

# SYNTHÈSE DES RÉSULTATS

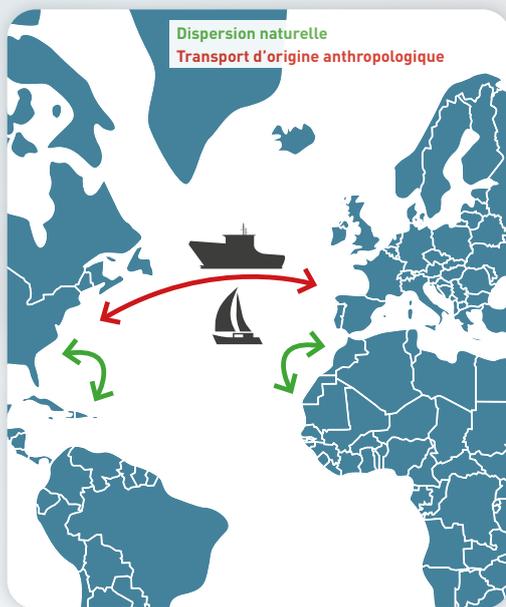
## Les espèces non-indigènes sur les coques des navires de plaisance



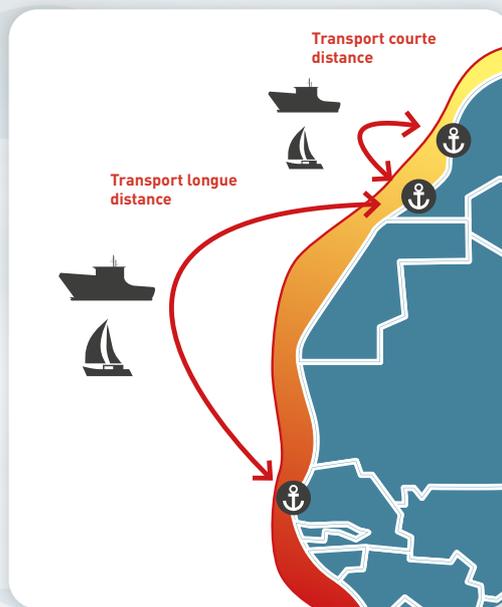
### Combien ? Lesquelles ? Pourquoi cette étude ?

Les activités humaines en mer, par exemple le trafic maritime ou l'aquaculture, sont responsables du transport d'espèces marines sur de longues distances, parfois d'un océan à l'autre, et au-delà de leur aire de distribution naturelle.

On parle alors d'**espèces introduites** ou **non-indigènes** voire d'**espèces invasives** quand elles ont des conséquences sanitaires, économiques ou sur les écosystèmes dans leur zone d'introduction.



Dispersion trans-océanique



Transport régional

A l'échelle mondiale, le trafic maritime est responsable du plus grand nombre d'introductions d'espèces marines non-indigènes.

Les navires sont en effet très nombreux et sillonnent le globe. En 2018, **53000 navires marchands** circulaient autour du globe. Il n'est donc pas surprenant que les ports soient des lieux d'introduction et d'établissement d'espèces marines non-indigènes. Tous les ports sont concernés, y compris les ports de plaisance. Sur les seules côtes métropolitaines françaises, **326 805 bateaux de plaisance** amarrés dans 462 ports étaient recensés en 2021 ! Ceci fait de la navigation de plaisance un vecteur important de dispersion des espèces marines non-indigènes, surtout à une échelle régionale. Les espèces sont transportées au sein du « **biofouling** » formé de l'**ensemble des organismes indigènes et non-indigènes fixés ou adhérent à la coque des bateaux** (cf. Photo). Néanmoins, on sait encore peu de choses sur la diversité des espèces transportées sur la coque des navires et en particulier la diversité des espèces non-indigènes qui s'y trouvent. De même pour les espèces **cryptogènes** qui sont des espèces pour lesquelles on ne connaît pas la distribution d'origine et qui sont dispersées depuis longtemps par les activités humaines.

Sources :  
Figure modifiée de  
Touchard et coll. (2022). in  
*Evolutionary Applications*,  
16, 560-579



## L'objectif et la méthode... Utiliser l'ADN\* pour identifier les espèces !

Dans le cadre du Réseau Alien Occitanie, initié et coordonné par le **CPIE Bassin de Thau** depuis 2021, une étude pilote a été menée, en partenariat avec le CNRS (Centre National de la Recherche Scientifique) pour identifier les espèces marines non-indigènes présentes sur la coque de bateaux de plaisance.

Observer la coque pour y identifier les espèces présentes n'est pas simple : les organismes sont petits, abimés et superposés les uns sur les autres. L'équipe du CNRS a donc choisi de tester une méthode génétique (plutôt que visuelle), appelée le « **metabarcoding** », basée sur **l'analyse des ADN** obtenus à partir de l'ensemble des organismes grattés sur la coque du navire.

Des plaisanciers volontaires ont accepté de prêter leur coque de bateau pour l'échantillonnage. L'opération a été réalisée par les structures partenaires du réseau (Institut marin du Seaquarium et LPO Occitanie), dans 3 ports de la région et au moment du carénage (procédé visant à nettoyer la coque des navires et utiliser une peinture spéciale dite « *antifouling* » pour limiter l'installation des organismes sur la coque).

De retour au laboratoire, les molécules d'ADN, issues de centaines voire de milliers d'organismes différents présents dans l'échantillon gratté, sont obtenues. Un petit fragment de l'ADN, le même pour toutes les molécules d'ADN et donc pour tous les organismes grattés, est séquencé ce qui permet de « lire l'ADN ». Ce petit fragment a été choisi parce qu'il a la propriété d'être spécifique d'une espèce donnée : **chaque espèce est définie par une phrase unique**. Les phrases trouvées dans nos échantillons sont comparées par des analyses informatiques à celles répertoriées dans des bases de données qui font la correspondance entre cette phrase et un nom d'espèce. Ainsi, à la fin du processus, une liste d'espèce présente dans l'échantillon de la coque d'un bateau est obtenue. Dans le cadre du projet MarEEE (i-site MUSE), l'équipe du CNRS et ses collaborateurs de l'Ifremer ont réalisé en parallèle la même analyse pour de l'ADN extrait de l'eau des ports où séjournaient les bateaux afin de comparer les listes d'espèce entre ports et bateaux.

\*ADN = molécule présente dans toutes les cellules vivantes et contenant l'information génétique 



Extraction de tous les ADN



Séquençage haut-débit (lecture de millions de fragments d'ADN)

ATCGGTGTGAC ATCAGTTTGACC ATCGGTTTGACC  
 ATCGGTGTGAC ATCAGTTTGACC ATCGGTTTGACC  
 ATCGGTGTGAC ATCAGTTTGACC ATCGGTTTGACC

Comparaison des millions de séquences obtenues avec des bases de données moléculaires

Analyses bioinformatiques

Sources : Figure modifiée de Couton, M. (2020). *Le séquençage haut-débit pour détecter et étudier les espèces marines non-indigènes : un complément pertinent aux méthodes traditionnelles ?* Thèse Sorbonne Université. <https://tel.archives-ouvertes.fr/tel-03180937> Star



ATCGGTGTGACATCAGTTTGACCATCGGTTTGACC



ATCGGTGTGACATCAGTTTGACCATCGGTTTGACC



ATCGGTGTGACATCAGTTTGACCATCGGTTTGACC

Liste d'espèces contenues dans l'échantillon

En parallèle du grattage de coque, les plaisanciers ont répondu à un **questionnaire sur leurs habitudes de navigation** : le type de navigation pour savoir si le navire est utilisé à la journée ou sur des croisières longues, la fréquence et la zone des sorties, la date du dernier carénage, le produit antifouling utilisé, etc. Ces données permettront d'affiner l'analyse des résultats dans le but de **mieux comprendre quelles pratiques de navigation ou d'entretien du bateau pourraient expliquer la diversité des espèces trouvées dans le biofouling**.

## L'échantillonnage : l'Occitanie comme terrain d'expérience



Au total, nous avons échantillonné **33 bateaux dans 3 ports** de la région Occitanie, Sète-St-Louis (11 bateaux), Mèze (9) et Port-Camargue (13). Trois ports très différents par leur taille (Port-Camargue est le plus grand port de plaisance d'Europe) mais aussi leur environnement (Mèze étant situé dans une lagune, l'étang de Thau, et les deux autres ouverts sur la mer) et les activités qui s'y déroulent (Sète est un port à multiples activités dont de commerce à proximité).

## Une trentaine d'espèces non-indigènes ou cryptogènes trouvées au total !

En comparant la liste d'espèces à celle des espèces non-indigènes ou cryptogènes connues en Mer Méditerranée ou dans d'autres mers de la façade métropolitaine française, les résultats ont montré :

- Les marqueurs ADN correspondant à **29 espèces non-indigènes ou cryptogènes** sur la coque des 33 bateaux ; Parmi ces espèces, seulement 14 sont également présentes dans les échantillons d'eau des ports.
- En moyenne, **6 espèces non-indigènes ou cryptogènes par bateau** mais avec une forte

variation selon les bateaux. Certains n'en portant que 2 et d'autres 11.

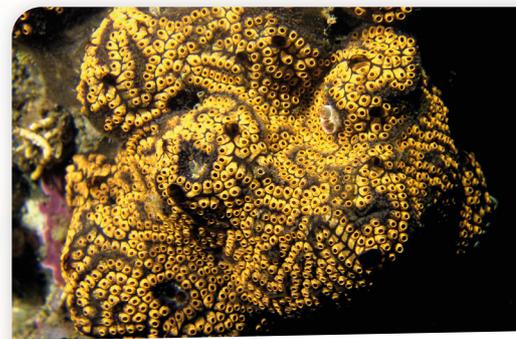
- Quelques espèces présentes dans de nombreux échantillons quel que soit le type de navire ou le type de port. C'est le cas de la Bugule brune trouvée sur 31 des 33 échantillons (coques de navires grattées), de la Caprelle mauricienne retrouvées sur plus d'un tiers d'entre eux ; à l'inverse certaines plus rares telles que le Botrylle de San Diego trouvée seulement dans 5 échantillons.



Bugule brune (*Bugula neritina*)  
Crédit : CPIE Bassin de Thau



Caprelle mauricienne (*Caprella scaura*)  
Crédit : iNaturalist



Botrylle de San Diego (*Botrylloides digensis*)  
Crédit : Pascal GIRARD

# CONCLUSIONS

► Cette étude pilote a fait ses preuves : la méthode de « **metabarcoding** » du **grattage des coques** permet d'identifier les espèces non-indigènes qui se trouvent dans le *biofouling*. Cette méthode pourrait donc être utilisée pour des programmes de surveillance pour suivre la propagation des espèces non-indigènes à plus grande échelle.

► Cette opération a été réalisée grâce à la mobilisation des propriétaires des bateaux, que nous remercions chaleureusement, ainsi que les autorités portuaires et les responsables des aires de carénage. Au-delà de l'échantillonnage, les rencontrer nous a permis d'expliquer notre démarche mais aussi de (mieux) faire connaître le problème des espèces non-indigènes marines et le risque de transport d'espèces par la plaisance.

Nous espérons pouvoir poursuivre l'opération, et pourrions imaginer à terme de mettre à disposition des plaisanciers un kit de prélèvement afin d'acquérir un plus grand nombre d'échantillons et transformer cette étude pilote en un véritable **programme de sciences participatives**.

Le Réseau Alien Occitanie est piloté par le **CPIE Bassin de Thau**. Cette veille citoyenne fait partie du réseau **Sentinelles de la Mer Occitanie** qui regroupe, plus largement, différents programmes de science participative sur la mer et le littoral.



Sentinelles de la  
**mer**  
Occitanie



**RENSEIGNEZ-VOUS SUR  
LE RÉSEAU ALIEN OCCITANIE :**

<https://bit.ly/3xIVwWf>

## CONTACT

Plus d'information sur nos réseaux :

- [sentinellesdelamer-occitanie.fr](http://sentinellesdelamer-occitanie.fr)
- Sentinellesde la Mer Occitanie
- CPIE\_Thau

L'échantillonnage et les analyses ont été menés sous la direction de **Frédérique Viard**, Institut des Sciences de l'Évolution de Montpellier (ISE-M).

Un programme mené par :



Avec le soutien financier de France Relance et de l'Office Français de la Biodiversité



Les partenaires scientifiques de cette étude :



Les ports participants :

