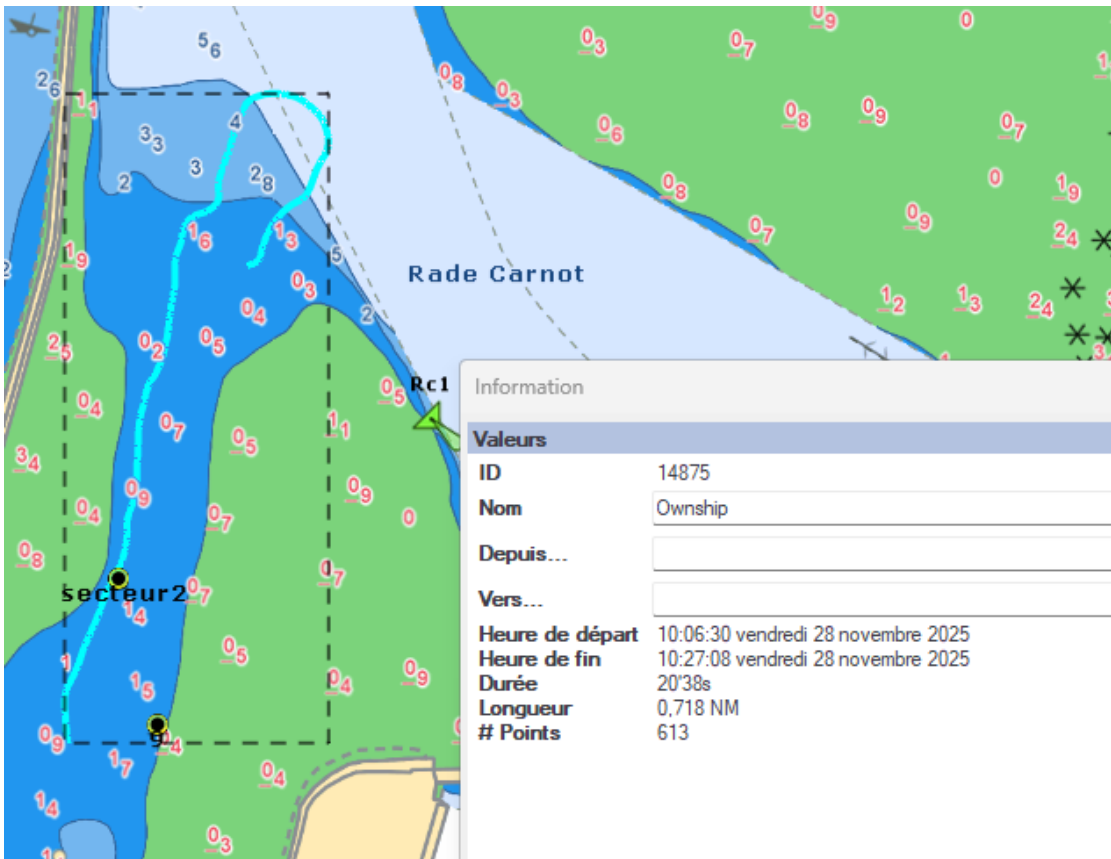
Estuaire de la Canche - Zone bleue Aval



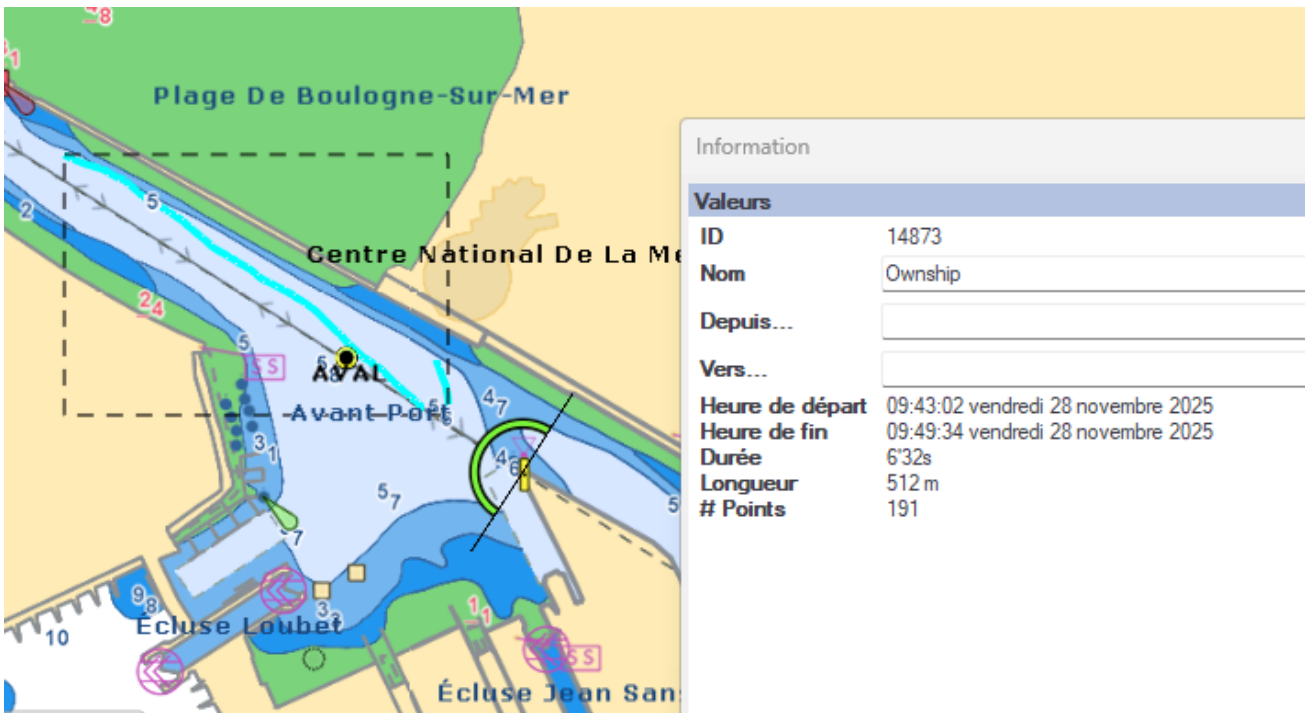
Estuaire de la Canche - Zone jaune Amont



Boulogne - Secteur 2



Boulogne - Aval Liane



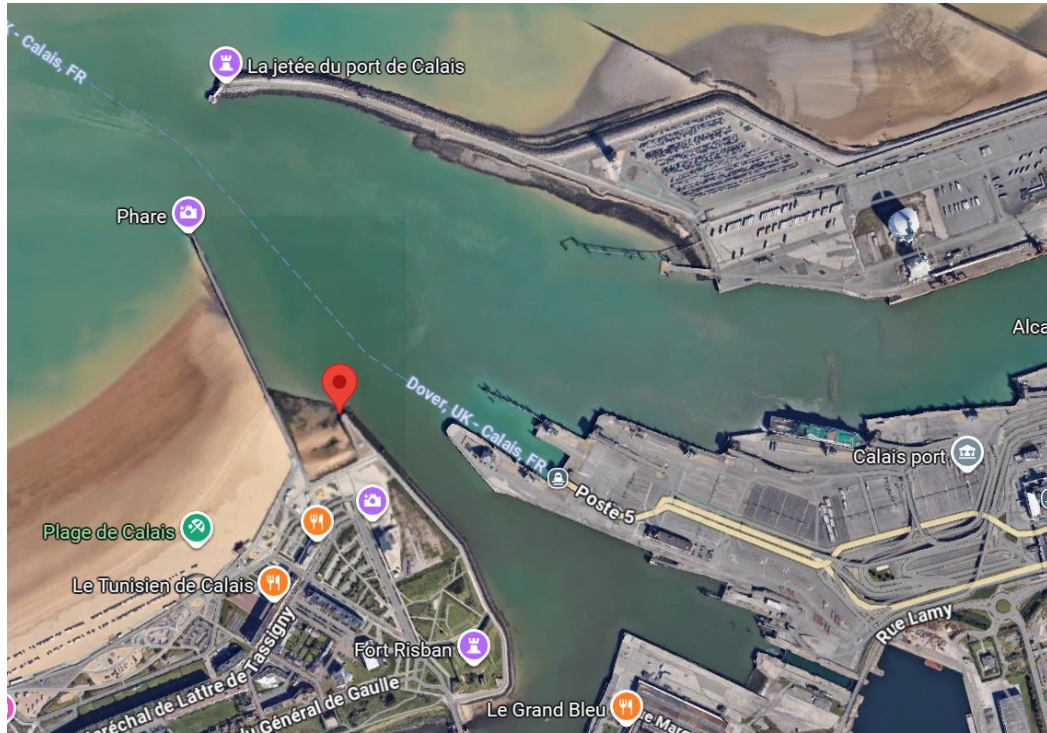
Slack – A pied

Pas de transects sur ce point.



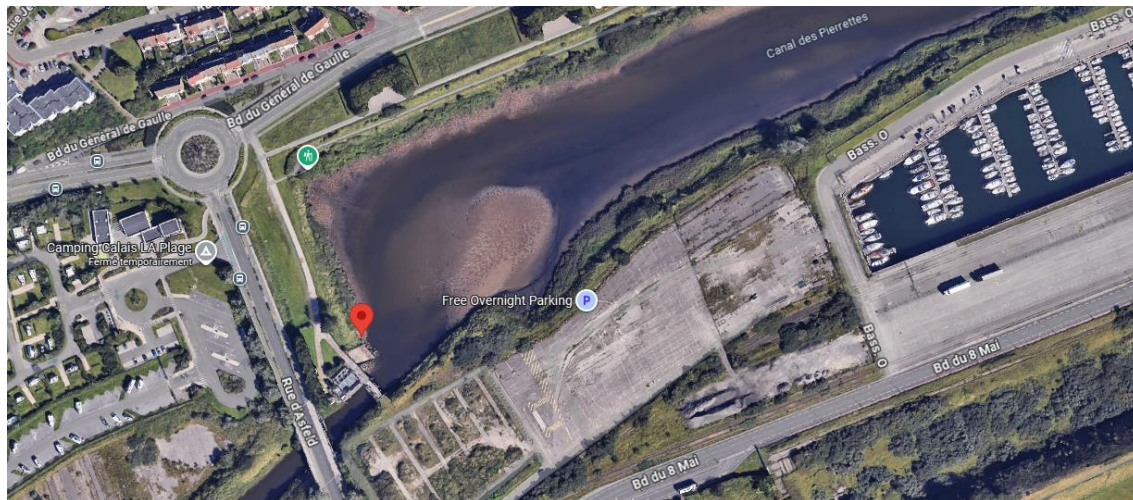
Calais – Ponton – AVANT PORT

Pas de transects sur ce point.

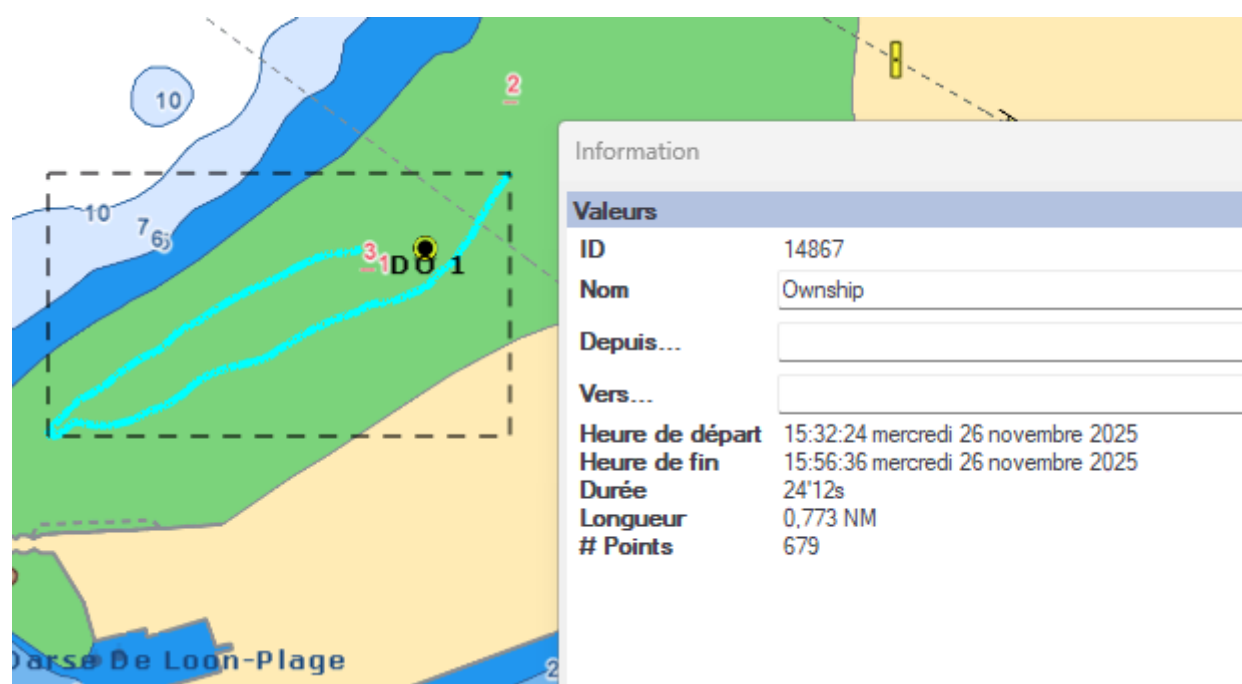


Calais – Bassin des chasses

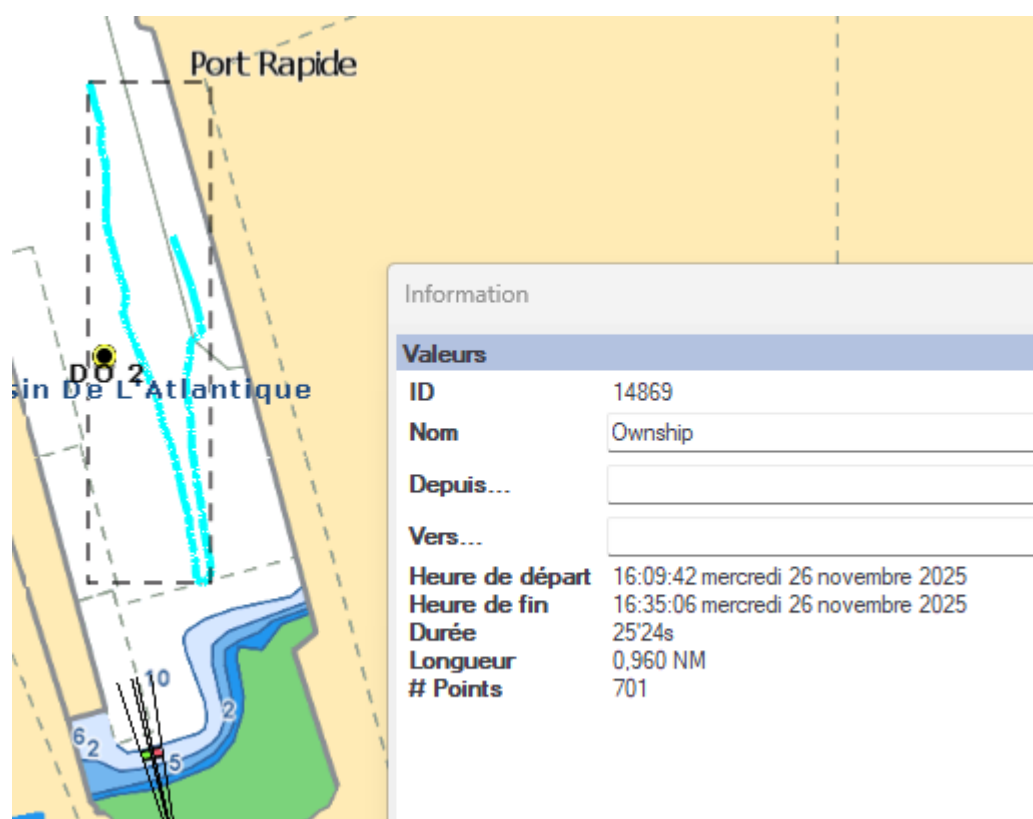
Pas de transects sur ce point.



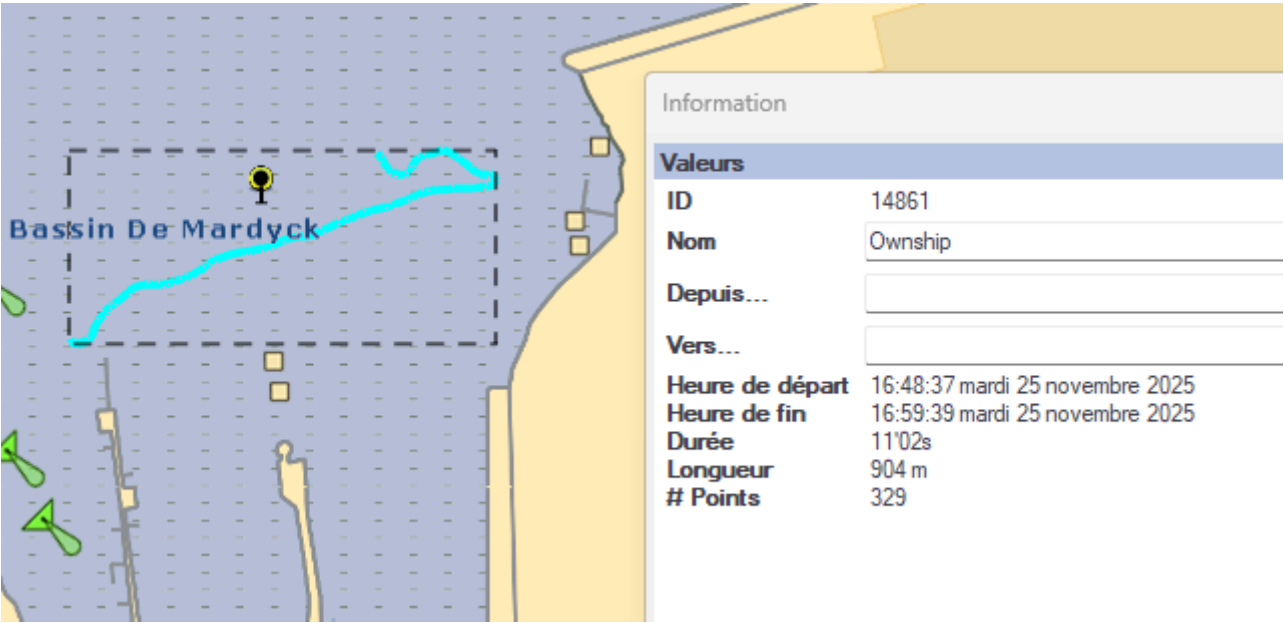
Dunkerque Ouest - Avant Port



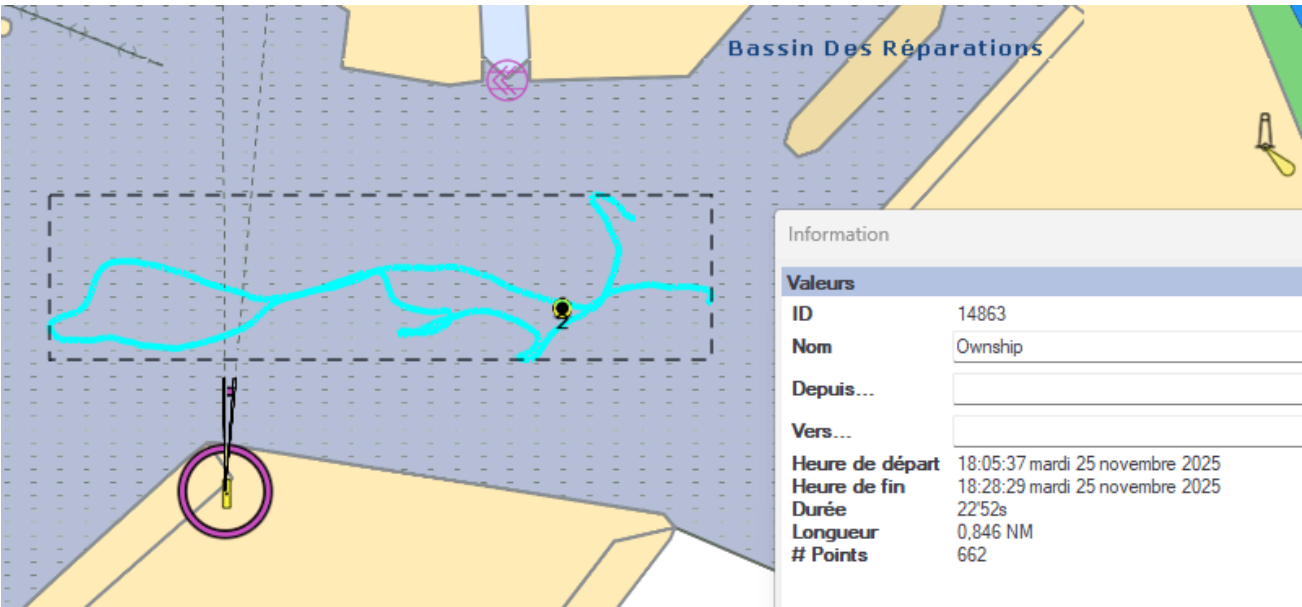
Dunkerque Ouest - Basin Atlantique ouvert



Dunkerque Est - Bassin de Mardyck



Dunkerque Est - Bassin d'Evolution



2.2 - PRELEVEMENTS D'EAU & MESURES IN-SITU

2.2.1 - MESURES IN-SITU

Les sites ont été caractérisés à l'aide de mesures *in situ* (Figure 2) :

- Température (°C)
- pH
- Oxygène dissous (mg/L)
- Saturation en Oxygène (%)
- Turbidité
- Conductivité
- Salinité



Figure 2. Sonde multi paramètres physico-chimiques © NKE

Toutes les coordonnées GPS des stations ont été relevées en degré minutes décimales (WGS 84). Toutes les informations sont détaillées dans le tableur envoyé à l'AEAP après prélèvements (cf. Annexe 2).

2.2.2 - FILTRATIONS ADNe

Sur chaque secteur, trois répliquats ont été filtrés simultanément à l'aide de capsules stériles WATERRA (Figure 3), grâce à l'utilisation de trois pompes portatives installées en parallèle au sein d'une mallette de terrain dédiée. Cette configuration garantit la robustesse et la comparabilité des répliquats en limitant les biais temporels.



Figure 3. Pompe de filtration pour ADNe avec filtre WATERRA

Afin de prévenir tout risque de contamination croisée entre les sites, des kits stériles ont été utilisés entre chaque nouveau site d'échantillonnage. Les capsules de filtration sont positionnées en amont des tuyaux et des pompes minimisant ainsi les risques de contamination. La taille de pores des filtres à ADNe de 0.45µM (Figure 4) a été retenue afin d'assurer une détection optimale de l'ADN de poissons tout en tenant compte de la turbidité potentielle de l'eau.

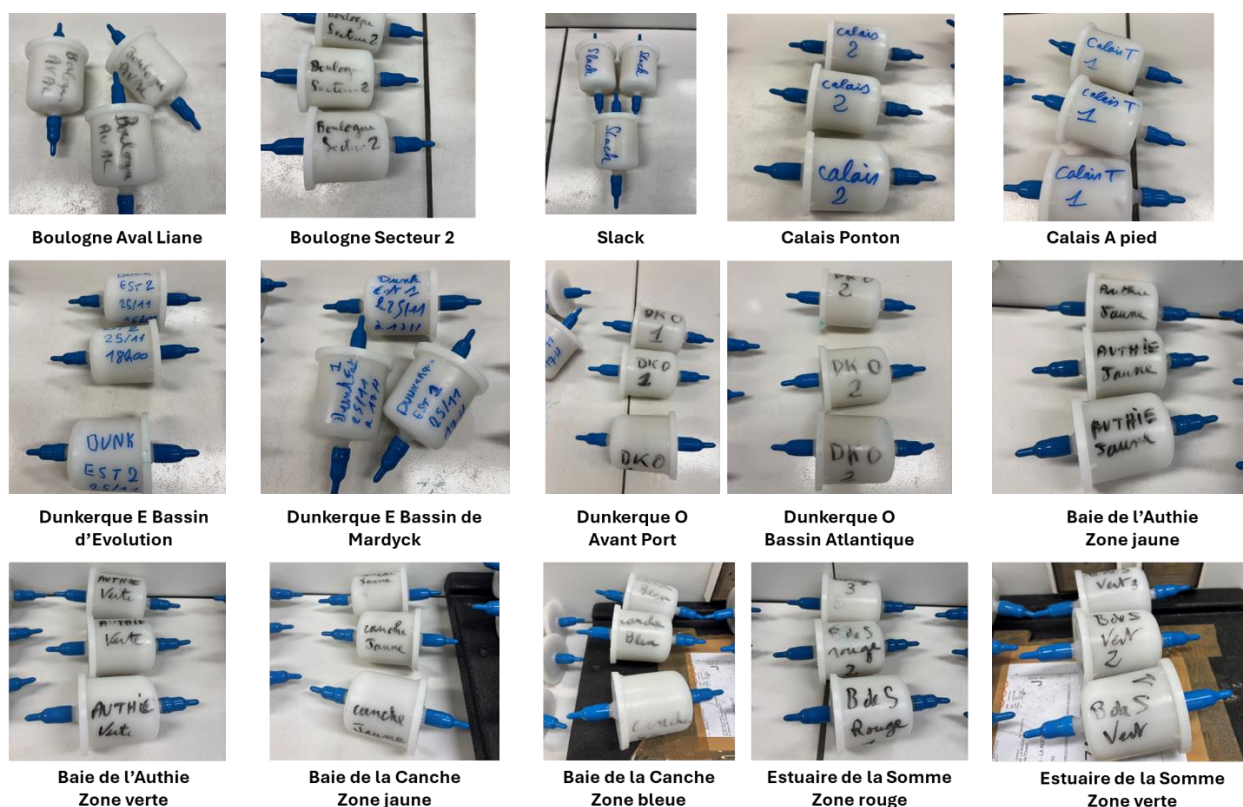


Figure 4. Capsules de filtrations (3 réplicats pour chaque secteur)

Les volumes filtrés pour chaque échantillon sont présentés dans le Tableau 2.

Tableau 2. Localisation des sites échantillonnés et volumes d'eau filtrés par répliat lors de la campagne ADNe réalisée dans les milieux estuariens et portuaires du bassin Artois-Picardie en 2025.

Sites	Secteurs	Coordonnées GPS (N)	Coordonnées GPS (E)	Volume filtré R1 (L)	Volume filtré R2 (L)	Volume filtré R3 (L)	Volume filtré moyen (L)
Estuaire de la Somme	Aval	50.212723	1.597049	10.5	10.5	7.3	9.4
Estuaire de la Somme	Amont	50.183567	1.64444	4.9	11	3.2	6.4
Estuaire de l'Authie	Aval	50.381258	1.573507	11	10	6	9
Estuaire de l'Authie	Amont	50.369864	1.613452	19	20	29	22.7
Estuaire de la Canche	Aval	50.548153	1.592585	23	38	35	32
Estuaire de la Canche	Amont	50.519997	1.623888	28	27	51	35.3
Boulogne	Secteur 2	50.729342	1.566782	53	33	76	54
Boulogne	Aval Liane	50.729384	1.592198	11.5	4.6	7.6	7.9
Estuaire de la Slack	Aval	50.806017	1.603178	3	2	5	3.3
Calais	Avant Port	50.967832	1.843971	35	37	50	40.7
Calais	Bassin des chasses	50.959048	1.833882	7	8	22	12.3
Dunkerque Ouest	Avant Port	51.026687	2.182252	54	57	63	58
Dunkerque Ouest	Basin Atlantique ouvert	51.006689	2.179376	68	64	90	74
Dunkerque Est	Bassin de Mardyck	51.039592	2.263793	12	11	18	13.7
Dunkerque Est	Bassin d'Evolution	51.047565	2.353528	46	52	67	55

Après filtration, le tampon de conservation (Figure 5) stérile Longmire (Edmunds et Burrows 2020) a été utilisé pour garantir une bonne préservation des ADN avant leur extraction. 50mL de tampon de conservation a été inséré dans chaque capsule après filtration pour conservation des ADN. Les échantillons ont ensuite été étiquetés de manière unique avec un identifiant lisible (code site/date/répliat), et placés dans une glacière isotherme avant leur dépôt dans un réfrigérateur une fois retournée à terre.

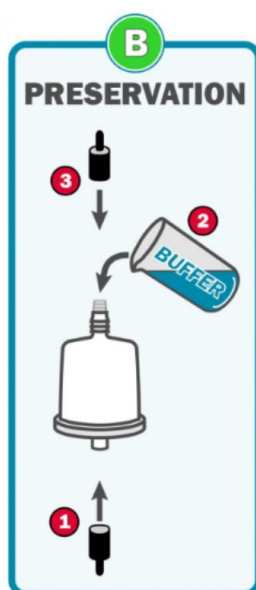


Figure 5. Ajout du tampon dans les filtres WATERRA

Tous les filtres ont été expédiés vers notre site de Tulle par navette. Bien que les échantillons soient fixés avec un tampon de conservation adapté, un transport à 5 °C a été assuré afin de garantir l'intégrité des ADN extraits. Cette précaution limite la dégradation éventuelle des acides nucléiques et optimise la fiabilité des analyses ultérieures.

2.3 - ANALYSES EN LABORATOIRE

2.3.1 - EXTRACTION DE L'ADNe

Avant l'extraction d'ADN, les capsules Waterra ont été agitées vigoureusement pendant 5 minutes à l'aide d'un shaker rotatif afin de remettre en suspension l'ADN dans le tampon de préservation. Le tampon contenant l'ADN a ensuite été transféré dans un tube Falcon de 50 mL puis centrifugé 15 minutes à 15 000 g (Pont et al. 2018). L'ADN présent dans le culot a ensuite été extrait à l'aide du kit ZymoBIOMICS™ DNA Miniprep Kit (Zymo Research). Ce kit est particulièrement adapté aux échantillons environnementaux complexes, notamment ceux contenant une forte charge particulaire et des inhibiteurs potentiels.

L'ensemble des manipulations a été réalisé en conditions contrôlées dans un laboratoire dédié à l'ADN environnemental, avec port d'équipements de protection individuelle et application de procédures strictes visant à éviter toute contamination. Les extractions ont été effectuées en séries, incluant des contrôles négatifs d'extraction afin de vérifier la qualité et les éventuelles contaminations.

Les concentrations finales d'ADN ont été quantifiées au Qubit (Thermo), ce qui a permis d'évaluer la quantité d'ADN environnemental récupérée en fonction des différents échantillons. Les contrôles négatifs ont également été intégrés afin de surveiller d'éventuelles contaminations lors de cette étape.

2.3.2 - AMPLIFICATION CIBLEE

Les amplifications PCR ont été réalisées dans les locaux du plateau de génomique de Tulle à l'aide des couples d'amorces *Teleo_F* et *Teleo_R* décrites par Valentini et al (2016) pour l'amplification du gène 12S chez les téléostéens, et *Elas02_F* et *Elas02_R* décrites par Taberlet et al (2018) chez les élasmobranches. Par la suite, les analyses et résultats obtenus pour chacun de ces couples d'amorces seront désignés respectivement sous les appellations *Teleo* et *Elas02*.

Les réactions ont été réalisées dans un volume de 20 µL à l'aide du MasterMix Qiagen sur 45 cycles d'amplification aux températures d'hybridations de 55°C et 54°C respectivement pour les amorces *Teleo* et *Elas02*.

Les séquences forward des amorces ont été taguées à leur extrémité 5' afin de pouvoir réaliser 5 répliques PCR sur chacun des échantillons (Figure 5). Des contrôles négatifs PCR ont été intégrés à chaque série d'amplification pour détecter de potentielles contaminations. Les produits de PCR ont ensuite été contrôlés par migration sur système capillaire (Calliper) afin de s'assurer de la présence de produits d'amplification aux tailles attendues. Suite à cela, les 5 répliques de PCR réalisés par échantillon ont été poolés dans un même tube comme représenté sur le schéma ci-dessous :

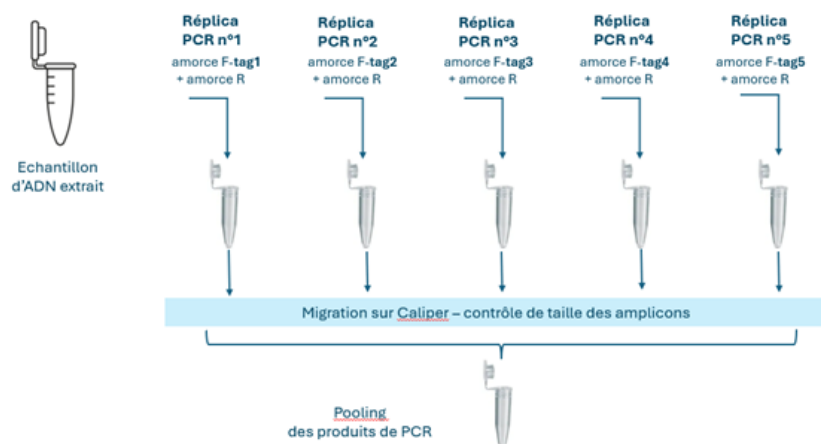


Figure 6. Schéma représentatif de l'ajout de séquences (ou TAG) pour identifier les cinq réplicats de PCR.

2.3.3 - REALISATION DES LIBRAIRIES et SEQUENCAGE

Les produits de PCR poolés par échantillon ont dans un premier temps été purifiés à l'aide de billes Ampure XP (Beckman Coulter) puis quantifiés au Qubit. Les bibliothèques ont ensuite été réalisées à l'aide du Ion Plus Fragment Library Kit (Thermo) en suivant les recommandations du fournisseur et chacun des échantillons a été associé à un barcode unique.

Enfin, la qualité du pool de bibliothèques a été vérifiée à l'aide d'un système de migration capillaire (Caliper), pour contrôler la taille des fragments et l'intégrité des amplicons. La quantification du pool final a ensuite été réalisée par PCR quantitative à l'aide du kit Ion Universal Library Quantification (Thermo). Deux pools bibliothèques équimolaires ont ensuite été réalisés pour les régions Teleo et Elas02 et déposés sur deux puces IonChip530 de 15 Gb. Le séquençage a finalement été réalisé sur un IonTorrent S5 Prime (Thermo).

2.3.4 - CONTROLES QUALITES

Après filtrage qualité (trimming des amorces et élimination des séquences aberrantes), 1 384 448 séquences et 4 768 817 séquences ont été conservées correspondant à 38% et 45% des séquences produites pour les marqueurs Teleo et Elas02.

Les témoins de laboratoire ont été séquencés dans un second temps et ne présentent aucune séquence.

2.4 - BIOINFORMATIQUE

Les différentes étapes de l'analyse ADNe réalisée sont à retrouver sur le schéma de la figure 7. L'analyse des données de séquençage débute par les étapes de trimming et de démultiplexage des données brutes de séquençage via des scripts bioinformatiques développés par *LDgenX*. Ces étapes ont permis de supprimer les barcodes IonTorrent et d'assigner chaque séquence à un réplicat de PCR et à un identifiant d'échantillon. La suite des analyses a été réalisée sur les fichiers FastQ de séquençage par échantillon et par réplicat de PCR. Les données ont ensuite été intégrées dans le pipeline d'analyse SAMBA V4.0 (Noel et al. 2021) contenant les étapes suivantes :

- QIIME2 pour le nettoyage des données (données manquantes au sein de la séquence, longueur de la lecture différente de l'attendu, élimination des chimères de PCR) et l'inférence des ASVs (clustering sous un même ASV des séquences similaires à 97%) ;
- Dada2 pour le clustering des données de séquençage ;
- Attribution taxonomique à l'aide de la base de références de séquences MIDORI2 (Version : [GenBank268_2025-08-14](#) ; (Leray et al. 2022)

Les données brutes d'attribution ont ensuite été traitées à l'aide d'un script R interne pour supprimer du jeu de données (Figure 7) :

- les ASVs dont l'attribution est ambiguë et/ou multiple, c'est-à-dire plusieurs identifications d'espèces différentes à partir d'une même séquence ;
- les ASVs dont l'abondance est maximale dans un contrôle négatif (Témoin de laboratoire pour l'extraction ADN et témoins de PCR) dans le but d'éviter la prise en compte de contamination potentiel de l'échantillon lors des manipulations.

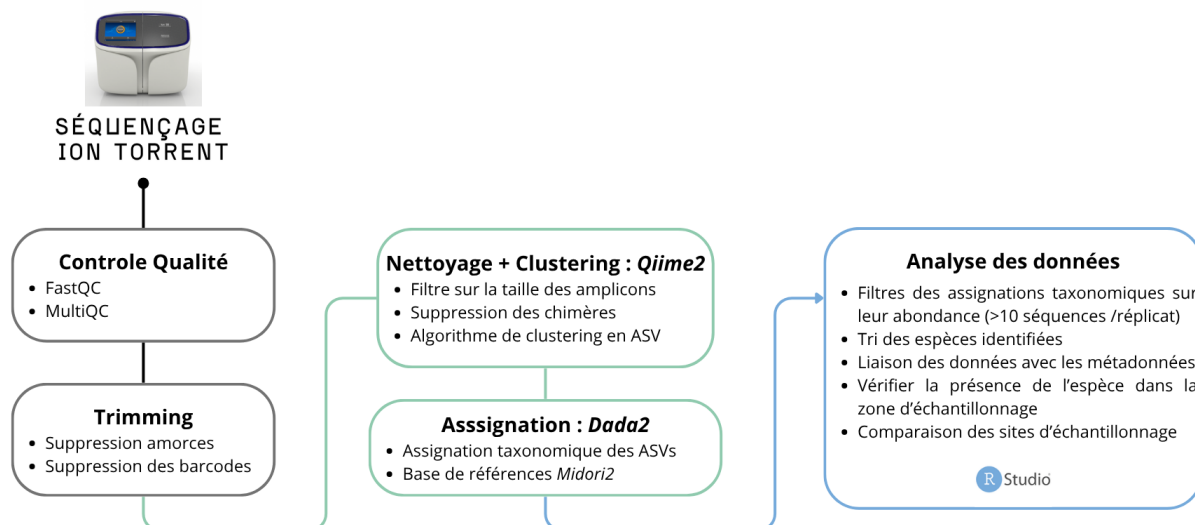


Figure 7. Schéma récapitulatif de l'analyse de données génétiques, du séquençage à la table taxonomique des espèces identifiées sur l'ensemble des sites du projet. Les couleurs des boîtes différencient les étapes, avec les contrôles qualités et le trimming (en gris), l'analyse ADNe avec Samba (en vert) et l'analyse des données obtenues pour chaque site (en bleu).

3 - RESULTATS

3.1 - INFORMATIONS GENERALES SUR LE SEQUENÇAGE

Les fichiers FastQ bruts obtenus après le séquençage IonTorrent ont été analysés pour vérifier leur qualité. Pour cela, l'outil MultiQC a été utilisé en combinant l'ensemble des fichiers de séquençage pour chacun des marqueurs utilisés ce qui nous a permis de valider les séquençages par couple d'amorces. Ensuite en parallèle, une analyse FastQC a été réalisée pour chaque échantillon un à un. Ces étapes de contrôle qualité ont été menées afin de détecter d'éventuelles erreurs de séquençage. Les résultats de ces contrôles qualités sont à retrouver dans le dossier Annexe 3.

Au vu des profils, tous les échantillons présentent des séquençages de bonnes qualités et aucun échantillon n'a ainsi été écarté de l'analyse à cette étape.

Le séquençage a généré un total de 3 643 284 séquences brutes pour le marqueur Teleo et 10 597 372 séquences brutes pour le marqueur Elas02. Le nombre de séquences moyen par échantillon est de 79 202 séquences avec un minimum de 2 481 séquences pour l'échantillon « Estuaire verte 3 » et un maximum de 111 594 séquences pour l'échantillon « Estuaire verte 2 » pour le marqueur Teleo (Figure 8). Le nombre de séquences moyen par échantillon est de 230 378 séquences avec un minimum de 153 674 séquences pour l'échantillon « Boulogne aval 1 » et un maximum de 540 552 séquences pour l'échantillon « Boulogne secteur 1 » pour le marqueur Elas02 (Figure 9).

Une synthèse du nombre de séquences par échantillon est à retrouver dans l'Annexe 4.

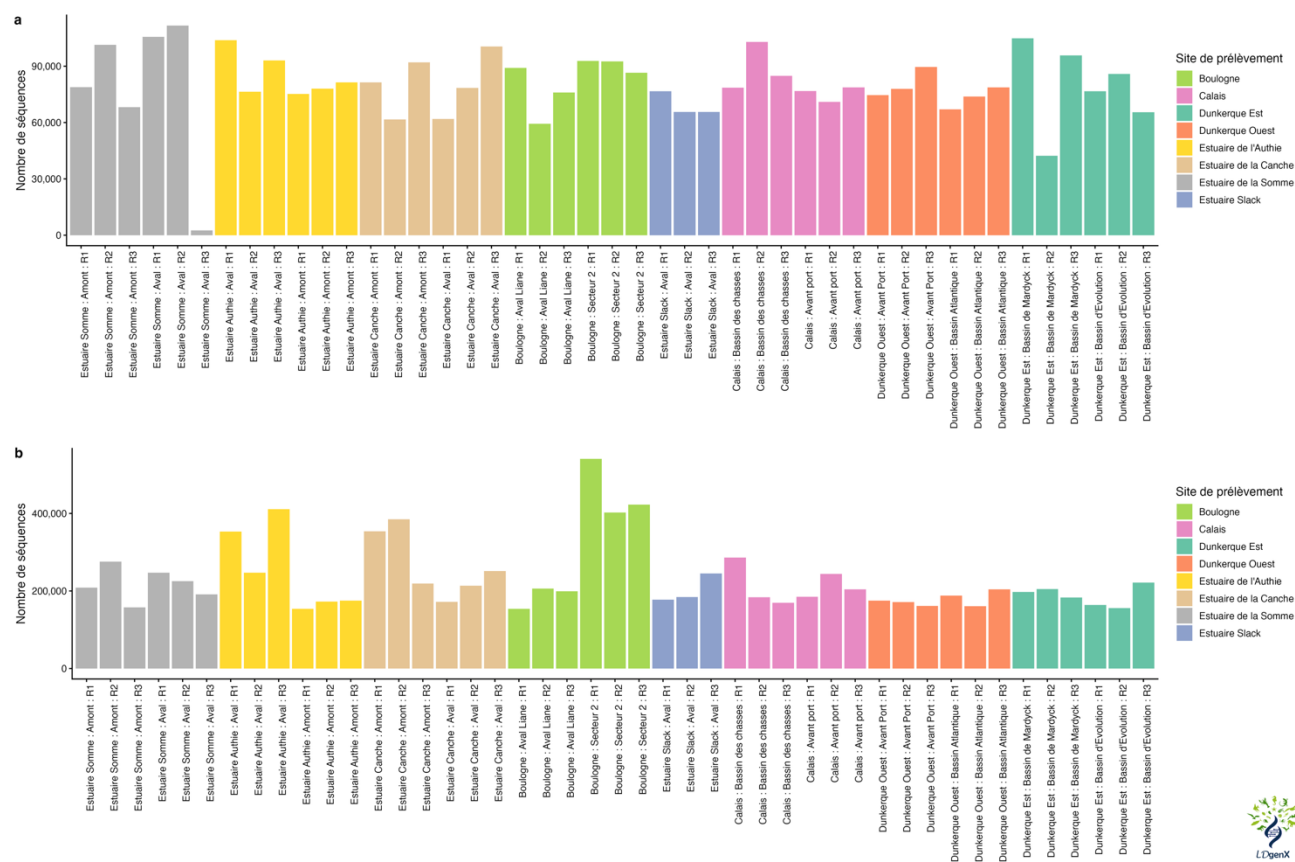


Figure 8. Nombre de séquences par prélèvement pour les deux marqueurs utilisés dans le projet, avec en (a) le nombre de séquences obtenues après séquençage du marqueur Teleo et en (b) le nombre de séquences obtenues après séquençage du marqueur Elas02. Chaque barre correspond à un échantillon regroupé par site de prélèvement selon les couleurs.

La taille moyenne des séquences est de 206 pb pour le marqueur Teleo et 239 pb pour le marqueur Elas02 (Figure 9). La longueur moyenne des séquences obtenues est conforme à la taille attendue des amplicons ciblés. Ce résultat reflète une amplification spécifique et une bonne qualité des données. La faible variabilité observée autour de cette moyenne est cohérente avec la nature conservée et courte des régions 12S utilisées.

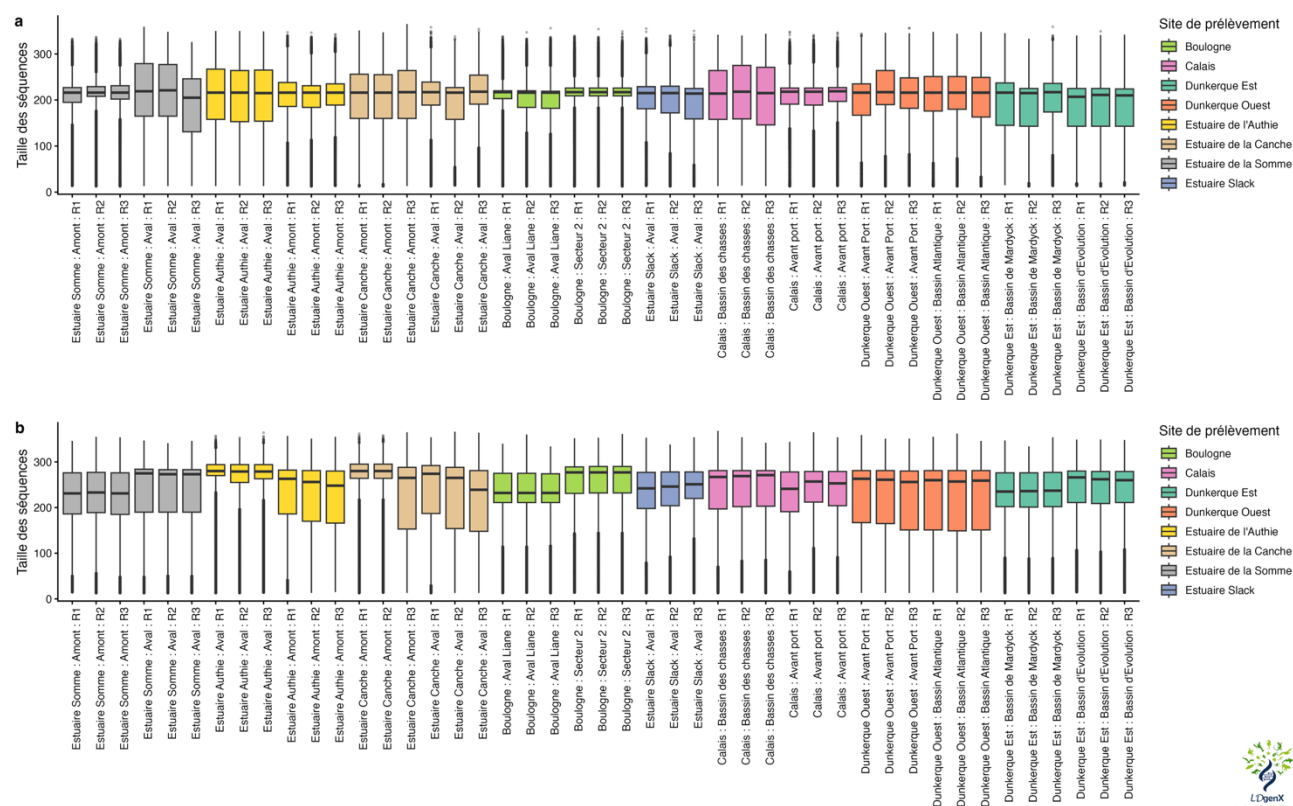


Figure 9. Taille des reads par prélèvement pour les deux marqueurs utilisés dans le projet, avec en (a) pour les séquences obtenues après séquençage du marqueur Téléo, et en (b) pour les séquences obtenues après séquençage du marqueur Elas02. Chaque boîte à moustache correspond à un échantillon regroupé par site de prélèvement selon les couleurs.

3.2 - ASSIGNATION TAXONOMIQUE - ADne

L'assignation taxonomique a été réalisée par alignement des ASV contre la base de données MIDORI2 (Version : [GenBank268_2025-08-14](#) ; Leray et al. 2022). Sur les 356 ASV détectés, 96 ont pu être assignés à une espèce appartenant à l'ichtyofaune.

La fraction d'ASV non assignés au niveau de l'espèce correspond principalement à des séquences avec peu d'information pour une assignation précise, ou bien des groupes pour lesquels les espèces ont des séquences Teleo et Elas02 trop proches. Ce résultat est attendu lors d'étude ADN environnemental avec du séquençage en court fragment.

La communauté dominante du jeu de données avec l'amorce Teleo est : Chordé.

La communauté dominante du jeu de données avec l'amorce Elas02 est : Chordé.

Les proportions relatives de séquences assignées montrent des variations de composition selon le site de prélèvement. On peut également voir que le marqueur Teleo a également amplifié d'autres groupes comme les échinodermes ou les arthropodes.

Au total, 23 taxons ont été identifiés avec le marqueur Teleo (Figure 10) et 13 taxons avec le marqueur Elas02 (Figure 11). La distribution de ces taxons varie selon les sites. La liste complète des taxons identifiés est à retrouver en Annexe 5. Les taxons détectés ont été regroupés selon les guildes écologiques estuariennes proposées par (Teichert et al., 2018), afin de décrire la structuration fonctionnelle des assemblages observés par ADNe.

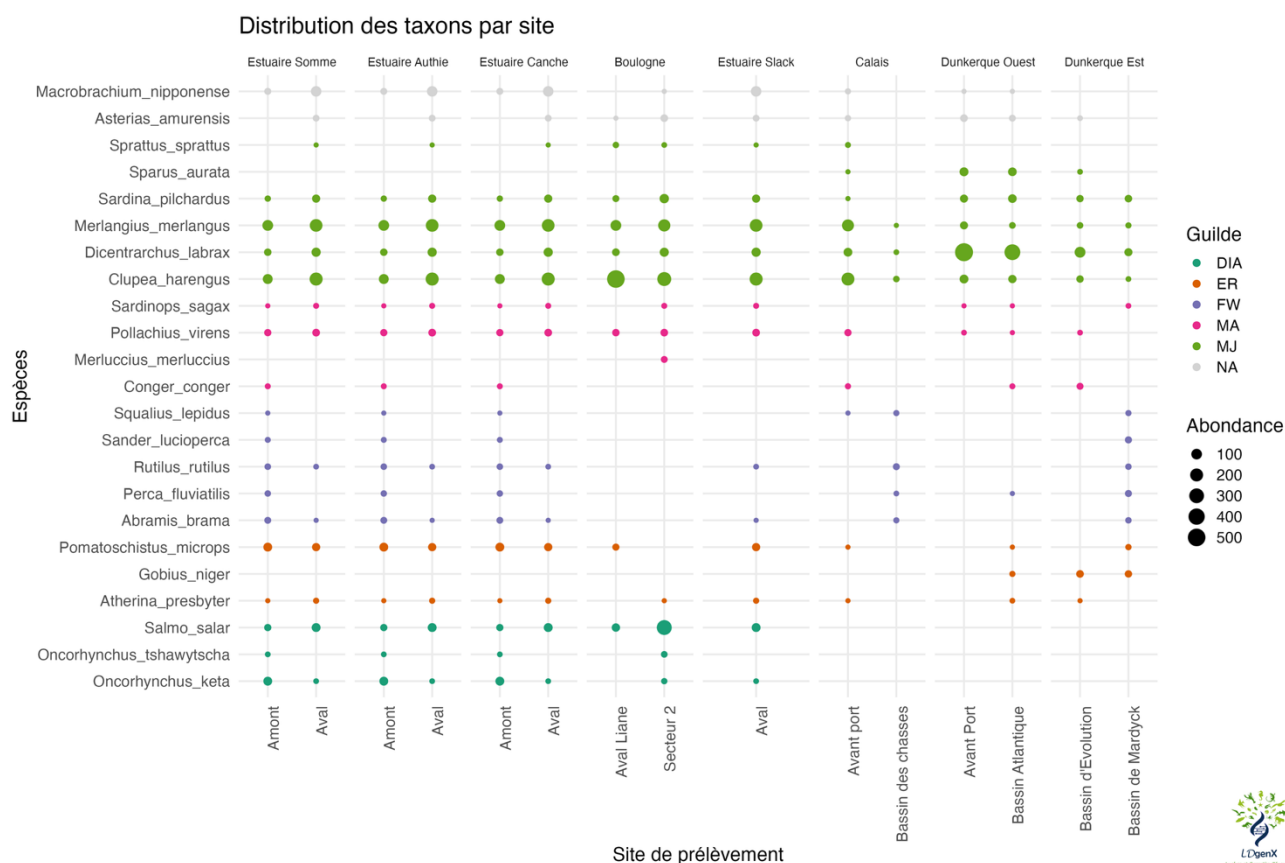


Figure 10. Distribution des taxons issus du séquençage Teleo selon les 16 sites d'échantillonnage. Chaque panneau illustre la zone de détection des taxons. Les espèces identifiées selon les sites ont été reportées via des cercles dont la taille est dépendante de l'abondance relative des séquences assignées à chaque taxon. La couleur représente l'ordre taxonomique des espèces identifiées. Abréviations des guildes (DIA : espèces diadromes ; ER : espèces estuariennes résidentes ; FW : espèces dulçaquicoles ; MA : espèces marines accessoires ; MJ : espèces marines juvéniles ; NA : Not Available).



Figure 11. Distribution des taxons issus du séquençage Elas02 selon les 16 sites d'échantillonnage. Chaque panneau illustre la zone de détection des taxons. Les espèces identifiées selon les sites ont été reportées via des cercles dont la taille est dépendante de l'abondance relative des séquences assignées à chaque taxon. La couleur représente l'ordre taxonomique des espèces identifiées.

Parmi l'ensemble des espèces identifiées, six espèces détectées avec l'amorce Teleo n'ont jamais été signalées dans la zone d'étude (*Asterias amurensis*, *Macrobrachium nipponense*, *Oncorhynchus keta*, *Oncorhynchus tshawytscha*, *Sardinops sagax*, *Squalius lepidus*), de même qu'une espèce détectée avec l'amorce Elas02 (*Atherina hepsetus*).

Ces détections inattendues peuvent s'expliquer par plusieurs facteurs, tels que des erreurs d'assignation taxonomique liées aux bases de données de référence, la présence de séquences proches phylogénétiquement, des contaminations, ou encore le transport d'ADN environnemental depuis d'autres zones.

Les deux marqueurs, Teleo et Elas02, mettent en évidence une structure cohérente des communautés ichthyologiques, caractérisée par :

- une diversité dominée par les poissons côtiers et estuariens,
- une représentation récurrente de plusieurs ordres (Clupeiformes, Gadiformes, Perciformes),
- et une structuration des assemblages basée à la fois sur la présence/absence et sur les abondances relatives de séquences.

Les tailles des points traduisent ici des abondances relatives issues du séquençage, permettant d'identifier les taxons avec une contribution relative plus élevée au signal moléculaire au sein de chaque site.

3.3 - MESURES PHYSICO-CHIMIQUES

Les données physico-chimiques mesurées sur les différentes stations sont présentées dans le tableau 3.

Tableau 3. Paramètres physico-chimiques mesurés in situ lors de la campagne ADNe sur les secteurs estuariens et portuaires du bassin Artois-Picardie en 2025

Sites	Secteurs	Coordonnées GPS (N)	Coordonnées GPS (E)	Température °C	pH	Oxygène (mg/L)	Oxygène sat (%)	Turbidité	Conductivité	Salinité
Estuaire de la Somme	Aval	50.212723	1.597049	9.1	7.9	12	98	69	35700	35
Estuaire de la Somme	Amont	50.183567	1.64444	7.4	8.1	11	91.4	4.1	837	2
Estuaire de l'Authie	Aval	50.381258	1.573507	8.7	7.98	11.25	97	96	35000	37
Estuaire de l'Authie	Amont	50.369864	1.613452	8.4	7.9	10	88.5	36	26700	24
Estuaire de la Canche	Aval	50.548153	1.592585	8.1	8	11.7	97.6	38	32280	37
Estuaire de la Canche	Amont	50.519997	1.623888	8.1	7.97	11.7	97.2	25	27650	37
Boulogne	Secteur 2	50.729342	1.566782	10.3	7.8	9.8	95	3	38300	38
Boulogne	Aval Liane	50.729384	1.592198	10.1	7.8	9.7	90	6	23000	20
Estuaire de la Slack	Aval	50.806017	1.603178	9.3	8.2	9.2	86	49	514	4
Calais	Avant Port	50.967832	1.843971	8.5	7.8	10.6	97	16.7	35400	34
Calais	Bassin des chasses	50.959048	1.833882	7.8	7.8	8.4	75	21	1990	5
Dunkerque Ouest	Avant Port	51.026687	2.182252	10	7.9	10.6	96	7	38700	35
Dunkerque Ouest	Basin Atlantique ouvert	51.006689	2.179376	8.7	7.9	10.8	96	4.6	38400	35
Dunkerque Est	Bassin de Mardyck	51.039592	2.263793	10.5	NA	NA	NA	NA	NA	32
Dunkerque Est	Bassin d'Evolution	51.047565	2.353528	10.9	NA	NA	NA	NA	NA	36

4 - RICHESSES SPECIFIQUES

Les richesses spécifiques mesurées par ADNe à l'automne 2025 varient selon les sites, avec des médianes comprises entre 5 et 9 espèces et des valeurs qui s'étendent de 2 à 13 espèces (Figure 12). La variabilité intra-site est modérée à élevée selon les stations avec des amplitudes plus marquées pour certains sites.

À l'échelle des estuaires, les richesses spécifiques sont comprises entre 6 et 9 espèces. L'estuaire de la Somme, la baie de l'Authie et la baie de la Canche présentent des niveaux comparables, bien que l'Authie montre une variabilité plus importante entre prélèvements. L'estuaire de la Slack se distingue par des richesses plus faibles, avec une médiane de l'ordre de 5 à 6 espèces et une dispersion réduite.

Les sites portuaires présentent des richesses spécifiques du même ordre de grandeur, voire légèrement supérieures. Les ports de Boulogne et de Dunkerque (Est et Ouest) affichent des médianes comprises entre 8 et 9 espèces avec des valeurs maximales plus élevées. Le site de Calais présente des richesses intermédiaires avec une médiane autour de 6 à 7 espèces.

Dans l'ensemble, les résultats indiquent une cohérence des niveaux de richesse spécifique entre estuaires et ports, avec une tendance à des valeurs légèrement plus élevées dans les milieux portuaires. Le site de la Slack apparaît comme le plus faiblement diversifié parmi les stations étudiées.

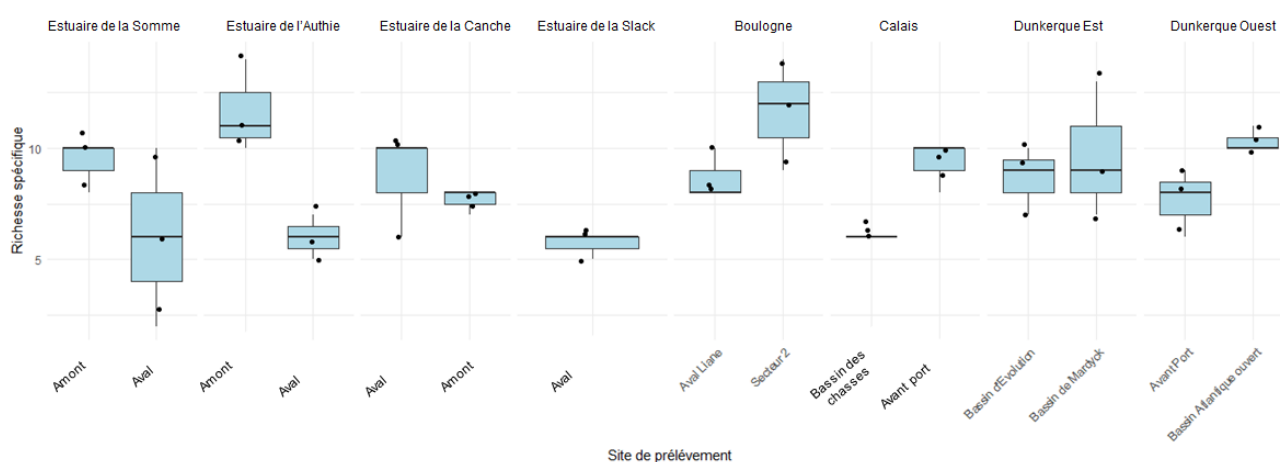


Figure 12. Graphique en boîtes à moustaches représentant les richesses spécifiques observées par ADNe à l'automne 2025 par site échantillonné.

4.1 - GUILDE ECOLOGIQUE

Après exclusion des taxons douteux (*Sardinops sagax*, *Squalius lepidus*, *Oncorhynchus keta*, *Oncorhynchus tshawytscha* et *Atherina hepsetus*), la structuration des assemblages d'espèces apparaît cohérente avec les guildes écologiques DCE attendues (Figure 13)

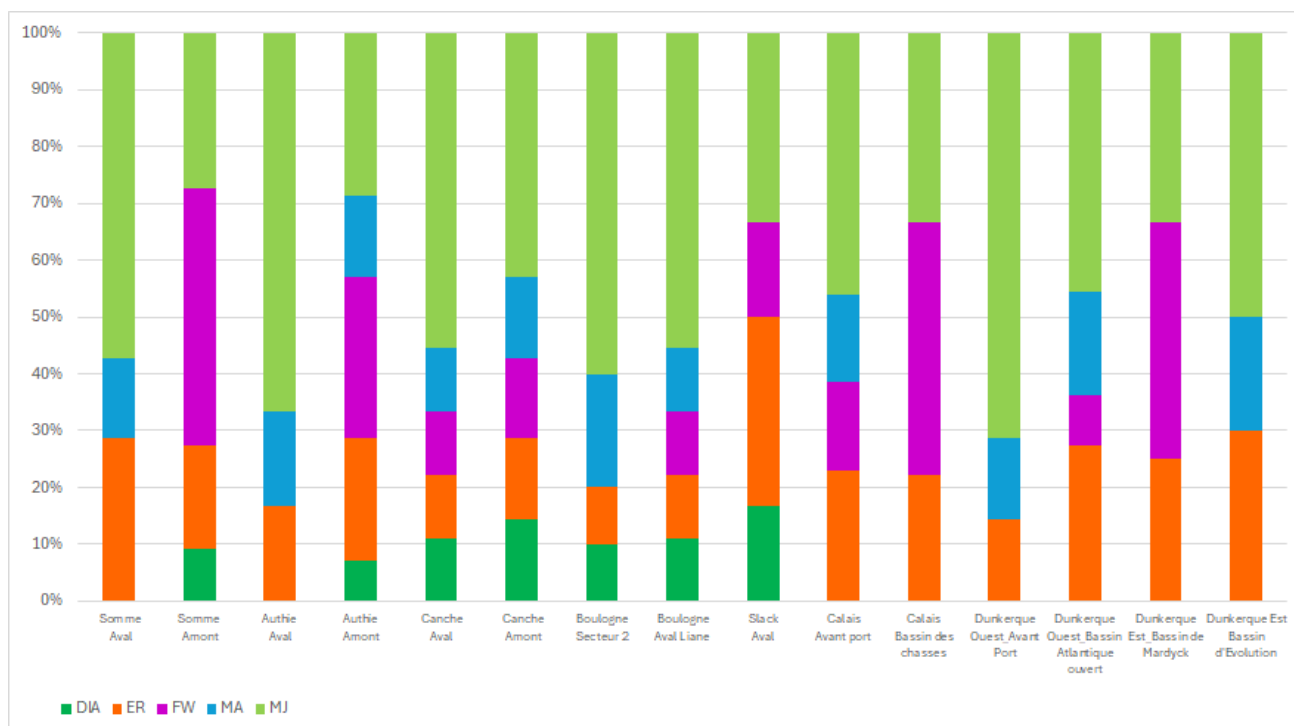


Figure 23. Répartition des guildes écologiques des espèces détectées par ADNe dans les différents sites (campagne automne 2025) (guildes marines juvéniles (MJ), estuariennes résidentes (ER), espèces dulçaquicoles (FW), espèces marines accessoires (MA) et espèces migratrices (DIA).

L'analyse globale des guildes écologiques met en évidence une structuration fonctionnelle cohérente des assemblages ichthyologiques au sein des estuaires et ports étudiés. L'ensemble des sites est majoritairement dominé par les espèces marines juvéniles (MJ), traduisant le rôle fonctionnel de ces milieux côtiers et estuariens comme zones de transition et d'accueil pour les espèces marines utilisant les habitats littoraux peu profonds comme secteurs de croissance ou d'alimentation. Cette composante marine est particulièrement marquée dans les secteurs les plus ouverts sur le domaine côtier, notamment certains bassins portuaires et les zones aval des estuaires. Les espèces estuariennes résidentes (ER) constituent également une composante récurrente des assemblages détectés, reflétant l'importance des habitats saumâtres et intertidaux dans le maintien d'espèces adaptées aux fortes variations environnementales caractéristiques des systèmes estuariens.

Les espèces marines accessoires (MA) demeurent globalement secondaires mais apparaissent ponctuellement dans plusieurs secteurs ouverts ou fortement connectés au domaine marin, traduisant des influences côtières directes. Les espèces diadromes (DIA) restent faiblement représentées à l'échelle globale, bien que leur détection dans certains estuaires souligne le rôle potentiel de ces milieux comme corridors de transition entre domaines marin et continental.

Enfin, plusieurs secteurs présentent une contribution plus importante des espèces dulçaquicoles (FW), notamment dans certains secteurs amont estuariens ou portuaires soumis à des influences continentales et hydrauliques marquées. Toutefois, dans plusieurs bassins portuaires, certaines détections d'espèces d'eau douce doivent être interprétées avec prudence, celles-ci pouvant résulter du transport d'ADNe depuis l'amont des fleuves et ne pas nécessairement traduire une présence locale effective des espèces (Yamamoto et al. 2017). Ces signaux pourraient également refléter des transferts passifs d'ADN ou des contaminations environnementales locales.

Dans l'ensemble, les profils fonctionnels observés apparaissent cohérents avec les gradients de salinité, de connectivité marine et de confinement hydrologique caractérisant les différents systèmes étudiés. Ces résultats montrent que l'approche ADNe permet de restituer de manière

robuste les grandes structurations écologiques des assemblages ichthyologiques dans des milieux estuariens et portuaires complexes.

4.2 - DISCUSSION DES RESULTATS DES ESTUAIRES

Le Tableau 4 présente l'ensemble des espèces détectées par ADN environnemental (ADNe) dans les différents estuaires étudiés du bassin Artois-Picardie, en distinguant les secteurs échantillonnés au sein de chaque système estuarien. Pour chaque taxon, sont également indiqués le nom vernaculaire associé ainsi que la guildes écologique attribuée selon la typologie utilisée dans le cadre de la Directive Cadre sur l'Eau (DCE). Les valeurs renseignées traduisent la détection ou l'absence des espèces dans chacun des secteurs investigués. Les espèces indiquées en gras correspondent à des détections considérées comme atypiques ou écologiquement suspectes au regard des caractéristiques environnementales des sites étudiés et doivent, à ce titre, être interprétées avec prudence.

Tableau 4. Répartition des espèces détectées par ADNe au sein des différents secteurs estuariens du bassin Artois-Picardie et attribution aux guildes écologiques DCE

Espèces	Nom vernaculaire	Guilde DCE	Somme Aval	Somme Amont	Authie Aval	Authie Amont	Canche Aval	Canche Amont	Slack Aval
<i>Conger conger</i>	Congre	MA	0	0	0	1	0	0	0
<i>Atherina presbyter</i>	Prêtre	ER	1	0	0	1	0	0	0
<i>Clupea harengus</i>	Hareng de l'Atlantique	MJ	1	1	1	1	1	1	1
<i>Sardina pilchardus</i>	Sardine commune	MJ	1	0	1	1	1	0	0
<i>Sardinops sagax</i>	Sardine	MA	1	0	0	1	1	0	0
<i>Sprattus sprattus</i>	Sprat	MJ	0	0	0	0	1	0	0
<i>Abramis brama</i>	Brème d'eau douce	FW	0	1	0	0	1	1	0
<i>Rutilus rutilus</i>	Gardon	FW	0	1	0	1	0	0	1
<i>Squalius lepidus</i>	Chevaïne	FW	0	0	0	1	0	0	0
<i>Merlangius merlangus</i>	Merlan	MJ	1	1	1	1	1	1	0
<i>Merluccius merluccius</i>	Merlu	MA	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pollachius virens</i>	Lieu noir	MA	1	0	1	1	1	1	0
<i>Gobius niger</i>	Gobie noire	ER	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pomatoschistus microps</i>	Gobie tacheté	ER	1	1	1	1	1	1	1
<i>Perca fluviatilis</i>	Perche	FW	0	1	0	1	0	0	0
<i>Sander lucioperca</i>	Sandre	FW	0	1	0	0	0	0	0
<i>Oncorhynchus keta</i>	Saumon	DIA	0	1	0	1	1	1	0
<i>Oncorhynchus tshawytscha</i>	Saumon royal	DIA	0	1	0	1	0	0	0
<i>Salmo salar</i>	Saumon Atlantique	DIA	0	1	0	1	1	1	1
<i>Sparus aurata</i>	Dorade	MJ	0	0	0	0	0	0	0
<i>Dicentrarchus labrax</i>	Bar européen	MJ	1	1	1	1	1	1	1
<i>Atherina hepsetus</i>	Athérine	ER	1	0	0	0	0	0	0
<i>Gasterosteus aculeatus</i>	Épinoce à trois épines	ER	0	1	0	1	0	0	1
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Truite arc en ciel	FW	0	1	0	1	0	0	0
		RS Tot	9	13	6	17	11	8	6

4.2.1 - ESTUAIRE DE LA SOMME

La zone verte, présentant une richesse spécifique de 7 espèces, est dominée par des espèces marines juvéniles (MJ) et estuariennes résidentes (ER). Elle regroupe *Clupea harengus*, *Sardina pilchardus*, *Merlangius merlangus* et *Dicentrarchus labrax* (MJ), ainsi que *Atherina presbyter* et *Pomatoschistus microps* (ER). La présence de *Pollachius virens* (MA) traduit également une influence marine côtière. L'ensemble décrit un assemblage typique d'une zone estuarienne sous influence marine, dominée par des espèces utilisant ces habitats comme zones de nourricerie et de transition.

La zone rouge, plus diversifiée avec 11 espèces, conserve un noyau commun composé de *Clupea harengus*, *Merlangius merlangus*, *Pomatoschistus microps* et *Dicentrarchus labrax*. Elle se distingue par une contribution importante d'espèces dulçaquicoles (FW) telles que *Abramis*

brama, *Rutilus rutilus*, *Perca fluviatilis*, *Sander lucioperca* et *Oncorhynchus mykiss*, traduisant une influence continentale plus marquée. La présence de *Gasterosteus aculeatus* (ER) renforce cette signature de transition estuarienne-amont. La détection de *Salmo salar* (DIA), bien qu'écologiquement plausible au regard du caractère migrateur de l'espèce, doit néanmoins être interprétée avec prudence et nécessiterait d'être confirmée par des observations complémentaires afin de distinguer une présence effective d'un signal environnemental transitoire.

Dans l'ensemble, les espèces identifiées apparaissent cohérentes avec leur guildes écologique, malgré quelques signaux nécessitant une interprétation prudente. Les résultats mettent ainsi en évidence un gradient fonctionnel structuré entre une zone verte à dominante marine-estuarienne et une zone rouge marquée par une influence continentale plus forte, confirmant la pertinence de l'approche ADNe pour caractériser les assemblages ichtyologiques dans le cadre DCE.

L'analyse met en évidence une structuration nette des assemblages, avec :

- une zone verte dominée par des guildes marines et estuariennes (MJ + ER),
- une zone rouge enrichie en espèces dulçaquicoles et migratrices (FW + DIA).

Le noyau d'espèces communes assure une continuité écologique entre les deux zones, tandis que l'augmentation de la richesse spécifique et la diversification des guildes en zone rouge traduisent un gradient fonctionnel cohérent entre influence marine et influence continentale. Dans l'ensemble, les espèces identifiées sont cohérentes avec leur guildes écologique, avec quelques cas nécessitant une interprétation prudente, ce qui confirme la pertinence de l'approche ADNe dans le cadre DCE.

La zone verte, présentant une richesse spécifique de 6 espèces, est dominée par des espèces marines juvéniles (MJ) telles que *Clupea harengus*, *Sardina pilchardus*, *Merlangius merlangus* et *Dicentrarchus labrax*. Elle comprend également une espèce marine (MA) (*Pollachius virens*) ainsi qu'une espèce estuarienne résidente (ER) (*Pomatoschistus microps*). Cet assemblage traduit une influence principalement marine et estuarienne, cohérente avec une fonction de zone de transition côtière et de nourricerie.

La zone jaune, plus diversifiée avec 13 espèces après exclusion des taxons douteux, conserve ce noyau commun mais se distingue par l'apparition d'espèces appartenant à des guildes plus variées. Outre les espèces marines juvéniles et estuariennes résidentes déjà présentes en zone verte, elle comprend *Atherina presbyter* et *Gasterosteus aculeatus* (ER), ainsi que plusieurs espèces dulçaquicoles (FW) : *Rutilus rutilus*, *Perca fluviatilis* et *Oncorhynchus mykiss*. La présence de *Salmo salar* (DIA) traduit également une connectivité avec les habitats amont. La détection de cette espèce migratrice, bien qu'écologiquement plausible, doit toutefois être interprétée avec prudence et nécessiterait d'être confirmée par des observations complémentaires afin de distinguer une présence effective d'un signal environnemental transitoire.

La détection de *Conger conger* (MA) dans la zone jaune doit également être nuancée, cette espèce marine benthique n'étant pas typiquement associée aux milieux estuariens peu profonds ; le signal observé pourrait refléter une influence marine côtière ou un transport d'ADN environnemental.

Dans l'ensemble, les espèces identifiées apparaissent cohérentes avec leur guildes écologique, malgré quelques signaux nécessitant une interprétation prudente. Les résultats mettent ainsi en évidence un gradient fonctionnel entre une zone verte à dominante marine-estuarienne et une zone jaune marquée par une influence continentale plus importante.

4.2.2 - ESTUAIRE DE LA CANCHE

La zone bleue présente une richesse spécifique corrigée de 9 espèces. Elle est dominée par des espèces marines juvéniles (MJ) avec *Clupea harengus*, *Sardina pilchardus*, *Sprattus sprattus*, *Merlangius merlangus* et *Dicentrarchus labrax*. Elle comprend également une espèce marine accessoire (MA), *Pollachius virens*, une espèce estuarienne résidente (ER), *Pomatoschistus microps*, ainsi qu'une espèce dulçaquicole (FW), *Abramis brama*. La détection de cette dernière doit toutefois être nuancée, cette espèce d'eau douce étant peu attendue dans un secteur à dominante marine ; ce signal peut traduire une influence continentale diffuse ou un transport d'ADN depuis l'amont, potentiellement favorisé par la configuration plus resserrée de cet estuaire par rapport aux autres estuaires étudiés, susceptible de renforcer l'influence des apports continentaux et le transfert des signatures ADN vers l'aval. La présence de *Salmo salar* (DIA) complète cet assemblage.

La zone jaune présente une richesse spécifique corrigée de 7 espèces. Elle conserve un noyau commun composé de *Clupea harengus*, *Merlangius merlangus*, *Pollachius virens*, *Pomatoschistus microps* et *Dicentrarchus labrax*, auquel s'ajoutent *Abramis brama* (FW) et *Salmo salar* (DIA). Par rapport à la zone bleue, l'assemblage y apparaît plus restreint, avec l'absence de *Sardina pilchardus* et *Sprattus sprattus*, ce qui réduit la représentation des espèces marines juvéniles.

La détection de *Salmo salar*, présente dans les deux zones, reste écologiquement plausible compte tenu du caractère migrateur de l'espèce, mais elle gagnerait à être confirmée par des observations complémentaires afin de distinguer une présence effective d'un signal environnemental transitoire.

4.2.3 - ESTUAIRE DE LA SLACK

L'analyse de l'estuaire de la Slack repose sur une seule station échantillonnée, ce qui limite la portée spatiale de l'interprétation des assemblages observés et ne permet pas d'établir de comparaison le long du gradient estuarien, en l'absence de stations situées dans des secteurs plus amont. La station présente une richesse spécifique corrigée de 6 espèces. Lors du prélèvement du 27/11/2025 à 15h, le coefficient de marée était de 46 avec une PM à 16h14.

L'assemblage identifié est composé d'espèces appartenant à plusieurs guildes écologiques. Les espèces marines juvéniles (MJ) sont représentées par *Clupea harengus* et *Dicentrarchus labrax*, traduisant une influence marine et estuarienne cohérente avec une fonction de zone de transition côtière. Les espèces estuariennes résidentes (ER) sont représentées par *Pomatoschistus microps* et *Gasterosteus aculeatus*, deux taxons caractéristiques des milieux estuariens et saumâtres.

L'assemblage comprend également une espèce dulçaquicole (FW), *Rutilus rutilus*. La présence de cette espèce apparaît cohérente avec les conditions faiblement saumâtres mesurées lors de la campagne, la salinité observée sur la station étant d'environ 4 PSU, traduisant une influence continentale marquée dans ce secteur estuarien. Une espèce migratrice (DIA), *Salmo salar*, est également détectée ; bien qu'écologiquement plausible au regard du cycle biologique de l'espèce, cette détection nécessiterait d'être confirmée par des observations complémentaires afin de distinguer une présence effective d'un signal environnemental transitoire.

Dans l'ensemble, malgré un effort d'échantillonnage limité à une seule station, les espèces détectées apparaissent cohérentes avec leurs guildes écologiques respectives. Les résultats traduisent un assemblage mixte associant espèces marines, estuariennes et continentales dans un secteur soumis à une influence saumâtre marquée.

L'assemblage comprend également une espèce dulçaquicole (FW), *Rutilus rutilus*, dont la présence peut refléter une influence continentale locale ou un transfert d'ADN depuis les secteurs amont du bassin versant. La détection de *Salmo salar* (DIA), bien qu'écologiquement « plausible » au regard du caractère migrateur de l'espèce, doit être interprétée avec prudence et nécessiterait une confirmation par des observations complémentaires afin de distinguer une présence effective d'un signal environnemental transitoire. Dans l'ensemble, malgré un effort d'échantillonnage limité à une seule station, les espèces détectées apparaissent cohérentes avec leurs guildes écologiques respectives. Les résultats suggèrent un assemblage à dominante marine-estuarienne, associé à une influence continentale modérée.

Synthèse pour les estuaires :

L'analyse des assemblages ichtyologiques par ADNe révèle des organisations écologiques distinctes entre les quatre estuaires étudiés, en lien avec la configuration spatiale des secteurs échantillonnés au sein de chaque système estuarien.

Dans l'estuaire de la Somme, les deux secteurs étudiés présentent une opposition marquée entre une zone aval ouverte sur les habitats intertidaux externes et une zone plus interne située dans un chenal estuarien resserré. Cette structuration spatiale s'accompagne d'un contraste fonctionnel net : la zone aval est dominée par les guildes marines juvéniles (MJ) et estuariennes résidentes (ER), tandis que la zone interne présente une augmentation marquée des espèces dulçaquicoles (FW) ainsi que la présence d'espèces migratrices (DIA).

Dans la baie de l'Authie, les secteurs échantillonnés se répartissent également entre une zone externe largement ouverte sur la baie et une zone plus amont localisée dans un chenal estuarien encaissé. La zone externe est principalement caractérisée par des espèces marines juvéniles, alors que la zone interne montre une diversification plus importante des guildes écologiques avec une représentation accrue des espèces dulçaquicoles, estuariennes résidentes et migratrices.

La Canche présente une configuration plus resserrée, avec des secteurs échantillonnés localisés dans un chenal estuarien relativement contraint spatialement. Les assemblages y restent majoritairement dominés par les guildes marines et estuariennes dans les deux zones étudiées, avec une contribution plus ponctuelle des espèces dulçaquicoles et migratrices.

L'estuaire du Slack, étudié à partir d'une seule station localisée dans un secteur étroit à proximité immédiate de l'interface terre-mer, présente la richesse spécifique la plus faible parmi les systèmes étudiés. L'assemblage observé reste dominé par des espèces marines juvéniles et estuariennes résidentes, associées à quelques espèces dulçaquicoles et migratrices.

Dans l'ensemble, les résultats mettent en évidence un gradient récurrent entre secteurs sous influence marine et secteurs plus internes marqués par une contribution accrue des espèces continentales et migratrices. La composition des assemblages et la répartition des guildes écologiques apparaissent cohérentes avec l'organisation spatiale des différents systèmes estuariens étudiés.

Parmi les espèces identifiées après exclusion des taxons douteux, aucune espèce n'est détectée simultanément dans l'ensemble des stations de tous les estuaires étudiés. En revanche, plusieurs espèces présentent une distribution très largement répandue et sont retrouvées dans la majorité des systèmes estuariens échantillonnés.

Les espèces les plus ubiquistes sont :

- *Clupea harengus* ;

- *Dicentrarchus labrax* ;
- *Pomatoschistus microps* ;
- *Merlangius merlangus* ;
- *Pollachius virens* ;

Ces espèces constituent le « noyau faunistique » le plus récurrent des assemblages détectés par ADNe dans les estuaires étudiés, avec une prédominance d'espèces marines juvéniles et estuariennes résidentes.

4.3 - DISCUSSION DES RESULTATS DES ZONES PORTUAIRES

Le Tableau 5 présente l'ensemble des espèces détectées par ADN environnemental (ADNe) dans les différents secteurs portuaires étudiés du bassin Artois-Picardie, incluant les ports de Boulogne-sur-Mer, Dunkerque et Calais. Pour chaque taxon sont précisés le nom vernaculaire associé ainsi que la guildes écologique attribuée selon la classification utilisée dans le cadre de la Directive Cadre sur l'Eau (DCE). Les valeurs indiquées correspondent à la présence ou à l'absence des espèces dans chacun des secteurs portuaires échantillonnés. Les espèces indiquées en gras correspondent à des détections considérées comme atypiques ou écologiquement peu cohérentes au regard des caractéristiques environnementales des secteurs étudiés ; ces occurrences doivent ainsi être interprétées avec prudence, notamment dans des contextes portuaires fortement anthropisés où des transferts indirects d'ADN ou des contaminations environnementales peuvent influencer le signal détecté.

Tableau 5. Répartition des espèces détectées par ADNe au sein des différents secteurs portuaires du bassin Artois-Picardie et attribution aux guildes écologiques DCE

Espèces	Nom vernaculaire	Guilde DCE	Boulogne Secteur 2	Boulogne Aval Liane	Dunkerque Ouest Bassin Atlantique ouvert	Dunkerque Ouest Avant Port	Dunkerque Est Bassin de Mardyck	Dunkerque Est Bassin d'Evolution	Calais Avant port	Calais Bassin des chasses
<i>Conger conger</i>	Congre	MA	0	0	1	0	0	1	1	0
<i>Atherina presbyter</i>	Prêtre	ER	1	0	1	1	0	1	1	0
<i>Clupea harengus</i>	Hareng de l'Atlantique	MJ	1	1	1	1	1	1	1	1
<i>Sardina pilchardus</i>	Sardine commune	MJ	1	1	1	1	1	1	1	0
<i>Sardinops sagax</i>	Sardine	MA	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>Sprattus sprattus</i>	Sprat	MJ	1	1	0	0	0	0	1	0
<i>Abramis brama</i>	Brème d'eau douce	FW	0	1	0	0	1	0	1	1
<i>Rutilus rutilus</i>	Gardon	FW	0	0	0	0	1	0	0	1
<i>Squalius lepidus</i>	Chevaine	FW	0	0	0	0	1	0	1	1
<i>Merlangius merlangus</i>	Merlan	MJ	1	1	1	1	1	1	1	1
<i>Merluccius merluccius</i>	Merlu	MA	1	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pollachius virens</i>	Lieu noir	MA	1	1	1	1	0	1	1	0
<i>Gobius niger</i>	Gobie noire	ER	0	0	1	0	1	1	0	0
<i>Pomatoschistus microps</i>	Gobie tacheté	ER	0	1	1	0	1	1	1	1
<i>Perca fluviatilis</i>	Perche	FW	0	0	1	0	1	0	0	1
<i>Sander lucioperca</i>	Sandre	FW	0	0	0	0	1	0	0	0
<i>Oncorhynchus keta</i>	Saumon	DIA	1	0	0	0	0	0	0	0
<i>Oncorhynchus tshawytscha</i>	Saumon royal	DIA	1	0	0	0	0	0	0	0
<i>Salmo salar</i>	Saumon Atlantique	DIA	1	1	0	0	0	0	0	0
<i>Sparus aurata</i>	Dorade	MJ	1	0	1	1	0	1	1	0
<i>Dicentrarchus labrax</i>	Bar européen	MJ	1	1	1	1	1	1	1	1
<i>Atherina hepsetus</i>	Athérine	ER	0	0	1	1	0	1	1	0
<i>Gasterosteus aculeatus</i>	Épinoce à trois épines	ER	0	0	0	0	1	0	1	1
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Truite arc en ciel	FW	0	0	0	0	0	0	0	0
		RS Tot	13	9	13	9	13	11	14	9

4.3.1 - PORT DE BOULOGNE

Le secteur 2, présentant une richesse spécifique de 10 espèces, est principalement structuré par les espèces marines juvéniles (MJ) : *Clupea harengus*, *Sardina pilchardus*, *Sprattus sprattus*, *Merlangius merlangus*, *Sparus aurata* et *Dicentrarchus labrax*. Il comprend également deux espèces marines accessoires (MA) (*Pollachius virens* et *Merluccius merluccius*), une espèce estuarienne résidente (ER) (*Atherina presbyter*) ainsi qu'une espèce migratrice (DIA) (*Salmo salar*). L'ensemble traduit une forte influence marine, cohérente avec un environnement portuaire largement connecté aux eaux côtières.

Le secteur Aval Liane, avec une richesse spécifique de 9 espèces, conserve un noyau commun composé de *Clupea harengus*, *Sardina pilchardus*, *Sprattus sprattus*, *Merlangius merlangus*, *Pollachius virens*, *Dicentrarchus labrax* et *Salmo salar*. Il se distingue toutefois par la présence de *Abramis brama* (FW) et *Pomatoschistus microps* (ER), traduisant une influence estuarienne et continentale légèrement plus marquée dans ce secteur connecté à l'aval de la Liane.

La détection de *Salmo salar* dans les deux secteurs, bien qu'écologiquement plausible au regard du caractère migrateur de l'espèce, doit néanmoins être interprétée avec prudence et

nécessiterait une confirmation par des observations complémentaires afin de distinguer une présence effective d'un signal environnemental transitoire.

Dans l'ensemble, les assemblages observés dans le port de Boulogne-sur-Mer restent dominés par les guildes marines juvéniles et marines accessoires, avec une contribution plus localisée des espèces estuariennes résidentes et dulçaquicoles dans le secteur Aval Liane.

4.3.2 - PORT DE DUNKERQUE OUEST

Les assemblages détectés dans les secteurs étudiés du port de Dunkerque Ouest sont dominés par des espèces à affinité marine et estuarienne, avec une différenciation marquée entre le Bassin Atlantique ouvert et l'Avant-Port.

Le secteur du Bassin Atlantique ouvert, présentant une richesse spécifique de 11 espèces, montre l'assemblage le plus diversifié des deux secteurs étudiés. Il est largement dominé par les espèces marines juvéniles (MJ) avec *Clupea harengus*, *Sardina pilchardus*, *Merlangius merlangus*, *Sparus aurata* et *Dicentrarchus labrax*. Plusieurs espèces estuariennes résidentes (ER) sont également détectées (*Atherina presbyter*, *Gobius niger* et *Pomatoschistus microps*), ainsi qu'une espèce marine accessoire (MA) (*Pollachius virens*). La présence de Conger conger (MA) reste cohérente avec les habitats artificialisés et rocheux présents dans les infrastructures portuaires, susceptibles d'offrir des zones refuges favorables à cette espèce benthique marine. La détection de *Perca fluviatilis* (FW), espèce dulçaquicole, apparaît en revanche peu cohérente avec ce secteur fortement marinisé et pourrait traduire une contamination ponctuelle ou des apports continentaux liés aux activités et connexions portuaires.

Le secteur Avant-Port, avec une richesse spécifique de 7 espèces, présente un assemblage plus homogène et dominé par les guildes marines juvéniles et marines accessoires. Il regroupe principalement *Clupea harengus*, *Sardina pilchardus*, *Merlangius merlangus*, *Sparus aurata*, *Dicentrarchus labrax* et *Pollachius virens*, associés à *Atherina presbyter* (ER). Contrairement au Bassin Atlantique ouvert, aucune espèce dulçaquicole ni aucun gobie estuarien n'y sont détectés.

Dans l'ensemble, les assemblages observés dans le port de Dunkerque Ouest traduisent une forte dominance des espèces marines côtières, avec une contribution estuarienne et continentale plus marquée dans le Bassin Atlantique ouvert que dans l'Avant-Port. Dans l'ensemble, les assemblages observés dans le port de Dunkerque Ouest traduisent une forte dominance des espèces marines côtières, avec une contribution estuarienne et continentale plus marquée dans le Bassin Atlantique ouvert que dans l'Avant-Port.

4.3.3 - PORT DE DUNKERQUE EST

Les assemblages détectés dans les secteurs étudiés du port de Dunkerque Est présentent une structuration contrastée entre le Bassin de Mardyck et le Bassin d'Évolution, traduisant des influences écologiques différentes au sein du complexe portuaire.

Le Bassin de Mardyck, présentant une richesse spécifique de 12 espèces, montre l'assemblage le plus diversifié des deux secteurs étudiés. Il est structuré par un noyau d'espèces marines juvéniles (MJ) composé de *Clupea harengus*, *Sardina pilchardus*, *Merlangius merlangus* et *Dicentrarchus labrax*. Plusieurs espèces estuariennes résidentes (ER) sont également détectées (*Gobius niger*, *Pomatoschistus microps* et *Gasterosteus aculeatus*). Ce secteur se distingue surtout par la détection de plusieurs espèces dulçaquicoles (FW) telles que *Abramis brama*, *Rutilus rutilus*, *Perca fluviatilis* et *Sander lucioperca*. La présence simultanée de ces

espèces dans un environnement portuaire fortement artificialisé et largement connecté aux eaux marines apparaît toutefois peu cohérente écologiquement et pourrait traduire des apports continentaux indirects, des transferts d'ADN via les réseaux hydrauliques connectés au port, ou des contaminations environnementales localisées.

Le Bassin d'Évolution, avec une richesse spécifique de 10 espèces, présente un assemblage davantage dominé par les espèces marines et estuariennes. Il regroupe notamment *Clupea harengus*, *Sardina pilchardus*, *Merlangius merlangus*, *Sparus aurata* et *Dicentrarchus labrax* (MJ), associés à *Gobius niger*, *Pomatoschistus microps* et *Atherina presbyter* (ER). Deux espèces marines accessoires (MA), *Conger conger* et *Pollachius virens*, y sont également détectées. La présence de *Conger conger* reste cohérente avec les habitats rocheux et structures artificialisées disponibles dans les infrastructures portuaires.

Dans l'ensemble, les assemblages observés dans le port de Dunkerque Est mettent en évidence une opposition entre un Bassin de Mardyck marqué par la détection atypique d'espèces continentales et un Bassin d'Évolution davantage dominé par les espèces marines et estuariennes côtières. La présence de ces espèces continentales dans un contexte portuaire fortement artificialisé doit toutefois être interprétée avec prudence. Elle pourrait résulter de contaminations environnementales, d'apports hydrauliques continentaux ou encore de transferts indirects d'ADN.

4.3.4 - PORT DE CALAIS

Les assemblages détectés dans les secteurs étudiés du port de Calais présentent une structuration dominée par les espèces marines et estuariennes, avec des différences notables entre le secteur Ponton et le secteur échantillonné à pied.

Le secteur Ponton, présentant une richesse spécifique de 13 espèces, montre l'assemblage le plus diversifié des deux secteurs étudiés. Il est largement dominé par les espèces marines juvéniles (MJ) avec *Clupea harengus*, *Sardina pilchardus*, *Sprattus sprattus*, *Merlangius merlangus*, *Sparus aurata* et *Dicentrarchus labrax*. Plusieurs espèces estuariennes résidentes (ER) sont également détectées (*Atherina presbyter*, *Pomatoschistus microps* et *Gasterosteus aculeatus*), ainsi que deux espèces marines accessoires (MA) (*Conger conger* et *Pollachius virens*). La présence de *Conger conger* reste cohérente avec les habitats artificialisés et les structures rocheuses présentes dans les infrastructures portuaires. La détection de *Abramis brama* et *Squalius lepidus* (FW) dans ce secteur fortement marinisé apparaît toutefois peu cohérente écologiquement et pourrait traduire des apports continentaux indirects, des transferts d'ADN via les réseaux hydrauliques connectés au port ou des contaminations environnementales ponctuelles.

Le secteur échantillonné à pied, avec une richesse spécifique de 9 espèces, présente un assemblage plus restreint mais conservant un noyau commun composé de *Clupea harengus*, *Merlangius merlangus*, *Pomatoschistus microps*, *Dicentrarchus labrax* et *Gasterosteus aculeatus*. Ce secteur se distingue par la présence de plusieurs espèces dulçaquicoles (FW) telles que *Abramis brama*, *Rutilus rutilus* et *Perca fluviatilis*. La présence de ces espèces apparaît « plus cohérente » avec les conditions faiblement saumâtres observées localement, la salinité mesurée étant d'environ 5 PSU, traduisant une influence continentale marquée au sein de cette zone portuaire.

Dans l'ensemble, les assemblages observés dans le port de Calais restent dominés par les guildes marines juvéniles et estuariennes résidentes, avec une contribution plus importante des espèces dulçaquicoles dans les secteurs soumis à une influence continentale et à des conditions de faible salinité.

Synthèse des zones portuaires :

L'analyse des assemblages ichtyologiques détectés par ADNe dans les ports étudiés met en évidence une structuration dominée par les espèces marines juvéniles (MJ) et estuariennes résidentes (ER), traduisant l'influence prédominante des environnements côtiers et des interfaces portuaires ouvertes sur le milieu marin. Malgré des configurations portuaires contrastées, plusieurs espèces présentent une distribution récurrente dans l'ensemble des sites étudiés, constituant un noyau faunistique commun des environnements portuaires.

Les espèces les plus ubiquistes sont *Clupea harengus*, *Merlangius merlangus* et *Dicentrarchus labrax*, détectées dans l'ensemble des ports et dans la majorité des secteurs échantillonnés. *Sardina pilchardus*, *Pollachius virens* et *Pomatoschistus microps* sont également fréquemment observés dans plusieurs secteurs portuaires. Ces assemblages traduisent une forte représentation des espèces marines côtières utilisant les infrastructures portuaires comme zones de transit, d'alimentation ou d'abri.

Le port de Boulogne-sur-Mer présente des assemblages dominés par les guildes marines juvéniles, avec une influence estuarienne plus marquée dans le secteur Aval Liane, caractérisé par la présence d'espèces estuariennes résidentes et d'une contribution ponctuelle d'espèces dulçaquicoles.

Le port de Dunkerque Ouest montre une opposition entre un Bassin Atlantique ouvert plus diversifié, intégrant plusieurs espèces estuariennes résidentes, et un Avant-Port dominé presque exclusivement par les espèces marines juvéniles et marines accessoires. Quelques espèces dulçaquicoles y sont détectées ponctuellement, mais leur présence dans ces secteurs fortement marinisés pourrait davantage traduire des contaminations environnementales localisées ou des apports continentaux indirects via les réseaux hydrauliques connectés au port.

Dans le port de Dunkerque Est, le Bassin de Mardyck présente également la détection de plusieurs espèces dulçaquicoles au sein d'un environnement largement dominé par les espèces marines et estuariennes. La présence de ces taxons pourrait refléter des apports continentaux indirects ou des transferts d'ADN liés aux connexions hydrauliques du système portuaire plutôt qu'une occupation effective du milieu par ces espèces. Le Bassin d'Évolution apparaît quant à lui principalement structuré par les guildes marines juvéniles et estuariennes résidentes.

Le port de Calais présente également une structuration contrastée entre secteurs. Le secteur Ponton reste fortement dominé par les espèces marines et estuariennes, tandis que le secteur échantillonné à pied, caractérisé par une faible salinité (~5 PSU), montre une représentation plus importante des espèces dulçaquicoles, traduisant une influence continentale locale marquée.

Dans l'ensemble, les résultats mettent en évidence un gradient fonctionnel au sein des systèmes portuaires, opposant des secteurs fortement marinisés dominés par les guildes marines juvéniles à des secteurs plus confinés ou soumis à des influences continentales plus marquées. La composition des assemblages observés apparaît cohérente avec les caractéristiques hydrologiques et fonctionnelles des différents secteurs portuaires étudiés.

5 - COMPARAISONS ADNe ET PECHEs AU CHALUT

5.1 - ESTUAIRES

Le Tableau 6 présente l'évolution des richesses spécifiques observées dans les estuaires de l'Authie, de la Canche et de la Somme à partir des campagnes historiques de chalut à perche réalisées dans le cadre du suivi DCE entre 2019 et 2025 (Duhamel et al. 2019- 2025), ainsi que les richesses spécifiques obtenues par ADNe en 2025. Les valeurs manquantes correspondent aux années ou campagnes pour lesquelles aucun suivi n'a été réalisé, notamment pour l'Authie et la Canche qui ne bénéficient pas d'un suivi aussi régulier que celui de la Somme.

L'estuaire de la Somme présente les richesses spécifiques les plus élevées au cours du suivi historique, avec des valeurs comprises entre 10 et 20 espèces selon les campagnes. Les richesses les plus élevées sont observées en mai 2019 (20 espèces), mai 2025 (19 espèces) et septembre 2022 (18 espèces). Les données ADNe obtenues en 2025 indiquent également une richesse spécifique élevée avec 15 espèces détectées, valeur cohérente avec les niveaux historiquement observés dans cet estuaire.

L'estuaire de l'Authie présente des richesses spécifiques plus variables, comprises entre 3 et 15 espèces selon les campagnes disponibles. Les valeurs les plus élevées sont observées en septembre 2019 et mai 2021 avec 15 espèces. L'ADNe met en évidence une richesse spécifique de 15 espèces en 2025, supérieure aux valeurs observées historiquement par chalut à perche dans cet estuaire.

La Canche présente des richesses spécifiques comprises entre 6 et 15 espèces lors des campagnes historiques disponibles. Les valeurs maximales sont observées en mai 2021 avec 15 espèces. Les données ADNe montrent une richesse spécifique de 9 espèces en 2025, s'inscrivant dans la gamme des valeurs historiquement observées par les suivis halieutiques.

Dans l'ensemble, les richesses spécifiques obtenues par ADNe en 2025 restent cohérentes avec les gammes de valeurs observées historiquement par chalut à perche dans les trois estuaires étudiés. Les résultats ADNe apparaissent toutefois légèrement plus élevés pour certains systèmes, notamment l'Authie, tout en conservant des ordres de grandeur compatibles avec les suivis estuariens réalisés dans le cadre de la DCE.

Tableau 6. Évolution des richesses spécifiques observées dans les estuaires de l'Authie, de la Canche et de la Somme par chalut à perche (2019–2025) et comparaison avec les richesses spécifiques estimées par ADNe en automne 2025

Campagne	Site de prélèvement		
	Authie	Canche	Somme
01/05/2019	9	8	20
01/09/2019	15	13	15
01/06/2020	NA	NA	15
01/09/2020	NA	NA	13
01/10/2020	NA	NA	17
01/05/2021	15	15	17
01/09/2021	12	13	13
01/04/2022	9	7	NA
01/05/2022	5	NA	10
01/09/2022	12	11	18
01/10/2022	3	6	NA
01/05/2023	NA	NA	13
01/10/2023	NA	NA	17
01/05/2024	NA	NA	12
01/10/2024	NA	NA	16
01/05/2025	NA	NA	19
01/09/2025	NA	NA	18
ADNe 2025	15	9	15

La Figure 14 met en évidence la variabilité des richesses spécifiques observées entre les différents traits de chalut réalisés au sein de chaque campagne dans l'estuaire de la Somme entre 2019 et 2025. Les campagnes sont distinguées selon la saison d'échantillonnage, printemps ou automne, et comparées aux richesses spécifiques obtenues par ADNe lors de la campagne 2025.

Afin de comparer directement les assemblages détectés par chalut à perche et par ADNe, l'estuaire de la Somme a été retenu comme système de référence en raison de la régularité de son suivi halieutique dans le cadre de la DCE et de la disponibilité des données les plus récentes acquises en 2025 lors des campagnes de printemps et d'automne.

Les richesses spécifiques observées par chalut présentent des médianes globalement comprises entre 3 et 6 espèces selon les campagnes, avec une variabilité inter-campagnes marquée. Les campagnes printanières montrent fréquemment des médianes légèrement plus élevées, notamment en mai 2019, mai 2021 et mai 2025, où les médianes atteignent respectivement environ 5 à 6 espèces. À l'inverse, certaines campagnes automnales ou printanières présentent des richesses plus faibles, notamment en avril et octobre 2022, caractérisées par des médianes proches de 3 espèces.

Les richesses spécifiques obtenues par ADNe à l'automne 2025 présentent une médiane plus élevée à celles observées lors de la majorité des campagnes de chalut à perche, avec une distribution comprise approximativement entre 3 et 9 espèces. Les valeurs observées par ADNe restent néanmoins incluses dans la gamme globale des richesses historiquement observées par les suivis halieutiques.

Dans l'ensemble, cette figure met en évidence que l'approche ADNe restitue des niveaux de richesse spécifiques cohérents avec les tendances observées par les suivis au chalut à perche,

tout en révélant des richesses spécifiques plus élevées et une variabilité inter-site importante lors de cette campagne automnale 2025.

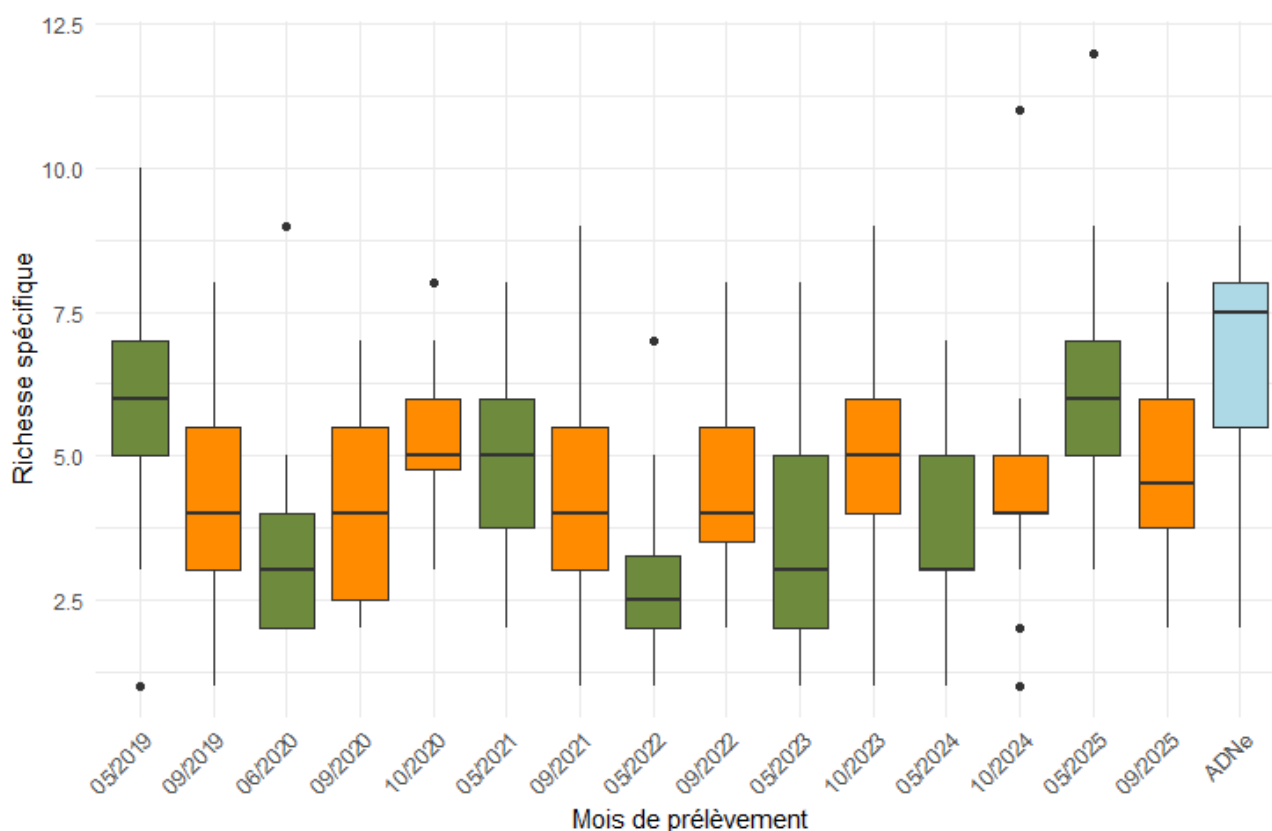


Figure 14. Graphique en boîtes à moustaches représentant les richesses spécifiques observées au chalut par mois d'échantillonnage au printemps (vert) et en automne (orange), ainsi que celles observées lors de l'échantillonnage par ADNe en 2025 sur l'estuaire de la Somme

La Figure 15 présente la répartition relative des guildes écologiques DCE obtenues à partir des assemblages ichthyologiques observés par chalut à perche et par ADNe, en regroupant l'ensemble des données acquises dans les estuaires de l'Authie, de la Canche et de la Somme. Les données issues du chalut intègrent l'ensemble des campagnes réalisées entre 2019 et 2025, tandis que les données ADNe correspondent aux assemblages globaux obtenus lors de la campagne 2025.

Dans les deux approches, les assemblages apparaissent principalement dominés par les espèces marines juvéniles (MJ), qui représentent la fraction la plus importante des taxons détectés. Cette dominance traduit le rôle fonctionnel majeur des estuaires comme zones de transition côtière et habitats de nourricerie pour les espèces marines. Les guildes estuariennes résidentes (ER) constituent également une composante importante des assemblages observés, confirmant la forte contribution des espèces adaptées aux milieux saumâtres estuariens.

Les proportions relatives obtenues par ADNe montrent une structuration cohérente avec celle observée par chalut à perche, avec une hiérarchie similaire des principales guildes écologiques. Toutefois, l'approche ADNe met en évidence une proportion plus importante d'espèces dulçaquicoles (FW) par rapport aux données de chalut. Cette différence pourrait refléter la capacité intégrative de l'ADNe à détecter des signatures moléculaires issues des habitats amont et des apports continentaux transitant dans les systèmes estuariens, y compris pour des espèces peu ou non capturées par les engins de pêche dans les secteurs échantillonnés.

Les guildes marines accessoires (MA) restent présentes dans les deux approches mais dans des proportions plus faibles, tandis que les espèces diadromes (DIA) représentent une fraction minoritaire des assemblages observés, aussi bien dans les données de pêche que dans les données ADNe.

Les résultats ADNe intègre davantage les contributions continentales et les espèces associées aux habitats amont des bassins versants, tout en restituant les signatures écologiques déjà observées historiquement.

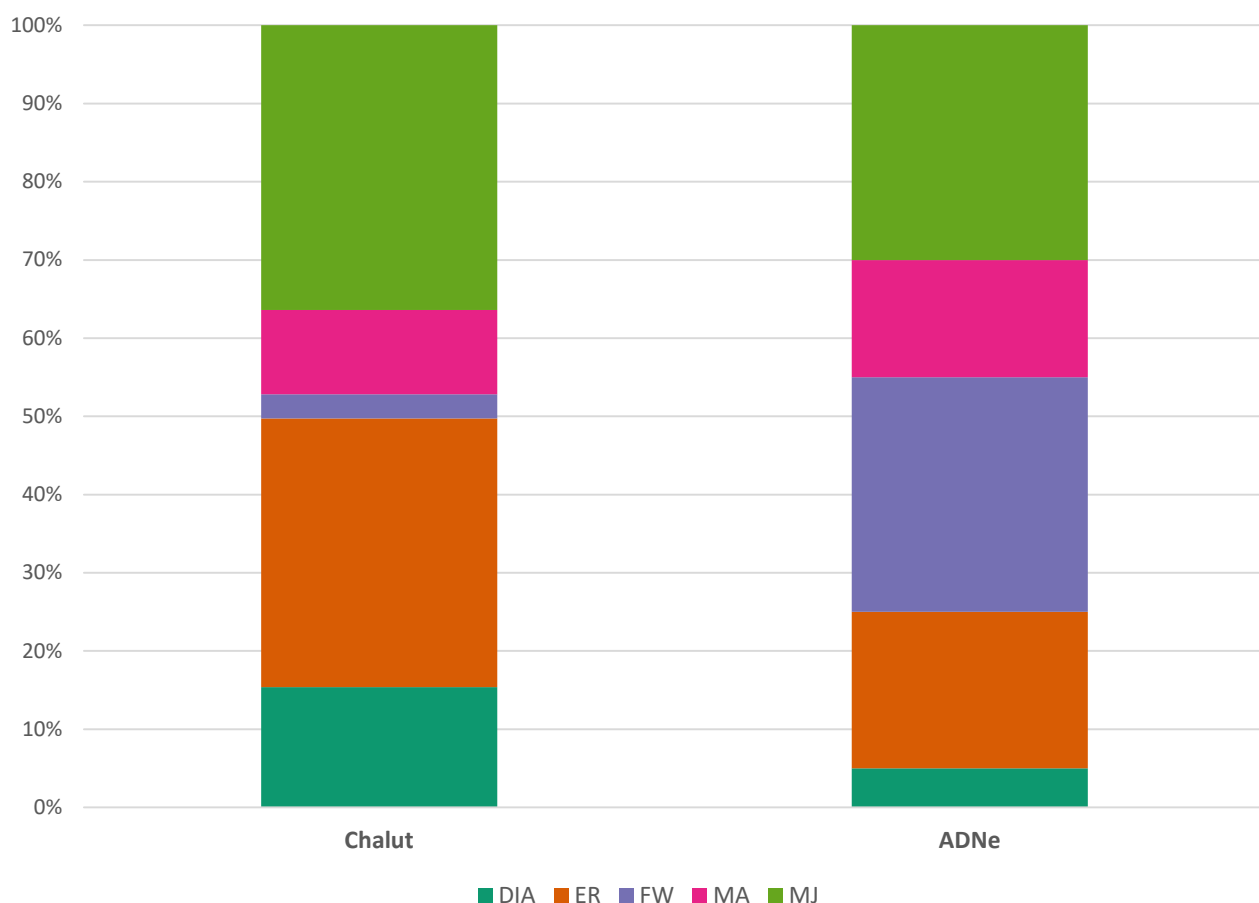


Figure 15. Répartition relative des guildes écologiques DCE des assemblages ichtyologiques observés par chalut à perche (2019–2025) et par ADNe (2025) dans les estuaires de l'Authie, de la Canche et de la Somme

Focus sur l'estuaire de la Somme (campagne 2025)

Afin de comparer directement les assemblages détectés par chalut à perche et par ADNe, l'estuaire de la Somme a été retenu comme système de référence en raison de la régularité de son suivi halieutique dans le cadre de la DCE et de la disponibilité des données les plus récentes acquises en 2025 lors des campagnes de printemps et d'automne. Cette comparaison permet d'évaluer la complémentarité des deux approches sur un estuaire bénéficiant d'un historique de suivi robuste.

Le diagramme de Venn (Figure 16) met en évidence une faible proportion d'espèces communes entre les deux méthodes, avec seulement quatre taxons détectés simultanément par chalut à perche et par ADNe : *Clupea harengus*, *Merlangius merlangus*, *Pomatoschistus microps* et *Dicentrarchus labrax*. Ces espèces correspondent à des taxons caractéristiques des assemblages estuariens et côtiers de la Manche orientale, fréquemment observés dans les habitats de transition estuarienne. Leur détection conjointe par les deux approches souligne la robustesse du signal biologique associé aux espèces les plus structurantes de l'estuaire.

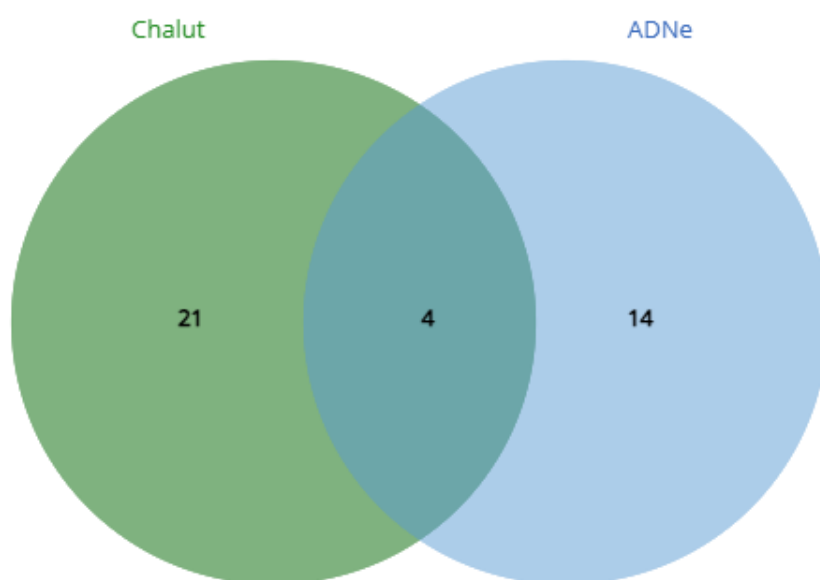


Figure 36. Diagramme de Venn représentant la répartition des espèces observées lors de l'échantillonnage au chalut et par ADNe en baie de Somme en 2025.

Le chalut à perche (Tableau 7) met principalement en évidence des espèces benthiques et démersales côtières telles que *Pleuronectes platessa*, *Platichthys flesus*, *Solea solea*, *Limanda limanda* ou encore *Buglossidium luteum*, ainsi que plusieurs taxons associés aux habitats sableux et benthiques peu profonds (*Ammodytes tobianus*, *Echiichthys vipera*, *Callionymus spp.*). Ces espèces, directement capturées par l'engin de pêche, traduisent la forte capacité du chalut à caractériser les compartiments benthodémersaux de l'estuaire.

À l'inverse, l'ADNe détecte plusieurs espèces absentes des captures au chalut, parmi lesquelles *Atherina presbyter*, *Pollachius virens*, *Salmo salar*, *Gasterosteus aculeatus* ainsi que plusieurs espèces dulçaquicoles (*Abramis brama*, *Rutilus rutilus*, *Perca fluviatilis*, *Sander lucioperca*). Cette différence illustre le caractère intégratif du signal ADNe, capable d'intégrer des signatures biologiques provenant de différents compartiments de l'estuaire et des zones amont connectées au bassin versant.

Au total, le chalut à perche met en évidence un nombre plus élevé d'espèces exclusives (21 taxons) que l'ADNe (14 taxons exclusifs). Cette différence s'inscrit toutefois dans un contexte d'efforts d'échantillonnage très différents entre les deux approches. Les données halieutiques

reposent sur plusieurs années de suivi et sur la réalisation répétée de nombreux traits de chalut au sein des estuaires étudiés, augmentant mécaniquement la probabilité de détection des espèces présentes. À l'inverse, les résultats ADNe présentés ici proviennent d'une unique campagne d'échantillonnage fondée sur un nombre limité de prélèvements d'eau réalisés ponctuellement sur quelques secteurs. L'ADNe a néanmoins permis de restituer des structururations écologiques cohérentes avec les grands assemblages observés par chalut à perche.

Les différences observées entre les espèces détectées par les deux méthodes traduisent ainsi principalement la nature distincte des compartiments biologiques échantillonnés. Le chalut à perche cible préférentiellement les espèces benthiques et démersales effectivement présentes et capturables localement au moment du prélèvement, tandis que l'ADNe fournit une information plus intégrative, susceptible d'inclure des espèces mobiles, discrètes ou associées aux habitats connectés aux systèmes estuariens. Ces résultats soulignent ainsi la forte complémentarité écologique et fonctionnelle des deux approches dans la caractérisation des peuplements ichthyologiques estuariens.

Tableau 7. Comparaison des espèces détectées dans l'estuaire de la Somme par chalut à perche (campagnes printemps–automne 2025) et par ADNe (campagne 2025). Les valeurs "1" indiquent la détection de l'espèce par la méthode considérée.

Espèces	Chalut	ADNe
<i>Clupea harengus</i>	1	1
<i>Merlangius merlangus</i>	1	1
<i>Pomatoschistus microps</i>	1	1
<i>Dicentrarchus labrax</i>	1	1
<i>Echiichthys vipera</i>	1	0
<i>Pleuronectes platessa</i>	1	0
<i>Sprattus sprattus</i>	1	0
<i>Chelon ramada</i>	1	0
<i>Solea solea</i>	1	0
<i>Ammodytes tobianus</i>	1	0
<i>Buglossidium luteum</i>	1	0
<i>Platichthys flesus</i>	1	0
<i>Pomatoschistus minutus</i>	1	0
<i>Syngnathus acus</i>	1	0
<i>Syngnathus rostellatus</i>	1	0
<i>Trisopterus luscus</i>	1	0
<i>Limanda limanda</i>	1	0
<i>Anguilla anguilla</i>	1	0
<i>Clupeidae</i>	1	0
<i>Atherina</i>	1	0
<i>Ciliata mustela</i>	1	0
<i>Scophthalmus maximus</i>	1	0
<i>Callionymus</i>	1	0

<i>Scophthalmus</i>		
<i>rhombus</i>	1	0
<i>Trachurus trachurus</i>	1	0
<i>Atherina presbyter</i>	0	1
<i>Sardina pilchardus</i>	0	1
<i>Sardinops sagax</i>	0	1
<i>Abramis brama</i>	0	1
<i>Rutilus rutilus</i>	0	1
<i>Pollachius virens</i>	0	1
<i>Perca fluviatilis</i>	0	1
<i>Sander lucioperca</i>	0	1
<i>Oncorhynchus keta</i>	0	1
<i>Oncorhynchus</i>		
<i>tshawytscha</i>	0	1
<i>Salmo salar</i>	0	1
<i>Atherina hepsetus</i>	0	1
<i>Gasterosteus</i>		
<i>aculeatus</i>	0	1
<i>Oncorhynchus</i>		
<i>mykiss</i>	0	1

5.2 - ZONES PORTUAIRES

Focus sur le port de Calais (campagne 2025)

La comparaison entre les résultats obtenus par ADNe dans le port de Calais et les campagnes halieutiques réalisées au chalut à perche entre 2021 et 2022 (BAUDINIERE E., et al., 2022) met en évidence des convergences écologiques particulièrement intéressantes malgré des différences importantes dans les protocoles d'échantillonnage et les espèces détectées. Les suivis halieutiques historiques reposaient sur un protocole standardisé de chalut à perche réalisé directement dans l'avant-port et sur des stations situées à l'extérieur de l'enceinte portuaire, avec un ciblage préférentiel des espèces benthiques et benthodémersales présentes localement.

À l'inverse, les prélèvements ADNe réalisés dans cette étude ont été effectués dans des conditions plus contraintes. Faute d'autorisations d'accès obtenues dans les délais impartis auprès de la capitainerie, les prélèvements ont été collectés depuis un ponton accessible au sein du port ainsi qu'au niveau d'un secteur plus amont caractérisé par une salinité relativement faible. Malgré ce dispositif d'échantillonnage spatialement plus restreint, les données ADNe mettent en évidence plusieurs taxons caractéristiques déjà observés lors des campagnes halieutiques, notamment *Clupea harengus*, *Merlangius merlangus*, *Pomatoschistus microps*, *Dicentrarchus labrax* ou encore *Sprattus sprattus*.

Cette cohérence apparaît particulièrement notable compte tenu des différences méthodologiques entre les deux approches. Elle suggère que l'ADNe est capable de restituer les grandes composantes fonctionnelles des assemblages ichtyologiques associés au système portuaire de Calais, même à partir d'un nombre limité de points de prélèvement et dans des secteurs accessibles uniquement depuis les infrastructures portuaires. L'approche ADNe met également en évidence plusieurs taxons non détectés lors des campagnes au chalut, notamment certaines espèces dulçaquicoles telles que *Abramis brama*, *Rutilus rutilus* ou *Perca fluviatilis*. La présence de ces espèces apparaît cohérente avec les faibles salinités mesurées dans le secteur amont échantillonné à pied, traduisant une influence continentale marquée dans certaines zones internes du système portuaire. D'autres détections plus atypiques doivent toutefois être interprétées avec prudence au regard des limites potentielles liées aux assignations taxonomiques et aux bases de référence moléculaires.

Cette comparaison souligne le caractère complémentaire des deux approches. Le chalut à perche permet une caractérisation directe des espèces effectivement capturables dans les habitats prospectés, tandis que l'ADNe restitue une signature écologique plus intégrative du système portuaire, incluant potentiellement des espèces mobiles, discrètes ou associées à des habitats connectés au port. Cette capacité intégrative apparaît particulièrement intéressante dans les environnements portuaires fortement anthropisés et soumis à des contraintes d'accès importantes, où les possibilités d'échantillonnage conventionnel peuvent être limitées.

6 - CONCLUSIONS & AXES D'AMÉLIORATIONS

Les résultats obtenus dans cette étude montrent que l'approche par ADN environnemental (ADNe), appliquée aux milieux estuariens et portuaires du bassin Artois-Picardie, a permis de produire des données écologiques pertinentes malgré plusieurs contraintes opérationnelles et environnementales. Certaines zones n'ont notamment pas pu être investiguées en raison de restrictions d'accès ou d'autorisations non obtenues dans les délais impartis. Par ailleurs, la campagne a été réalisée tardivement en saison, en fin d'automne, une période potentiellement moins favorable à la détection de certaines espèces en raison des variations saisonnières des communautés biologiques et de la dynamique du signal ADN dans la colonne d'eau.

Les prélèvements réalisés ont permis de couvrir les principaux systèmes estuariens et portuaires ciblés et de constituer un jeu de données exploitable. Les résultats obtenus mettent en évidence des structururations écologiques cohérentes avec les caractéristiques fonctionnelles attendues de ces milieux de transition. Les volumes d'eau filtrés sont restés très variables selon les stations, principalement en raison des fortes turbidités observées dans plusieurs secteurs. Les volumes effectivement filtrés variaient entre 2 et 90 L par station, avec une moyenne d'environ 29 L répartis en trois réplicats. Dans certains secteurs fortement turbides, le colmatage rapide des filtres a fortement limité les volumes pouvant être traités. Ces contraintes sont susceptibles d'avoir affecté la quantité d'ADN récupérée et, par conséquent, les capacités de détection de l'approche. L'ADNe a permis de détecter un nombre important de taxons et de restituer des structururations écologiques cohérentes à l'échelle des systèmes étudiés.

Les résultats obtenus sont cohérents avec les tendances historiques issues des suivis halieutiques réalisés par chalut à perche dans le cadre de la Directive Cadre sur l'Eau (DCE). Les grandes composantes fonctionnelles des assemblages ont été retrouvées entre les deux approches, avec une dominance récurrente des guildes marines juvéniles et estuariennes résidentes dans les différents estuaires étudiés.

La comparaison entre les données ADNe et les inventaires réalisés par chalut à perche n'a pu être conduite que sur l'estuaire de la Somme, en raison du manque de données halieutiques comparables disponibles pour les autres systèmes étudiés. Les deux approches reposent par ailleurs sur des efforts d'échantillonnage très différents : les données issues du chalut résultent de plusieurs campagnes et de nombreux traits de pêche réalisés au sein de l'estuaire, tandis que les données ADNe proviennent d'une unique campagne basée sur un nombre limité de prélèvements d'eau. Malgré cet effort d'échantillonnage plus restreint, l'approche ADNe a permis de retrouver plusieurs espèces structurantes des assemblages estuariens observés historiquement par chalut à perche, notamment *Clupea harengus*, *Merlangius merlangus*, *Pomatoschistus microps* et *Dicentrarchus labrax*. Ces résultats soulignent la capacité de l'ADNe à restituer rapidement les principales composantes écologiques des peuplements estuariens et confirment le potentiel de cette approche comme outil complémentaire des suivis halieutiques classiques.

La turbidité influence les performances de détection de l'ADNe (Figure 17). La relation mise en évidence entre la turbidité et la richesse spécifique détectée dans nos données montre une tendance à la diminution des richesses spécifiques lorsque les niveaux de turbidité augmentent. Bien que le coefficient de détermination reste modéré ($R^2 = 0,32$), cette relation apparaît statistiquement significative ($p = 0,026$). Ces résultats suggèrent que les fortes charges particulières limitent l'efficacité de détection par ADNe (i.e. faible filtration, augmentation de la proportion d'inhibiteurs dans les échantillons). Dans les systèmes fortement turbides du bassin Artois-Picardie, ce facteur apparaît comme un paramètre susceptible d'influencer les capacités de détection de l'approche ADNe. Les résultats issus de cette première campagne exploratoire montrent toutefois que ces contraintes peuvent être prises en compte afin d'adapter et d'optimiser les futurs protocoles d'échantillonnage, de filtration et d'analyse dans ce type d'environnement fortement turbide.

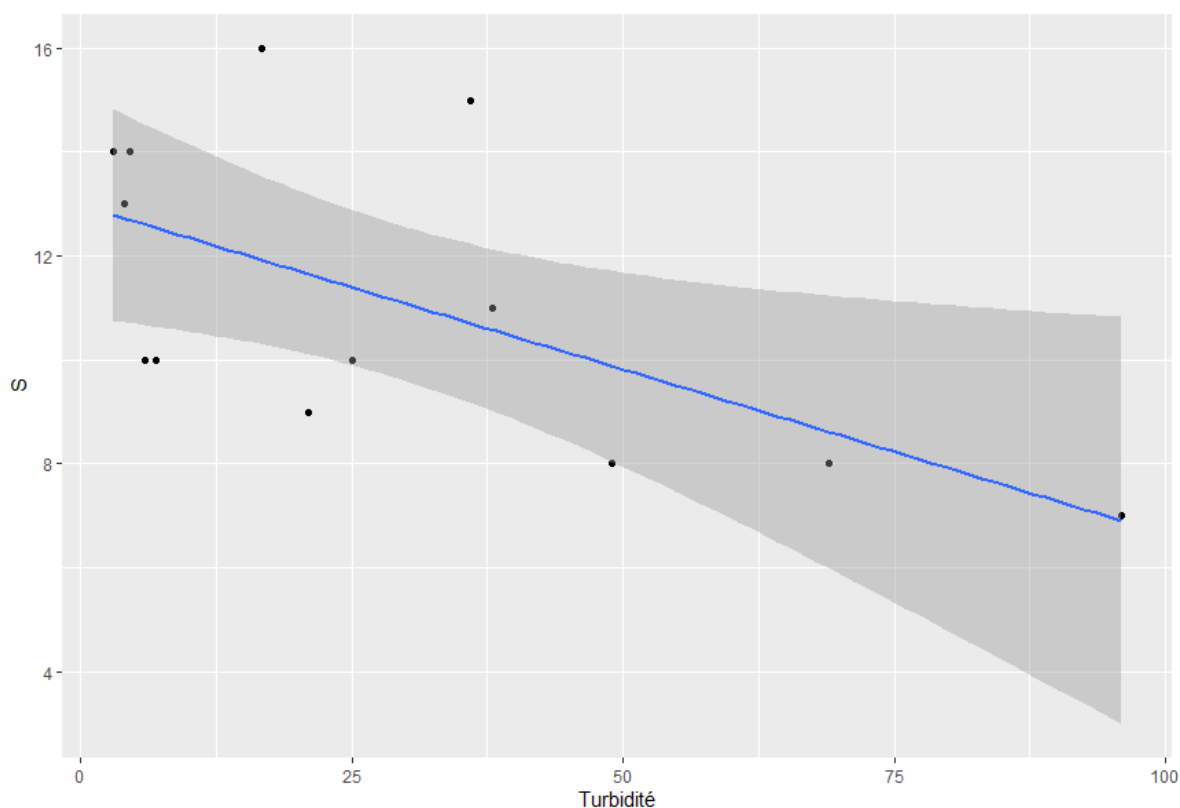


Figure 17. Régression linéaire entre la turbidité en NTU et la Richesse Spécifique S observée lors des échantillons d'ADNe. Les résidus du modèle suivent les conditions d'applications, $p=0,026<0,05$ et $R^2=0,32$.

La sensibilité analytique peut également avoir été influencée par les choix méthodologiques liés aux marqueurs moléculaires utilisés. Les approches basées sur des fragments courts (200 à 250 pb) présentent l'avantage d'amplifier des ADN potentiellement dégradés dans l'environnement, mais elles peuvent également réduire la résolution taxonomique et favoriser des ambiguïtés d'assignation lorsque plusieurs espèces phylogénétiquement proches partagent des séquences similaires dans les bases de référence. Certaines détections atypiques observées dans cette étude illustrent probablement ces limites liées à la résolution des marqueurs employés et aux imperfections des bases de données taxonomiques actuellement disponibles.

L'approche ADNe apparaît comme un outil particulièrement complémentaire des méthodes halieutiques classiques (« Marine Environmental DNA » 2020). Elle permet d'accéder rapidement à une vision intégrative des assemblages biologiques, incluant des espèces peu capturables par les engins de pêche, discrètes, mobiles ou présentes dans des habitats difficilement accessibles. Les résultats obtenus montrent que l'ADNe fournit des informations écologiquement pertinentes sur la structuration des communautés ichthyologiques estuariennes et portuaires. D'un point de vue de la durée de vie des ADN en milieux marins et estuariens, la plupart des études rapporte une représentation contemporaine d'une communauté, même au-delà des variations observées au gré des marées quotidiennes (Kelly et al. 2018) ou de la profondeur (Deter et al. 2023). Cependant, il existe des cas où des espèces d'eau douce non résidentes ont été détectées dans des études d'ADNe marin (Yamamoto et al. 2017), et bien que cette source d'erreur puisse être écartée comme provenant d'un apport fluvial, les courants transportant l'ADN d'espèces marines peuvent constituer une source moins évidente de biais systématique (Collins et al. 2018).

Un élément particulièrement marquant de cette étude réside dans le rapport entre l'effort d'échantillonnage mobilisé et la quantité d'informations écologiques obtenues. Les suivis classiques par chalut à perche nécessitent généralement une logistique importante, impliquant une à deux journées d'intervention, la mobilisation d'un équipage spécialisé ainsi que la réalisation de nombreux traits de pêche, souvent plus d'une dizaine afin de caractériser correctement les

assemblages estuariens. À l'inverse, l'approche ADNe repose sur un protocole d'échantillonnage beaucoup plus léger, basé sur des prélèvements d'eau réalisés sur un nombre restreint de secteurs. En plus de la facilité d'échantillonnage sur le terrain, l'approche ADNe a permis de restituer des structurations écologiques cohérentes avec celles mises en évidence par les suivis halieutiques historiques. Ce constat apparaît d'autant plus notable qu'il s'agit ici d'une première campagne exploratoire réalisée dans des conditions peu favorables, en fin d'automne, dans des milieux fortement turbides et avec un nombre limité de secteurs investigués. L'approche ADNe présente également un intérêt notable pour la détection précoce de taxons rares, discrets ou faiblement capturables par les méthodes halieutiques classiques. Elle pourrait ainsi contribuer à améliorer la détection d'espèces nouvellement présentes dans les systèmes estuariens et portuaires, notamment dans un contexte de changements environnementaux et d'évolution des aires de répartition biogéographiques. Cette sensibilité pourrait également représenter un atout important pour la surveillance précoce d'espèces exotiques ou potentiellement invasives dans les milieux portuaires et estuariens fortement connectés aux échanges maritimes internationaux.

Dans le cadre de la DCE, cette approche pourrait représenter un outil complémentaire particulièrement pertinent pour les suivis exploratoires, les diagnostics rapides ou encore les contextes où les contraintes opérationnelles, environnementales ou réglementaires limitent les possibilités d'échantillonnage conventionnel. Il serait également particulièrement intéressant de poursuivre ce travail, qui bénéficie d'un suivi halieutique historique régulier dans le cadre de la DCE. Dans cette perspective, la mise en place de campagnes ADNe réparties sur les quatre saisons permettrait d'obtenir une vision plus intégrative de la dynamique annuelle des assemblages ichthyologiques estuariens. Une telle approche offrirait la possibilité d'évaluer les variations saisonnières des communautés détectées par ADNe et de mieux caractériser la représentativité temporelle de cette méthode dans les systèmes estuariens.

Il serait également pertinent d'intégrer un suivi simultané des paramètres de turbidité (profil sonde le temps de la filtration) lors des opérations de filtration afin d'évaluer plus précisément les relations entre charge particulaire, colmatage des filtres, volumes effectivement filtrés et performances de détection.

Enfin, plusieurs évolutions technologiques pourraient permettre d'améliorer sensiblement la sensibilité de l'approche. L'utilisation de fragments moléculaires plus longs couplés aux technologies de séquençage longue lecture de type Nanopore pourrait améliorer la résolution taxonomique et limiter certaines ambiguïtés d'assignation spécifiques (Doorenspleet et al. 2025).

7 - BIBLIOGRAPHIE

BAUDINIERE E., PERSON C., LANSHERE J., 2022 Etude de la zone subtidale dans le cadre du projet Calais PORT 2015, suivi de la ressource halieutique Rapport final 2021-2022, 73 p

Collins, Rupert A., Owen S. Wangensteen, Eoin J. O'Gorman, Stefano Mariani, David W. Sims, et Martin J. Genner. 2018. « Persistence of Environmental DNA in Marine Systems ». *Communications Biology* 1 (1): 185. <https://doi.org/10.1038/s42003-018-0192-6>.

Deter, Julie, Noémie Agel, Thoma Bockel, et David MOUILLOT. 2023. « eREF : État de référence de la biodiversité en vertébrés dans les masses d'eaux côtières méditerranéennes à partir de l'ADN environnemental ». Rapport final. 68 pages et annexes., 68.

Doorenspleet, Karlijn, Lara Jansen, Saskia Oosterbroek, et al. 2025. « The Long and the Short of It: Nanopore-Based eDNA Metabarcoding of Marine Vertebrates Works; Sensitivity and Species-Level Assignment Depend on Amplicon Lengths ». *Molecular Ecology Resources* 25 (4): e14079. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.14079>.

Duhamel S., 2025. DCE : Suivi de l'ichtyofaune dans les masses d'eau de transition : Synthèse années 2019 – 2021 Baie de Somme / Baies d'Authie et de Canche et des années 2019-2024 pour le suivi de la baie de Somme. Rapport CSLN / Agence de l'Eau Artois-Picardie. 45 p.

Duhamel S., BOQUET M., DELAGREVERIE E., Hanin C., 2025a. DCE : Suivi de l'ichtyofaune en masses d'eau de transition : Campagne de printemps 2025a en Baie de Somme. Rapport CSLN / Agence de l'Eau Artois-Picardie. 38 p.

Duhamel S., Boquet M., Hanin C., 2024b. DCE : Suivi de l'ichtyofaune en masses d'eau de transition : Campagne d'automne 2024 en Baie de Somme. Rapport CSLN / Agence de l'Eau Artois-Picardie. 45 p.

Duhamel S., Crampon A., Hanin C., Rey M., 2022b. DCE : Suivi de l'ichtyofaune en masses d'eau de transition : Campagne d'automne 2022 en Baie de Somme, d'Authie et de Canche. Rapport CSLN / Agence de l'Eau Artois-Picardie. 67 p.

Duhamel S., Dorocant L., Hanin C., Rey M., 2023b. DCE : Suivi de l'ichtyofaune en masses d'eau de transition : Campagne d'automne 2023 en Baie de Somme. Rapport CSLN / Agence de l'Eau Artois-Picardie. 39 p.

Duhamel S., Dorocant L., Morvan E., Hanin C., 2024a. DCE : Suivi de l'ichtyofaune en masses d'eau de transition : Campagne de printemps 2024a en Baie de Somme. Rapport CSLN / Agence de l'Eau Artois-Picardie. 46 p.

Duhamel S., Hanin C., Morvan E., 2022a. DCE : Suivi de l'ichtyofaune en masses d'eau de transition : Campagne de printemps 2022 en Baie de Somme, d'Authie et de Canche. Rapport CSLN / Agence de l'Eau Artois-Picardie. 67 p.

Duhamel S., Hanin C., Morvan E., Rey M., 2021b. DCE : Suivi de l'ichtyofaune en masses d'eau de transition : Campagne de printemps 2021 en Baie de Somme, d'Authie et de Canche. Rapport CSLN / Agence de l'Eau Artois-Picardie. 68 p.

Duhamel S., Hanin C., Morvan E., Rey M., 2021c. DCE : Suivi de l'ichtyofaune en masses d'eau de transition : Campagne d'automne 2021 en Baie de Somme, d'Authie et de Canche. Rapport CSLN / Agence de l'Eau Artois-Picardie. 56 p.

Duhamel S., Hanin C., Rey M., 2020a. DCE : Suivi de l'ichtyofaune en masses d'eau de transition : Campagne de printemps 2020 en Baie de Somme. Rapport CSLN / Agence de l'Eau Artois-Picardie. 27 p.

Duhamel S., Hanin C., Rey M., 2020b. DCE : Suivi de l'ichtyofaune en masses d'eau de transition : Campagne d'automne 2020 en Baie de Somme. Rapport CSLN / Agence de l'Eau Artois-Picardie. 37 p.

Duhamel S., Hanin C., Rey M., 2023a. DCE : Suivi de l'ichtyofaune en masses d'eau de transition : Campagne de printemps 2023 en Baie de Somme. Rapport CSLN / Agence de l'Eau Artois-Picardie. 42 p.

Duhamel S., MOAL S., DELAGREVERIE E., Hanin C., 2025b. DCE : Suivi de l'ichtyofaune en masses d'eau de transition : Campagne d'automne 2025a en Baie de Somme. Rapport CSLN / Agence de l'Eau Artois-Picardie. 44 p.

Duhamel S., Rey M & Hanin C., 2019a. DCE : Suivi de l'ichtyofaune en masses d'eau de transition : Campagne de printemps 2019 en Baie de Somme, d'Authie et de Canche. Rapport CSLN / Agence de l'Eau Artois-Picardie. 39 p.

Duhamel S., Rey M & Hanin C., 2019b. DCE : Suivi de l'ichtyofaune en masses d'eau de transition : Campagne d'automne 2019 en Baie de Somme, d'Authie et de Canche. Rapport CSLN / Agence de l'Eau Artois-Picardie. 42 p.

Edmunds, Richard C., et Damien Burrows. 2020. « Got Glycogen?: Development and Multispecies Validation of the Novel Preserve, Precipitate, Lyse, Precipitate, Purify (PPLPP) Workflow for Environmental DNA Extraction from Longmire's Preserved Water Samples ». *Journal of Biomolecular Techniques*: JBT 31 (4): 125-50. <https://doi.org/10.7171/jbt.20-3104-003>.

Kelly, Ryan P., Ramón Gallego, et Emily Jacobs-Palmer. 2018. « The Effect of Tides on Nearshore Environmental DNA ». *PeerJ* 6 (mars): e4521. <https://doi.org/10.7717/peerj.4521>.

Leray, Matthieu, Nancy Knowlton, et Ryuji J. Machida. 2022. « MIDORI2: A Collection of Quality Controlled, Preformatted, and Regularly Updated Reference Databases for Taxonomic Assignment of Eukaryotic Mitochondrial Sequences ». *Environmental DNA* 4 (4): 894-907. <https://doi.org/10.1002/edn3.303>.

« Marine Environmental DNA: Approaches, Applications, and Opportunities ». 2020. In *Advances in Marine Biology*, vol. 86. no 1. Academic Press. <https://doi.org/10.1016/bs.amb.2020.01.001>.

Noel, Cyril, Alexandre Cormier, Laura Leroi, et Patrick Durand. 2021. « SAMBA: Standardized and Automated MetaBarcoding Analyses workflow ». Prépublication, WorkflowHub. <https://doi.org/10.48546/WORKFLOWHUB.WORKFLOW.156.1>.

Pont, Didier, Mathieu Rocle, Alice Valentini, et al. 2018. « Environmental DNA Reveals Quantitative Patterns of Fish Biodiversity in Large Rivers despite Its Downstream Transportation ». *Scientific Reports* 8 (1): 10361. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-28424-8>.

Teichert N., Carassou L., Sahraoui Y., Lobry J., Lepage M., 2018b. Influence of intertidal seascape on the functional structure of fish assemblages: Implications for habitat conservation in estuarine ecosystems. *Aquatic Conserv: Mar Freshw Ecosyst*. 2018;1-12.

Teichert N., Lobry J., Lepage M., 2018a. Comparaison d'indicateurs de biodiversité, d'état écologique et de fonctionnement trophique dans les systèmes estuariens. Partie I - Fonctionnement des écosystèmes estuariens : analyse des indicateurs de biodiversité des assemblages de poissons. Rapport IRSTEA / Agence Française pour la Biodiversité. 39 -53.

Yamamoto, Satoshi, Reiji Masuda, Yukuto Sato, et al. 2017. « Environmental DNA Metabarcoding Reveals Local Fish Communities in a Species-Rich Coastal Sea ». Scientific Reports 7 (1): 40368. <https://doi.org/10.1038/srep40368>.

8 - ANNEXES

Annexe 1 – Stratégie d'échantillonnage

Annexe 2 – Tableur données terrain

Annexe 3 - Résultats des contrôles qualités

Annexe 4 - Synthèse du nombre de séquences par échantillon

Annexe 5 - Liste complète des taxons identifiés

Annexe 1 - Stratégie d'échantillonnage

Prélèvements et analyses d'eau dans les estuaires et les ports maritimes du bassin Artois-Picardie pour inventorier les espèces de poissons par ADN environnemental

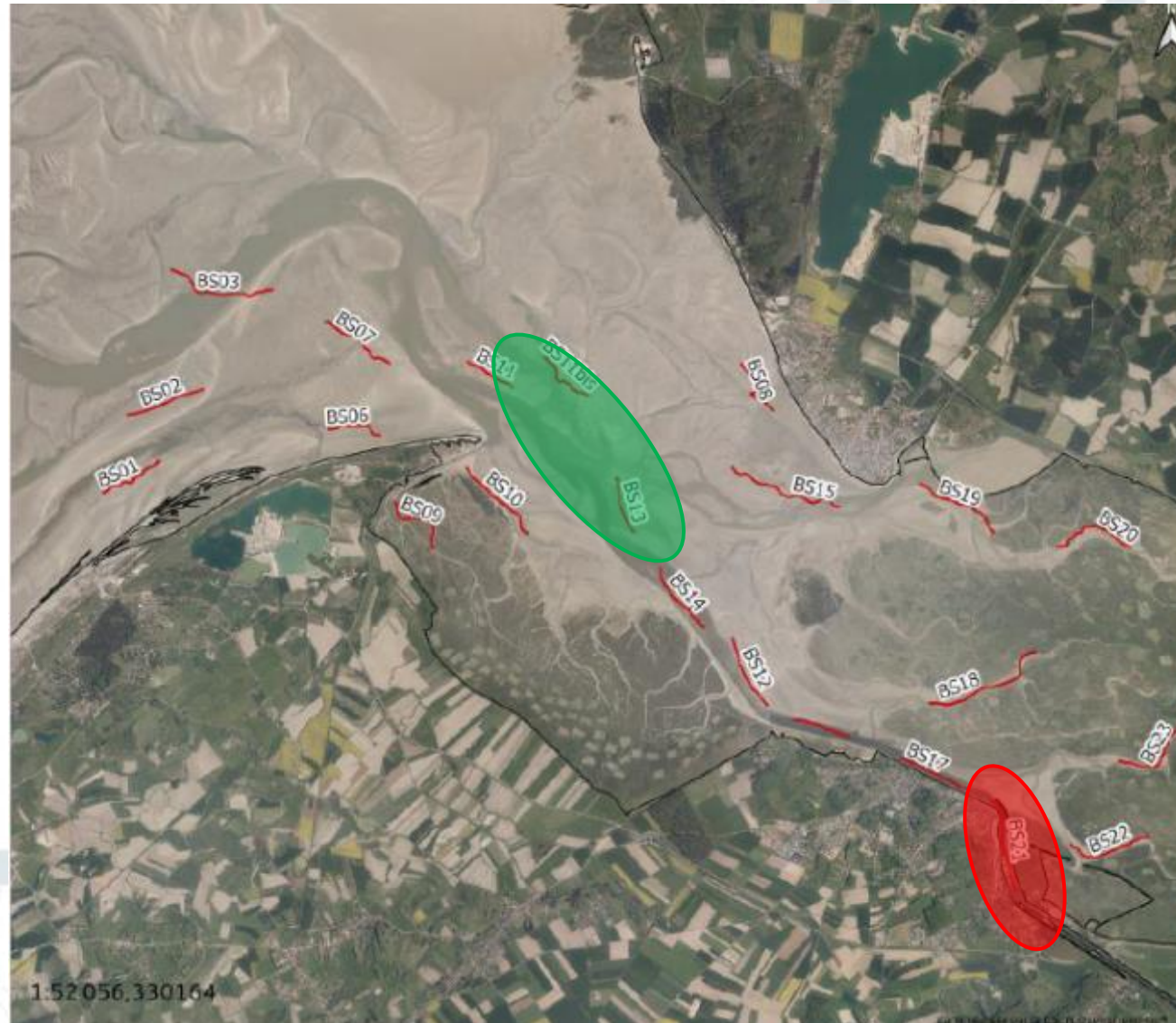
**APPEL D'OFFRES OUVERT
à bons de commandes**

Proposition de stratégie d'échantillonnage

Rappel du CCTP, réponse initiale

- Timing / temporalité
- Attribution tardive (campagne réalisée fin novembre en fonction de conditions météo)
- Saison : Automne pour être comparable au suivi chalut DCE ; S48 – 49
- Les pêches CSLN montrent forte saisonnalité (ex. hareng, sprat et autres varient printemps/automne).
- échantillonner préférentiellement autour de pleine mer / $\pm 1,5$ h pour couvrir filandres et chenaux accessibles (contraintes logistiques identiques au chalut).
- Réplication temporelle : 3 d'eau par station sur la même journée

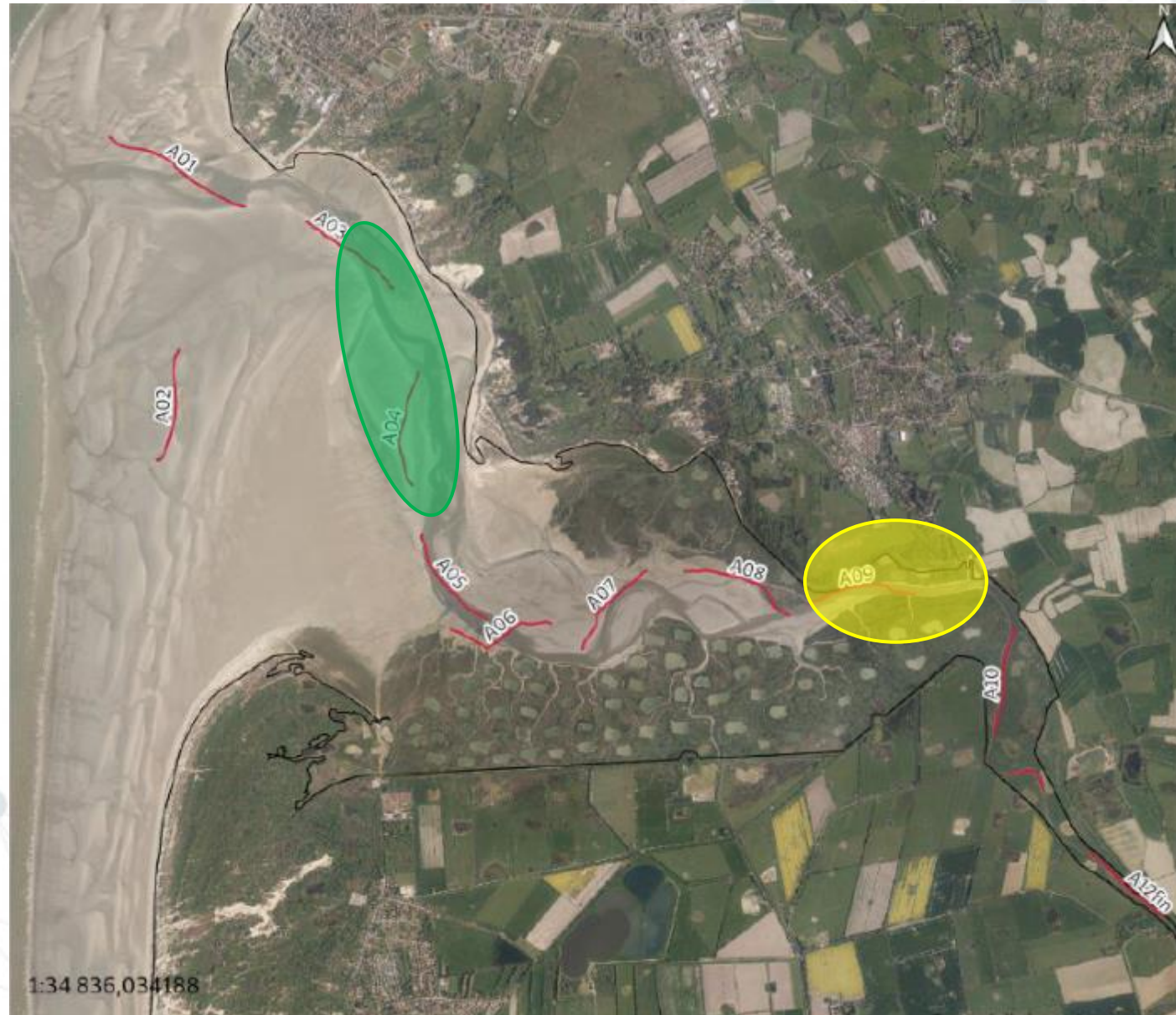
Estuaire de la Somme



2 secteurs

- Zone verte
N 50.212723
E 1.597049
- Amont (zone rouge)
N 50.183567
E 1.644440

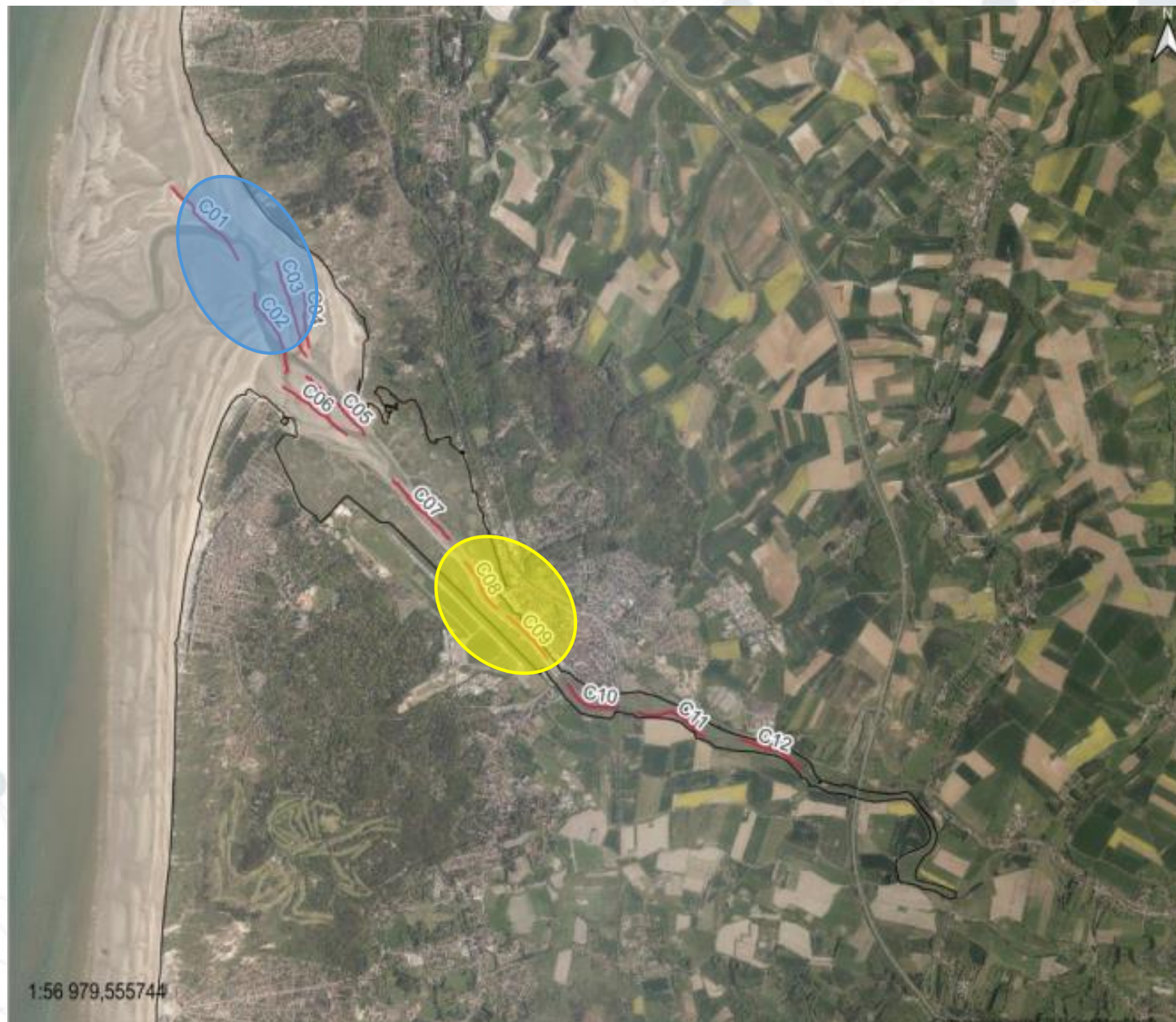
Estuaire de l'Authie



2 secteurs

- Zone verte
N 50.381258
E 1.573507
- Zone jaune
N 50.369864
E 1.613452

Estuaire de la Canche



2 secteurs

- Zone bleue
N 50.548153
E 1.592585
- Zone jaune
N 50.519997
E 1.623888

Estuaire de la Slack



1 secteur

A pied

N 50.806017

E 1.603178

Port Ouest de Dunkerque

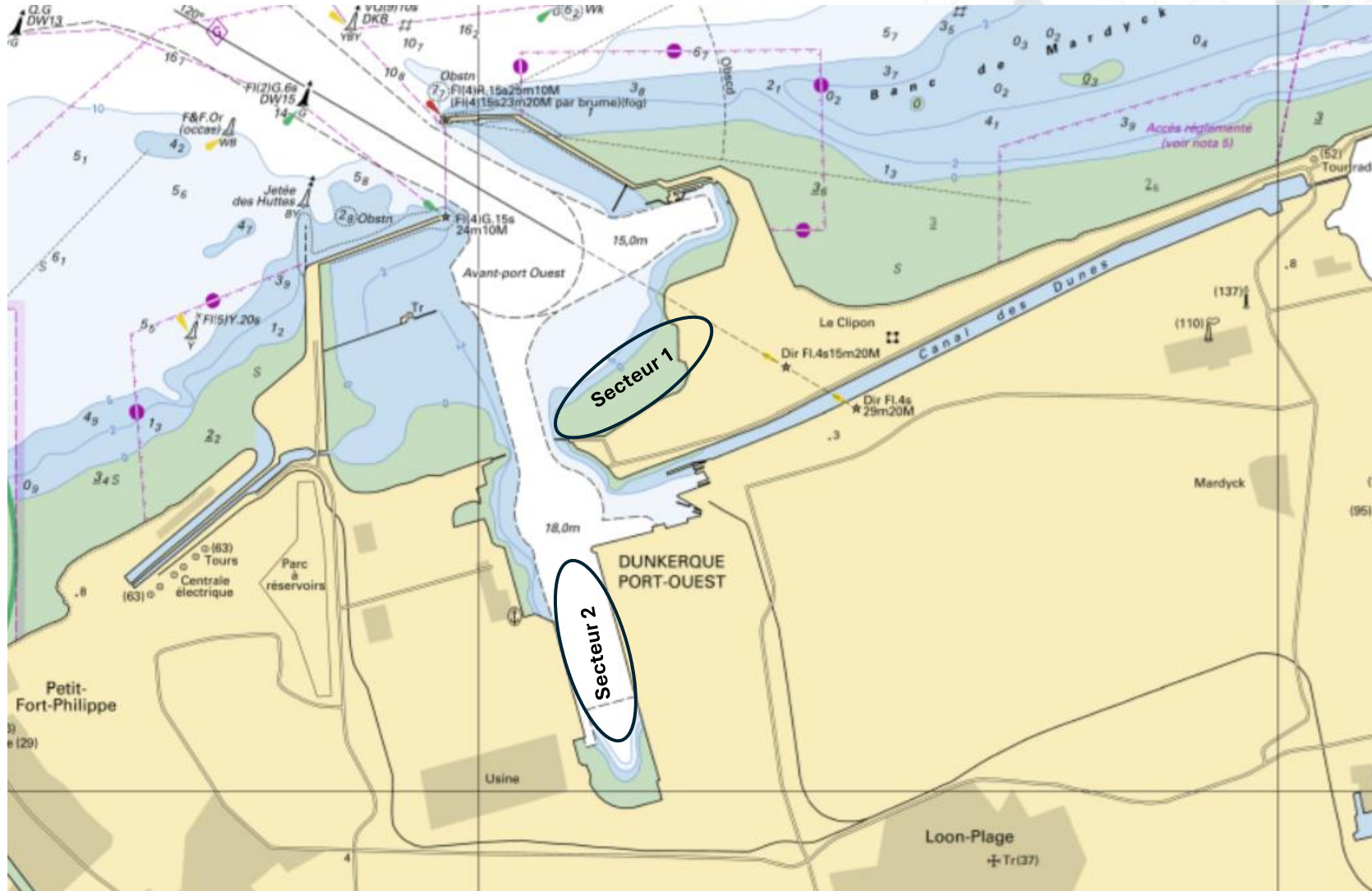


Point de Sécurité Capitainerie Action requise

Contacter la Capitainerie pour autorisation d'accès et coordination des prélèvements

Besoin de soutien de l'AEAP pour faciliter la démarche au regard des délais

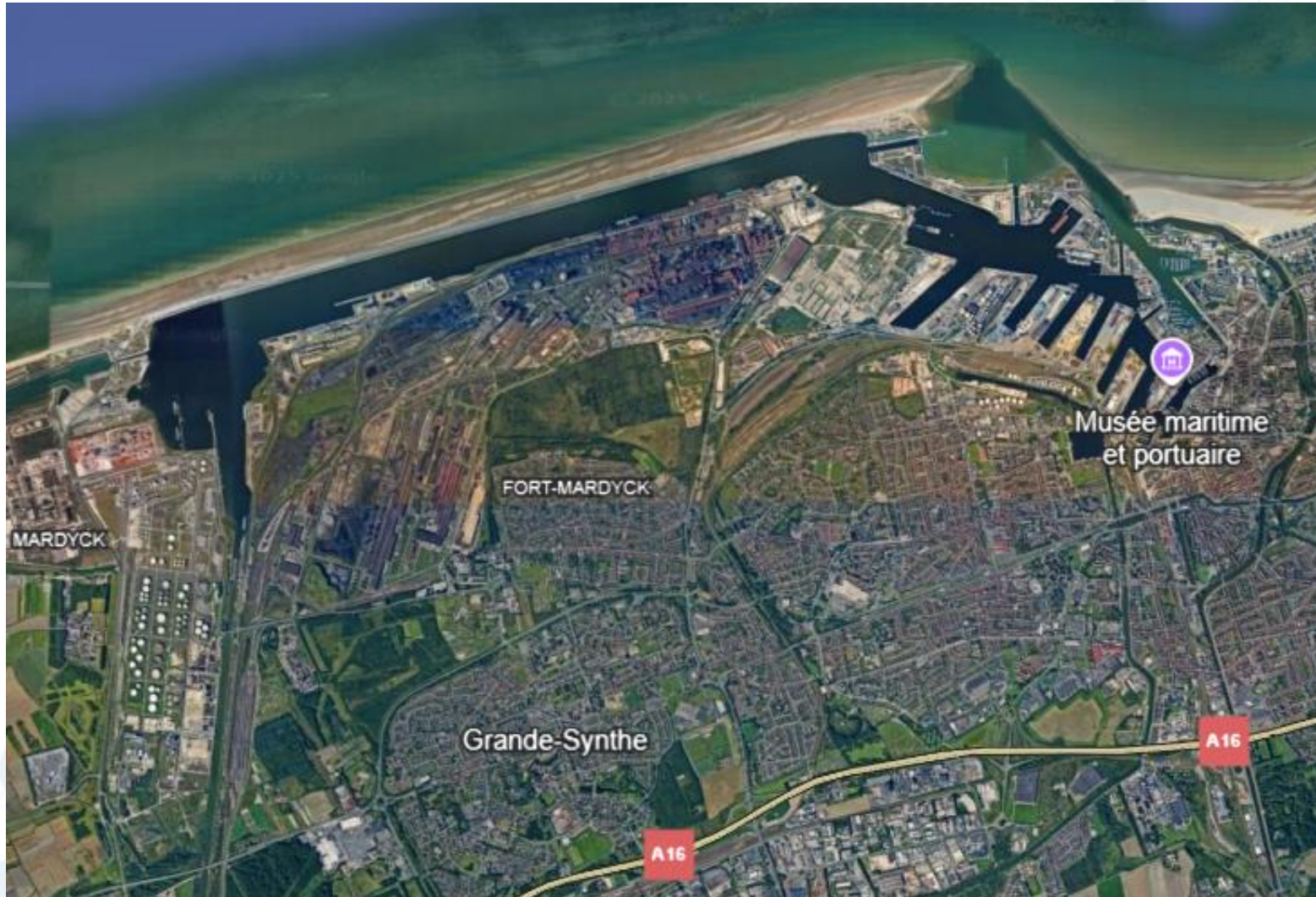
Port Ouest de Dunkerque



2 secteurs Milieu intertidal sableu

- Avant port
N 50.548153
E 1.592585
- Bassin Atlantique ouvert
N 50.519997
E 1.623888

Port Est de Dunkerque

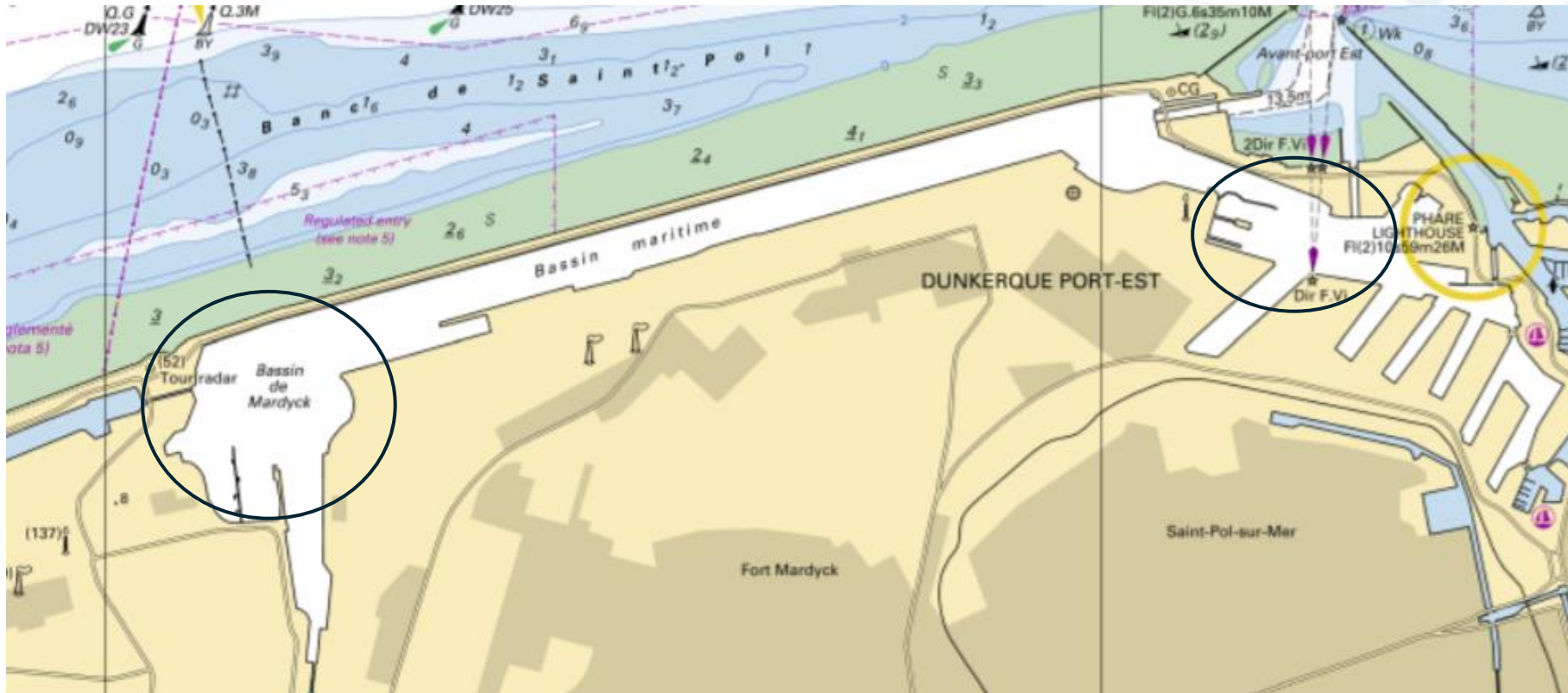


Point de Sécurité Capitainerie Action requise

Contacter la Capitainerie pour
autorisation d'accès et
coordination des prélèvements

Besoin de soutien de l'AEAP
pour faciliter la démarche au
regard des délais

Port Est de Dunkerque



2 secteurs

- Bassin de Mardyck
N 51.039592
E 2.263793
- Bassin d'évolution
N 51.047565
E 2.353528

Passage par le canal des
Dunes après avoir réalisé
Port Ouest ?

Port de Calais



2 secteurs

- Navire support

- Secteur 3

N 50.969068

E 1.854297

- **A pied**

N 50.959048

E 1.833882

Repérage par AEAP

13/11/2025

Port de Calais

Données pêches historiques



Navire support
Secteur 3
N 50.969068
E 1.854297

Tableau 1. Localisation des stations théoriques pour l'échantillonnage aux chaluts (en degrés minutes - WGS 84).

Station	Localisation intérieur/extérieur	Coordonnées de début de trait		Coordonnées de fin de trait	
		Latitude	Longitude	Latitude	Longitude
1	EXT	50°59,417'N	01°52,673'E	50°59,278'N	01°51,898'E
2	EXT	50°59,234'N	01°54,032'E	50°59,043'N	01°53,289'E
3	INT	50°58,843'N	01°51,679'E	50°58,662'N	01°50,910'E
4	EXT	50°58,536'N	01°47,510'E	50°58,553'N	01°46,704'E
5	INT	50°58,216'N	01°51,860'E	50°58,213'N	01°50,940'E
6	EXT	50°59,107'N	01°51,239'E	50°58,819'N	01°50,577'E

Port de Calais



A pied

N 50.959048

E 1.833882

Repérage par AEAP 13/11/2025

Prélèvement coté amont vers le pont
Pas de risque particulier pour le prélèvement

Accès ligne bleue

Prélèvement Zone JAUNE

Port de Boulogne



2 secteurs

- **Secteur 2**

N 50.729342

E 1.566782

- **Aval Liane**

N 50.729384

E 1.592198

Synthèse des stations

Numéro station	Site	Secteur	Mode de prélèvement	Coordonnées GPS (degrés décimaux)	
				N	E
1	Estuaire de la Somme	Vert	Navire support	50.212723	1.597049
2	Estuaire de la Somme	Rouge	Navire support	50.183567	1.644444
3	Estuaire de l'Authie	Vert	Navire support	50.381258	1.573507
4	Estuaire de l'Authie	Jaune	Navire support	50.369864	1.613452
5	Estuaire de la Canche	Bleu	Navire support	50.548153	1.592585
6	Estuaire de la Canche	Jaune	Navire support	50.519997	1.623888
7	Estuaire de la Slack	Jaune - à pied	A pied	50.806017	1.603178
8	Port Ouest Dunkerque	Avant port	Navire support	51.026687	2.182252
9	Port Ouest Dunkerque	Bassin atlantique ouvert	Navire support	51.006689	2.179376
10	Port Est Dunkerque	Bassin Mardick	Navire support	51.039592	2.263793
11	Port Est Dunkerque	Bassin evolution	Navire support	51.047565	2.353528
12	Port de Calais	Ponton	Navire support	50.969068	1.854297
13	Port de Calais	A pied	A pied	50.959048	1.833882
14	Port de Boulogne	Secteur 2	Navire support	50.729342	1.566782
15	Port de Boulogne	Aval Liane	Navire support	50.729384	1.592198

Annexe 2 – Tableur prélèvements ADNe

Marché	25-A.O.1-03
Date d'envoi	23/01/2026 (Annule & Remplace)
Acteurs	QUALYSE + Protec'Mar



Sites	Secteurs	Coordonnées GPS (N)	Coordonnées GPS (E)	Dates	Heure	Température (°C)	pH	Oxygène (mg/L)	Oxygène sat (%)	Turbidité	Conductivité	Salinité	Volume filtré R1 (L)	Volume filtré R2 (L)	Volume filtré R3 (L)	Volume filtré moyen (L)	Vents	Coefficient	Etat mer	Difficultés rencontrées
Dunkerque Est	Bassin de Mardyck	51.039592	2.263793	25/11/2025	17H	10.5	NA	NA	NA	NA	NA	32	12	11	18	13.7	N 30 nd	59	agitée	Problème sonde (transporteur)
Dunkerque Est	Bassin d'Evolution	51.047565	2.353528	25/11/2025	18H	10.9	NA	NA	NA	NA	NA	36	46	52	67	55.0	N 30 nd	59	agitée	Problème sonde (transporteur)
Dunkerque Ouest	Avant Port	51.026687	2.152252	26/11/2025	15H30	10	7.9	10.6	96	7	38700	35	54	57	63	56.0	N 12 nd	52	peu agitée	RAS
Dunkerque Ouest	Bassin Atlantique ouvert	51.006689	2.170376	26/11/2025	16H15	8.7	7.9	10.8	96	4.6	38400	35	68	64	90	74.0	N 12 nd	52	peu agitée	RAS
Calais	A pied	50.959048	1.833882	27/11/2025	13H30	7.8	7.8	8.4	75	21	1990	5	7	8	22	12.3	SW 10 nd	46	calme	RAS
Calais	Ponton	50.967832	1.843971	27/11/2025	13H30	8.5	7.8	10.6	97	16.7	35400	34	35	37	50	40.7	SW 10 nd	46	peu agitée	Accès non-disponible au site prévu (demande d'autorisation d'accès difficile)
Slack	A pied	50.806017	1.603178	27/11/2025	15H	9.3	8.2	9.2	86	49	514	4	3	2	5	3.3	SW 10 nd	46	peu agitée	RAS
Boulogne	Secteur 2	50.729342	1.566782	28/11/2025	10H15	10.3	7.8	9.8	95	3	38300	38	53	33	76	54.0	SW 15 nd	44	calme	RAS
Boulogne	Avai Liane	50.729384	1.562198	28/11/2025	09H45	10.1	7.8	9.7	90	6	23000	20	11.5	4.6	7.6	7.9	SW 15 nd	44	calme	RAS
Baie de la Canche	Zone jaune	50.519997	1.623888	01/12/2025	08H	8.1	7.97	11.7	97.2	25	27650	37	28	27	51	35.3	S 35 nd	58	agitée	RAS
Baie de la Canche	Zone bleue	50.548153	1.592585	01/12/2025	08H30	8.1	8	11.7	97.6	38	32280	37	23	38	35	32.0	S 35 nd	58	agitée	RAS
Baie de l'Aauthie	Zone jaune	50.369864	1.613452	02/12/2025	09H10	8.4	7.9	10	88.5	36	26700	24	19	20	29	22.7	SSW 25 nd	70	calme	RAS
Baie de l'Aauthie	Zone verte	50.381258	1.573507	02/12/2025	08H50	8.7	7.88	11.25	97	96	35000	37	11	10	6	9.0	SSW 25 nd	70	peu agitée	RAS
Estuaire de la Somme	Zone rouge	50.183567	1.64444	03/12/2025	10h00	7.4	8.1	11	91.4	4.1	837	2	4.9	11	3.2	6.4	SSW 16	82	calme	RAS
Estuaire de la Somme	Zone verte	50.212723	1.597949	03/12/2025	9H30	9.1	7.9	12	98	69	35700	36	10.5	10.5	7.3	9.4	SSW 16	82	calme	RAS