



Inventaire ichtyologique du bassin versant de la zone du Chêne et de la forêt de la Seigneurie de Lotbinière au moyen de l'ADN environnemental

François Caron, Martin Laporte and Louis Bernatchez

Volume 146, Number 2, Fall 2022

URI: <https://id.erudit.org/iderudit/1091884ar>

DOI: <https://doi.org/10.7202/1091884ar>

[See table of contents](#)

Publisher(s)

Société Provancher d'histoire naturelle du Canada

ISSN

0028-0798 (print)

1929-3208 (digital)

[Explore this journal](#)

Cite this article

Caron, F., Laporte, M. & Bernatchez, L. (2022). Inventaire ichtyologique du bassin versant de la zone du Chêne et de la forêt de la Seigneurie de Lotbinière au moyen de l'ADN environnemental. *Le Naturaliste canadien*, 146(2), 3–18. <https://doi.org/10.7202/1091884ar>

Article abstract

An analysis of environmental DNA (eDNA) was used to document the fish community in the watershed managed by the Organisme de bassin versant de la zone du Chêne and in the Forêt de la Seigneurie de Lotbinière (FSL) (Québec, Canada). The main goal was to document species diversity and relative abundance at different sites within the FSL and in the adjacent agroforestry landscape, and to compare the species richness detected by eDNA with that obtained during previous traditional inventories. Forty-one species of fish were detected, including 2 species sought after by anglers, the brook charr (*Salvelinus fontinalis*) and smallmouth bass (*Micropterus dolomieu*), and 2 species of particular conservation interest, the channel darter (*Percina copelandi*) and cutlip minnow (*Exoglossum maxillingua*). Four species were new records for the watershed. When fish do not need to be caught, eDNA sampling offers a highly effective and much less invasive means of obtaining a detailed picture of the species present. Furthermore, it requires a lower sampling effort than traditional survey techniques.

Inventaire ichthyologique du bassin versant de la zone du Chêne et de la forêt de la Seigneurie de Lotbinière au moyen de l'ADN environnemental

François Caron*, Martin Laporte* et Louis Bernatchez

Résumé

L'inventaire ichthyologique sur le territoire de l'Organisme de bassins versants (OBV) de la zone du Chêne et de la forêt de la Seigneurie de Lotbinière (FSL) a été réalisé par l'analyse de l'ADN environnemental (ADNe). Le but principal consiste à documenter la diversité et l'abondance relative des poissons dans plusieurs sites de la FSL ainsi qu'en territoire agroforestier, et de comparer la richesse spécifique détectée par l'ADNe à celle obtenue lors d'inventaires antérieurs. Quarante et une espèces de poissons sont présentes sur le territoire, dont l'omble de fontaine (*Salvelinus fontinalis*) et l'achigan à petite bouche (*Micropterus dolomieu*) recherchés par les pêcheurs, ainsi que deux espèces d'un intérêt particulier pour la conservation, le fouille-roche gris (*Percina copelandi*) et le méné bec-de-lièvre (*Exoglossum maxillingua*). Quatre espèces y sont répertoriées pour la première fois. Lorsque la capture de poissons n'est pas nécessaire, l'ADNe est une technique très efficace qui permet de dresser un portrait plus complet des espèces en présence avec un effort d'échantillonnage moindre que les techniques d'inventaires traditionnels, et ce, de manière beaucoup moins invasive.

MOTS-CLÉS : ADNe, conservation, inventaire ichthyologique, poisson, rivière

Abstract

An analysis of environmental DNA (eDNA) was used to document the fish community in the watershed managed by the Organisme de bassin versant de la zone du Chêne and in the Forêt de la Seigneurie de Lotbinière (FSL) (Québec, Canada). The main goal was to document species diversity and relative abundance at different sites within the FSL and in the adjacent agroforestry landscape, and to compare the species richness detected by eDNA with that obtained during previous traditional inventories. Forty-one species of fish were detected, including 2 species sought after by anglers, the brook charr (*Salvelinus fontinalis*) and smallmouth bass (*Micropterus dolomieu*), and 2 species of particular conservation interest, the channel darter (*Percina copelandi*) and cutlip minnow (*Exoglossum maxillingua*). Four species were new records for the watershed. When fish do not need to be caught, eDNA sampling offers a highly effective and much less invasive means of obtaining a detailed picture of the species present. Furthermore, it requires a lower sampling effort than traditional survey techniques.

KEYWORDS: conservation, eDNA, fish, river, survey

Introduction

Origine et mandat des organismes de bassins versants

En 2009, le gouvernement du Québec a adopté la loi sur l'eau (MELCC, 2009) et a redécoupé le Québec méridional en 40 zones de gestion, chacune prise en charge par un organisme de bassin versant (ROBVQ, 2022). Leurs mandats consistent, entre autres, à « élaborer le plan directeur de l'eau (PDE) pour les bassins versants de leur zone hydrographique en informant et en faisant participer la population » (ROBVQ, 2022).

En 2014, l'Organisme de bassins versants de la zone du Chêne (OBV du Chêne) a produit un premier PDE qui rapportait la présence connue à ce jour des poissons inventoriés par le ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs (MFFP) et par ses propres inventaires (OBV du Chêne, 2020a). Pour combler certaines lacunes dans ce document, un plan d'action prévoyant la « mise à jour des données ichthyologiques et des données concernant les espèces menacées et vulnérables » a été adopté (OBV du Chêne, 2020b). C'est dans ce cadre qu'il

a été décidé de procéder à un inventaire ichthyologique en utilisant une nouvelle technique plus appropriée pour évaluer la diversité ichthyologique du territoire.

François Caron est biologiste à la retraite du ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs (MFFP). Il est membre du conseil d'administration de l'Organisme de bassins versants de la zone du Chêne, 6375, rue Garneau, Sainte-Croix (Québec) G0S 2H0.

fr1caron@gmail.com

Martin Laporte est biologiste à la Direction de l'expertise de la faune aquatique du MFFP.

martin.laporte@mffp.gouv.qc.ca

Louis Bernatchez est directeur de l'Institut de biologie intégrative et des systèmes à l'Université Laval ainsi que de la Chaire de recherche du Canada en génomique et conservation des ressources aquatiques.

louis.bernatchez@bio.ulaval.ca

** co-premiers auteurs*

Importance de l'inventaire de la faune piscicole en rivière

La conservation des ressources halieutiques et fauniques exige, en premier lieu, une connaissance des espèces en présence. L'inventaire exhaustif de la biodiversité des poissons des cours d'eau d'un territoire présente d'importants défis en raison des multiples habitats qui s'y trouvent depuis leur source jusqu'à leur embouchure, souvent à plusieurs kilomètres de distance. La vitesse du courant, en particulier, est variable, influencée non seulement par les précipitations, par le couvert de glace ou sous nos latitudes, par la débâcle printanière, mais aussi par la topographie environnante, la granulométrie des sols et la couverture végétale des berges. La qualité et la quantité des apports d'eau peuvent être également très variables le long du parcours des différents cours d'eau et ne pas convenir à certaines espèces de poissons. Un poisson peut aussi se déplacer d'un habitat à l'autre au cours d'une même année, selon ses besoins vitaux pour trouver des sites d'alimentation, de reproduction ou même des refuges thermiques dont les caractéristiques ne sont pas nécessairement les mêmes pour chacune des espèces (Roussel et Bardonnet, 2002).

Par ailleurs, les techniques d'inventaire de poissons en milieu lacustre, comme le filet maillant et la seine de rivage, sont beaucoup moins performantes en milieu lotique, (c'est-à-dire les ruisseaux et les rivières; Casselman et collab., 1990). La technique la plus utilisée depuis plusieurs décennies, particulièrement pour les inventaires dans les petits cours d'eau au Québec, est la pêche à l'électricité, aussi appelée pêche électrique (PÉ). Celle-ci permet la capture de spécimens, temporairement paralysés par le courant électrique que l'on fait circuler entre une anode et une cathode. Pour inventorier l'ensemble des habitats et obtenir un portrait complet des espèces présentes, il faut alors qu'une équipe, idéalement de trois personnes, se déplace dans plusieurs types d'habitats à plus d'une occasion. Au Québec, cette technique nécessite une formation particulière. De plus, l'obtention d'un permis de bons soins aux animaux et d'un permis SEG (scientifique, éducatif et de gestion faunique) est maintenant exigée pour capturer et manipuler les spécimens récoltés. L'identification des captures peut aussi être laborieuse et requiert généralement une solide expertise taxonomique, particulièrement pour les poissons juvéniles et les espèces de petite taille, comme ceux de la famille des cyprinidés, aux caractéristiques externes parfois semblables d'une espèce à l'autre. Enfin, cette technique de capture peut aussi causer des stress, voire des mortalités indésirables, notamment en présence d'espèces qui revêtent un intérêt particulier pour la conservation.

Dans ce contexte, l'étude actuelle a été entreprise dans le but de : i) documenter la diversité et l'abondance relative des poissons par l'analyse de l'ADN environnemental (ADNe); ii) comparer la communauté de poissons de la forêt de la Seigneurie de Lotbinière (FSL) avec celle du milieu agroforestier hors de la FSL; iii) comparer la richesse

spécifique détectée par l'analyse de l'ADNe à celle obtenue lors d'inventaires antérieurs par diverses autres méthodes.

Qu'est-ce que l'ADNe?

L'ADNe est l'ADN résiduel que les organismes libèrent dans leur environnement sous différentes formes, telles que les cellules cutanées, le mucus, les déchets métaboliques ou encore les gamètes libérés au moment de la reproduction. Au cours de la dernière décennie, l'augmentation fulgurante des connaissances en génétique et l'amélioration constante des séquenceurs d'ADN ont permis de développer cet outil très performant pour identifier l'ADN des organismes présents dans l'environnement (Deiner et collab., 2021). Dans les systèmes lotiques, il est possible de recueillir de l'ADN d'individus se trouvant plus en amont dans le cours d'eau en plus de celui des individus présents au site d'échantillonnage. L'utilisation d'amorces génétiques spécifiques à une espèce permet d'amplifier, puis de séquencer son ADN en ne récoltant que quelques centaines de millilitres d'eau. Il est alors possible de détecter la présence d'une espèce et d'estimer son abondance en utilisant le nombre de séquences d'ADN trouvées dans l'échantillon. Il est aussi possible d'obtenir un portrait global de la biodiversité d'un groupe taxonomique donné en utilisant i) des amorces génétiques permettant d'amplifier et de séquencer l'ADN de l'ensemble du taxon étudié présent dans un environnement donné et ii) une base de données de référence permettant d'associer les séquences d'ADNe à chacune des espèces du taxon étudié (Deiner et collab., 2017).

L'analyse de l'ADNe est rapidement devenue très utile pour les inventaires en eau douce puisqu'elle est moins coûteuse que les techniques conventionnelles et qu'elle ne demande pas de sacrifier des individus. De plus, cette technique pourrait mieux détecter l'ensemble des espèces présentes que les méthodes conventionnelles, soit la PÉ, les filets maillants, les pièges de capture et les inventaires en apnée (Kelly et collab., 2014; Taylor et Gemmell, 2016). Au Québec, des études récentes réalisées dans les laboratoires de l'Institut de biologie intégrative et des systèmes (IBIS¹) ont démontré l'efficacité de l'analyse de l'ADNe en lac et en rivière pour détecter et estimer l'abondance d'une espèce de poisson (Lacoursière-Roussel et collab., 2016; Laporte et collab., 2020) et pour documenter la composition en espèces des communautés de poissons, autant à des petites qu'à de grandes échelles spatiales (Afzali et collab. 2021; Berger et collab., 2020; Boivin-Delisle et collab., 2021; García-Machado et collab., 2022; Laporte et collab., 2021). Bien que notre étude soit dirigée vers l'inventaire des poissons, les amorces génétiques utilisées peuvent également permettre de détecter la présence de certains autres vertébrés, y compris des mammifères, des oiseaux et des amphibiens qui utilisent les cours d'eau.

Aire d'étude

Le cadre écologique du Québec permet de situer la zone à l'étude dans la province naturelle des basses-terres du Saint-Laurent, là où vit la majorité de la population du Québec (Ducruc et collab., 2019). Les rives des ruisseaux et des rivières

1. <http://www.ibis.ulaval.ca/>

sont en grande partie déboisées, parfois même bétonnées. Leur lit est souvent creusé et redressé pour faire place à l'agriculture, aux industries et aux milieux urbains qui occupent plus de la moitié du territoire (Li et collab., 2019). Le fleuve Saint-Laurent et ses principaux tributaires ont subi de grandes modifications à la suite du creusage et de l'entretien de la voie maritime, de la construction de ports et de l'apport des eaux usées des municipalités riveraines dont la qualité est parfois douteuse (Giroux, et collab., 2016). Il n'est donc pas étonnant que l'habitat d'eau douce des 8 espèces de poissons menacés ou vulnérables au Québec se situe dans les basses-terres du Saint-Laurent (MFFP, 2021).

L'Organisme de bassins versants de la zone du Chêne

L'OBV du Chêne couvre une superficie de 1 182 km² sur la rive sud du fleuve Saint-Laurent, à une quarantaine de kilomètres en amont de la ville de Québec (OBV du Chêne, 2020a). Elle s'étend d'ouest en est depuis Leclercville jusqu'à la partie est de la ville de Lévis (figure 1). La rivière du Chêne constitue son plus important cours d'eau, parcourant plus de 100 km depuis sa source au pied des Appalaches à Sainte-Agathe-de-Lotbinière jusqu'à son embouchure à Leclercville, où

elle se déverse directement dans la partie fluviale (eau douce) du Saint-Laurent sous l'influence des marées. Les poissons peuvent donc circuler librement du fleuve vers la rivière du Chêne. Par contre, ce n'est pas le cas pour les autres bassins de drainage de plus petites superficies, comme ceux de la rivière du Petit Saut, de la rivière Aulneuse, du ruisseau Beaudet et d'une vingtaine d'autres petits ruisseaux. En effet, une chute ou une cascade près de leur embouchure restreint ou bloque la connectivité du fleuve vers ces affluents pour les poissons (OBV du Chêne, 2020a). Nous avons inclus ces cours d'eau dans l'inventaire afin d'avoir un meilleur aperçu de la diversité ichthyologique sur le territoire.

La forêt de la Seigneurie de Lotbinière

Située au sud-ouest de la zone à l'étude, dont 70 % à l'intérieur de l'OBV du Chêne, la FSL, d'une superficie de 163 km², contraste avec le reste du territoire en étant la plus grande forêt d'un seul tenant de l'ensemble des basses-terres du Saint-Laurent. Elle est baignée par la rivière du Chêne et par plusieurs de ses tributaires. Dans sa partie nord-ouest, deux ruisseaux y prennent naissance, mais se déversent dans le bassin versant de la petite rivière du Chêne sur le territoire de l'OBV du GROBEC (figure 1). Les rives boisées des cours d'eau y ont été relativement bien protégées de l'exploitation

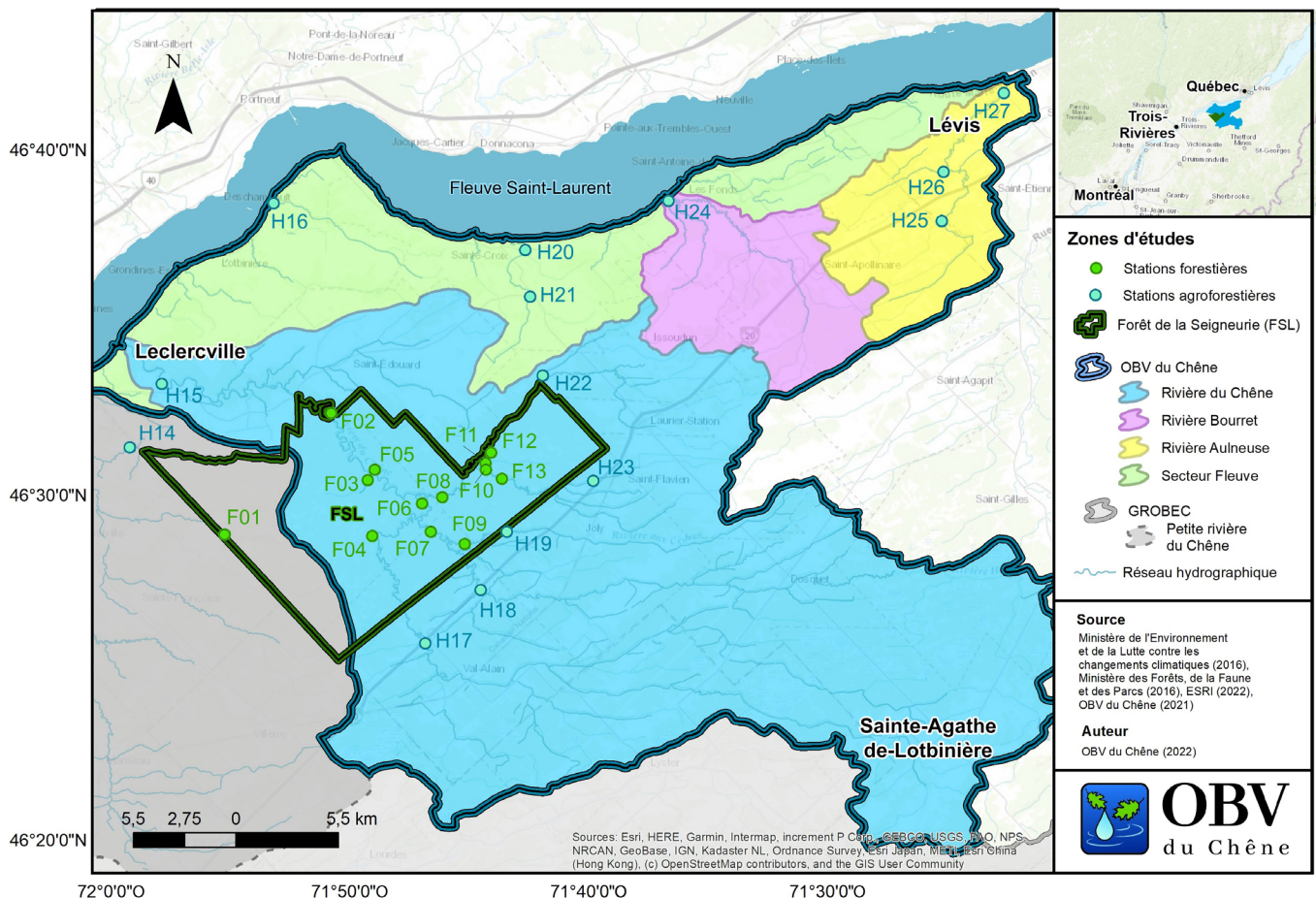


Figure 1. Carte montrant l'emplacement des sites d'échantillonnage des bassins versants de l'OBV du Chêne et de deux sites d'échantillonnage qui se déversent dans la petite rivière du Chêne.

forestière, du fait que les berges aux pentes fortement inclinées sont peu propices à la construction de routes et à la récolte de bois. La pente des rivières y est faible et ne comporte pas de chutes susceptibles de présenter un obstacle à la libre circulation des poissons jusqu'aux stations d'échantillonnage.

Aucun lac de plus de 0,03 km² ne se trouve dans le territoire à l'étude, seulement quelques étangs. Des roches d'origine sédimentaire, dominées par des shales et des grès, constituent l'essentiel du socle rocheux recouvert d'une couche d'épaisseurs variables d'argiles marines, de sables marins ou littoraux et de tills glaciaires, plus ou moins remaniés par les eaux de la mer de Champlain, et de plusieurs tourbières (OBV du Chêne, 2020a). Hormis la FSL qui est une forêt publique, la majeure partie du territoire est de tenure privée et principalement vouée à la production agricole et forestière (OBV du Chêne, 2020a).

Méthode

Échantillonnage

Du 1^{er} au 6 août 2019, des échantillons de 250 ml d'eau ont été prélevés et filtrés à l'aide de seringues puis préservés dans des billes desséchantes, en provenance de 27 stations : 13 en milieu boisé dans la FSL, notées d'ouest en est de F01 à F13, et 14 hors de la FSL en milieu agricole ou agroforestier, notées de la même façon de H14 à H27 (tableau 1). Les stations F01 et H14 sont liées de près à la FSL, mais appartiennent au bassin versant de la petite rivière du Chêne, à l'ouest de l'OBV du Chêne. Toutes ces stations se trouvent en dehors de la zone d'influence des marées.

Huit témoins de terrain constitués de 250 ml d'eau distillée, manipulés de la même manière que les échantillons de terrain, ont également été prélevés afin de quantifier le niveau

Tableau 1. Position géographique des stations d'échantillonnage. La lettre F est utilisée pour les stations dans la FSL, et la lettre H, pour les stations en dehors de celle-ci.

Station	Rivière	Longitude	Latitude	Commentaire
F01	Bras du Nord Riv. aux Ormes (ouest)	-71,9231	46,4823	Bassin versant petite riv. du Chêne
F02	Rivière du Chêne	-71,8557	46,5407	
F03	Ruisseau de l'Ours	-71,8238	46,5095	
F04	Ruisseau de la constance	-71,8185	46,4832	
F05	Cours d'eau sans nom	-71,8179	46,5155	Connecté à la rivière du Chêne
F06	Rivière du Chêne	-71,7863	46,4994	Aval rivières Henri et Huron
F07	Rivière Henri	-71,7792	46,4860	
F08	Rivière Huron	-71,7713	46,5020	
F09	Rivière aux Cèdres	-71,7558	46,4797	
F10	Rivière aux Ormes	-71,7420	46,5165	
F11	Cours d'eau sans nom	-71,7403	46,5187	Connecté au ruisseau Gagnon
F12	Cours d'eau sans nom	-71,7375	46,5237	Connecté au ruisseau Gagnon
F13	Rivière aux Ormes	-71,7295	46,5113	
H14	Ruisseau de l'Espérance	-71,9913	46,5237	Bassin versant petite riv. du Chêne
H15	Rivière du Chêne	-71,9689	46,5547	Moulin du Portage
H16	Ruisseau Saint-Eustache	-71,8925	46,6430	Près du fleuve, amont de la chute
H17	Rivière du Chêne	-71,7802	46,4311	
H18	Rivière Henri	-71,7438	46,4577	
H19	Rivière aux Cèdres	-71,7263	46,4861	
H20	Rivière du Petit Saut	-71,7161	46,6226	Près du fleuve, amont de la chute
H21	Rivière du Petit Saut	-71,7122	46,6000	
H22	Rivière Huron	-71,7027	46,5616	
H23	Rivière aux Ormes	-71,6658	46,5114	
H24	Rivière Bourret	-71,6162	46,6468	Près du fleuve, amont de la chute
H25	Rivière Aulneuse	-71,4244	46,6389	
H26	Rivière des Moulanges	-71,4237	46,6626	Tributaire de la rivière Aulneuse
H27	Rivière Aulneuse	-71,3816	46,7014	

d'ADN contaminant résiduel dans le matériel de terrain ainsi que dans l'équipement de filtration.

Extraction et amplification de l'ADNe

L'ADNe a été extrait dans les laboratoires de l'IBIS à l'aide des kits QIAshredder et DNeasy Blood and Tissue kit (Qiagen) tels que décrits par Goldberg et collab. (2011) et utilisés en routine dans nos travaux précédents (Berger et collab., 2020; Laporte et collab., 2021). L'ADNe ainsi extrait a été congelé à -20°C jusqu'à son amplification par la méthode en chaîne par polymérase (PCR, pour *polymerase chain reaction*). Pour chaque série d'extraction, un contrôle négatif (sans ADN) a été intégré afin d'identifier les possibles contaminations en laboratoire lors de cette étape.

Afin d'éliminer toute contamination possible au laboratoire, les amplifications d'ADN réalisées par réactions PCR ont été effectuées sous une hotte traitée aux rayons UV avec du matériel stérile (javellisé et/ou traité aux UV). Les amorces utilisées amplifient une région hypervariable du gène 12S de l'ADN mitochondrial (Miya et collab., 2015; MiFish-U-F 5'-GTC GGT AAA ACT CGT GCC AGC-3'; MiFish-U-R 5'-CAT AMitoGT GGG GTA TCT AAT CCC AGT TTG-3'). Aux amorces présentées ci-dessus, est ajouté un identifiant unique pour chaque échantillon, lequel permet de regrouper ceux provenant de plusieurs stations et de les séquencer sans en perdre l'identité. De plus, un contrôle négatif de PCR est ajouté afin de vérifier la présence possible de contamination. Chaque réaction PCR comprend 12,5 µl de Qiagen MasterMix, 2 µl de chaque amorce (10 µM), 5,5 µl de dH_2O et 3 µl d'ADNe. L'amplification suit le programme suivant : 15 min à 95°C , 35 cycles d'amplification (30 s à 94°C , 90 s à 65°C , 60 s à 72°C) et un délai additionnel de 10 min à 72°C . Cinq répétitions par échantillon sont ainsi amplifiées, et par la suite, regroupées afin de vérifier la présence de produits amplifiés sur gel d'électrophorèse (absence de produits amplifiés [amplicon] pour les contrôles négatifs). Une fraction de chaque échantillon amplifiée est ensuite nettoyée par billes (Axygen) en suivant le protocole du fabricant, élue dans 35 µl d'eau et quantifiée par méthode de fluorescence. L'ensemble de la collection d'échantillons a été préparé de façon à ce que chaque échantillon soit représenté par la même quantité d'ADN amplifié.

Séquençage

Le séquençage a été réalisé à la plateforme d'analyses génomiques de l'IBIS sur un séquenceur MiSeq d'Illumina (réactifs V3, Illumina, San Diego, É.-U.) selon un protocole en usage sur cette plateforme.

Bio-informatique

L'analyse des séquences obtenues consiste à rechercher la correspondance à l'espèce parmi les séquences 12S disponibles dans les bases de données MitoFish (Iwasaki et collab., 2013) et GENBank (Benson et collab., 2013), combinées à notre propre banque de données de références². Les données ont été analysées à l'aide du pipeline BARQUE,

mis au point par É. Normandeau dans notre laboratoire², qui rivalise d'efficacité avec les pipelines similaires couramment en usage tout en étant plus rapide (Mathon et collab., 2021).

En résumé, les amplicons d'ADNe sont séquencés, puis les lectures d'ADN sont filtrées afin de retirer les séquences des amorces ajoutées lors de la PCR et les portions de mauvaise qualité. Pour chaque amplicon, les deux lectures (sens 3' et 5') sont ensuite combinées. Seules les séquences d'amplicons avec la bonne longueur sont conservées. Les chimères potentielles (erreurs d'amplification), issues de la réaction de PCR, sont retirées. Finalement, chaque séquence est comparée à la base de données 12S décrite ci-haut afin de l'assigner à une espèce. Pour obtenir une identification positive, le degré de similarité minimale entre la séquence obtenue et celles présentes dans les bases de données de référence est fixé par convention à 97 %. Les espèces représentées par moins de 10 lectures par site d'échantillonnage n'ont pas été retenues pour l'analyse afin de limiter l'occurrence de faux positifs dans la base de données analysée tout en permettant de conserver les espèces qui sont peu abondantes ou qui sont éloignées du site d'échantillonnage. Ce seuil a été choisi afin de ne pas rater les occurrences d'ADNe d'espèces rares ou ayant un statut de conservation.

Analyses statistiques

Afin de comparer la structure des communautés de poissons entre les sites FSL et hors FSL, une analyse en composantes principales (ACP) a été produite à l'aide du logiciel R après avoir effectué, comme il est recommandé dans la littérature, une transformation Hellinger sur les données brutes (Laporte et collab., 2021; Legendre et Legendre, 1998; R Core Team, 2018). Les composantes principales (CP), expliquant une partie non aléatoire de la variation des communautés d'espèces selon un test de bâton rompu (Legendre et Legendre, 1998), ont été extraites. Sur chacune de celle-ci, le test t de Student a été effectué afin de vérifier la présence d'une différence de communautés de poissons entre ces deux groupes (FSL et hors FSL). La méthode de Bonferroni a été utilisée afin de corriger les valeurs de probabilités (P) pour les tests multiples. Finalement, pour les CP montrant une différence significative de communautés de poissons entre les groupes, les espèces contribuant à cette différence ont été identifiées (contribution > 0,1).

Résultats

Les 8 témoins de terrain, avec un nombre moyen de 590 séquences chacun, ainsi que les témoins de laboratoire avec un nombre moyen de 2 séquences seulement, démontrent une faible contamination de 0,3 % par rapport au nombre moyen de séquences, qui se chiffre à 203 400 par échantillon. Nous avons extrait pour chaque espèce le nombre de séquences maximales parmi les témoins afin de le déduire dans la base de données (minimum de 0). Les 5 491 898 séquences attribuées à des poissons obtenues sur l'ensemble des 27 échantillons ont pu être associées à 41 espèces, et 8 échantillons, à une combinaison

2. <https://github.com/enormandeau/barque>

de 2 espèces non différenciées (tableau 2). Afin de simplifier les analyses subséquentes, 6 de ces combinaisons, impliquant un total de 4 972 séquences (0,09 %) et dont les espèces combinées étaient aussi présentes en tant que groupe spécifique, ont été retirées de la base de données. Les 2 combinaisons conservées sont celles du chabot visqueux (*Cottus cognatus*) et du chabot tacheté (*C. bairdi*), 2 espèces dont la présence est confirmée dans la zone à l'étude, mais dont la séquence ADN est la même, ainsi que celles du fouille-roche gris (*Percina copelandi*) et du fouille-roche zébré (*P. caprodes*) comportant des séquences d'ADN similaires qui sont aussi difficiles à différencier. Cependant, plusieurs des séquences « *Percina* » ont pu être assignées avec confiance à l'une ou l'autre de ces 2 espèces. Conséquemment, puisque le fouille-roche gris est une espèce inscrite sur la liste des espèces vulnérables au Québec, les séquences spécifiquement associées à l'une de ces 2 espèces, avec un taux de confiance au-dessus de 97 %, ont aussi été conservées afin d'identifier des sites où le fouille-roche gris pourrait être présent. En fin de compte, la base de données inclut un total de 5 486 926 séquences représentant 41 espèces de poissons (tableau 2). Quarante d'entre elles se trouvent sur le territoire de l'OBV du Chêne et une autre, le méné à museau noir (*Notropis heterolepis*), uniquement sur le territoire de l'OBV du GROBEC. Toutes ces espèces sont indigènes au Québec (tableau 2).

Le nombre de séquences brutes détectées n'est pas une mesure directe de l'abondance d'une espèce : certaines peuvent relarguer plus d'ADN que d'autres, se trouver plus près du point d'échantillonnage ou encore être dans une période où elles libèrent plus d'ADN dans l'environnement, par exemple au moment de l'alimentation ou de la reproduction (Deiner et collab., 2017). Comme l'ADN est amplifié en laboratoire pour en permettre la lecture, le nombre de séquences détectées constitue tout de même un indice fiable permettant de comparer l'abondance relative d'espèces entre des stations et entre les espèces au sein d'une même station (Berger et collab., 2020; Laporte et collab., 2021). Le nombre brut de séquences détectées par espèce à chacune des stations est présenté aux tableaux 3a et 3b.

Analyses comparatives des communautés de poissons dans la FSL et hors FSL

De l'analyse en composantes principales (ACP) sur les 27 sites d'échantillonnage, 4 CP ont été conservées suivant l'analyse de bâton rompu. Ces 4 CP représentent 77,3 % de la variation en ADN des communautés d'espèces (CP-1 : 42,7 %; CP-2 : 14,9 %; CP-3 : 11,6 %; CP-4 : 8,2 %). De ces CP, seule la deuxième montre une différence significative, après correction de Bonferroni, entre les sites FSL et hors FSL ($t = 2,77$; $P = 0,011$; seuil $\alpha = 0,05/4$, soit 0,0125; figure 2). Les sites de la FSL montrent une association prépondérante avec un total de 7 espèces, incluant le raseux-de-terre noir (*Etheostoma nigrum*; contribution de 0,32), le mullet à cornes (*Semotilus atromaculatus*; 0,26), le dard barré (*Etheostoma flabellare*; 0,25), l'épinoche à cinq épines

Tableau 2. Liste alphabétique des espèces de poissons répertoriées. L'astérisque (*) indique les espèces nouvellement reconnues sur le territoire grâce à l'ADNe.

Nom commun	Nom latin
Achigan à petite bouche	<i>Micropterus dolomieu</i>
Anguille d'Amérique	<i>Anguilla rostrata</i>
Barbotte brune	<i>Ameiurus nebulosus</i>
Barbotte des rapides	<i>Noturus flavus</i>
Barbue de rivière *	<i>Ictalurus punctatus</i>
Chabot tacheté	<i>Cottus bairdii</i>
Chabot visqueux	<i>Cottus cognatus</i>
Chevalier blanc	<i>Moxostoma anisurum</i>
Chevalier rouge	<i>Moxostoma macrolepidotum</i>
Crapet de roche	<i>Ambloplites rupestris</i>
Dard barré	<i>Etheostoma flabellare</i>
Doré jaune	<i>Sander vitreus</i>
Doré noir	<i>Sander canadensis</i>
Épinoche à cinq épines	<i>Culaea inconstans</i>
Fouille-roche gris	<i>Percina copelandi</i>
Fouille-roche zébré	<i>Percina caprodes</i>
Lamproie de l'Est	<i>Lampetra appendix</i>
Lamproie marine *	<i>Petromyzon marinus</i>
Lotte	<i>Lota lota</i>
Méné à grosse tête	<i>Pimephales promelas</i>
Méné à museau arrondi	<i>Pimephales notatus</i>
Méné à museau noir	<i>Notropis heterolepis</i>
Méné à nageoires rouges	<i>Luxilus cornutus</i>
Méné à tête rose	<i>Notropis rubellus</i>
Méné bec-de-lièvre	<i>Exoglossum maxillingua</i>
Méné bleu *	<i>Cyprinella spiloptera</i>
Méné jaune	<i>Notemigonus crysoleucas</i>
Meunier noir	<i>Catostomus commersonii</i>
Meunier rouge	<i>Catostomus catostomus</i>
Mulet à cornes	<i>Semotilus atromaculatus</i>
Mulet de lac *	<i>Couesius plumbeus</i>
Mulet perlé	<i>Margariscus margarita</i>
Naseux des rapides	<i>Rhinichthys cataractae</i>
Naseux noir	<i>Rhinichthys atratulus</i>
Omble de fontaine	<i>Salvelinus fontinalis</i>
Omisco	<i>Percopsis omiscomaycus</i>
Ouitouche	<i>Semotilus corporalis</i>
Perchaude	<i>Perca flavescens</i>
Raseux-de-terre gris	<i>Etheostoma olmstedii</i>
Raseux-de-terre noir	<i>Etheostoma nigrum</i>
Umbre de vase	<i>Umbra limi</i>

Tableau 3. Nombre de séquences d'ADN détectées (ADN total) a) dans la FSL; b) en dehors de la FSL. L'ordre de présentation est celui du nombre total décroissant de séquences pour l'ensemble des 27 stations.**a)**

Nom latin	Nom commun	ADN total	Station												
			F01	F02	F03	F04	F05	F06	F07	F08	F09	F10	F11	F12	F13
<i>Semotilus atromaculatus</i>	Mulet à cornes	874 496	116 888	313	197 258	63 871	112 787	1947	4157	38 574	78 829	51 140	69 654	108 073	31 005
<i>Catostomus commersonii</i>	Meunier noir	374 353	7 673	17 270	8 990	90 073	46 830	16 381	12 143	51 295	16 225	55 280	11 969	3 231	36 993
<i>Rhinichthys cataractae</i>	Naseux des rapides	154 442	1 110	29 826	67	601	83	29 962	11 057	18 444	9 450	8 944	2 778	1 408	40 712
<i>Etheostoma nigrum</i>	Raseux-de-terre noir	145 707	1 606	2 504	23	33 230	32	3 273	20 205	15 813	22 781	23 814	24	14	22 388
<i>Rhinichthys atratulus</i>	Naseux noir	181 363	453	31		963	20	86	10	776	5 470	6 069	143 977	5 506	18 002
<i>Etheostoma flabellare</i>	Dard barré	197 898	25 514	30 404	534	9 642	21	35 730	23 096	5 579	24 386	6 028	334	12	36 618
<i>Percina caprodes/P. copelandi</i>	Fouille-roche zébré et/ou gris	191 922	30	66 826		242		72 910	40 038	10 623	1 088	143	22		
<i>Semotilus corporalis</i>	Ouitouche	142 194	408	14 490	227	7 839	26	35 748	39 999	22 966	19 921	526	19	25	
<i>Micropterus dolomieu</i>	Achigan à petite bouche	111 364	29	29 941		53		18 059	50 799	11 868	498	102	15		
<i>Luxilus cornutus</i>	Méné à nageoires rouges	57 186	8 721	383	13	8 967	22	9 526	2 328	10 209	4 963	9 148	37	11	2 858
<i>Salvelinus fontinalis</i>	Omble de fontaine	138 744	42	66	6 765	251	58	57	37	81	232	407	11 096	119 073	579
<i>Culaea inconstans</i>	Épinoche à cinq épines	49 124	4 989		22 552	1 931	18 468					40	1 020		124
<i>Margariscus margarita</i>	Mulet perlé	41 091	27 706			13 385									
<i>Cottus bairdii/C. cognatus</i>	Chabot tacheté et/ou visqueux	5 640	5 640												
<i>Percopsis omiscomaycus</i>	Omisco	15 434		3 296					194	4 652		5 953			1 339
<i>Umbra limi</i>	Umbre de vase	26 849	2 156	151	650	742				60			2 123	20 859	108
<i>Pimephales promelas</i>	Méné à grosse tête	13 892	71			81	13 740								
<i>Etheostoma olmstedii</i>	Raseux-de-terre gris	2 780	883	10		89		45	63	419	59	1 054			158
<i>Catostomus catostomus</i>	Meunier rouge	2 481	36	380	224	235	48	317	62	596	182	180	65	38	118
<i>Noturus flavus</i>	Barbotte des rapides	7 916		3 456				2 928	1 383	149					
<i>Notropis rubellus</i>	Méné à tête rose	5 022		1 304				2 784	870	64					
<i>Exoglossum maxillingua</i>	Méné bec-de-lièvre	2 065						1 183	802	80					
<i>Lota lota</i>	Lotte	397		296				101							
<i>Percina caprodes</i>	Fouille-roche zébré	1 923		756				522	492	93	60				
<i>Ambloplites rupestris</i>	Crapet de roche	409						150	196	63					
<i>Ameiurus nebulosus</i>	Barbotte brune	1 016	92			860			39		25				
<i>Ictalurus punctatus</i>	Barbue de rivière	770		119		651									
<i>Moxostoma anisurum</i>	Chevalier blanc	644		55				480		109					
<i>Perca flavescens</i>	Perchaude														
<i>Pimephales notatus</i>	Méné à museau arrondi	218								218					

Tableau 3. Nombre de séquences d'ADN détectées (ADN total) a) dans la FSL; b) en dehors de la FSL. L'ordre de présentation est celui du nombre total décroissant de séquences pour l'ensemble des 27 stations (suite).

a)

Nom latin	Nom commun	ADN total	Station												
			F01	F02	F03	F04	F05	F06	F07	F08	F09	F10	F11	F12	F13
<i>Sander vitreus</i>	Doré jaune	122		122											
<i>Percina copelandi</i>	Fouille-roche gris	653		211				227	176	39					
<i>Petromyzon marinus</i>	Lamproie marine	842	53	10		623		10	25	27		94			
<i>Lampetra appendix</i>	Lamproie de l'Est	511	16		419	21				24		31			
<i>Notemigonus crysoleucas</i>	Méné jaune	193				193									
<i>Moxostoma macrolepidotum</i>	Chevalier rouge	165		165											
<i>Couesius plumbeus</i>	Mulet de lac	79		24				16					22	17	
<i>Sander canadensis</i>	Doré noir	156		156											
<i>Anguilla rostrata</i>	Anguille d'Amérique														
<i>Cyprinella spiloptera</i>	Méné bleu														
<i>Notropis heterolepis</i>	Méné à museau noir	24	24												
Total de chaque station		2750085	204140	202565	237722	234543	192135	232442	208171	192821	184169	168953	243155	258267	191002

Tableau 3. Nombre de séquences d'ADN détectées (ADN total) a) dans la FSL; b) en dehors de la FSL. L'ordre de présentation est celui du nombre total décroissant de séquences pour l'ensemble des 27 stations (suite).**b)**

Nom latin	Nom commun	ADN total	Station													
			H14	H15	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	H25	H26	H27
<i>Semotilus atromaculatus</i>	Mulet à cornes	709059	55795	330	20054	11221	5157	71131	75623	105546	51299	82869	18086	75096	78178	58674
<i>Catostomus commersonii</i>	Meunier noir	383744	14405	44790	88754	26182	5274	23516	28053	15899	20042	26424	13687	18344	8273	50101
<i>Rhinichthys cataractae</i>	Naseux des rapides	526559	1964	56759	65227	13268	42130	5840	41826	17306	17889	12813	160815	7118	32546	51058
<i>Etheostoma nigrum</i>	Raseux-de-terre noir	198499	26773	3967	15	34358	11965	39792	14		54097	24270	3209		12	27
<i>Rhinichthys atratulus</i>	Naseux noir	151541	20852	187	1131	79	329	2759	5661	4424	531	14158	21015	8560	43648	28207
<i>Etheostoma flabellare</i>	Dard barré	111130	36037	4074	11	33791	27678	10	19		3427	370	5703		10	
<i>Percina caprodes/P. copelandi</i>	Fouille-roche zébré et/ou gris	108243	14	69454		29994	8667	10		15	56	11				22
<i>Semotilus corporalis</i>	Ouitouche	120161	28	13795	1635	55075	44497	4702		12	375	17			11	14
<i>Micropterus dolomieu</i>	Achigan à petite bouche	119899		53440		16838	49576				25	10				10
<i>Luxilus cornutus</i>	Méné à nageoires rouges	117560	17254	196	1727	7561	2047	14246	15309	5698	6062	5690	3227	11967	7283	19293
<i>Salvelinus fontinalis</i>	Omble de fontaine	8635	5096	75	69	325	140	83	54	71	121	87	44	544	1874	52
<i>Culaea inconstans</i>	Épinoche à cinq épines	29833	28421	14	293	993	98		14							
<i>Margariscus margarita</i>	Mulet perlé	11172	113						366	10693						
<i>Cottus bairdii/Cottus cognatus</i>	Chabot tacheté et/ou visqueux	43618			5469									6702	14149	17298
<i>Percopsis omiscomaycus</i>	Omisco	22022		499		6046		15			2073			3775	2470	7144
<i>Umbra limi</i>	Umbre de vase	5608	4444					294		32	42	202		594		
<i>Pimephales promelas</i>	Méné à grosse tête	12898	1770	10		45	22	976	1051	6133	307			2335	44	205
<i>Etheostoma olmstedi</i>	Raseux-de-terre gris	20864	85	659		86	30	120			3845	200	15839			
<i>Catostomus catostomus</i>	Meunier rouge	9870	75	5347	2535	503	35	762	103	44	94	152	43	75	21	81
<i>Noturus flavus</i>	Barbotte des rapides	4367		1993		326	2017				31					
<i>Notropis rubellus</i>	Méné à tête rose	1330		173		999	158									
<i>Exoglossum maxillingua</i>	Méné bec-de-lièvre	3968	797			2299	872									
<i>Lota lota</i>	Lotte	5347		175	5172											
<i>Percina caprodes</i>	Fouille-roche zébré	1797		996		617	184									
<i>Ambloplites rupestris</i>	Crapet de roche	1173		290		571	312									
<i>Ameiurus nebulosus</i>	Barbotte brune	540					28							512		
<i>Ictalurus punctatus</i>	Barbue de rivière	763		763												
<i>Moxostoma anisurum</i>	Chevalier blanc	842		233		609										
<i>Perca flavescens</i>	Perchaude	1353		1197										156		
<i>Pimephales notatus</i>	Méné à museau arrondi	889									889					
<i>Sander vitreus</i>	Doré jaune	912		912												

Tableau 3. Nombre de séquences d’ADN détectées (ADN total) a) dans la FSL ; b) en dehors de la FSL. L’ordre de présentation est celui du nombre total décroissant de séquences pour l’ensemble des 27 stations (suite).

b)

Nom latin	Nom commun	ADN total	Station													
			H14	H15	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	H25	H26	H27
<i>Percina copelandi</i>	Fouille-roche gris	351		233		93	25									
<i>Petromyzon marinus</i>	Lamproie marine	160				78	82									
<i>Lampetra appendix</i>	Lamproie de l’Est	433	36			32			14					173	36	142
<i>Notemigonus crysoleucas</i>	Méné jaune	444				203					241					
<i>Moxostoma macrolepidotum</i>	Chevalier rouge	385		65	320											
<i>Couesius plumbeus</i>	Mulet de lac	131		11	34	12	16			41		17				
<i>Sander canadensis</i>	Doré noir															
<i>Anguilla rostrata</i>	Anguille d’Amérique	94		67	27											
<i>Cyprinella spiloptera</i>	Méné bleu	62		62												
<i>Notropis heterolepis</i>	Méné à museau noir															
Total de chaque station		2736 256	213 959	260 766	192 473	242 204	201 339	164 256	168 107	165 914	161 446	167 290	241 668	135 951	188 555	232 328

(*Culaea inconstans*; 0,22), la ouitouche (*Semotilus corporalis*; 0,21), le mulot perlé (*Margariscus margarita*; 0,11) et l'omble de fontaine (*Salvelinus fontinalis*; 0,10) (figure 2). En comparaison, les sites en milieu agroforestier sont associés principalement à 5 taxons qui incluent le naseux des rapides (*Rhinichthys cataractae*; 0,68), le naseux noir de l'Est (*Rhinichthys atratulus*; 0,34), les chabots tachetés et/ou visqueux, ainsi que le meunier noir (*Catostomus commersonii*; 0,11) (figure 2). De cette analyse, nous retenons que malgré une similarité observable en matière de partage d'espèces entre les sites, la composition des communautés de poissons montre une différence significative entre les sites de la FSL et ceux hors de celle-ci, en milieu agroforestier.

Six espèces omniprésentes

L'ADN de 6 espèces était particulièrement abondant ou à tout le moins détecté dans chacune des 27 stations à l'étude. Par ordre décroissant du nombre de séquences obtenues, on trouve le mulot à cornes (figure 3a), le meunier noir, et le naseux des rapides, dont la somme des PCR compte pour 55 % de l'ensemble des séquences des poissons. L'ADN du mené à nageoires rouges (*Luxilus cornutus*), de l'omble de fontaine (figure 3b) et du meunier rouge (*Catostomus catostomus*) est moins abondant, mais omniprésent, totalisant 6 % des lectures. Les 35 autres espèces se partagent donc 39 % du nombre total de séquences d'ADN de poissons détectées.

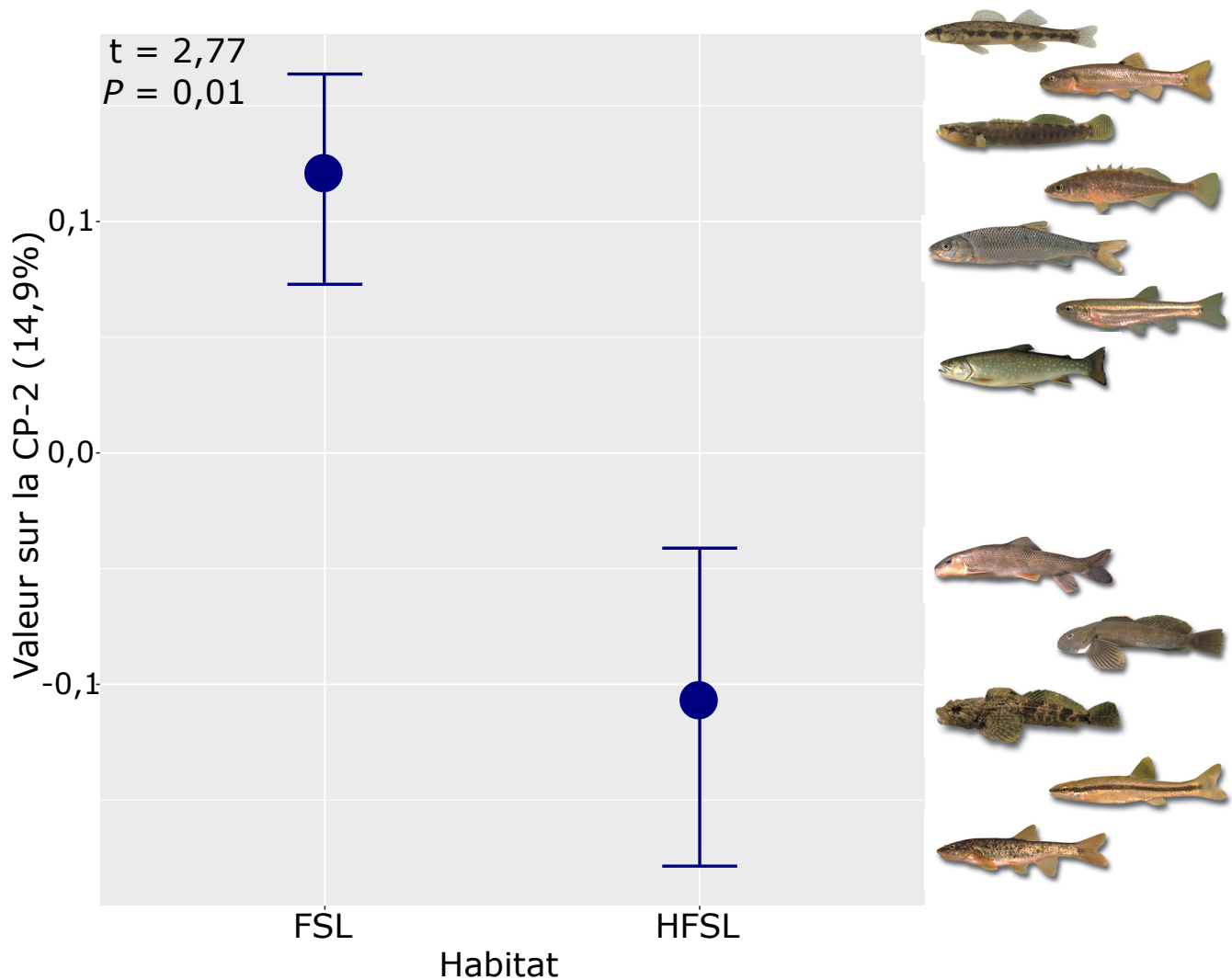


Figure 2. Diagramme en boîte montrant une différence significative de la communauté d'espèces entre les stations de la FSL et hors FSL (HSFL) sur le second axe d'une composante principale. Sept espèces différencient la communauté de poissons de la FSL, soit le naseux des rapides, le naseux noir de l'Est, les chabots tachetés et/ou visqueux, le meunier noir, le mulot à cornes, le mulot perlé et l'omble de fontaine, alors que les sites hors FSL sont associés à 5 espèces, soit le naseux des rapides, le naseux noir de l'Est, les chabots tachetés et/ou visqueux ainsi que le meunier noir.

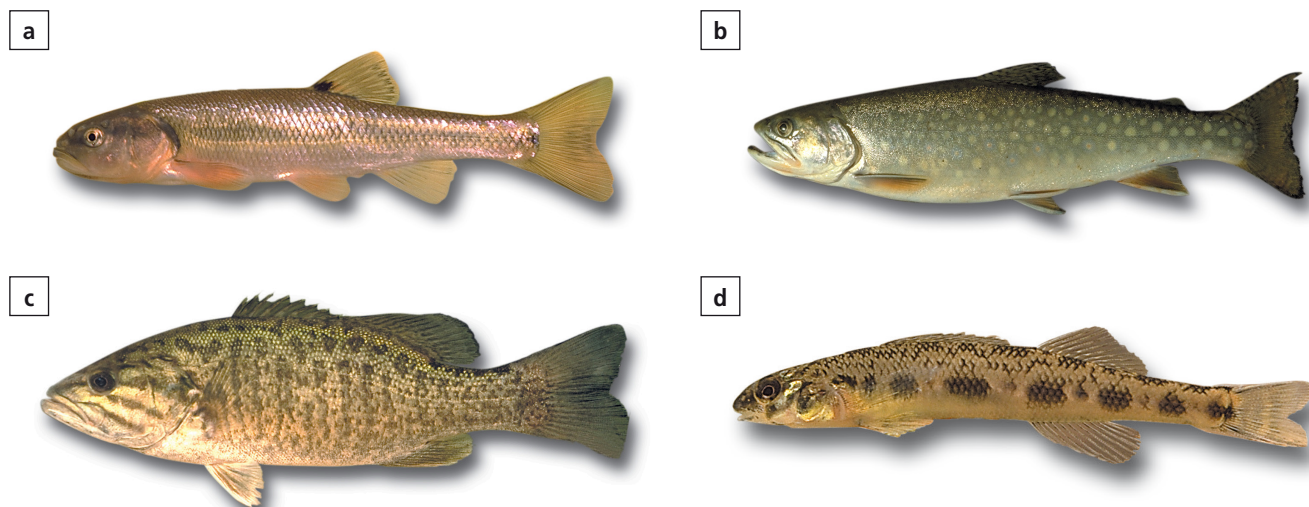


Figure 3. Quatre espèces représentatives de la biodiversité du territoire : a) le mullet à cornes, l'espèce pour laquelle on trouve le plus grand nombre de séquences d'ADN ; b) l'omble de fontaine, aussi appelé truite mouchetée ou truite de ruisseau, beaucoup plus abondant dans la FSL qu'en dehors de celle-ci ; c) l'achigan à petite bouche, le poisson le plus recherché par les pêcheurs, présent surtout dans la rivière du Chêne ; d) le fouille-roche gris, qui figure sur la liste des espèces vulnérables au Québec et menacées au Canada.

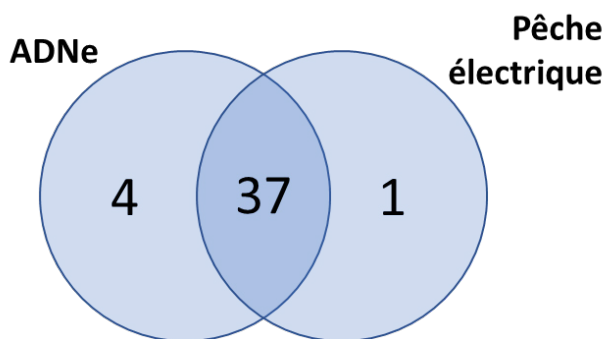


Figure 4. Diagramme de Venn représentant le nombre d'espèces répertoriées à la fois par l'ADNe et la pêche électrique, uniquement par l'ADNe et uniquement par la pêche électrique.

Espèces moins présentes

L'ADN de 7 espèces était peu fréquent ou peu abondant. La faible représentation du méné jaune (*Notemigonus crysoleucas*), du chevalier rouge (*Moxostoma macrolepidotum*), du mullet de lac (*Couesius plumbeus*) et du doré noir (*Sander canadensis*) n'est pas surprenante, puisque leur habitat préférentiel se trouve plutôt en lacs ou en rivières de plus grands débits (Bernatchez et Giroux, 2012; Desroches et Picard, 2013). Pour leur part, 2 espèces qui se trouvent près de la limite nord-est de leur aire de répartition n'ont été repérées qu'à une seule station : le méné bleu (*Cyprinella spiloptera*) à la station H15 et le méné à museau noir à la station F01, station de la FSL qui est à l'extérieur de l'OBV du Chêne. Ce cyprin est toutefois sur la liste des poissons de l'OBV du GROBEC dans le réseau de la petite rivière du Chêne (OBV du GROBEC, 2022). L'anguille d'Amérique (*Anguilla rostrata*) est présente uniquement aux stations H15 et H16, près du fleuve, et aucunement plus

en amont, et ce, même en l'absence d'obstacles. L'espèce est pourtant très présente dans les rivières plus à l'est de notre région et remonte habituellement les cours d'eau, même en présence de chutes, lorsqu'elle est en grand nombre.

Stations se démarquant des autres

Les stations de la forêt seigneuriale F11 et F12 sont dans de petits cours d'eau qui prennent naissance dans la FSL et, par conséquent, ne subissent pas d'influences de la zone agricole. Elles sont remarquables puisqu'on y trouve 88 % de l'ensemble des séquences d'ADN d'omble de fontaine (tableau 3a) de la présente étude.

Située dans la partie aval de la rivière du Chêne à plus de 1 km de la zone de marée, la station H15, à proximité de l'endroit connu sous le nom de Moulin du Portage, se distingue par la présence du plus grand nombre d'espèces, soit 30 (tableau 3a). On y trouve 50 % des séquences d'ADN de barbe de rivière (*Ictalurus punctatus*), 71 % des séquences d'anguille d'Amérique, 88 % de celles du doré jaune (*Sander vitreus*) et de la perchaude (*Perca flavescens*) et 100 % de celles du méné bleu de l'ensemble des échantillons, ce qui pourrait s'expliquer par la proximité et l'accessibilité au fleuve pour les poissons de cette station. C'est également l'une des deux stations où l'on trouve le moins de séquences de mullet à cornes, espèce qui fréquente davantage les petits cours d'eau (Bernatchez et Giroux, 2012; Desroches et Picard, 2013).

Distribution spatiale d'espèces d'intérêt particulier

Deux espèces présentes dans la zone d'étude sont grandement recherchées par les pêcheurs. L'ADN de l'achigan à petite bouche (*Micropterus dolomieu*; figure 3c), l'espèce la plus connue des pêcheurs de la région, a été détecté à

15 stations principalement dans le bassin versant de la rivière du Chêne. L'ADN de l'omble de fontaine, présent surtout dans la FSL avec 94 % des séquences lues, domine la communauté de poissons à la station F12. La présence de son ADN à chacune des 27 stations, bien que faible en dehors de la FSL, est tout de même remarquable. Ces deux espèces se trouvent donc en quantité appréciable, mais uniquement dans le réseau de la rivière du Chêne.

Deux autres espèces présentent un intérêt certain du point de vue écologique et de la conservation de la biodiversité; il s'agit du fouille-roche gris (figure 3d), inscrit sur la liste des espèces vulnérables au Québec et menacées au Canada, qui est présent uniquement dans la FSL (F2, F6, F7, F8) ou à proximité de celle-ci (H15, H17, H18), alors que l'ADN du méné bec-de-lièvre (*Exoglossum maxillingua*), cyprin sur la liste canadienne et ontarienne des espèces menacées, se trouve en faible quantité aux stations F6, F7, F8, H14, H17 et H18.

Comparaison avec les inventaires précédents

La liste d'espèces obtenues par l'ADNe (tableau 2) a été comparée aux résultats d'inventaire en PÉ du bassin versant de la petite rivière du Chêne pour les stations F01 et H14 (OBV du GROBEC, 2022) et à celle de l'OBV du Chêne pour les autres stations (OBV du Chêne, 2020a). Trente-sept espèces sont communes aux deux types d'inventaires alors que 4 espèces sont mentionnées pour la première fois grâce à l'ADNe, la barbue de rivière, la lamproie marine (*Petromyzon marinus*), le mulot de lac et le méné bleu (figure 4; tableau 2). Une seule espèce, le méné paille (*Notropis stramineus*) n'a été rapporté que lors d'inventaires en PÉ (figure 4).

Le MFFP nous a également fourni les résultats d'inventaire de PÉ de 23 stations situées à proximité de nos sites d'échantillonnage, ce qui permet la comparaison avec notre inventaire. (A. Carrier, Direction de la gestion de la faune, MFFP, 30 septembre 2020, communication personnelle). Le nombre d'espèces inventoriées par l'analyse de l'ADNe est toujours significativement plus élevé que celui obtenu en PÉ (test t pairé: $t = -8,67$; 21 degrés de liberté; $P < 0,001$). Plus précisément, le nombre moyen d'espèces identifiées par l'ADNe est de 19, soit plus du double que celui obtenu par la PÉ qui est de 9 espèces par station (tableau 4).

Autres vertébrés

En plus des séquences d'ADN de poissons, un total de 64 588 séquences représentant 13 autres espèces de vertébrés, dont celles de 9 mammifères, 2 oiseaux et 2 amphibiens, ont été détectées (tableau 5).

Tableau 5. Nombre de séquences d'ADN appartenant à d'autres vertébrés.

Nom commun	Nom latin	Séquences ensemble des stations
Salamandre à deux lignes	<i>Eurycea bislineata</i>	62 423
Bovin	<i>Bos taurus</i>	632
Rat musqué	<i>Ondatra zibethicus</i>	347
Orignal	<i>Alces alces</i>	254
Canard branchu	<i>Aix sponsa</i>	238
Sarcelle d'hiver	<i>Anas crecca</i>	220
Humain	<i>Homo sapiens</i>	178
Porc	<i>Sus scrofa</i>	125
Castor	<i>Castor canadensis</i>	93
Souris à pattes blanches	<i>Peromyscus leucopus</i>	27
Petite chauve-souris brune	<i>Myotis lucifugus</i>	24
Salamandre cendrée	<i>Plethodon cinereus</i>	16
Grande chauve-souris brune	<i>Eptesicus fuscus</i>	11
Total autres vertébrés		64 588

La salamandre à deux lignes (*Eurycea bislineata*), abondante dans les ruisseaux au Québec (Desroches et Rodrigue, 2018), est de loin l'espèce la plus représentée, avec 97 % de l'ensemble des séquences (60 782/62 423) trouvées dans la FSL, dont 83 % aux stations F11 et F12, soit les deux mêmes stations où 94 % de l'ADNe de l'omble de fontaine ont été séquencées. Les séquences de porc et de bovin obtenues suggèrent une contamination dont l'origine serait principalement l'épandage de lisier sur les terres agricoles. Les séquences de quelques mammifères communs dans nos forêts ont été observées, comme l'ADN de rat musqué (*Ondatra zibethicus*), d'orignal (*Alces alces*), de castor (*Castor canadensis*), de la grande chauve-souris brune (*Eptesicus fuscus*), de la petite chauve-souris brune (*Myotis lucifugus*) et de la souris à pattes blanches (*Peromyscus leucopus*) ainsi que quelques séquences d'ADN d'origine humaine. L'ADN de deux espèces d'oiseaux, soit le canard branchu (*Aix sponsa*) et la sarcelle d'hiver (*Anas crecca*), et enfin l'ADN d'une autre salamandre, la salamandre cendrée (*Plethodon cinereus*) sont aussi présents dans nos échantillons (tableau 5).

Comme les amorces MiFish utilisées pour cette étude ont été spécifiquement conçues pour analyser l'ADN des poissons, il est important de noter que l'interprétation du nombre de séquences amplifiées pour ces autres taxons comporte des biais supplémentaires lorsqu'elles sont utilisées

Tableau 4. Comparaison du nombre d'espèces répertoriées antérieurement à certaines stations par la pêche électrique (PÉ) et par l'analyse de l'ADNe.

Station	F01	F02	F03	F04	F05	F06	F07	F08	F09	F10	F11	F13	H14	H16	H17	H18	H20	H21	H22	H23	H25	H26	Moy.
ADNe	22	27	12	22	12	23	22	25	15	17	15	12	13	18	30	16	27	24	15	13	13	19	19
PÉ	8	9	5	10	8	15	15	11	9	10	10	2	12	10	9	8	12	9	11	8	5	9	9

comme un indicateur de leur abondance par rapport aux poissons. Il est également possible que plusieurs autres espèces de vertébrés n'aient pas été détectées.

Discussion

Malgré la popularité sans cesse croissante de l'analyse de l'ADNe pour l'étude des communautés aquatiques, les études portant spécifiquement sur les rivières et les ruisseaux de petits gabarits sont peu représentées, du moins dans l'est du Canada. À notre connaissance, seule la rivière Saint-Charles a été étudiée de la sorte sur le même territoire (Laporte et collab., 2021). Ce travail dans le bassin de la rivière du Chêne et les petits cours d'eau adjacents s'ajoute donc aux travaux précédents qui démontrent l'efficacité de l'analyse de l'ADNe pour étudier les communautés de poissons de petits systèmes lotiques. L'observation générale est que l'analyse de l'ADNe permet de détecter plus d'espèces que les approches de captures conventionnelles, et ce, avec un effort d'échantillonnage moindre. Par exemple, dans l'étude de Boivin-Delisle et collab. (2021) dans le bassin versant de la rivière Rupert dans le nord du Québec, l'analyse d'ADNe a détecté deux fois plus d'espèces que les engins de capture conventionnels, soit 20 plutôt que 10, ce qui représente une proportion semblable à ce que nous avons observé dans notre étude (19 espèces au lieu de 9). De même, l'étude de Berger et collab. (2020) dans le fleuve Saint-Laurent a permis de détecter 14 espèces de plus (65 contre 51), avec un effort de travail beaucoup moins important. À noter que le nombre de séquences détectées n'est pas une mesure fiable de l'abondance d'une espèce, puisque l'hétérogénéité environnementale et l'espèce peuvent influencer la production d'ADN dans l'environnement (Caza-Allard et collab., 2022). De plus, la proximité du point d'échantillonnage peut affecter la quantité d'ADN (Deiner et collab., 2017; Laporte et collab., 2020; Laporte et collab., 2022).

Ceci dit, notre étude, tout comme les précédentes, n'est pas sans contraintes d'interprétation. Bien qu'un nombre croissant d'études démontrent que l'ADNe est une méthode plus efficace pour détecter les espèces moins abondantes, il faut garder en tête que les espèces les plus rares peuvent ne pas être détectées dans certains cas, comme cela se produit lors d'inventaires réalisés à l'aide d'engins de capture conventionnels. Il est aussi possible que certaines espèces, pourtant présentes dans le cours d'eau, soient trop éloignées des sites au moment de l'échantillonnage, ce qui empêche leur présence d'être révélée. Ainsi, un plus grand nombre de sites d'échantillonnage, à des moments différents de l'année, pourrait s'avérer utile dans certaines situations. Enfin, comme on l'a déjà indiqué, il ne faut pas interpréter le nombre de séquences comme une indication absolue d'abondance, car plusieurs facteurs biologiques ou expérimentaux peuvent influencer le nombre de séquences obtenues (Caza-Allard et collab., 2022; Deiner et collab., 2017). De plus, le choix de notre seuil d'un minimum de 10 séquences pourrait engendrer la présence de faux positifs. Nous avons opté pour augmenter nos chances de détection d'espèces rares, à défaut de considérer localement présentes des espèces qui

seraient plus en amont. Il faut donc voir ces résultats d'analyse des communautés par analyse métagénomique de l'ADNe comme une méthodologie permettant de saisir rapidement la diversité des espèces présentes dans un cours d'eau. Cet exercice pourra être complété, au besoin, par des observations sur le terrain. Il faut aussi considérer que le recours à l'analyse en laboratoire nécessite du matériel et du personnel spécialisés. Néanmoins, un nombre sans cesse croissant de laboratoires offrent ce type de services analytiques, autant ici, au Québec, qu'ailleurs dans le monde.

Compte tenu des incertitudes inhérentes à l'analyse de l'ADNe, nos résultats suggèrent que dans notre système d'étude, le mulot à cornes est l'espèce la plus représentée, suivie de près par le meunier noir et le naseux des rapides. De plus, notre analyse a permis de confirmer la présence de 4 espèces qui n'avaient pas été rapportées à ce jour sur le territoire de l'OBV du Chêne. Seul le méné paille aurait échappé à notre analyse, ce qui devrait faire l'objet d'une vérification, car ce cyprin de petite taille peut parfois être confondu avec d'autres espèces. Il serait étonnant, mais pas impossible qu'il ait disparu des stations F06 et F07 de la FSL où il aurait été récolté antérieurement par la PÉ. Une validation pourrait nous apporter une conclusion plus définitive. À cette exception près, les espèces recensées en PÉ ont toutes été confirmées par l'ADNe.

Le nombre d'espèces s'est toujours révélé supérieur avec l'ADNe que par la PÉ. Ce résultat est important lorsqu'on s'intéresse à la biodiversité ichtyologique d'un cours d'eau puisqu'il indique que la présence d'espèces rares peut échapper à un inventaire par PÉ, mais être détectée par l'ADNe. Ceci n'enlève pas l'intérêt de la PÉ ou des autres techniques permettant la capture des poissons. En effet, celles-ci demeurent utiles pour déterminer précisément l'endroit et l'habitat où se trouve une espèce, pour récolter des données sur la structure d'âge, la croissance et le sexe des individus ou encore pour observer la variation morphologique lorsque ces informations sont nécessaires.

La quantité moyenne d'ADNe détectée dans les stations de la FSL est semblable à ce que l'on trouve en dehors de la FSL en milieu agroforestier. Toutefois, l'ADN de 8 espèces s'y trouve en quantité nettement supérieure, notamment pour l'omble de fontaine et le fouille-roche gris, des espèces sensibles à la qualité du milieu. Ceci laisse croire que l'habitat peu modifié à proximité des cours d'eau que l'on trouve dans la FSL favorise la présence de ces espèces en plus grande abondance. Les stations F11 et F12, surtout, méritent une attention particulière puisqu'elles contiennent à la fois 94 % de l'ensemble des séquences d'ADN d'omble de fontaine et 83 % de celui des salamandres à deux lignes. Il n'est donc pas étonnant que ces 2 stations soient visées par un projet de réserve de biodiversité dans le milieu (MRCL, 2021).

L'espèce qui cause une surprise est sans doute l'omble de fontaine. Elle est abondante dans la FSL, ce qui était attendu, mais son ADN est confirmé à chacune des 27 stations, même en milieu agricole où l'habitat ne lui semble pas favorable. Cette espèce était auparavant largement répandue et abondante

partout sur le territoire. Il est donc possible que des individus subsistent dans des sections de cours d'eau où l'habitat le permet, ou encore qu'il s'agisse dans certains cas de faux positifs relatifs à la méthode de l'ADNe. La présence de petits réservoirs de populations qui se trouvent vraisemblablement en amont de chaque ruisseau en milieu agroforestier démontre tout l'intérêt d'une restauration d'habitat qui permettrait le rétablissement de populations naturelles de cette espèce prise par les pêcheurs.

La présence du fouille-roche gris est aussi particulièrement intéressante puisque ce petit poisson, inscrit sur la liste des espèces menacées au Canada et vulnérables au Québec, est ici à la limite est de son aire de répartition. Son abondance pourrait être plus importante que ce signal distinct puisque 300 203 occurrences de fouille-roche gris ou de fouille-roche zébré n'ont pu les distinguer l'un de l'autre. Il en va de même pour le méné bec-de-lièvre, qui est en difficulté en Ontario et dont la distribution est restreinte au Québec. Dans un avenir rapproché, il serait pertinent d'inclure des mesures de gestion spécifiques à ces deux espèces vulnérables.

Conclusion

Nous sommes d'avis que l'analyse de l'ADNe est appelée à se généraliser pour l'étude des communautés en milieu lotique, particulièrement là où un inventaire d'un territoire à large échelle, comme celui d'un OBV, est nécessaire. De fait, l'Association canadienne de normalisation a tout récemment publié un document portant sur les « Exigences en matière de terminologie et de production de rapports sur l'ADN environnemental (ADNe) » (Groupe CSA, 2021). Puisqu'il est possible de recenser en un seul point les espèces présentes dans les habitats en amont, la cueillette des échantillons peut se faire à des endroits accessibles avec peu d'équipement. Aucune formation exhaustive et aucun permis de bons soins aux animaux ni équipement coûteux ne sont nécessaires pour la capture et l'identification des espèces. L'ADNe s'avère un moyen efficace pour repérer la présence d'espèces et se renseigner sur leur abondance relative. Cette approche nécessite un effort de terrain moindre que les techniques utilisées jusqu'ici, soit la PÉ, le filet maillant et la seine de rivage. Dans le cas de la présente étude, elle a permis de confirmer la présence de 41 espèces de poissons dont 40 sur le territoire de l'OBV du Chêne, de démontrer que la forêt de la Seigneurie de Lotbinière assure le maintien d'habitats propices à des espèces intolérantes aux perturbations environnementales et d'ajouter 4 espèces à la liste des poissons déjà connus sur le territoire de l'OBV du Chêne.

Remerciements

Nos remerciements s'adressent à Marie-Andrée Boisvert, ex-directrice de l'OBV de la zone du Chêne, qui a initié le projet et choisi les points d'échantillonnage, à Sylvie Leduc et à Alexandra Éthier-Houle, qui ont recueilli les échantillons de terrain, à Éric Normandeau pour le traitement bio-informatique des données, à Marie-Ève Beaulieu et Cecilia

Hernandez, qui ont réalisé les analyses et l'interprétation des données de laboratoire, à Dominique Adam et William Boissonneault pour la réalisation de la cartographie et le soutien pour la présentation de la bibliographie, et à Nicole Boivin pour la relecture et la correction de l'orthographe du manuscrit.

Les auteurs adressent enfin leurs remerciements à l'équipe éditoriale de cette revue, en particulier au comité de lecture (Claude Samson [rédacteur en chef adjoint], Marc-Antoine Couillard [rédacteur adjoint] et un réviseur anonyme) ainsi qu'à l'équipe de bénévoles du *Naturaliste canadien* pour leur contribution essentielle à l'amélioration de la version initiale de cet article (vérification technique et édition finale). ◀

Références

- AFZALI, S.F., H. BOURDAGES, M. LAPORTE, C. MÉROT, É. NORMANDEAU, C. AUDET et L. BERNATCHEZ, 2021. Comparing environmental metabarcoding and trawling survey of demersal fish communities in the Gulf of St. Lawrence, Canada. *Environmental DNA*, 3: 22-42. <https://doi.org/10.1002/edn3.111>.
- BENSON, D.A., M. CAVANAUGH, K. CLARK, L. KARSCH-MIZRACHI, D.J. LIPMAN, J. OSTELL et E.W. SAYERS, 2013. GenBank. *Nucleic Acids Research*, 41 (D1): D36-D42. <https://doi.org/10.1093/nar/gks1195>.
- BERGER, C.S., C. HERNANDEZ, M. LAPORTE, G. CÔTÉ, Y.T. PARADIS, W.K. DOMINIQUE, É. NORMANDEAU et L. BERNATCHEZ, 2020. Fine-scale environmental heterogeneity shapes fluvial fish communities as revealed by eDNA metabarcoding. *Environmental DNA*, 2 (4): 647-666. <https://doi.org/10.1002/edn3.129>.
- BERNATCHEZ, L. et M. GIROUX, 2012. Les poissons d'eau douce du Québec et leur répartition dans l'est du Canada, 3^e édition. Éditions Broquet, Saint-Constant, 348 p.
- BOIVIN-DELISLE, D., M. LAPORTE, F. BURTON, R. DION, É. NORMANDEAU et L. BERNATCHEZ, 2021. Using environmental DNA for biomonitoring of freshwater fish communities: Comparison with established gillnet surveys in a boreal hydroelectric impoundment. *Environmental DNA*, 3 (1): 105-120. <https://doi.org/10.1002/edn3.135>.
- CASSELMAN, J.M., T. PENCZAK, L. CARL, R.H.K. MANN, J. HOLCÍK et W.A. WOITOWICH, 1990. An evaluation of fish sampling methodologies for large river systems. *Polish Archives of Hydrobiology*, 37: 521-551.
- CAZA-ALLARD, I., M. LAPORTE, G. CÔTÉ, J. APRIL et L. BERNATCHEZ, 2022. Effect of biotic and abiotic factors on the production and degradation of fish environmental DNA: An experimental evaluation. *Environmental DNA*, 4 (2): 453-468. <https://doi.org/10.1002/edn3.266>.
- DEINER, K., H.M. BIK, E. MÄCHLER, M. SEYMOUR, A. LACOURSIERE-ROUSSEL, F. ALTERMATT, S. CREER, I. BISTA, D.M. LODGE, N. DE VERE, M.E. PFENDER et L. BERNATCHEZ, 2017. Environmental DNA metabarcoding: Transforming how we survey animal and plant communities. *Molecular Ecology*, 26 (21): 5872-5895. <https://doi.org/10.1111/mec.14350>.
- DEINER, K., H. YAMANAKA et L. BERNATCHEZ, 2021. The future of biodiversity monitoring and conservation utilizing environmental DNA. *Environmental DNA*, 3 (1): 3-7. <https://doi.org/10.1002/edn3.178>.
- DESROCHES, J.-F. et I. PICARD, 2013. Les poissons d'eau douce du Québec et des Maritimes. Éditions Michel Quintin, Montréal, 472 p.
- DESROCHES, J.-F. et D. RODRIGUE, 2018. Amphibiens et reptiles du Québec et des Maritimes. Édition revue et augmentée, Éditions Michel Quintin, Montréal, 376 p.
- DUCRUC, J.-P., F. POISSON, V. GERARDIN, G. DOMON, J. RUIZ et J.E. MEDINA MENA, 2019. Le cadre écologique de référence du Québec : perspectives historiques, concepts et applications. Ministère de l'Environnement et de la Lutte contre les changements climatiques, Québec, 179 p. <https://www.environnement.gouv.qc.ca/biodiversite/cadre-ecologique/rapports/cadre-eco-ref-perspective-historique-concepts-applications.pdf>.

- GARCÍA-MACHADO, E., M. LAPORTE, É. NORMANDEAU, C. HERNÁNDEZ, G. CÔTÉ, Y. PARADIS, M. MINGELBIER et L. BERNATCHEZ, 2022. Fish community shifts along a strong fluvial environmental gradient revealed by eDNA metabarcoding. *Environmental DNA*, 4: 117-134. <https://doi.org/10.1002/edn3.221>.
- GIROUX, I., S. HÉBERT et D. BERRYMAN, 2016. Qualité de l'eau du Saint-Laurent de 2000 à 2014 : paramètres classiques, pesticides et contaminants émergents. *Le Naturaliste canadien*, 140 (2): 26-34. <https://doi.org/10.7202/1036500ar>.
- GOLDBERG, C.S., D.S. PILLIOD, R.S. ARKLE et L.P. WAITS, 2011. Molecular detection of vertebrates in stream water: A demonstration using Rocky Mountain Tailed Frogs and Idaho Giant Salamanders. *PLoS ONE*, 6 (7): e22746. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0022746>. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0022746>.
- GROUPE CSA, 2021. Exigences et terminologie des rapports sur l'ADN environnemental (eDNA). Disponible en ligne à : <https://www.csagroup.org/store/product/2705165/>.
- IWASAKI, W., T. FUKUNAGA, R. ISAGOZAWA, K. YAMADA, Y. MAEDA, T.P. SATOH, T. SADO, K. MABUCHI, H. TAKESHIMA, M. MIYA et M. NISHIDA, 2013. MitoFish and MitoAnnotator: A mitochondrial genome database of fish with an accurate and automatic annotation pipeline. *Molecular Biology and Evolution*, 30(11): 2531-2540. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst141>.
- KELLY, R.P., J.A. PORT, K.M. YAMAHARA et L.B. CROWDER, 2014. Using environmental DNA to census marine fishes in a large mesocosm. *PLoS ONE*, 9 (1): e86175. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0086175>.
- LACOURSÈRE-ROUSSEL, A., C. CÔTÉ, V. LECLERC et L. BERNATCHEZ, 2016. Quantifying relative fish abundance with eDNA: A promising tool for fisheries management. *Journal of Applied Ecology*, 53: 1148-1157. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.12598>.
- LAPORTE, M., C.S. BERGER, E. GARCÍA-MACHADO, G. CÔTÉ, O. MORISSETTE, L. BERNATCHEZ, 2022. Cage transplant experiment shows weak transport effect on relative abundance of fish community composition as revealed by eDNA metabarcoding. *Ecological Indicators*, 137, 108785. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ecolind.2022.108785>.
- LAPORTE, M., B. BOUGAS, G. CÔTÉ, O. CHAMPOUX, Y. PARADIS, J. MORIN et L. BERNATCHEZ, 2020. Caged fish experiment and hydrodynamic bidimensional modeling highlight the importance to consider 2D dispersion in fluvial environmental DNA studies. *Environmental DNA*, 2 (3): 362-372. <https://doi.org/10.1002/edn3.88>.
- LAPORTE, M., E. RENY-NOLIN, V. CHOUINARD, C. HERNANDEZ, É. NORMANDEAU, B. BOUGAS, C. CÔTÉ, S. BEHMELE et L. BERNATCHEZ, 2021. Proper environmental DNA metabarcoding data transformation reveals temporal stability of fish communities in a dendritic river system. *Environmental DNA*, 3 (5): 1007-1022. <https://doi.org/10.1002/edn3.224>.
- LEGENDRE, P. et L. LEGENDRE, 1998. Numerical ecology, vol. 24, 2^e édition. *Developments in Environmental Modelling* 20. Elsevier Science, Amsterdam, 852 p. <https://www.elsevier.com/books/numerical-ecology/legendre/978-0-444-89249-2>.
- LI, T., J.-P. DUCRUC, M.-J. CÔTÉ, D. BELLAVANCE et F. POISSON, 2019. Les provinces naturelles : première fenêtre sur l'écologie du Québec. Ministère de l'Environnement et de la Lutte contre les changements climatiques, Direction de la connaissance écologique, Québec, 24 p. Disponible en ligne à : <https://www.environnement.gouv.qc.ca/biodiversite/cadre-ecologique/rapports/provinces-naturelles.pdf>.
- MATHON, L., A. VALENTINI, P.-E. GUÉRIN, É. NORMANDEAU, C. NOËL, C. LIONNET, E. BOULANGER, W. THUILLER, L. BERNATCHEZ, D. MOUILLOT, T. DEJEAN et S. MANEL, 2021. Benchmarking bioinformatic tools for fast and accurate eDNA metabarcoding species identification. *Molecular Ecology Resources*, 21: 2565-2579. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13430>.
- [MELCC] MINISTÈRE DE L'ENVIRONNEMENT ET DE LA LUTTE CONTRE LES CHANGEMENTS CLIMATIQUES, 2009. Adoption de la loi sur l'eau. Un geste historique pour l'eau du Québec. Disponible en ligne à : <https://www.environnement.gouv.qc.ca/infuseur/communiqu.asp?no=1514>. [Visité le 2022-03-24].
- [MFFP] MINISTÈRE DES FORÊTS, DE LA FAUNE ET DES PARCS DU QUÉBEC, 2021. Espèces fauniques menacées ou vulnérables. Disponible en ligne à : <https://mffp.gouv.qc.ca/la-faune/especes/especes-menacees-vulnerables/>. [Visité le 2021-08-16].
- MIYA, M., Y. SATO, T. FUKUNAGA, T. SADO, J.Y. POULSEN, K. SATO, T. MINAMOTO, S. YAMAMOTO, H. YAMANAKA, H. ARAKI, M. KONDOH et W. IWASAKI, 2015. MiFish, a set of universal PCR primers for metabarcoding environmental DNA from fishes: Detection of more than 230 subtropical marine species. *Royal Society Open Science*, 2 (7): 150088. <https://doi.org/10.1098/rsos.150088>.
- [MRCL] MRC DE LOTBINIÈRE, CONSEIL RÉGIONAL DE L'ENVIRONNEMENT DE CHAUDIÈRE-APPALACHES, AMIS DE LA FORÊT DE LA SEIGNEURIE DE LOTBINIÈRE, OBV DU CHÊNE et NATURE QUÉBEC, 2021. Proposition de réserve de biodiversité dans la Forêt de la Seigneurie de Lotbinière. 18 p. Disponible en ligne à : <https://www.mrclobiniere.org/wp-content/uploads/2021/09/Proposition-reserve-de-biodiversite-FSL-1.pdf>.
- [OBV DU CHÊNE] ORGANISME DE BASSINS VERSANTS DE LA ZONE DU CHÊNE, 2020a. Partie 1 – Portrait des bassins versants de la zone du Chêne, Plan directeur de l'eau de la zone du Chêne, 158 p. + ann. Disponible en ligne à : https://www.obvduchene.org/wp-content/uploads/2022/04/PDE_version-ameliore%CC%81e_20-04-2022.pdf. [Visité le 2022-03-28].
- [OBV DU CHÊNE] ORGANISME DE BASSINS VERSANTS DE LA ZONE DU CHÊNE, 2020b. Partie 4 – Plan d'action, Plan directeur de l'eau de la zone du Chêne, 16 p. + ann. Disponible en ligne à : <https://www.obvduchene.org/wp-content/uploads/2020/10/Partie-4-revise-avril2016.pdf>. [Visité le 2022-03-28].
- [OBV DU GROBEC] GROUPE DE CONCERTATION DES BASSINS VERSANTS DE LA ZONE BÉCANCOUR, 2022. Étude et caractérisation du bassin versant de la petite rivière du Chêne – 2019. 70 p. + ann. Disponible en ligne à : <http://www.grobec.org/2019.php>. [Visité le 2022-03-28].
- R CORE TEAM, 2018. R: A language and environment for statistical computing. www.r-project.org/foundation/.
- [ROBVQ] REGROUPEMENT DES ORGANISMES DE BASSINS VERSANTS DU QUÉBEC, 2022. Qui sommes-nous? Disponible en ligne à : <https://robvq.qc.ca/obv-du-quebec/>. [Visité le 2022-03-24].
- ROUSSEL, J.M. et A. BARDONNET, 2002. Habitat de la truite commune (*Salmo trutta* L.) pendant la période juvénile en ruisseau : préférences, mouvements, variations journalières et saisonnières. *Bulletin Français de la Pêche et de la Pisciculture*, 365/366: 435-454. EDP Sciences. <https://doi.org/10.1051/kmae:2002044>.
- TAYLOR, H.R. et N.J. GEMMELL, 2016. Emerging technologies to conserve biodiversity: Further opportunities via genomics. *Response to Pimm et al. Trends in Ecology & Evolution*, 31 (3): 171-172. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2016.01.002>.

EN ACTION

POUR LA FAUNE EN DANGER

Grâce à la générosité de nos donateurs et aux contributions des chasseurs, des pêcheurs et des piégeurs, la Fondation de la faune soutient des projets de protection et de restauration d'habitats des espèces menacées et vulnérables du Québec.



Fondation
de la faune
du Québec

› **Faites un don :** www.fondationdelafaune.qc.ca



Yvan Bedard
PHOTONATURE
Ph.D. Prof. émérite
Neuville, Qc
Canada G0A 2R0
1-418-561-7046

yvan_bedard@hotmail.com
PHOTOS-LICENCES-COURS-CONSEILS
<http://yvanbedardphotonature.com>