

AAP « Renforcer la connaissance des habitats de fonds meubles en Méditerranée »

Poissons des fonds meubles : Inventaire par ADN environnemental (PIAF)



Rapport final, Janvier 2025

Coordination du projet : DETER Julie

Référent Université de Montpellier – MARBEC : DETER Julie et MOUILLLOT David

Référent Andromède Océanologie : HOLON Florian

Référent AERMC : BOISSERY Pierre

Référent OFB : CARO Anthony

Référent OEC : AGOSTINI Alexandra (Chargée de mission DDM) et PAOLI-LECA Nathalie (cheffe de service DDM)

Contacts par E-mail : julie.deter@umontpellier.fr ou julie.deter@andromede-ocean.com;
david.mouillot@umontpellier.fr; florian.holon@andromede-ocean.com

Préparation de l'étude : BARROIL Adèle, DELARUELLE Gwenaëlle, DETER Julie, HOCDE Régis, HOLON Florian, MOUILLLOT David, VELEZ Laure

Collecte des données : BARROIL Adèle, DETER Julie, FAURE Nadia, GINS Nils, GUELLATI Nacim, HOLON Florian, LE BRAS Stéven, MAURON Stephen.

Traitement des données : BARROIL Adèle, BOCKEL Thomas, DETER Julie, PITIE Noé, ZAJDEL Virginie.

Rédaction : BARROIL Adèle & DETER Julie

Citation : Barroil A., Bockel T., Delaruelle G, Faure N., Gins N., Guellati N., Le Bras S., Hocdé R., Holon F., Mauron S., Mouillot D., Paquet M., Pitie N., Shultz M., Velez L., Zajdel V. et Deter J. 2025. PIAF : Poissons des fonds meubles, inventaire par ADN environnemental. Rapport final. Appel à projets « Renforcer la connaissance des habitats de fonds meubles en Méditerranée » cofinancé par l'Agence de l'eau Rhône Méditerranée Corse, l'Office Français de la Biodiversité et l'Office de l'Environnement de la Corse. 79 pages.

PRESENTATION DU LABORATOIRE PORTEUR ET DES PARTENAIRES	1
Université de Montpellier – UMR MARBEC	1
Andromède Océanologie	2
Contexte du projet et état de l’art	3
Objectifs	5
METHODOLOGIE	6
I. Zone d’étude et échantillonnage	6
I.A. Echantillons issus du projet ANGE (existants au démarrage du projet PIAF)	6
I.B. Échantillons récoltés dans le cadre du projet PIAF	7
II. Traitements et analyses des données.....	9
II.A. Analyse metabarcoding de l’ADN environnemental	9
II.B. Calcul des indicateurs de biodiversité	10
II.C. Images vidéo et sensibilité du milieu à l’impact du chalutage	11
II.D. Niveaux de protection	13
II.E. Paramètres environnementaux	14
II.F. Pressions anthropiques	15
II.G. Analyses statistiques	15
II.H. Bancarisation sur Medtrix	15
RESULTATS	16
I. Biocénoses échantillonnées.....	17
I. Paramètres physico-chimiques	20
II.A. Profondeur :	21
II.B. Température :	22
II.C. Salinité :	23
II.D. Saturation en O2 dissous :	24
II. Calcul des indicateurs de biodiversité et influence du niveau de protection	25
II.A. Richesse spécifique en fonction du niveau de protection corrigée par le GLM.	27
II.B. Diversité fonctionnelle corrigée par le GLM	31
II.C. Large reef Fish Index (LFI) corrigé par le GLM.....	33
II.D. Indicateur Crypto-benthique (Crypto) corrigé par le GLM	35
II.E. Indicateur Commercial et High Commercial corrigés par le GLM	37
II.F. Indicateur de la diversité génétique (PD) corrigé par le GLM	40
II.G. Indicateur DP_B_ratio.....	41
II.H. Indicateurs RedList et Chondri.....	41
III. Indicateur SOS	45
IV. Pressions anthropiques (hors chalutage)	48
V. Éléments remarquables	49
VI.A. Arènes de reproductions de picarels (<i>Spicara smaris</i>).....	49
VI.B. Grand dauphin (<i>Tursiops truncatus</i>)	51
DISCUSSION ET CONCLUSION.....	52
BIBLIOGRAPHIE.....	54
ANNEXES	56
ANNEXE 1 : Cartes des tronçons numérotés. Les tronçons notés « Transect_XX » ont été réalisés en 2021 (ANGE) et les tronçons notés « PIAF_XX » ont été réalisés en 2023 (PIAF). ...	57

ANNEXE 2 : Tableau expliquant les assignations des scores BESITO aux espèces en fonction de leurs traits de vie (González-Irusta et al., 2018).....	61
ANNEXE 3 : Exemple de données de températures en fonction de la profondeur sans filtration des données	62
ANNEXE 4 : Influence du volume filtré par tronçons sur les bioindicateurs :.....	63
ANNEXE 5 : Bioindicateurs par tronçons sans correction du biais d'échantillonnage « PIAF_XX » réalisés en 2023 et « Transect_XX » en 2021.	64
ANNEXE 6 : Résultats des indicateurs de biodiversité en fonction des niveaux de protection selon le guide des AMP prenant en compte les critères UICN (Gorud-Colvert et al., 2021)...	67
ANNEXE 7 : Liste des espèces détectées par ADN environnemental et leur statut UICN.....	74
ANNEXE 8 : Scores des pressions pour chaque tronçon où « PIAF_XX » sont les tronçons faits en 2023 et « Transect_XX » les tronçons faits en 2021.	76

Ce projet est porté par l'**Université de Montpellier (UM)** à travers l'unité mixte de recherche MARBEC sous la responsabilité de **David Mouillot et Julie Deter** (coordination, calcul des indicateurs, analyses de données, valorisation).

Pour ce projet, un partenariat est mis en place avec l'entreprise **Andromède Océanologie** sous la responsabilité de **Florian Holon** (logistique en mer, échantillonnage, données pressions, analyses spatiales).

PRESENTATION DU LABORATOIRE PORTEUR ET DES PARTENAIRES

L'université de Montpellier est associée depuis décembre 2016 à la PME **Andromède Océanologie** basée à Mauguio (34) pour former le **laboratoire commun InToSea** (Innovative Tools under the Sea). Ce présent projet s'intègre dans les objectifs de ce LABCOM qui sont de développer des outils innovants d'étude et de suivi des habitats sous-marins côtiers pour faciliter la prise de décision.



MARBEC, via un projet **Companies on Campus** de l'Université de Montpellier, est associée depuis mi-2019 à la PME **SPYGEN** basée au Bourget du Lac (73) pour développer les expertises ADN environnemental (ADNe) pour le suivi de la faune marine et mettre en place de nouveaux indicateurs de biodiversité basés sur ces technologies. Ces méthodes permettent d'améliorer le suivi d'espèces rares ou discrètes et visent à renforcer les opérations de veille environnementale à l'échelle mondiale. Elles sont utilisées pour identifier, à partir d'un échantillon d'eau, de sol, de fèces ou de miel, l'ensemble des espèces d'un groupe taxonomique donné présentes dans le milieu étudié (ADNe metabarcoding). Elles permettent également le suivi d'espèces cibles (ADNe barcoding), souvent menacées ou exotiques envahissantes. Ces méthodes sont mises en œuvre dans le cadre d'études réglementaires (études d'impact environnemental), de projets de recherche ou de conservation, principalement en milieux aquatiques d'eau douce et marins côtiers.



En 2021, un **laboratoire commun appelé Diag-ADNe** a réuni SPYGEN avec l'Université de Montpellier, et plus particulièrement l'UMR MARBEC ; il vise à développer le diagnostic ADNe des milieux marins.

Université de Montpellier – UMR MARBEC



La structure porteuse du projet est l'Université de Montpellier – UMR MARBEC.



L'Unité Mixte de Recherche (UMR) MARBEC, MARine Biodiversity, Exploitation and Conservation, a été créée le 1er janvier 2015. Ses autorités de tutelle sont l'IRD, l'Ifremer, l'Université de Montpellier et le CNRS. MARBEC est l'un des plus importants laboratoires travaillant sur la biodiversité marine et ses usages avec environ 230 agents, dont 80 chercheurs et enseignants-chercheurs. L'unité est implantée à Sète, Montpellier et Palavas-les-Flots, ainsi que dans l'océan Indien, en Asie, en Afrique et en Amérique du Sud.

MARBEC étudie la biodiversité marine des écosystèmes lagunaires, côtiers et hauturiers, principalement méditerranéens et tropicaux. Ses recherches portent sur différents niveaux d'intégration, des aspects moléculaires, individuels, populationnels et communautaires, aux usages de cette biodiversité par l'Homme. Elle concentre ses efforts sur trois objectifs principaux : (a) décrire la

biodiversité marine, comprendre sa dynamique et le fonctionnement des écosystèmes marins, (b) analyser l'impact des pressions anthropiques sur ces écosystèmes et développer des scénarii de réponse au changement global, (c) concilier exploitation et conservation, et répondre aux attentes sociétales (expertise, innovation, remédiation).

Ses activités de recherche sont structurées en huit thèmes scientifiques : (a) Ecologie évolutive et adaptation. (b) Individus, populations et habitats. (c) Dynamique et fonctionnement des communautés. (d) Micro-organismes et interactions avec les macro-organismes. (e) Contaminants : devenir et réponses. (f) Aquacultures durables. (g) Systèmes littoraux d'usages multiples. (h) Approche écosystémique des pêches.

David Mouillot (professeur des universités), Julie Deter (maîtresse de conférences associée), Adèle Barroil (ingénieure d'études UM), Laure Velez (ingénieure d'études UM) sont les personnels MARBEC impliqués dans ce projet.

Andromède Océanologie

[Andromède Océanologie](#) est une PME créée en 2008 par Laurent Ballesta, Pierre Descamp et Florian Holon. Les objectifs d'Andromède sont i) de conduire tout type de projets liés à l'étude et à la valorisation de l'environnement marin, ii) coupler science et images et iii) sensibiliser à la richesse et à la fragilité du milieu marin.



Les activités d'Andromède Océanologie s'articulent autour de trois grands domaines avec partout une R&D forte et une innovation permanente :

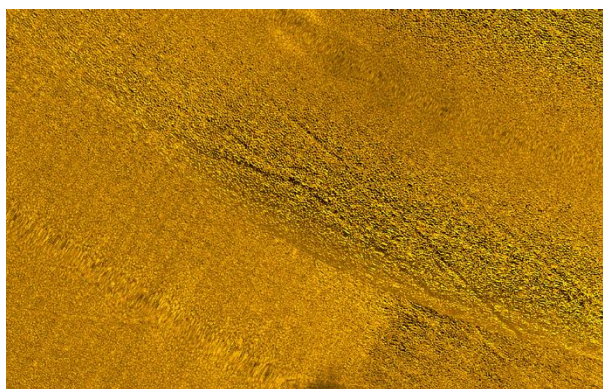
- **L'image** : expéditions scientifiques, films, livres, photos avec plus de 25 000 clichés de Laurent Ballesta, plongeur et photographe sous-marin internationalement reconnu ;
- **La surveillance biologique et la cartographie des habitats**. Andromède porte ainsi plusieurs réseaux de surveillance de l'état écologique des eaux côtières, en partenariat avec l'agence de l'eau Rhône Méditerranée et Corse (notamment TEMPO sur les herbiers de posidonie ou RECOR pour les récifs coralligènes) ;
- **L'ingénierie en écologie** : gestion et restauration des écosystèmes marins, accompagnement, conseil, expertise...

Parmi les dernières réalisations d'Andromède Océanologie, on compte par exemple la création de la plateforme cartographique [MEDTRIX](#) qui met à disposition les résultats des différents projets de surveillance des eaux côtières, la plupart des cartographies des biocénoses marines côtières de Méditerranée française et la cartographie continue (1:10 000) réalisée en 2014 (projet DONIA Expert) et mise à jour tous les trois à six ans dans le cadre du réseau [SURFSTAT](#) (Andromède océanologie, 2024), la cartographie des pressions/activités côtières (projet [IMPACT](#), Andromède océanologie, 2025), l'application communautaire smartphone et tablette [DONIA](#) (Andromède océanologie, 2025) d'aide à la plaisance en mer, les réseaux de surveillance TEMPO (posidonie) et RECOR (coralligène), la transplantation de 500 m² d'herbier lors de l'extension en mer de l'anse du Portier (Monaco), les [expéditions Gombessa](#) et leurs documentaires (Cœlacanthe, Antarctica, Mystère mérou, 700 requins, l'exploration de la Méditerranée en plongée à saturation...), des livres de photographies sous-marines (Planète MERS, Adèle : terre-mer, Une vie dans le Port de Marseille, Secrets de Méditerranée, ...), des expositions de photographies...

Florian Holon (co-gérant), Julie Deter (cheffe de projets R&D), Gwenaëlle Delaruelle (cheffe de projets) et Thomas Bockel (doctorant CIFRE) sont les personnels d'Andromède Océanologie impliqués dans ce projet.

Contexte du projet et état de l'art

La dégradation des zones côtières est l'un des plus graves problèmes de biodiversité auxquels nous sommes confrontés. En trente ans (entre 1975 et 2005), la population permanente des cantons littoraux de métropole a augmenté de 19,4 % (contre 16,1 % au niveau national), soit un million de résidents supplémentaires sans compter les nombreux touristes. La façade méditerranéenne (Corse exclue), avec 2,8 millions de résidents en 2005, voit désormais son espace quasiment saturé en bord de mer puisque la densité des communes littorales y est cinq fois supérieure à la moyenne nationale. C'est désormais le long des côtes corses, et dans l'arrière-pays pour la métropole, que l'accroissement démographique se fait sentir ([Observatoire du littoral](#)). L'érosion des terres qui engendre une augmentation de la turbidité et de la sédimentation dans les eaux côtières, la destruction des habitats, le déversement de polluants, la surpêche, le changement climatique et l'introduction d'espèces exotiques sont autant de menaces pour les écosystèmes marins côtiers.



La mer Méditerranée est parmi les régions marines les plus menacées et subit de profonds changements majeurs tant environnementaux que biologiques. Depuis plus d'un siècle, ces perturbations ont provoqué un profond remaniement des assemblages d'espèces ayant pour conséquence, en conjonction avec les modifications environnementales, une altération du fonctionnement des écosystèmes et donc une diminution potentielle des biens et services fournis aux sociétés humaines (pêche, tourisme) (Coll et al., 2012).

Figure 1 : Image sonar au large de Biguglia (région est de la Corse) montrant des traces de chalut sur les fonds meubles (source : Andromède Océanologie)

La Directive Cadre Stratégie pour le Milieu Marin (DCSMM) élaborée en 2008 par l'Union

Européenne pour objectifs de maintenir ou d'atteindre un bon état écologique¹ (BEE) pour un certain nombre de composantes de l'écosystème marin dont les habitats benthiques. Elle complète les précédentes directives (« Habitats-Faune-Flore », « Directive-cadre sur l'eau ») en développant une approche écosystémique consistant à prendre en compte l'ensemble des composantes de l'écosystème marin dans la gestion des activités humaines. Cette démarche a permis de se rendre compte de lacunes dans les connaissances pour certains composants de l'écosystème marin, lacunes dues aux contraintes d'accès aux milieux, aux priorités de financement ou peut être simplement à l'attrait des espèces qui y vivent. **Les écotones** sont par exemple peu étudiés alors qu'en écologie ces zones de transition entre deux écosystèmes sont connues pour être généralement très riches en biodiversité car elles abritent des espèces propres à ce milieu de transition mais aussi des espèces appartenant à chacun des écosystèmes le bordant (Holland & Risser, 1991; Risser, 1995). De la même façon, la qualité des substrats meubles de Méditerranée est actuellement principalement étudiée à travers sa granulométrie et les assemblages de son endofaune ou de son épifaune d'invertébrés benthiques (Jac, 2020; Labrune et al., 2021; Zenetos, 2022).

¹ L'état écologique des eaux marines est tel que celles-ci conservent la diversité écologique et le dynamisme d'océans et de mers qui soient propres, en bon état sanitaire et productifs, et que l'utilisation du milieu marin soit durable, sauvegardant ainsi le potentiel de celui-ci aux fins des utilisations et activités des générations actuelles et à venir (Ministère de l'Environnement, de l'Énergie et de la Mer, 2017)



Figure 2 : Illustration d'un fond meuble de Méditerranée française

Les **fonds meubles de Méditerranée française** (Figure 2) occupent actuellement 700 000 ha (86 % des fonds) entre 0 et -80m avec des variations importantes selon les régions (439 876 ha soit 99 % en Occitanie, 104 586 ha soit 74 % en Sud et 155 395 ha soit 69 % en Corse) (DONIA EXPERT, 2021). A titre de comparaison, les fonds rocheux représentent 21 500 ha sur la même emprise (0,9% des fonds d'Occitanie, 3,1 % en région Sud et 5,9 % en Corse).

Ces fonds meubles sont directement impactés par les aménagements côtiers (Holon et al., 2015), le mouillage des navires

(Deter et al., 2017) et bien évidemment la pêche par les arts trainants (Jac, 2020). Les arts traînants vont modeler les habitats benthiques en agissant sur leur composition, leur texture et leur morphologie (Martín et al., 2014) jusqu'à les homogénéiser (Veale et al., 2000; Thrush & Dayton, 2002). La majorité des fonds meubles de Méditerranée française a subi un impact négatif ou a été irrémédiablement altérée (Jac et al., 2020). L'évaluation de leur état se base sur des campagnes de prélèvements par bennes ou chaluts mais des méthodes non destructives comme l'imagerie vidéo viennent de prouver leur intérêt pour mesurer l'impact du chalutage à l'aide d'indices de sensibilité fonctionnelle de mégafaune benthique (Jac et al., 2021).

D'autres méthodes comme les inventaires à partir d'**ADN environnemental** n'ont pas encore été spécifiquement appliquées à l'étude de la faune des fonds meubles bien qu'utilisées pour suivre les poissons de récifs coralligènes et d'herbiers de posidonie (projet eREF (Deter et al., 2023) porté par le même consortium et programme [PISCIS](#) financé par l'Agence de l'eau RMC et porté par Andromède océanologie en partenariat avec l'Université de Montpellier). Lorsque l'on possède une base de références génétiques permettant d'assigner les séquences obtenues (notre équipe est capable d'assigner plus de 75 % des espèces de poissons côtiers de Méditerranée française ; Boulanger et al., 2021), le metabarcoding sur ADN environnemental est capable d'inventorier quasiment toutes les espèces ayant laissé une trace ADN de leur passage (écailles, excrément, mucus), y compris les espèces craintives, pélagiques et cryptobenthiques, à partir d'échantillons d'eau de mer (Figure 3). Son utilisation a récemment mis en lumière l'augmentation de la diversité spécifique de poissons en dehors des aires marines protégées à travers un faible nombre d'espèces de prédateurs remplacé par un grand nombre d'espèces cryptobenthiques (Boulanger et al., 2021). Cette méthode a également permis de détecter en 2020 et 2021 (Faure et al., 2023) la présence relictuelle en Corse de l'ange de mer commun (*Squatina squatina*), une espèce de requin rare et extrêmement menacée, exterminée par la pêche sur toutes les autres côtes françaises (Gordon et al., 2019). L'ange de mer commun en tant qu'espèce parapluie, pourrait être vu comme un bioindicateur de la bonne santé des écosystèmes côtiers (et notamment des fonds meubles qu'il affectionne) puisque sa présence serait la conséquence d'une bonne intégrité des fonds, la présence et l'abondance de proies et une faible pression de pêche ; il est d'ailleurs observé sur les grandes colonies de reproduction de picarels qui viennent d'être décrites le long de la côte orientale Corse (Deter et al., 2024). Seule la méthode de l'ADN environnemental est actuellement capable de détecter son existence sans aucun dommage pour les individus (Faure et al., 2023).

Objectifs

Ce projet vise à inventorier par ADN environnemental les poissons de fonds meubles et plus précisément calculer des indices décrivant les communautés de poissons des fonds meubles inventoriés en limite inférieure d'herbier de posidonie (écotone herbier/fonds meubles) et limites supérieures de constructions coralligènes (écotone fonds meubles / récifs coralligènes) en lien avec leurs fonctionnalités et les pressions subies.

Les différents axes de travail seront donc :

- Inventorier par ADNe les poissons osseux et cartilagineux et calculer différents indices de diversité taxonomique, phylogénétique et fonctionnelle.
- Enregistrer des données environnementales.
- Évaluer l'impact du chalutage sur les zones échantillonnées à partir d'indicateurs fonctionnels basés sur la méga-épifaune benthique par vidéo.
- Analyser les liens entre les différents indices et l'influence des autres habitats (type et distance), de l'environnement, du statut de protection et des pressions.

METHODOLOGIE

I. Zone d'étude et échantillonnage

Un long transect subdivisé en tronçons et situé sur fonds meubles en limite inférieure d'herbier de posidonie (-43 m environ) a été échantillonné **tout autour de la Corse**. Le tracé théorique du transect (537 km) a été dessiné sur la base de la carte des biocénoses du projet DONIA Expert de la plateforme [MEDTRIX](#) (Andromède océanologie, 2025). Sur le terrain, les tracés d'échantillonnage ont été corrigés grâce au sondeur multifaisceaux (WASSP®) du trimaran VICTORIA IV. Cette correction en temps réel a permis d'éviter les potentiels obstacles au fond (*e.g.* rochers, épaves, filets, etc.).

L'échantillonnage visait à récolter de l'ADN environnemental par filtration *in situ* de l'eau de mer un à deux mètres au-dessus du fond. Cette méthode de filtration *in situ* réalisée à l'aide d'un prototype de pompe v3 développé par l'UM, Andromède océanologie, Spygen et Subspace et de capsules (filtres) VigiDNA (0,2 µm), et tracté par le bateau, garantit une conservation optimale de l'ADN, tout en évitant les contaminations liées à l'utilisation de multiples contenants (sacs ou bouteille Niskin par exemple) (Deter et al., 2023; Giraud et al., 2024).

Notre échantillonnage repose en partie sur des filtrations réalisées en 2021 dans le cadre du projet ANGE (voir ci-dessous) et conservées pour cet usage ultérieur et un échantillonnage réalisé pour le présent projet en 2023.

Les cartes de l'ensemble des tronçons numérotés sont en ANNEXE 1.

I.A. Echantillons issus du projet ANGE (existants au démarrage du projet PIAF)

En avril 2021, lors de la mission de terrain du projet ANGE², une partie de la Corse avait été échantillonnée de Nonza à l'Agriate et du nord du Cap Corse à Solenzara en passant par l'est le long d'un transect divisé en 76 tronçons de 2,5 km (Barroil et al., 2024) (Figure 3A).

Le prototype de pompe couplé à une caméra Paralenz® ou GoPro Hero 4® était tracté dans la zone de l'écotone herbier/sable à une profondeur moyenne de 40 m par le catamaran Zembra (Fig. 3B). La durée de filtration était de 30 minutes, permettant de filtrer 30 L d'eau *in situ* par tronçon (1 filtre par tronçon) de 2,5 km.

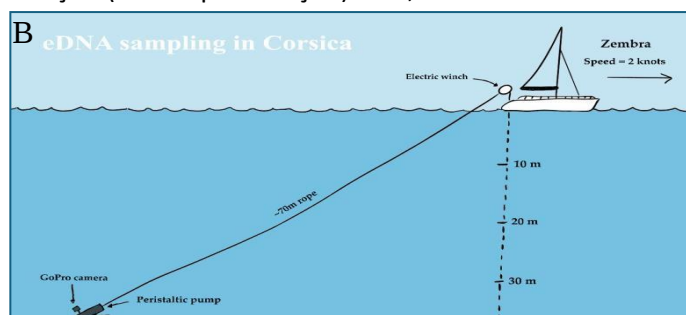
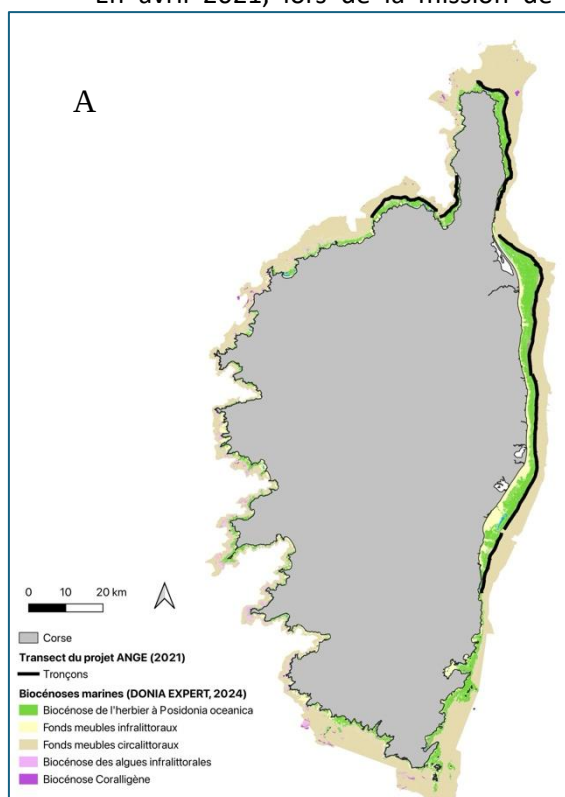


Figure 3 : A) Carte de la Corse représentée avec les tronçons d'ADN environnemental réalisés dans le cadre du projet ANGE en avril 2021 (Barroil et al., 2024). Les biocénoses y sont également représentées. B) Schéma du système d'échantillonnage (modifié d'après un dessin de Nadia Faure).

² ANGE est un projet de recherche visant à mieux connaître et faire connaître le requin ange de mer commun dans son dernier refuge français, la Corse. Il est porté par l'université de Montpellier (UMR MARBEC) en partenariat avec Andromède océanologie et Bastia Offshore Fishing, et soutenu par l'Agence de l'eau Rhône Méditerranée Corse et l'Office Français de la Biodiversité – Parc Naturel Marin du Cap Corse et de

I.B. Échantillons récoltés dans le cadre du projet PIAF

Du 5 au 18 mai 2023, le reste du pourtour de la Corse a été échantillonné le long d'un transect de 80 tronçons (Figure 4). Parmi eux, 64 mesurent 5 km et ont été parcourus en 1 heure avec deux filtres, et 16 mesurent 2,5 km et ont été parcourus en 30 minutes avec un filtre. Ces derniers ont été réalisés dans des petites criques où la topographie des sites ne permettait pas de faire 5 km avec les biocénoses ciblées (*i.e.* limite inférieure d'herbier de Posidonie et/ou fonds meubles) (Figure 5).

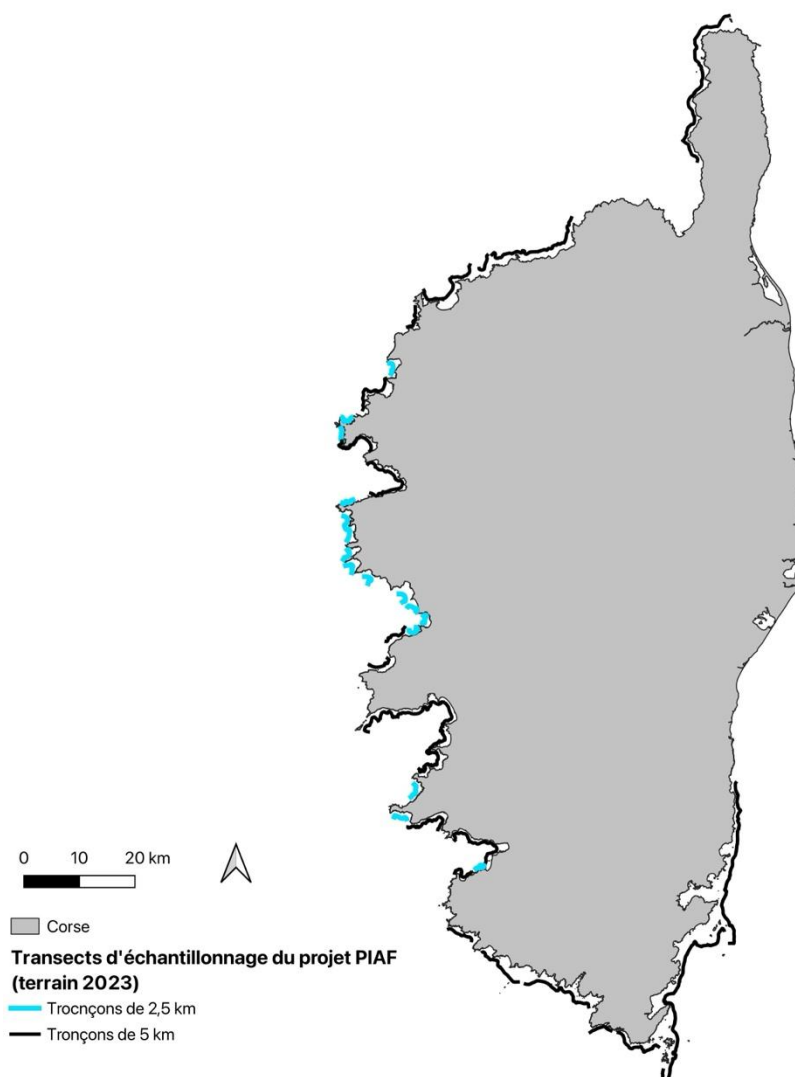


Figure 4 : Carte de la Corse représentée avec le transect d'échantillonnage du projet PIAF en mai 2023 (tronçons de 2,5 km en bleu et de 5 km en noir).

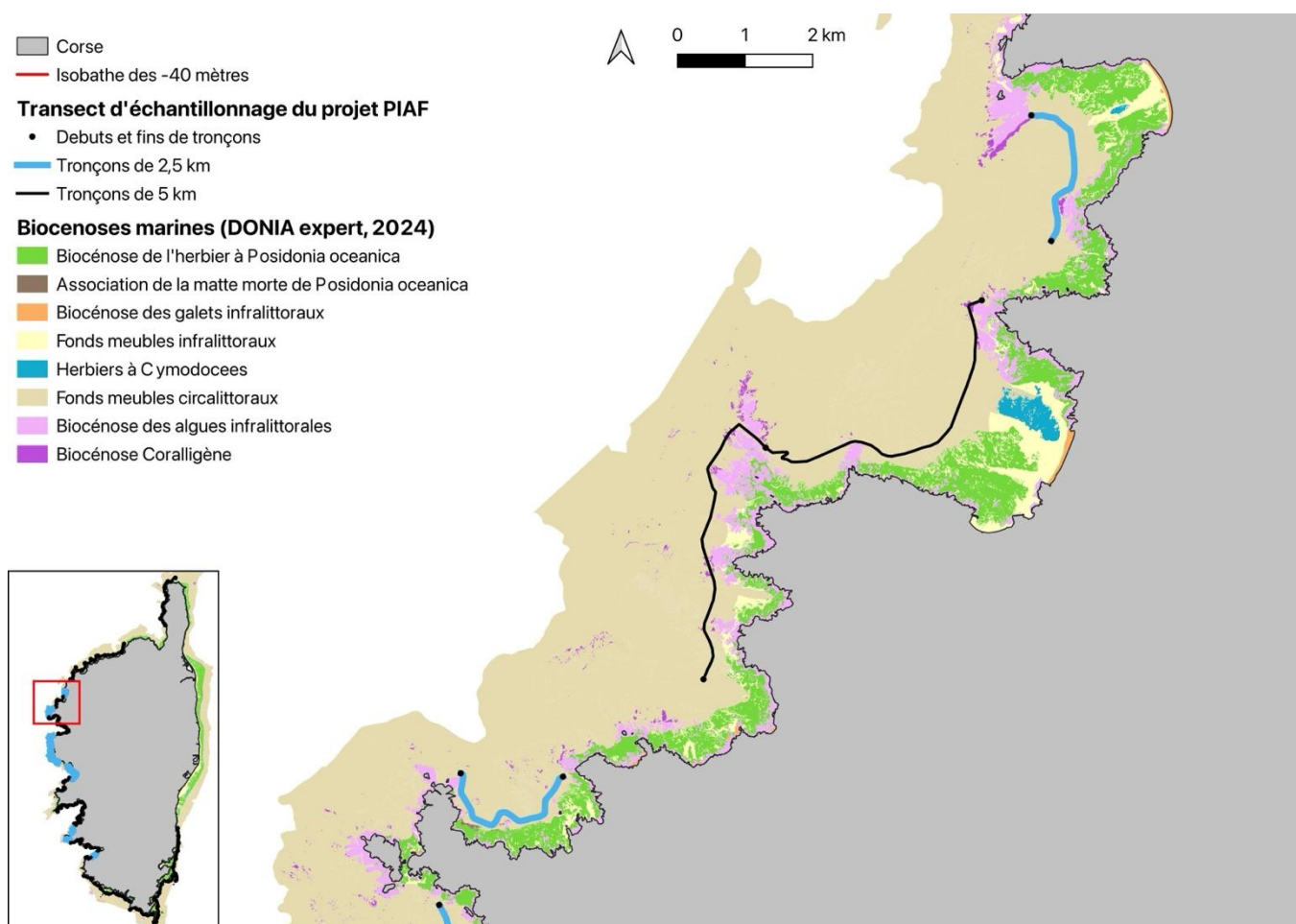


Figure 5 : Portion de transect réalisée pour le projet PIAF (en bleu les tronçons de 2,5 km et en noir de 5 km). La biocénose marine y est également affichée (source : DONIA Expert 2020).

Certaines parties du littoral n'ont pas pu être échantillonnées pour deux raisons : 1) les biocénoses à -40 m n'étaient pas celles ciblées pour ce projet, 2) leur accès pour l'échantillonnage était interdit (zones militaires, protégées, voies de navigation).

Les transects ont été répartis en deux groupes Est et Ouest, la limitation est faite au nord du cap corse et au sud des îles Lavezzi.

Un traineau d'échantillonnage (prototype) développé pour le projet a été tracté entre 2,5 et 3 nœuds par le trimaran Victoria IV. Ce traineau d'échantillonnage est équipé **d'une caméra fixe**, filmant devant le traineau, avec un retour vidéo en direct sur le bateau afin de corriger la position du traineau en temps réel et des modules accessoires suivants (Figure 6) :

- **du prototype de pompe v4 de filtration d'ADNe à double tête** permettant de filtrer deux échantillons en même temps avec un débit d'un litre par minute.
- **d'une sonde multi-paramètre** (BRconcerto3 de la marque RBR®) mesurant la profondeur, la salinité, la température, la turbidité et le taux d'oxygène dissous,
- **de deux caméras GoPro®**, l'une filmant le fond pour l'analyse de la faune benthique (Hero 10) et l'autre filmant les filtres pour surveiller le bon fonctionnement de la filtration (Hero 4).



Figure 6 : Photo du traineau d'échantillonnage (prototype) prêt à être envoyé pour commencer un tronçon. La caméra fixe, la sonde, la pompe d'ADN environnemental équipée des deux filtres et une des GoPro y sont visibles.

Tous les instruments sont enclenchés en début de tronçon au moment de mettre le traineau à l'eau et sont arrêtés en fin de tronçon. Le traineau est manipulé grâce à un treuil hydraulique permettant de le descendre et le remonter dans la colonne d'eau, ainsi que de le tracter.

Un sonar devait également être couplé au traineau pour cartographier les biocénoses échantillonnées. Pour des problèmes techniques, ce couplage n'a pas pu être conservé et le sonar a dû être enlevé. Les acquisitions sonar antérieures acquises par Andromède océanologie ([SURFSTAT](#)) ont donc été utilisées.

II. Traitements et analyses des données

II.A. Analyse metabarcoding de l'ADN environnemental

Après filtration, le tampon de conservation (CL1) du kit VigiDNA DeepWater2 de SPYGEN est ajouté à chaque capsule de filtration (filtre) conformément aux consignes du constructeur. Ces kits stériles intègrent tous les consommables nécessaires pour l'échantillonnage y compris des gants, une crépine et un tuyau stérile en plus de la capsule et de la solution tampon.

L'extraction d'ADN (réalisée en salle blanche), l'amplification, le séquençage (technologie Illumina®) et les analyses bio-informatiques ont été réalisés par SPYGEN dans ses locaux du Bourget-du-Lac selon le protocole décrit par Valentini et al. (2016) et Boulanger et al. (2021) (Figure 7). L'extraction a été réalisée avec le kit d'extraction NucleoSpin® Soil (MACHEREY-NAGEL GmbH & Co.). L'amplification PCR utilise la paire d'amorce *teleo* ciblant un fragment de 64 pb du gène de ARNr mitochondrial 12S spécifique des poissons téléostéens et élasmobranches (Valentini et al., 2016). Pendant la PCR, un tag a été ajouté à chaque échantillon, afin de pouvoir l'identifier lors de l'étape bio-informatique. Après l'amplification, les échantillons ont été séquencés avec une technologie de séquençage Illumina. Douze PCR ont été réalisées sur chaque échantillon pour optimiser la détection des espèces rares, et plusieurs contrôles ont été effectués aux différentes étapes de l'analyse pour s'assurer de l'absence de contaminations. Les séquences de mauvaise qualité ont été éliminées. Les séquences identiques ont été regroupées en exemplaire unique afin de ne conserver qu'un seul exemplaire de chaque séquence.

L'assignation des séquences génétiques amplifiées dans nos échantillons d'ADN aux taxons de la liste des poissons de la mer Méditerranée de [FishBase](#) est réalisée à partir d'une base de références compilant des données génétiques publiques [NCBI](#) avec des données MARBEC/SPYGEN. Avec cette base de référence mise à jour en 2023, plus de 90 % des espèces (actinoptérygiens et chondrichthyens) des côtes méditerranéennes occidentales peuvent être identifiées.



Figure 7 : Schéma expliquant la méthode d'inventaire par metabarcoding à partir d'ADN environnemental et les différentes étapes de traitement.

Dans cette base, pour chaque espèce, sont renseignés son [statut de conservation](#) fourni par l'Union Internationale de Conservation de la Nature (IUCN), son habitat et sa provenance (native, endémique, introduite). A la fin de ce processus de traitement, une liste d'espèces détectées par tronçon (un filtre ou mélange des deux échantillons par tronçon) est disponible.

II.B. Calcul des indicateurs de biodiversité

A partir de la liste d'espèces de chaque tronçon issue de l'ADNe, des indicateurs de biodiversité (Dalongeville et al., 2021) ont été calculés :

- **L'indicateur de richesse spécifique (R)** quantifie le nombre d'espèces de vertébrés recensés. Il répond au descripteur D1 (biodiversité) du bon état écologique de la DCSMM.
- **L'indicateur de diversité fonctionnelle (FD)** basé sur la diversité des traits écologiques (régime alimentaire, croissance, reproduction, taille, etc..) au sein d'un site. Il répond au descripteur D1 (biodiversité) de la DCSMM et n'est pas dépendant de la richesse spécifique ni de la taxonomie.
- **Large reef Fish Index (LFI)** correspond au nombre d'espèces dont la taille du corps est supérieure à 20 cm.
- **L'indicateur crypto-benthique (Crypto)** quantifie le nombre d'espèces de poissons de récif de petite taille (10 cm ou moins à l'âge adulte). Ces espèces constituent une part importante de la biodiversité, un « maillon » essentiel du réseau trophique et sont rarement comptabilisés par les méthodes classiques d'échantillonnage car trop petites et cachées. L'ADNe permet d'estimer leur biodiversité et renseigner les descripteurs D1 (biodiversité) et D4 (réseau trophique) de la DCSMM.
- **Le ratio d'espèces demerso-pélagiques sur les espèces benthiques (DP_B_ratio)**. Lorsque l'indicateur est inférieur à 1 cela correspond à une majorité d'espèce benthique, et inversement lorsque l'indicateur est supérieur à 1 il y a plus d'espèces demerso-pélagiques
- **L'indicateur thermique des poissons (CTI)** est conçu pour aider à comprendre les impacts

climatiques dans les habitats récifaux en quantifiant les changements dans la composition des poissons qui peuvent être liés à l'augmentation des températures de l'eau de mer. La température "préférée" des espèces de poissons sur un site. Cette température préférée est calculée pour chaque poisson sur son aire de répartition globale. Ensuite, le CTI est la moyenne de ces températures préférées des poissons détectés sur un site. Si le CTI s'éloigne des températures du site cela signifie que les espèces n'ont pas les conditions locales optimales (*e.g.* en cas de changement climatique), et donc que la communauté de poissons est vulnérable avec potentiellement des extinctions locales. Cet indicateur fournit des informations pour l'indicateur D1 (biodiversité) plus particulièrement sur l'aspect « adaptation » aux conditions climatiques existantes.

- Le **nombre d'espèces exotiques** (Exo).
- La **somme pondérée** des espèces figurant sur la **liste rouge de l'UICN (RedList)**. Avec comme classes : VU (Vulnérable) = 1 ; EN (En danger) = 2 ; CR (Danger critique d'extinction) = 3.
- Le **nombre d'espèces de requins et raies** (Chondri).
- Le **niveau trophique moyen** (Trophic).
- Le **nombre d'espèces avec un intérêt commercial** (Commercial)
- Le **nombre d'espèces avec un fort intérêt commercial** (High_commerc)
- La **diversité phylogénétique** (PD) qui est la somme totale des longueurs des branches phylogénétiques pour les téléostéens.
- La moyenne de toutes les **espèces sensibles à l'exploitation** (Vulner) calculée à partir de huit traits de vie.

Des cartes ont été réalisées pour chacun de ces bioindicateurs afin de visualiser spatialement leur valeur le long des tronçons.

II.C. Images vidéo et sensibilité du milieu à l'impact du chalutage

Pour chaque tronçon de transect, **une image par seconde** a été extraite des vidéos de GoPro® filmant le fond. Les vidéos ont été analysées pour inventaire des espèces visibles par deux stagiaires : Noé Pitié (Stage de L3) et Virginie Zajdel (Stage de Master 2) et validées par Adèle Barroil. Certains tronçons (8/156) n'ont pas pu être analysés en raison d'une turbidité trop importante dans la colonne d'eau empêchant l'inventaire de la faune benthique.

Pour chaque tronçon, l'**inventaire des espèces épi-benthiques** et l'**abondance** de ces dernières ont été établies. A partir de ces données, la sensibilité au chalut des milieux échantillonnés a été calculée à partir de l'**indicateur SoS** (Sentinels of Seabed) d'après la méthode de Serrano et al. (2022). Les indicateurs de Jac (2021) initialement visés pour évaluer la pression de chalutage n'ont pas pu être réalisés en raison d'un nombre insuffisant d'espèces inventorié par tronçon (moins de 10 espèces).

L'indicateur SOS utilise l'indicateur BESITO pour Benthic Sensitivity Index to Trawling Operations (González-Irusta et al., 2018) qui donne un score (1 à 5) de sensibilité au chalut pour chaque espèce en fonction de huit traits de vie. Le tableau de ces derniers ainsi que les scores correspondants sont en ANNEXE 2. Les scores des huit traits de vie en fonction de chacune des espèces ont été extraits à partir de différentes sources de données comme le site [WORMS](#) ou le site [BIOTIC](#). Les données de longévité sont celles du Working Group on Fisheries Benthic Impact and Trade-offs (WGFBIT) (ICES, 2023).

Les espèces ayant un score **BESITO de 1** sont considérées comme opportunistes au chalutage. Un score **BESITO compris entre 2 et 3** correspond à des espèces tolérantes au chalutage, tandis que les **scores de 4 et 5 indiquent des espèces sensibles à cette pression**.

L'indicateur SOS se calcule en trois étapes :

- Étape 1 : dresser la liste des espèces benthiques recensées dans la zone d'étude et calculer le score BESITO de chacune d'elles.
- Étape 2 : comparer les communautés d'espèces des différents milieux échantillonnés en fonction de la pression de chalutage subie. Ainsi les espèces uniquement présentes dans le milieu de référence (les milieux sans pression) sont sélectionnées.
- Étape 3 : Enfin, la liste des espèces sentinelles est dressée. Ce sont les espèces les plus sensibles et les plus abondantes de la liste faite en étape 2.

Idéalement la liste des espèces sentinelles est de 10 espèces sensibles au chalutage (BESITO de 4 et 5). Si ce n'est pas le cas, les espèces tolérantes au chalutage sont intégrées (BESITO de 2 et 3).

Ces espèces sentinelles sont donc utilisées pour évaluer l'état de santé des milieux échantillonnés face à la pression exercée. Plus l'abondance relative de ces espèces est importante, plus les communautés benthiques sont en bonne santé et moins il y a de pression.

La pression de chalutage subie par les milieux que traversent les tronçons a été établie à partir des données de [Global Fishing Watch](#) (GFW). C'est un site qui répertorie l'activité des différents bateaux de pêche grâce à leur AIS. La plateforme permet de filtrer les types de pêche et la période temporelle souhaitée. Ces données ont permis de sélectionner les tronçons en fonction de la pression de pêche. Pour cela, un croisement spatial entre les tronçons et les données GFW avec une zone tampon de 500 m de part et d'autre des tracés des tronçons a été effectué. Lorsque les zones tampons chevauchent des présences de chalutage alors le tronçon est considéré comme impacté par cette méthode de pêche.

II.D. Niveaux de protection

Le **niveau de protection** de chaque tronçon a été renseigné en fonction de sa localisation. Un niveau de protection est associé à un tronçon lorsque plus de la moitié de celui est dans la zone de niveau de protection correspondante.

Deux méthodologies ont été testées. La première classe les niveaux de 0 à 2 où :

- « **Aucune** » ou **niveau 0** : aucune protection et/ou de gestion sur le lieu,
- « **AMP** » ou **niveau 1** : pour Aire Marine Protégée, sans interdiction concernant les prélèvements d'espèces,
- « **ZNP** » ou **niveau 2** : pour Zone de Non-Prélèvement. Ce sont des zones d'interdiction de prélèvement dans les AMP ou les cantonnements de pêche.

Le nombre de tronçons associé par niveau de protection est synthétisé dans le Tableau 1. Trois niveaux de protection ont été utilisés :

Tableau 1 : Nombre de tronçons échantillonnés par niveau de protection

NIVEAU DE PROTECTION	NOMBRE DE TRONÇONS
0 : Aucune	26
1 : AMP	114
2 : ZNP	16

La deuxième méthode classe les niveaux de protection selon le guide des AMP qui se base sur les critères de l'IUCN (Gorod-Colvert et al., 2021) où :

- « **Incompatible** » ou **niveau 1** : aucune protection ou des zones avec des mesures de protection pas suffisante pour la conservation de la biodiversité selon l'IUCN
- « **Minimally protected** » ou **niveau 2** :
- « **Lightly protected** » ou **niveau 3** :
- « **Highly protected** » ou **niveau 4** :
- « **Fully protected** » ou **niveau 5** : les zones de protection intégrales sans prélèvements.

Le nombre de de tronçons associé par niveau de protection selon le guide des AMP est synthétisé dans le Tableau 2. Cinq niveaux de protection ont été utilisés.

Tableau 2 : Nombre de tronçons échantillonnés par niveau de protection selon le guide des AMP

NIVEAU DE PROTECTION	NOMBRE DE TRONÇONS
1 : Incompatible	132
2 : Minimally protected	6
3 : Lightly protected	8
4 : Highly protected	2
5 : Fully protected	8

II.E. Paramètres environnementaux

II.E.1) Paramètres physico-chimiques

Les échantillonnages de 2023 ont été couplés à des mesures physico-chimiques à l'aide de la sonde multiparamètre (RBR concerto³) qui mesure :

- La profondeur en mètres (m),
- La salinité en Practical Salinity Unit (PSU) où 1 PSU = 1g de sel/kg d'eau,
- La température en degrés Celsius (°C),
- La turbidité en Nephelometric Turbidity Unit (NTU)
- Le pourcentage de saturation en O₂ dissout dans l'eau (%).

Sur les 80 tronçons de 2023, deux ont connu des problèmes techniques de mesure par la sonde. Ainsi, aucune mesure n'a été enregistrée sur le tronçon PIAF_55 et la saturation en oxygène n'a pas été mesurée sur PIAF_14.

Les données issues de la sonde CTD seront publiées sur [SEANOE](#) en libre accès (Barroil et al., en préparation).

Plus de **509 000 données par variable ont été enregistrées**. Seules les mesures enregistrées lorsque le traineau est tracté au fond ont été conservées en enlevant les mesures (outliers) enregistrées à des profondeurs moindres lors de la descente et montée du traineau par exemple (ANNEXE 3).

Des tests de corrélation (Pearson et Kendall) ont été réalisés entre chaque variable afin de retirer les variables les plus corrélées dans les modèles explicatifs.

Les paramètres environnementaux associés aux tronçons de 2021 n'ont pas été mesurés *in situ*, c'est pourquoi des données du model MARS 3D (3D hydrodynamical Model for Applications at Regional Scale) effectuées par l'IFREMER ont été extraites par Marieke Schultz (doctorante à MARBEC) et Martin Paquet (ingénieur en géomatique à MARBEC). Les données de température, salinité, vitesse et directions du courant ont été extraites. Les données ont été moyennées sur 24 h pour la colonne d'eau sur des mailles de 1,2 km de côtés. Ces données ont été extraites pour 2021 et 2023 afin d'avoir une harmonie des données entre les années.

Pour chaque tronçon, un tampon de 500 m autour a été effectué. Les données qui sont dans cette zone sont moyennées et pondérées par la proportion de chaque maille.

II.E.2) Paramètres liés aux biocénoses marines

Les biocénoses marines que traversent les tronçons ont été analysées grâce à la cartographie de [DONIA EXPERT](#) (Andromède océanologie, 2025) mise à jour en février 2024. A partir de cette cartographie, les habitats principaux et les distances parcourues dans chacun de ces habitats ont pu être calculées.

L'indice de déclin et l'indice de cohésion (Houngnandan et al., 2020) ont également été calculés. Ils représentent respectivement la régression de l'herbier de posidonie (*Posidonia oceanica*) et le développement de ce dernier. Ce sont des indicateurs compris entre 0 et 1 calculés à partir de données surfaciques. Les méthodes détaillées sont décrites dans le [projet SURFSTAT](#) de la [plateforme MEDTRIX](#) (Andromède océanologie, 2025). Un herbier est en bonne santé lorsque son score de régression est proche de 0 et que son score de cohésion est proche de 1.

II.F. Pressions anthropiques

Les pressions anthropiques ont été évaluées grâce au projet [IMPACT](#) (Andromède océanologie, 2025). Toute la méthodologie est disponible en ligne sur [MEDTRIX](#) et dans Bockel et al., 2021. Treize pressions anthropiques sont considérées pour leur origine et leur intensité : l'urbanisation/la population, les aménagements côtiers, le mouillage petite plaisance, le mouillage grandes unités, l'érosion/l'aggradation côtière, l'agriculture, les effluents industriels, l'aquaculture, la pêche professionnelle hors chalut, le tourisme balnéaire, le trafic maritime, la pollution par les cours d'eau, et les rejets urbains. Leur spatialisation est construite selon une grille de cellules de 20 x 20 m en appliquant une courbe exponentielle négative selon la distance (horizontale et profondeur) à la source.

Le score (niveau de pression entre 0 et 1, 1 étant le niveau maximal observé en Méditerranée Française) des pressions de chaque tronçon est calculé sur une surface englobant 500 m de part et d'autre de chaque tronçon. En fonction de sa valeur comparée à l'échelle de la Méditerranée Française, le score est classé comme « **Low** » (**faible**), « **Middle** » (**moyen**) ou « **High** » (**fort**).

Dans ce rapport sera présenté la variabilité des scores de chaque pression sur chaque tronçon.

II.G. Analyses statistiques

Un effet du volume de l'échantillonnage est attendu entre les filtrations de 30 L et 60 L pour les indicateurs de biodiversité basés sur les nombres d'espèces (ANNEXE 4).

Pour corriger ce biais d'échantillonnage et permettre les comparaisons, **un modèle linéaire généralisé (GLM)** a été mis au point pour prédire chaque indicateur de biodiversité avec un volume échantillonné de 30 L. Pour cela, les filtres avec moins de 5 espèces recensées ont été enlevés, puis la moyenne des indicateurs calculés avec les différents filtres (1 ou 2) a été calculée par tronçon. Plusieurs variables explicatives ont été intégrées au GLM : le numéro de tronçon, le niveau de protection, le volume filtré, la biocénose principale, l'indice de déclin, l'indice de cohésion, le score des pressions cumulées, la distance à la terre, la distance au port le plus proche, les coordonnées géographiques et les données *in situ* (2023 uniquement). Le pseudo-R de McFadden (ou R^2) a été calculé pour chacun des bioindicateurs afin de savoir si le modèle explique correctement ce biais. Le modèle est considéré robuste lorsque que le R^2 est supérieur à 0,30.

Des tests de Kruskal-Wallis et de Dunn ont été réalisés pour tester un effet des niveaux de protection des tronçons sur les indicateurs de biodiversité ainsi qu'un effet Est/Ouest (délimitation au nord du cap Corse et au sud des îles Lavezzi). Les mêmes tests statistiques ont été effectués pour savoir s'il y a une influence de la diversité des habitats traversés sur les bioindicateurs.

II.H. Bancarisation sur Medtrix

Les indicateurs de biodiversité calculés à partir des données ADNe sont disponibles au sein du projet [PISCIS](#) de la plateforme [MEDTRIX](#) (Andromède océanologie, 2025).

RESULTATS

Les **156 tronçons** (2021 et 2023) réalisés autour de la Corse sont représentés en Figure 8.

Pour les **156 tronçons** de l'étude, **220 filtres** d'ADNe ont été utilisés. Pour deux tronçons (Transect_31 et Transect_70 de 2021), aucune espèce n'a été détectée en raison d'une trop faible quantité d'ADN. Sept tronçons ont été retirés de l'étude car moins de 5 espèces y ont été détectées : PIAF_35, Transect_01, Transect_10, Transect_31, Transect_60, Transect_65, Transect_70. Les causes possibles sont un colmatage du filtre lié à la turbidité et/ou un dysfonctionnement de la pompe et/ou du filtre et/ou un problème de conservation ou d'extraction de l'ADN.

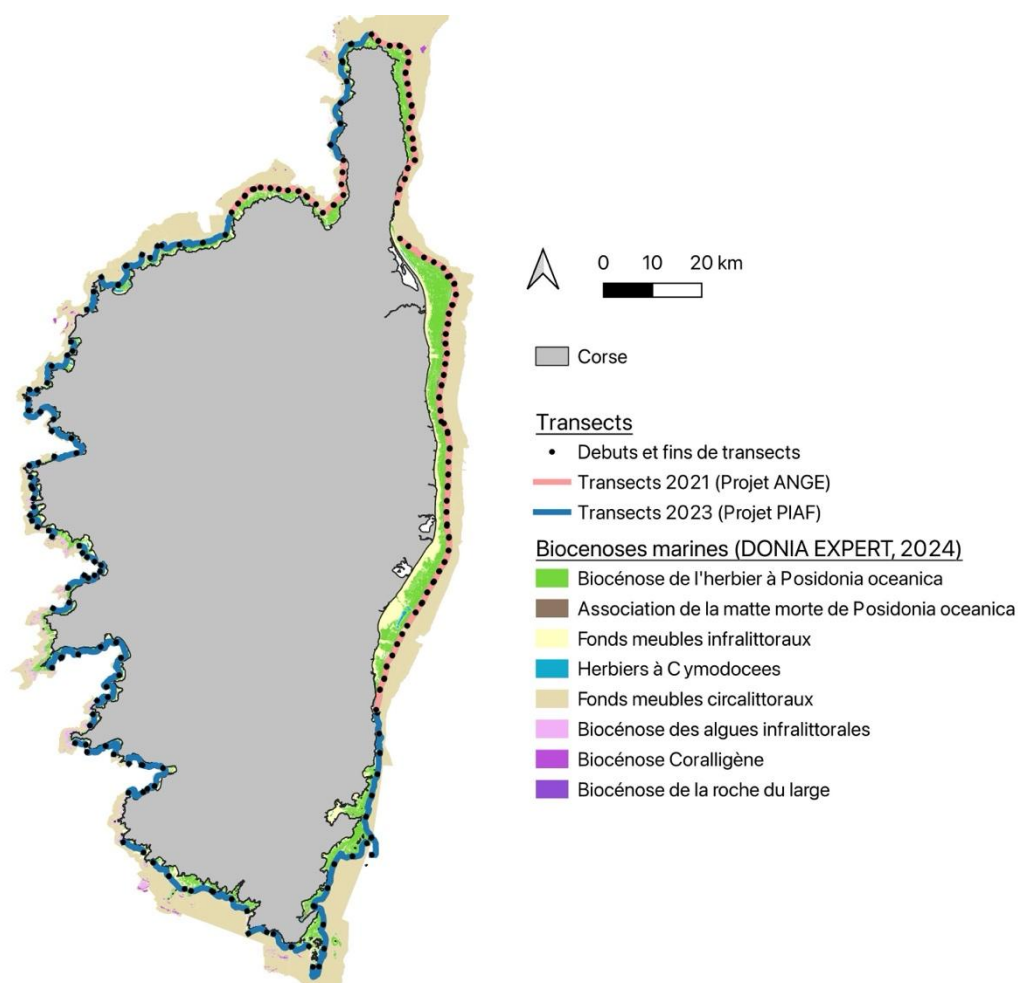


Figure 8 : Transects divisés en tronçons analysés pour le projet PIAF mais réalisés en 2021 pour le projet ANGE (rose) et en 2023 pour le projet PIAF (bleu).

I. Biocénoses échantillonnées

Les tronçons (profondeur moyenne = -43 m) passent au-dessus d'**une à six biocénoses** différentes avec une moyenne de deux biocénoses par tronçon. Au total, dix biocénoses ont été traversées avec une **majorité de fonds meubles circalittoraux** (507 km). Le tableau ci-dessous liste les biocénoses ainsi que le nombre de mètres parcourus au-dessus de chacune d'entre-elles.

Tableau 3 : Nombres de mètres parcourus en cumulé dans chacune des biocénoses traversées par les transects analysés dans le cadre du projet PIAF.

Biocénoses	Distances parcourues (en m)
Fonds meubles circalittoraux	507 000
Fonds meubles infralittoraux	8 310
Coralligène	6 930
Roches infralittorales	5 370
Herbier à <i>Posidonia oceanica</i>	3 680
Association de la matre morte de <i>Posidonia oceanica</i>	1 300
Zones non cartographiées	406
Herbier à Cymodocées	83
Association à rhodolithes	73
Habitats artificiels	4

Seulement un tronçon (PIAF_22) passe par six biocénoses ainsi qu'un tronçon (PIAF_75) passe dans cinq biocénoses (Figure 9) mais les fonds meubles restent tout de même majoritaires pour ces deux derniers tronçons (Figure 10, Figure 11).

Les habitats artificiels rencontrés sont des émissaires en mer (rejets de stations d'épuration) dans la baie d'Ajaccio (PIAF_42, Figure 12). Les zones non cartographiées (au total 406 m²) sont traversées lorsque la bathymétrie plonge rapidement et que les paramètres réels de navigation (autres bateaux, ferry, filets, etc) ne permettaient pas de suivre l'isobathe des -40 m comme par exemple à Ajaccio (PIAF_40 et PIAF_41) où de nombreux filets et ferries étaient présents.

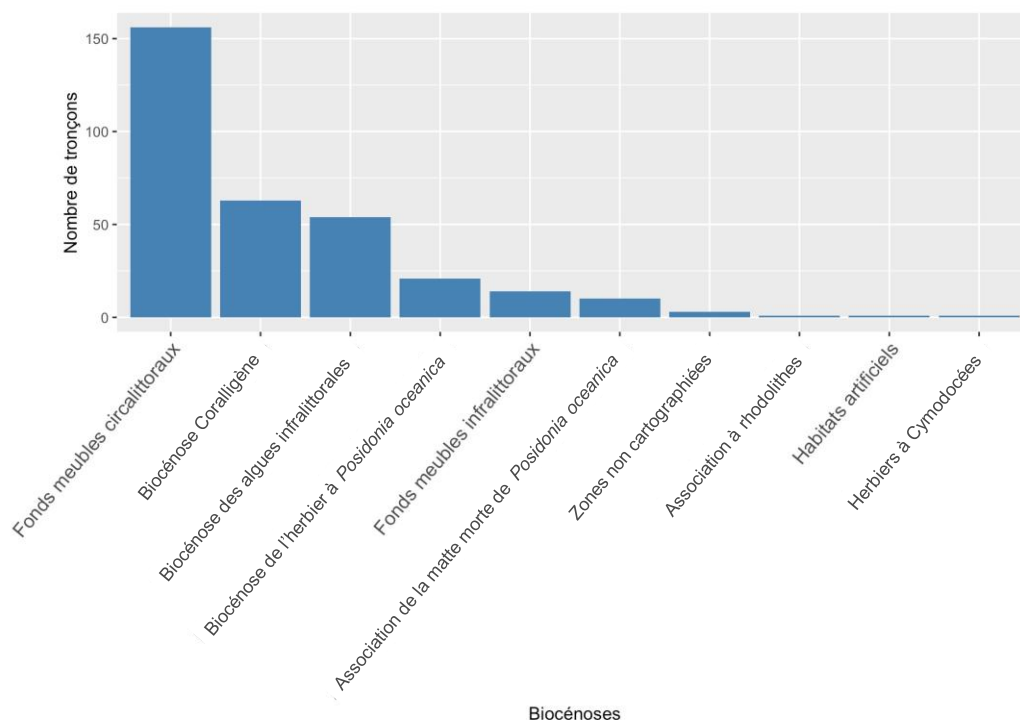


Figure 9 : Nombre de tronçons traversant les biocénoses.

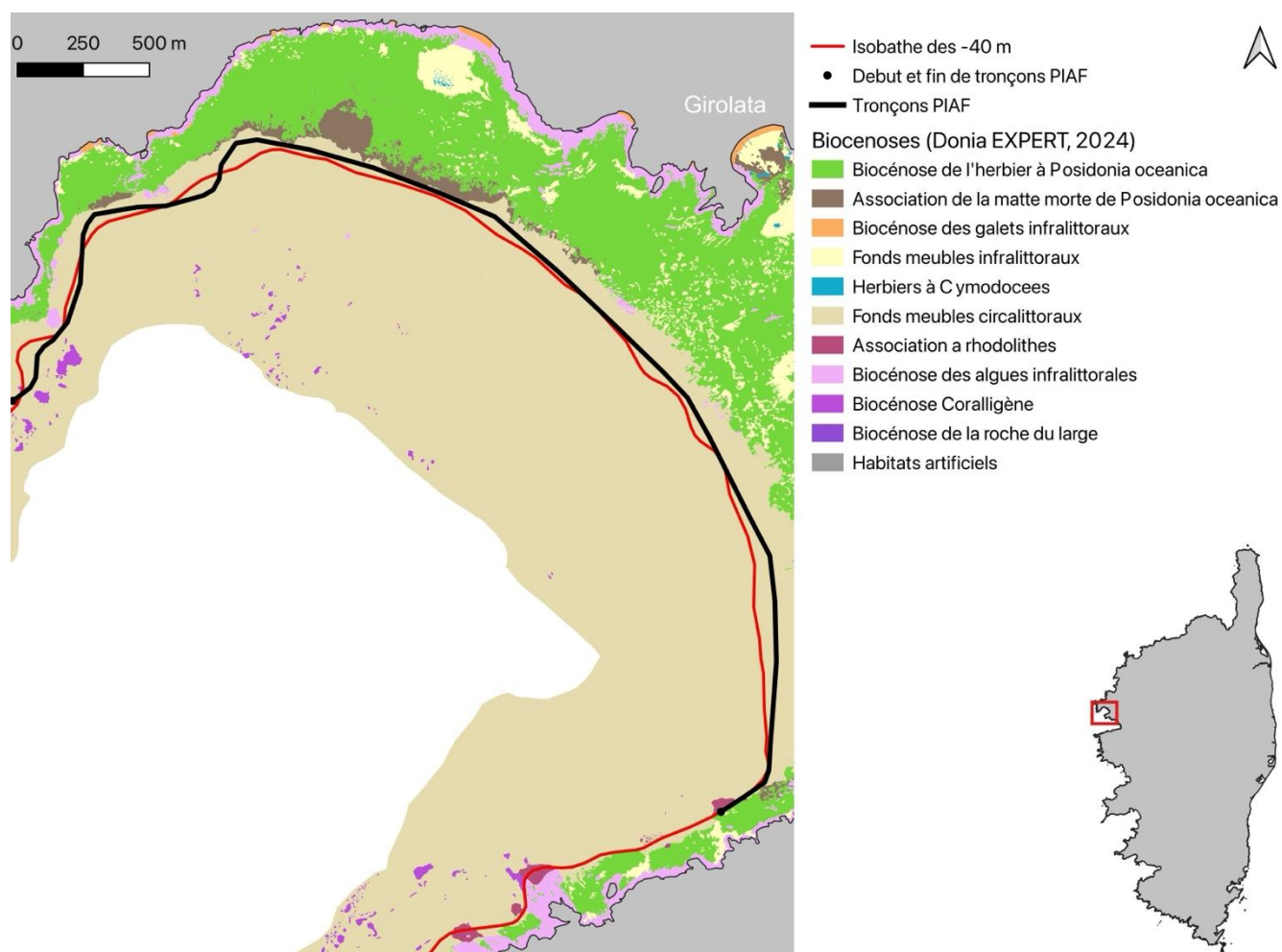


Figure 10 : Tronçon PIAF_22 traversant six biocénoses avec une majorité de fonds meubles circalittoraux

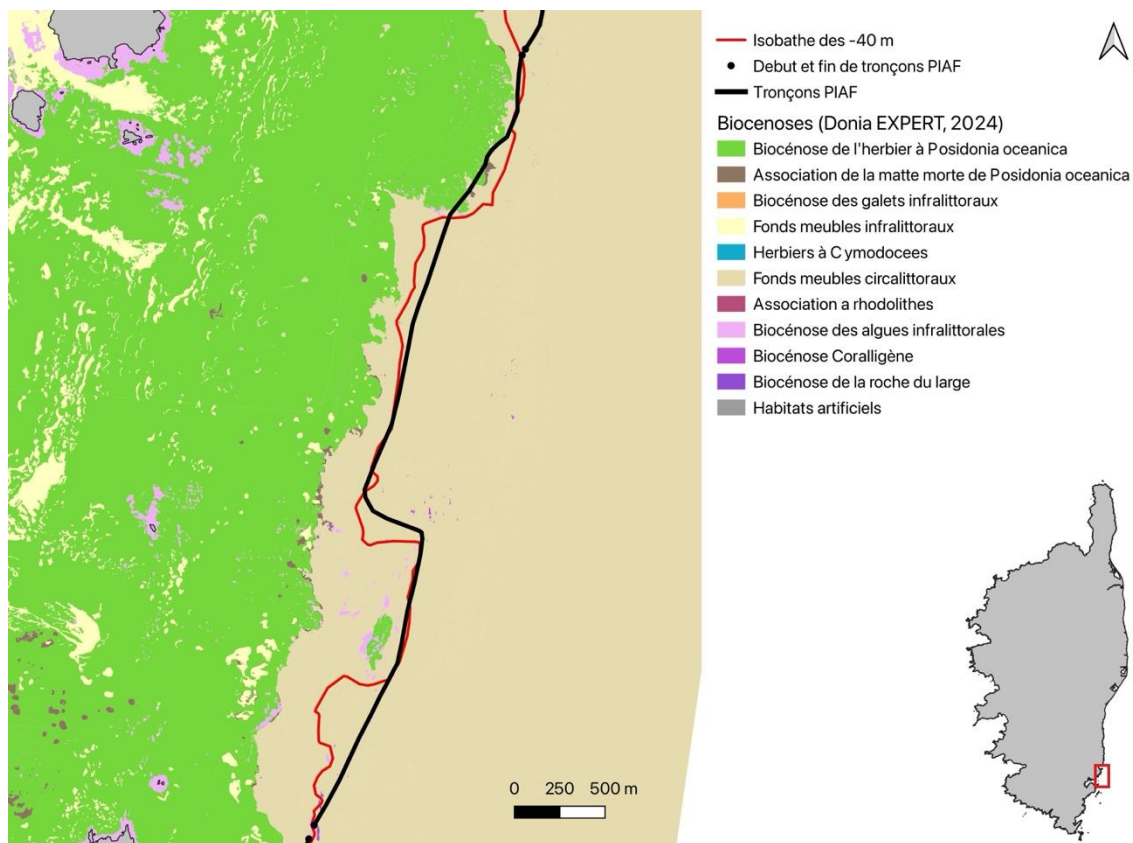


Figure 11 : Tronçon PIAF_75 traversant cinq biocénoses avec une majorité de fonds meubles circalittoraux

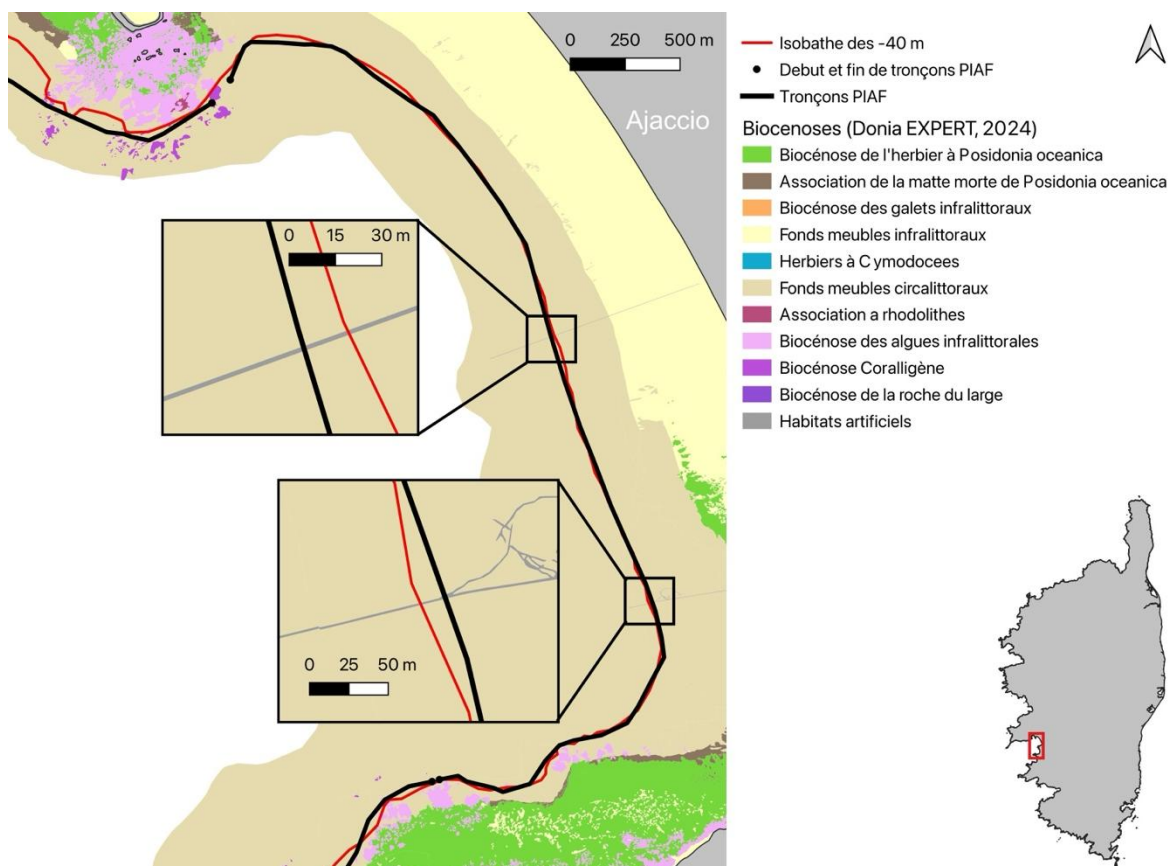


Figure 12 : Tronçon PIAF_42 traversant deux émissaires en mer dans la baie d'Ajaccio.

I. Paramètres physico-chimiques

Les données issues de la sonde CTD seront publiées sur SEANOE en libre accès (Barroil et al., en préparation).

La Figure 13 représente la **matrice de corrélation entre les différentes variables physico-chimiques** mesurées par la sonde. Il n'y a pas de forte corrélation entre elles à l'exception de la température et la conductivité qui sont positivement corrélées (0,99). Il y a **également une légère corrélation positive entre la salinité et la turbidité (0,36)**.

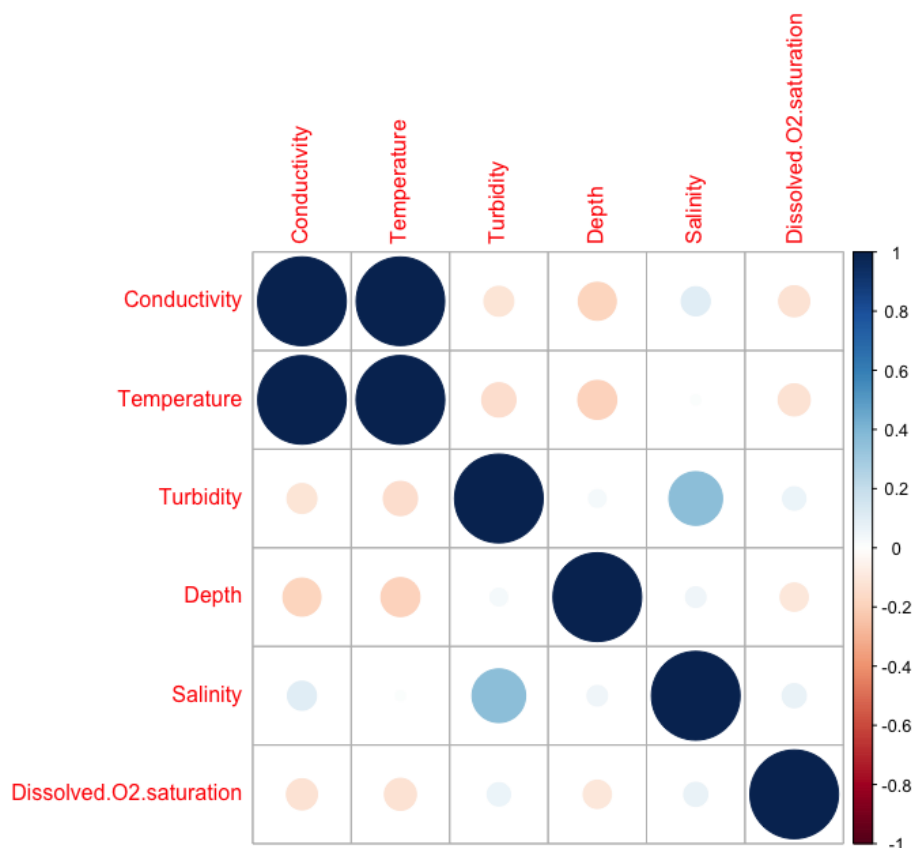


Figure 13 : Matrice de corrélation des relations entre chaque variable physico-chimique mesurée par la sonde multi-paramètre. L'importance de la corrélation est représentée par la grandeur du cercle, plus il est grand plus la corrélation est forte. La couleur représente la pente de corrélation : si la couleur est proche du bleu alors la corrélation est positive, a contrario si la corrélation est négative la couleur sera rouge.

Chaque variable est décrite ci-après.

II.A. Profondeur :

La profondeur moyenne de filtration des tronçons réalisés en 2023 est de $34,5 \pm 4,7$ m (Figure ci-dessous).

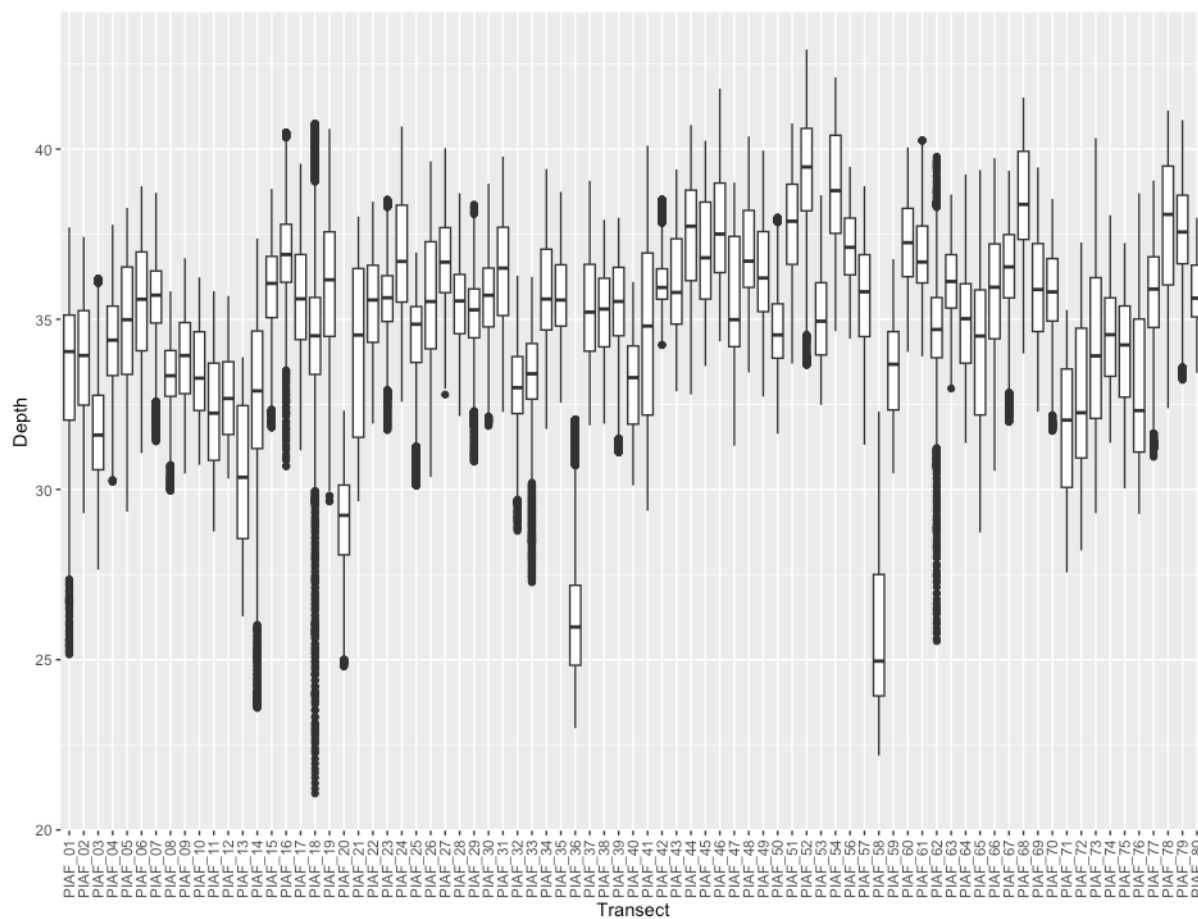


Figure 14 : Boxplots des profondeurs d'échantillonnage pour chaque tronçon réalisé en 2023.

II.B. Température :

Les températures enregistrées oscillent entre 14,31 °C et 18,63 °C. Une différence **de température** est observable entre « PIAF_13 » et « PIAF_14 » (Figure 15) alors que ce sont deux tronçons qui se suivent. Cela peut être expliqué par les dates d'échantillonnage : **trois jours séparent les deux échantillonnages pour cause de mauvaise météo. Le mauvais temps a donc eu un impact sur la température de fond.**

Entre « PIAF_54 » et « PIAF_68 » il y a une légère augmentation des températures enregistrées. Le tronçon « PIAF_54 » est réalisé le 08/05/2023 à partir de 10h05 et il s'écoule environ deux jours jusqu'au tronçon « PIAF_68 » qui se fait le 09/05/2023 à 18h. L'ensemble de cet échantillonnage correspond à toute la partie sud de la Corse de Propriano à Santa Manza. Ce sont également des jours avec un vent plus ou moins fort. Une pause entre les tronçons « PIAF_68 » et « PIAF_69 » de deux jours a dû être faite pour cause de mauvaise météo.

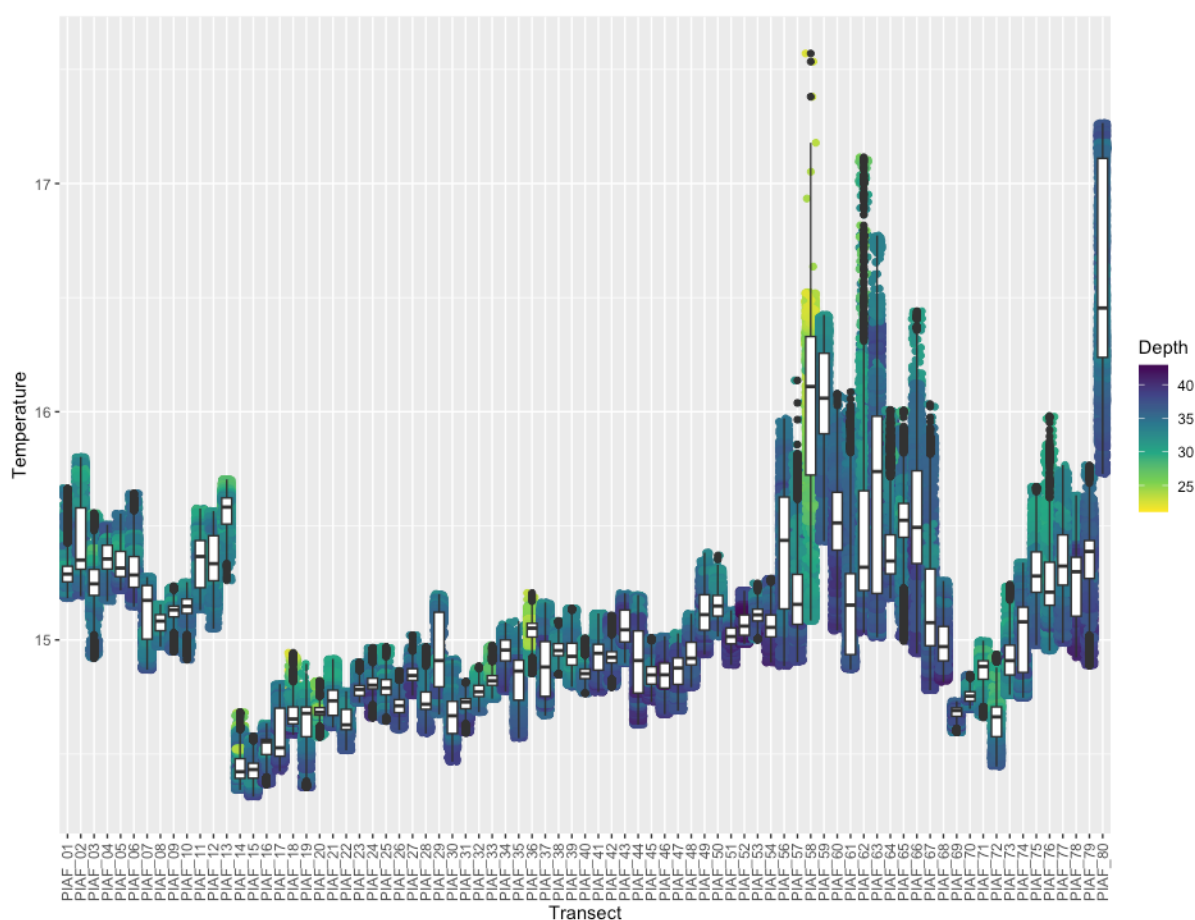


Figure 15 : Boxplot de la température pour chaque tronçon réalisé en 2023. Le gradient de couleur correspond aux profondeurs échantillonnées de -20 à -45 m.

II.C. Salinité :

Les **moyennes de la salinité** par tronçon varient de 37,41 à 38,51 (Figure 16). Les tronçons de « PIAF_61 » à « PIAF_79 » ont des salinités supérieures à 38,2 PSU contrairement aux autres. Ces tronçons **sont localisés du sud de Figari jusqu'au large de Favone**, en passant par **les îles Lavezzi**. Quant aux autres tronçons, ils se situent à l'ouest de la Corse.

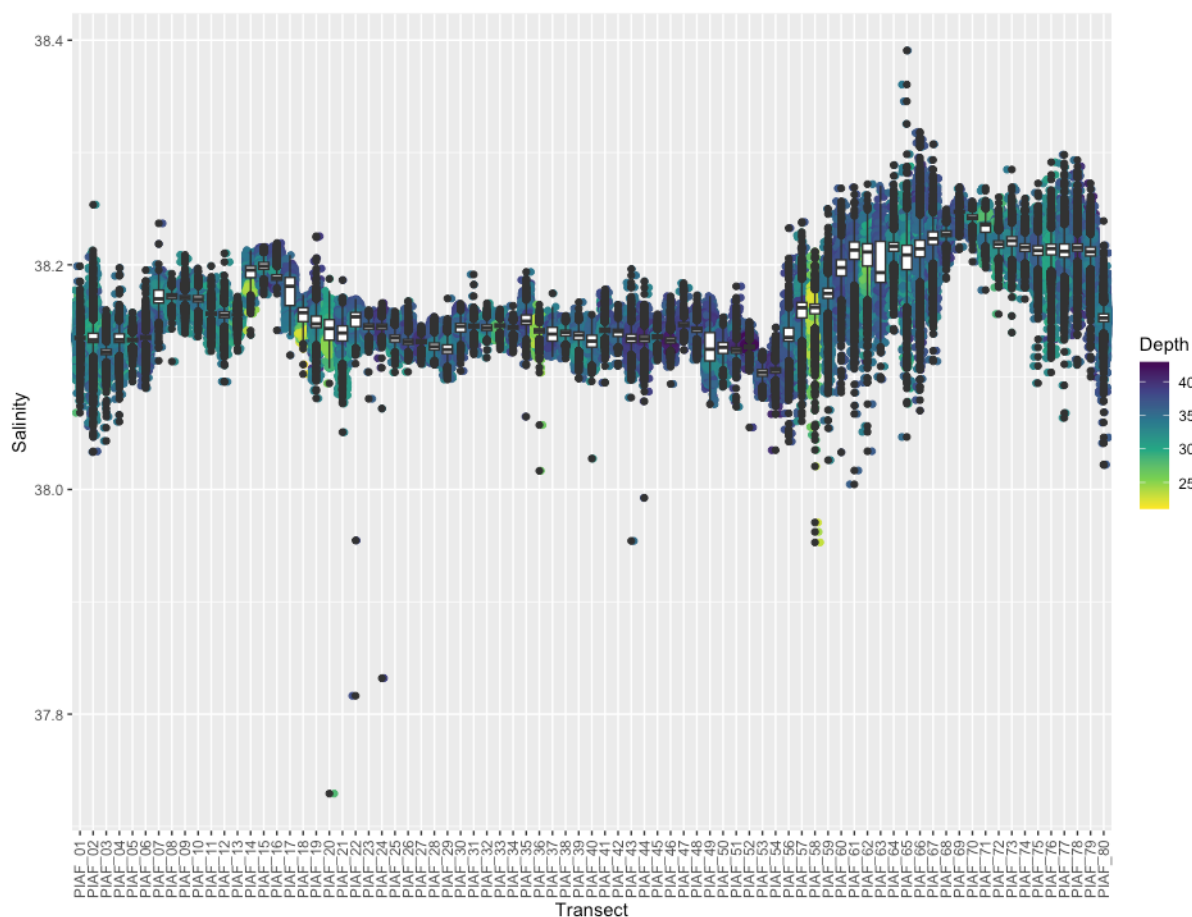


Figure 16 : Boxplot de la salinité de l'eau de mer pour chaque tronçon réalisé en 2023. Le gradient de couleur correspond aux profondeurs échantillonnées de -20 à -45 m.

II.D. Saturation en O2 dissous :

La moyenne totale de O2 dissous dans le milieu est de 95 ± 13 %, elle varie de 87,47 à 101,5 (Figure 17).

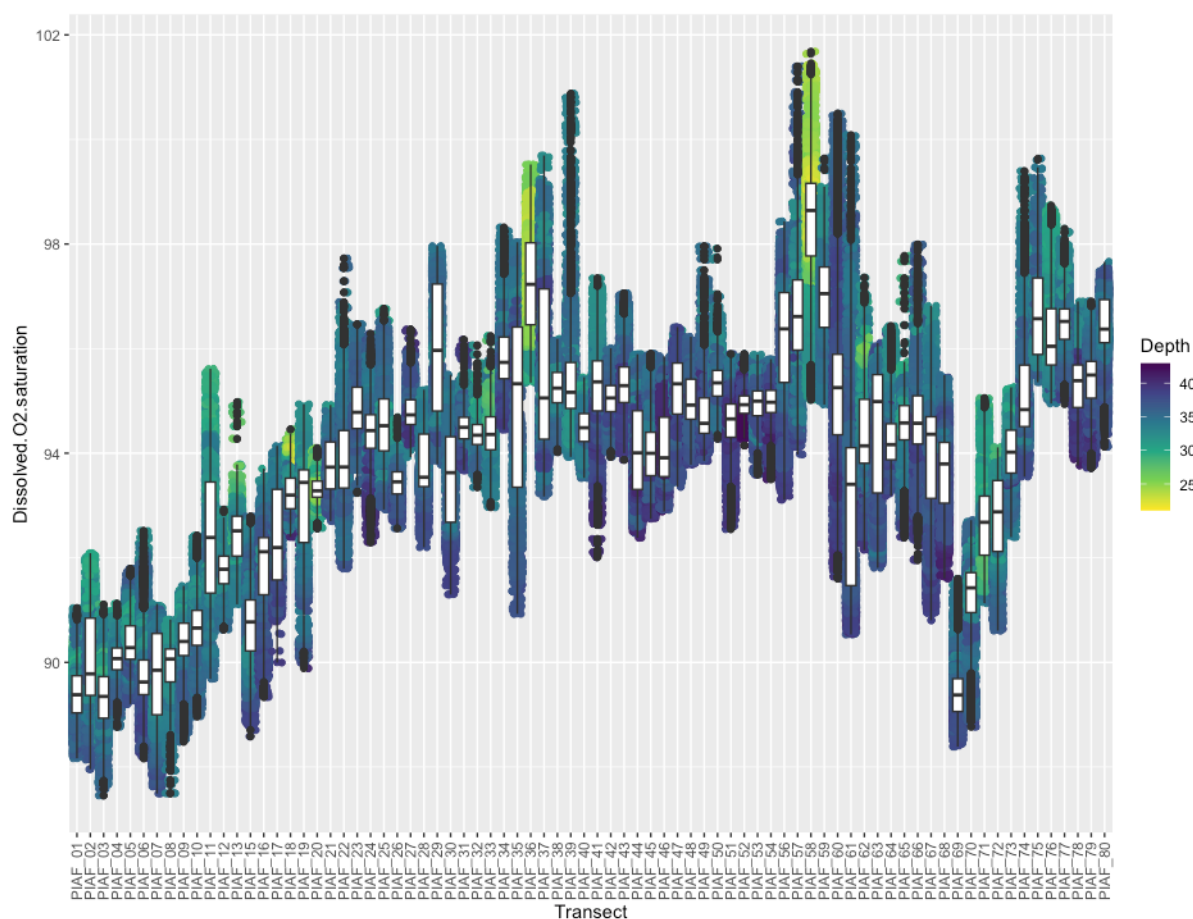


Figure 17 : Boxplot de la saturation en oxygène dissout dans le milieu pour chaque tronçon réalisé en 2023. Le gradient de couleur correspond aux profondeurs échantillonnées de -20 à -45 m.

II. Calcul des indicateurs de biodiversité et influence du niveau de protection

A partir des données récoltées par ADNe, les 14 indicateurs de biodiversité ont été calculés sans correction du biais d'échantillonnage (ANNEXE 5).

Les données environnementales du model MARS 3D pour les tronçons de 2023 ont été comparées aux données *in situ* enregistrées par la sonde CTD. Les tests de corrélation pour les données de température et de salinité ne présentant pas de corrélation entre les deux sources de données (R^2 de 0,2 pour la température et -0,1 pour la salinité), les données environnementales de MARS 3D n'ont pas été utilisées pour le GLM.

Un premier GLM a été réalisé avec les données de 2023 uniquement avec les données environnementales *in situ* comme variables explicatives. Ces dernières n'expliquent pas correctement les bio indicateurs. C'est pourquoi seuls les résultats du GLM effectué avec les pressions anthropiques comme explicatives sont présentés ci-dessous.

Parmi les 14 indicateurs de biodiversité, seul l'**indicateur thermique (CTI) n'est pas significativement différent** en fonction du volume filtré (Test de kruskal Wallis p-value > 0,05) (ANNEXE 4). **Huit indicateurs sont correctement prédits pour un volume filtré de 30 L : R, FD, LFI, Crypto, Commercial, High Commercial, PD et Vulner** (Tableau 4).

Les quatre indicateurs pour lesquels les valeurs n'ont pas été correctement prédites par le modèle (DP_B_ratio, RedList, Chondri et Trophic) sont présentés en l'état mais les comparaisons entre tronçons nécessitent des précautions. De plus, **aucune espèce exotique** n'ayant été recensée par ADNe, l'**indicateur Exo** a été retiré des analyses.

Tableau 4 : Tableau des R^2 par indicateur de biodiversité nécessitant une correction du biais de volume de filtration. Le GLM explique correctement les indicateurs lorsque que le R^2 est compris entre 0,30 et 1 (en gras)

Bioindicateur	R^2
R	0,45
FD	0,40
LFI	0,34
Crypto	0,52
DP_B_ratio	0,17
RedList	0,11
Chondri	0,10
Trophic	0,16
Commercial	0,42
High_commerc	0,33
PD	0,48
Vulner	0,41

L'importance relative des variables explicatives des GLM sont exposées dans le tableau suivant :

Variables explicatives	Importance relative
Longitude	0,19
Niveau de protection	0,18
Volume filtré	0,16
Latitude	0,12
Habitat principal	0,10
Distance à la terre	0,06
Diversité d'habitat	0,05
Indice de cohésion	0,04
Pressions cumulées	0,04
Indice de déclin	0,03
Distance aux ports	0,03

Des tests de Kruskal-Wallis et de Dunn ont été faits pour chacun des indicateurs en fonction du niveau de protection des milieux échantillonnés. Seuls les résultats significatifs sont présentés ci-après.

Niveaux de protection associés :

Seuls les résultats avec la première méthode d'attribution des niveaux de protection des tronçons seront présentés à la suite. Cette méthode attribue les niveaux de protection de 0 à 2 (voir II.D page 13).

La deuxième méthode (Gorud-Colvert et al., 2021) (selon le guide des AMP) ne permet pas d'avoir des tests statistiques robustes. Cela est dû à un gros biais d'échantillonnage. En effet 132 tronçons se trouvent en catégorie 1 alors que seulement 2 à 8 tronçons sont associés aux autres catégories (voir II.D page 13). C'est pourquoi les résultats avec ces niveaux de protection sont exposés en ANNEXE 6.

Des analyses statistiques ont été faites pour analyser l'influence du nombre d'habitat traversés par les tronçons sur les indicateurs de biodiversité. Les huit bioindicateurs prédis par le GLM sont significativement plus élevés sur les tronçons traversant 4 à 9 habitats différents ($p < 0,05$). Parmi les bioindicateurs non prédis par le GLM, seul l'indicateur DP_B_ratio est significativement plus élevé sur les tronçons traversant 4 à 9 habitats différents ($p < 0,05$).

II.A. Richesse spécifique en fonction du niveau de protection corrigée par le GLM.

La base de données a permis d'identifier **138 espèces de 105 genres différents** (Tableau 5).

Tableau 5 : Liste des espèces détectées par ADNe sur les tronçons effectués autour de la Corse (2021 et 2023)

Raie-aigle vachette <i>Aetomylaeus bovinus</i>	Gobie de Bellotti <i>Gobius ater</i>	Raie bpastenague violette <i>Pteroplatytrygon violacea</i>
Barbier commun <i>Anthias anthias</i>	Gobie <i>Gobius bucchichi</i>	Raie lisse <i>Raja brachyura</i>
Gobie transparent <i>Aphia minuta</i>	Gobie <i>Gobius cruentatus</i>	Raie miroir <i>Raja miraletus</i>
Apogon <i>Apogon imberbis</i>	Gobie <i>Gobius geniporus</i>	Raie blanche <i>Rostroraja alba</i>
Maigre <i>Argyrosomus regius</i>	Gobie <i>Gobius niger</i>	Bonite à dos rayé <i>Sarda sarda</i>
Congre des Baléares <i>Ariosoma balearicum</i>	Gobie moucheté <i>Gobius xanthocephalus</i>	Sardine <i>Sardina pilchardus</i>
Arnoglosse impérial <i>Arnoglossus imperialis</i>	Cicerelle de Méditerranée <i>Gymnammodytes cicerelus</i>	Sadinelle ronde <i>Sardinella aurita</i>
Arnoglosse lanterne <i>Arnoglossus laterna</i>	Hippocampe moucheté <i>Hippocampus guttulatus</i>	Saupe <i>Sarpa salpa</i>
Joël <i>Atherina boyeri</i>	Coquette <i>Labrus mixtus</i>	Corb <i>Sciaena umbra</i>
Baliste commun <i>Balistes capriscus</i>	Poisson lanterne joyau <i>Lampanyctus crocodilus</i>	Maquereau espagnol <i>Scomber colias</i>
Orphie <i>Belone belone</i>	Gobie nain de Guillet <i>Lebetus guileti</i>	Petite rascasse rouge <i>Scorpaena notata</i>
Poisson lanterne glacial <i>Benthoosema glaciale</i>	Porte-écuelle de Candolle <i>Lepadogaster candolii</i>	Rascasse brune <i>Scorpaena porcus</i>
Blennie ocellée <i>Blennius ocellaris</i>	Porte-écuelle de Gouan <i>Lepadogaster lepadogaster</i>	Rascasse rouge <i>Scorpaena scrofa</i>
Bogue <i>Boops boops</i>	Gobie à grande écailles <i>Lesueurigobius friesii</i>	Petite roussette <i>Scyliorhinus canicula</i>
Rombou <i>Bothus podas</i>	Gobie de lesueur <i>Lesueurigobius suerii</i>	Grande roussette <i>Scyliorhinus stellaris</i>
Gobie de de Buen <i>Buenia affinis</i>	Blennie trigloïde <i>Lipophrys trigloides</i>	Sérieole <i>Seriola dumerili</i>
Aurin <i>Carapus acus</i>	Marbré <i>Lithognathus mormyrus</i>	Serran chevrette <i>Serranus cabrilla</i>
Centrolope noir <i>Centrolophus niger</i>	Baudroie rousse <i>Lophius budegassa</i>	Serran-hépaté <i>Serranus hepatus</i>
Cépole commune <i>Cepola macrophthalma</i>	Baudroie commune <i>Lophius piscatorius</i>	Serran écriture <i>Serranus scriba</i>
Lanterne cornée <i>Ceratoscopelus maderensis</i>	Bécasse de mer <i>Macroramphosus scolopax</i>	Sole du Sénégal <i>Solea senegalensis</i>
Mulet lippu <i>Chelon labrosus</i>	Poisson lumière argenté <i>Maurolicus muelleri</i>	Dorade royale <i>Sparus aurata</i>
Mulet porc <i>Chelon ramada</i>	Merlu commun <i>Merluccius merluccius</i>	Gobie cavernicole <i>Speleogobius trigloides</i>

Castagnole noire <i>Chromis chromis</i>	Merlan bleu <i>Micromesistius poutassou</i>	Bécune européenne <i>Sphyraena sphyraena</i>
Feuille <i>Citharus linguatula</i>	Poison lune <i>Mola mola</i>	Bécune à bouche jaune <i>Sphyraena viridensis</i>
Congre commun <i>Conger conger</i>	Rouget de vase <i>Mullus barbatus</i>	Mendole ou picarel <i>Spicara maena / S. smar</i>
Gobie corail-nain <i>Corcyrogobius liechtensteini</i>	Rouget de roche <i>Mullus surmuletus</i>	Canthare <i>Spondyllosoma cantharus</i>
Girelle <i>Coris julis</i>	Murène commune <i>Muraena helena</i>	Requin de Blainville <i>Squalus blainville</i>
Gobie cristal <i>Crystallogobius linearis</i>	Émissole lisse <i>Mustelus mustelus</i>	Ange de mer commun <i>Squatina squatina</i>
Cténolobre <i>Ctenolabrus rupestris</i>	Poisson lanterne ponctuée <i>Myctophum punctatum</i>	Crénilabre ocellé <i>Symphodus ocellatus</i>
Grondin volant <i>Dactylopterus volitans</i>	Raie aigle <i>Myliobatis aquila</i>	Crénilabre paon <i>Symphodus tinca</i>
Serpenton imberbe <i>Dalophis imberbis</i>	Avocette ruban <i>Nemichthys scolopaceus</i>	Syngnathe aiguille <i>Syngnathus acus</i>
Raie pastenague <i>Dasyatis pastinaca</i>	Anguille à épines courtes <i>Notacanthus bonaparte</i>	Poisson-lézard rayé <i>Synodus saurus</i>
Pastenague de Tortonese <i>Dasyatis tortonesei</i>	Oblade <i>Oblada melanura</i>	Torpille <i>Tetronarce nobiliana</i>
Gobie denté <i>Deltentosteus collonianus</i>	Gobie des Baléares <i>Odondebuenia balearica</i>	Girelle paon <i>Thalassoma pavo</i>
Bar commun <i>Dicentrarchus labrax</i>	Mulet labéon <i>Oedalechilus labeo</i>	Thon rouge <i>Thunnus thynnus</i>
Sparillon <i>Diplodus annularis</i>	Pageot acarné <i>Pagellus acarne</i>	Torpille marbrée <i>Torpedo marmorata</i>
Sar à museau pointu <i>Diplodus puntazzo</i>	Pageot rose <i>Pagellus bogaraveo</i>	Grande vive <i>Trachinus draco</i>
Sar commun de Méditerranée <i>Diplodus sargus</i>	Pageot commun <i>Pagellus erythrinus</i>	Vive rayée <i>Trachinus radiatus</i>
Sar à tête noire <i>Diplodus vulgaris</i>	Cabot <i>Parablennius gattorugine</i>	Chinchard bleu <i>Trachurus picturatus</i>
Raie-capucin <i>Dipturus oxyrinchus</i>	Blennie diabololo <i>Parablennius incognitus</i>	Triptérygion jaune <i>Tripterygion delaisi</i>
Serpenton miro <i>Echelus myrus</i>	Blennie de roux <i>Parablennius rouxi</i>	Triptérygion nain <i>Tripterygion melanurum</i>
Anchois commun <i>Engraulis encrasicolus</i>	Blennie de Zvonimir <i>Parablennius zvonimiri</i>	Triptérygion rouge <i>Tripterygion tripteronotum</i>
Mérou blanc <i>Epinephelus aeneus</i>	Sole pole <i>Pegusa lascaris</i>	Uranoscope <i>Uranoscopus scaber</i>
Mérou brun <i>Epinephelus marginatus</i>	Sole pole sombre <i>Pegusa nasuta</i>	Rason <i>Xyrichtys novacula</i>
Thonine commune <i>Euthynnus alletteratus</i>	Gobie de sable <i>Pomatoschistus minutus</i>	Gobie zébré <i>Zebrus zebrus</i>
Motelle de Méditerranée <i>Gaidropsarus mediterraneus</i>	Gobie nageur de ferrer <i>Pseudaphya ferrer</i>	Saint-Pierre <i>Zeus faber</i>

Aucune espèce exotique n'a été détectée. Certaines espèces sont tout de même remarquables pour plusieurs raisons :

- Des espèces qui vivent dans les profondeurs (>200 m). Ces espèces ont pu être détectées à partir de larves qui souvent se rapprochent des côtes pour commencer leur cycle de vie ou des adultes faisant des migrations verticales la nuit ou au crépuscule. Parmi ces espèces sont présentes : **le poisson lanterne glacial** (*Benthoosema glaciale*), le **poisson lanterne joyau** (*Lampanyctus crocodilus*), le **poisson lumière argenté** (*Maurolicus muelleri*), l'**avocette ruban** (*Nemichthys scolopaceus*) ou encore l'**anguille à épine courtes** (*Notacanthus bonaparte*).
- Des espèces assez rares comme : le **mérou blanc** (*Epinephelus aeneus*), l'**ange de mer commun** (*Squatina squatina*) ou encore la **raie-capucin** (*Dipturus oxyrinchus*).
- Plusieurs espèces sur liste rouge UICN (voir II.H)

Les richesses spécifiques par tronçon prédites par le modèle varient de 12 à 34 espèces et la moyenne globale d'espèces enregistrées par tronçon est de 19 espèces. **La richesse spécifique est significativement expliquée par le niveau de protection** du milieu échantillonné (Kruskal-Wallis avec une p-value < 0,05) (Figure 18). Le nombre d'espèces est significativement plus élevé (p-value < 0,05) dans les zones de non-prélèvements que dans les zones protégées et non protégées.

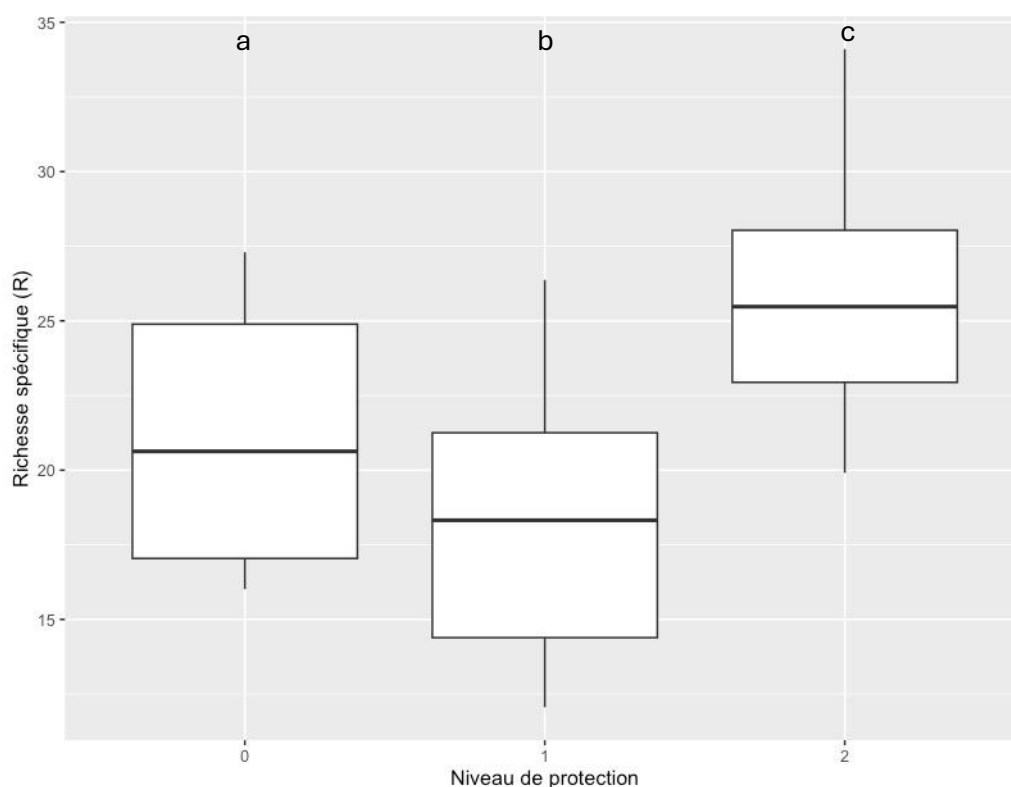


Figure 18 : Boxplot représentant la richesse spécifique (R) en fonction du niveau de protection du milieu échantillonné. Les zones sans protection sont de niveau 0, les zones d'aires marines protégées sans interdiction de prélèvements sont de niveau 1. Le niveau 2 correspond aux zones de non-prélèvement. Les lettres a, b et c représentent des groupes statistiquement différents.

L'indicateur R prédit par le GLM est également plus important à l'ouest qu'à l'est de la Corse ($p < 0,05$). La Figure 19 montre bien cette différence entre les deux côtés de l'île : les tronçons à l'ouest ont un indicateur R moyen à très fort alors qu'à l'est cet indicateur est majoritairement faible et moyen. En moyenne 23 espèces sont recensées par tronçon sur la côte ouest contre 16 espèces par tronçon sur la côte orientale.

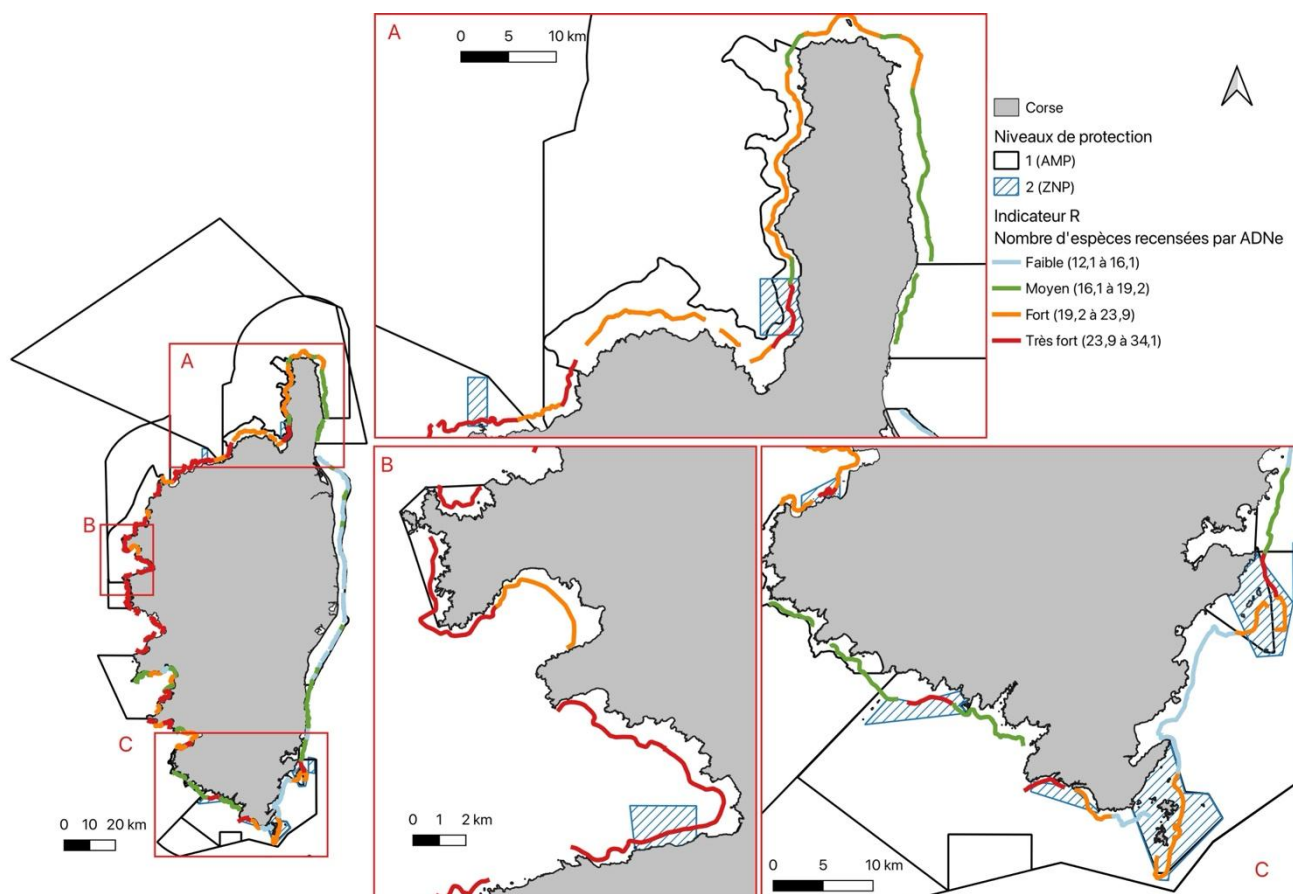


Figure 19 : Richesses spécifiques (R) par tronçons prédites par le GLM. Les zones d'aires marines protégées sans interdiction de prélèvements sont de niveau 1. Le niveau 2 correspond aux zones de non-prélèvement.

II.B. Diversité fonctionnelle corrigée par le GLM

La diversité fonctionnelle (FD) des communautés de poissons échantillonnées autour de la Corse est **significativement expliquée par les niveaux de protection** des tronçons (Kruskal-Wallis avec une p-value < 0,05) (Figure 20).

Les zones de non-prélèvements ont une diversité fonctionnelle significativement plus élevée que dans les zones non protégées et les zones sans réglementation de non-prélèvements (p-value < 0,05).

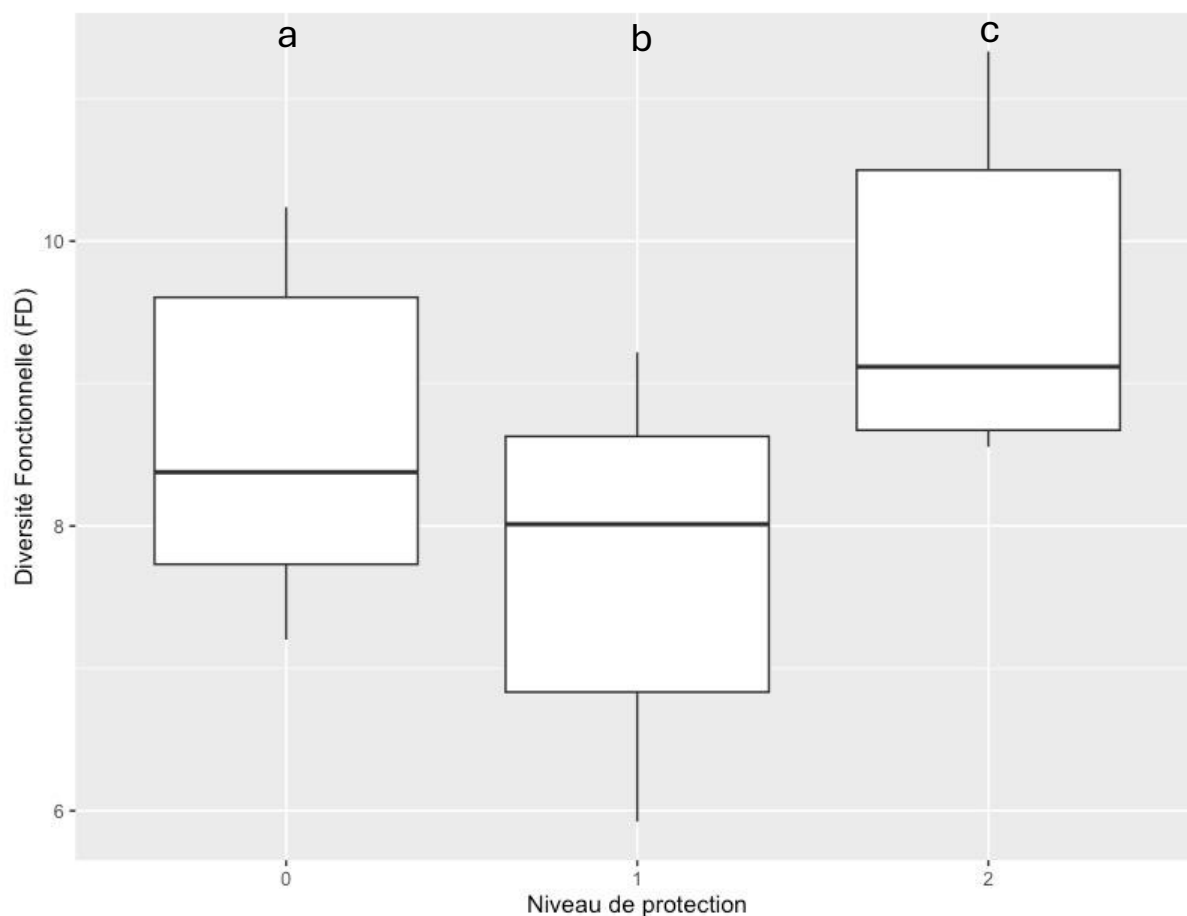


Figure 20 : Boxplot représentant la diversité fonctionnelle (FD) en fonction du niveau de protection des tronçons. Les zones sans protection sont de niveau 0, les zones d'aires marines protégées sans interdiction de prélèvements sont de niveau 1. Le niveau 2 correspond aux zones de non-prélèvement. Les lettres a, b et c représentent des groupes statistiquement différents.

L'indicateur FD prédit par le GLM est également plus important à l'ouest qu'à l'est de la Corse ($p < 0,05$; Figure 21).

En moyenne la diversité fonctionnelle par transect sur la côte ouest est de 8,37 contre 7,13 sur la côte orientale.

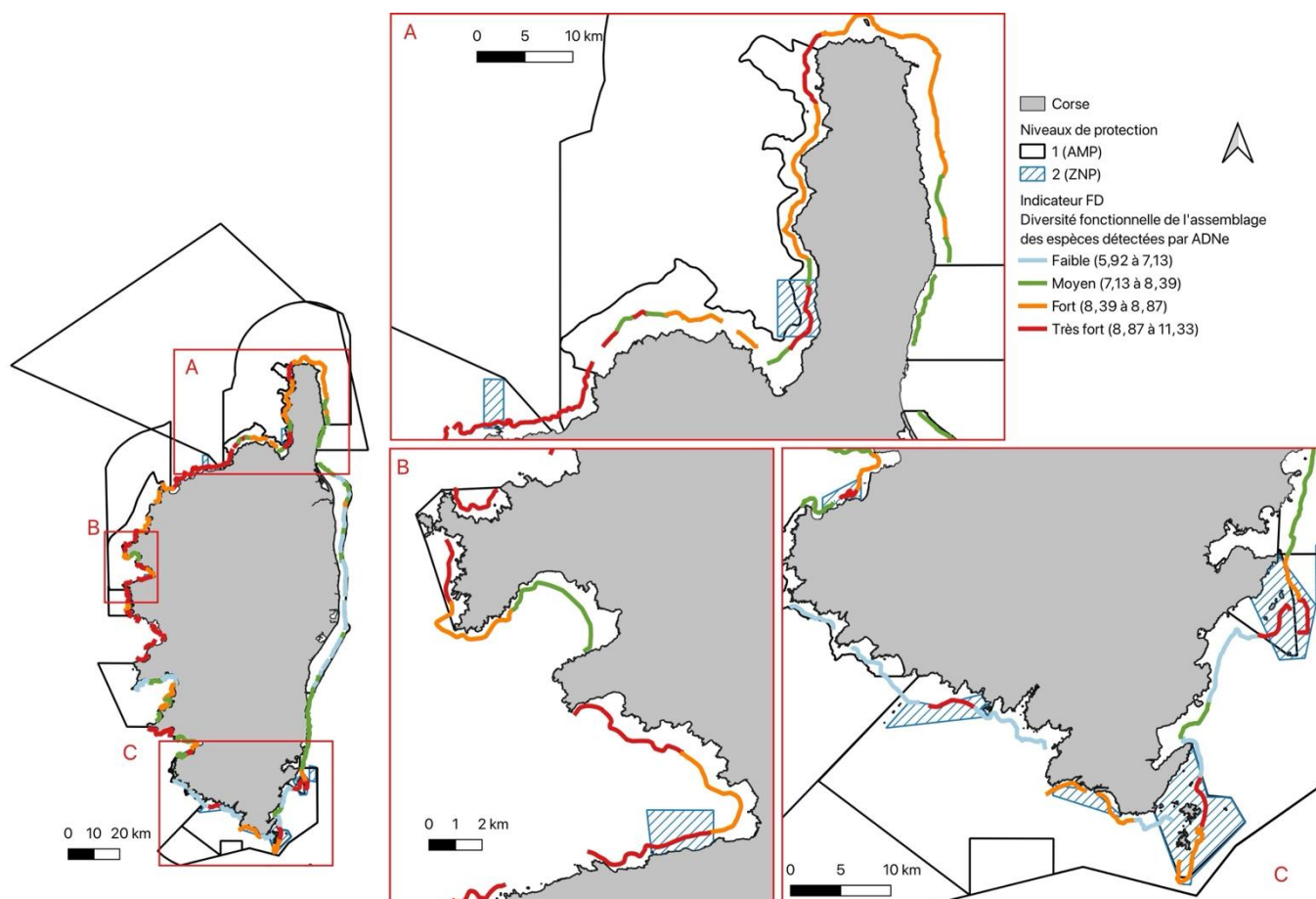


Figure 21 : Diversités fonctionnelles (FD) par tronçons prédites par le GLM. Les zones d'aires marines protégées sans interdiction de prélèvements et les zones Natura 2000 sont de niveau 1. Le niveau 2 correspond aux zones de non-prélèvement.

II.C. Large reef Fish Index (LFI) corrigé par le GLM

L'indice LFI des communautés de poissons en fonction des niveaux de protection des tronçons (Figure 22) prédit par le GLM est compris **entre 9,18 et 23,15** et est significativement expliqué par les niveaux de protection (Kruskal-Wallis avec une p-value < 0,05). **Il y a significativement de plus grands poissons (> 20 cm) dans les zones de non-prélèvement.**

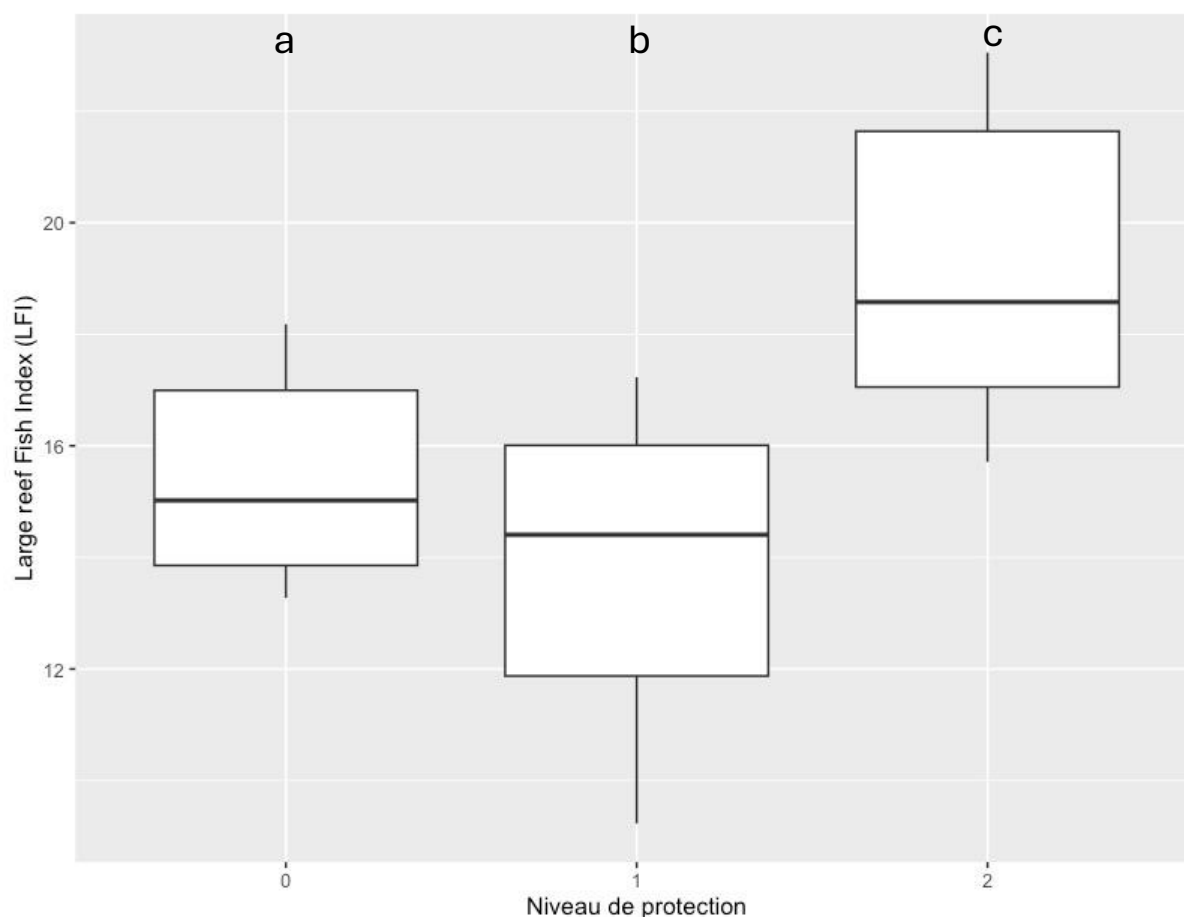


Figure 22 : Boxplot représentant l'indicateur LFI en fonction du niveau de protection des tronçons. Les zones sans protection sont de niveau 0, les zones d'aires marines protégées sans interdiction de prélèvements sont de niveau 1. Le niveau 2 correspond aux zones de non-prélèvement. Les lettres a, b et c représentent des groupes statistiquement différents.

L'indicateur LFI prédit par le GLM est également plus important à l'ouest (16,19) qu'à l'est (13,47) de la Corse ($p < 0,05$) ; la Figure 23 montre bien cette différence entre les deux côtés de l'île.

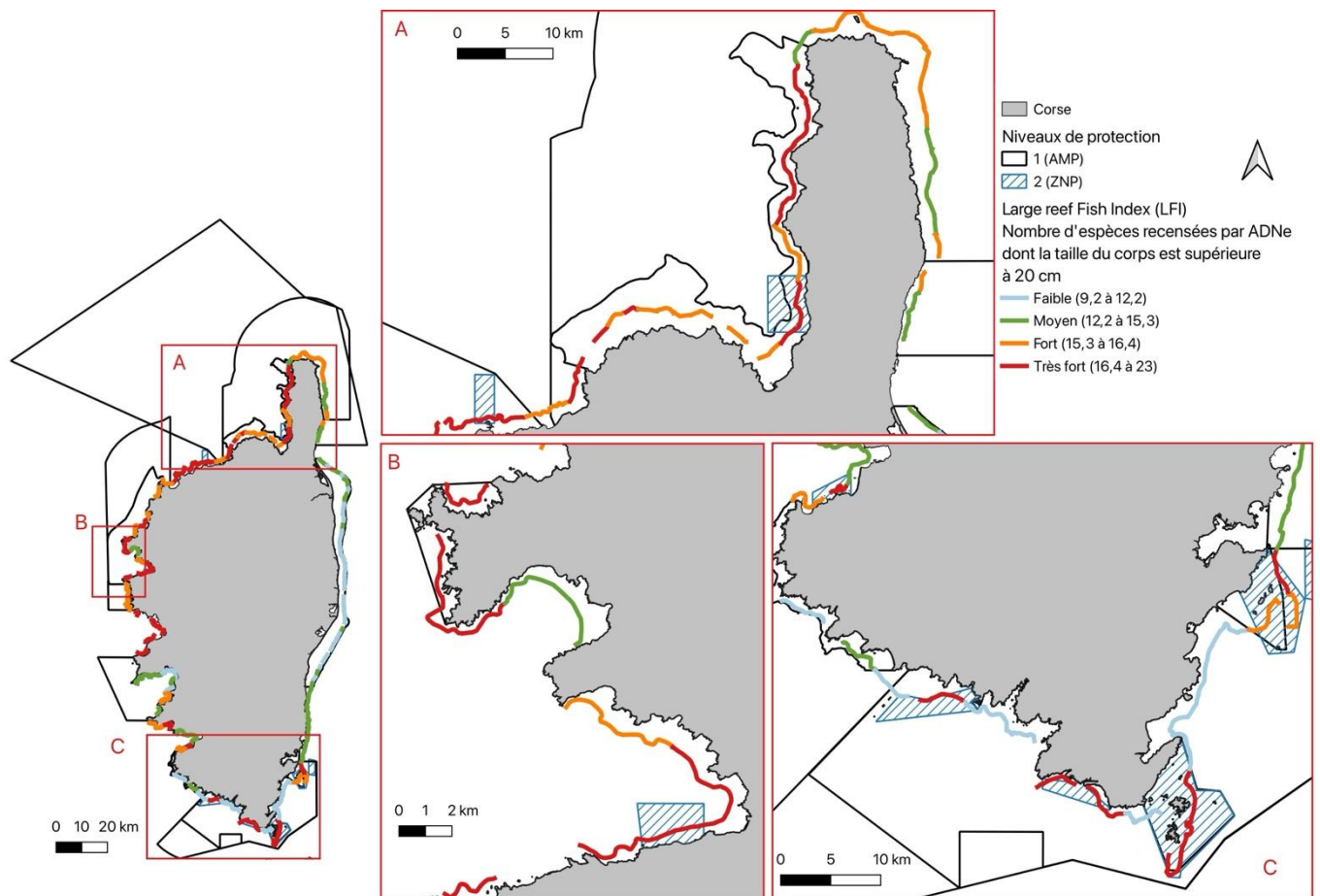


Figure 23 : Large reef Fish Index (LFI) par tronçons prédits par le GLM. Les zones d'aires marines protégées sans interdiction de prélèvements et les zones Natura 2000 sont de niveau 1. Le niveau 2 correspond aux zones de non-prélèvement.

II.D. Indicateur Crypto-benthique (Crypto) corrigé par le GLM

L'indice **Crypto-benthique** des communautés de poissons échantillonnées autour de la Corse en fonction des niveaux de protection des tronçons est représenté sur la Figure 24. Cet indicateur prédit par le GLM est **compris entre 0,38 et 8,3 espèces crypto-benthiques** et est significativement expliqué par les niveaux de protection (Kruskal-Wallis avec une $p\text{-value} < 0,05$). Il y a significativement plus d'espèces crypto benthiques dans les zones de non-prélèvement que dans les autres zones. Les zones de protection de niveau 1 (AMP sans restriction de prélèvement) n'ont pas un plus haut score Crypto que les zones sans aucune protection.

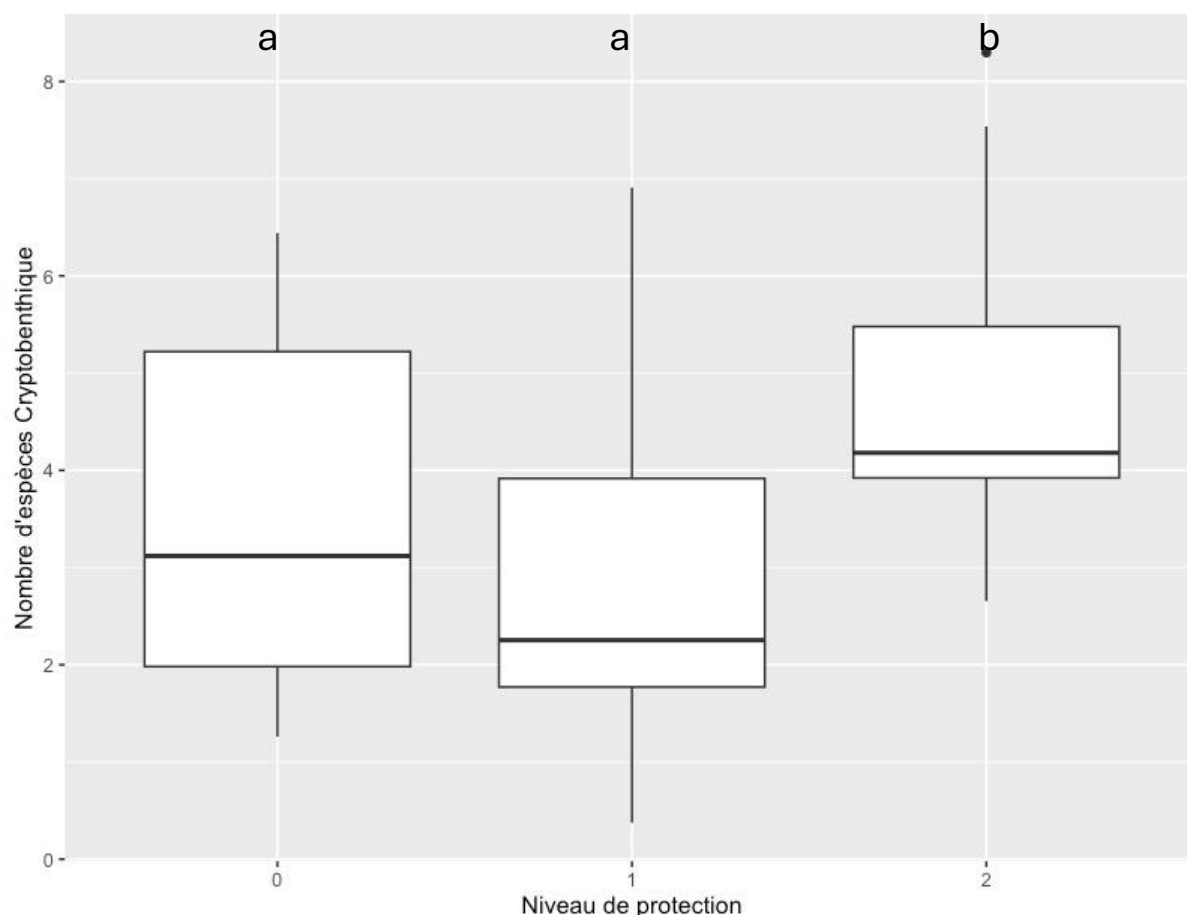


Figure 24 : Boxplot représentant l'indicateur Crypto en fonction du niveau de protection des tronçons. Les zones sans protection sont de niveau 0, les zones d'aires marines protégées sans interdiction de prélèvements sont de niveau 1. Le niveau 2 correspond aux zones de non-prélèvement. Les lettres a, b et c représentent des groupes statistiquement différents.

L'indicateur Crypto prédit par le GLM est également plus important à l'ouest qu'à l'est de la Corse ($p < 0,05$). La Figure 25 montre bien cette différence entre les deux côtés de l'île où le nombre des poissons crypto-benthiques est globalement plus important à l'ouest (4,12) qu'à l'est (2,06).

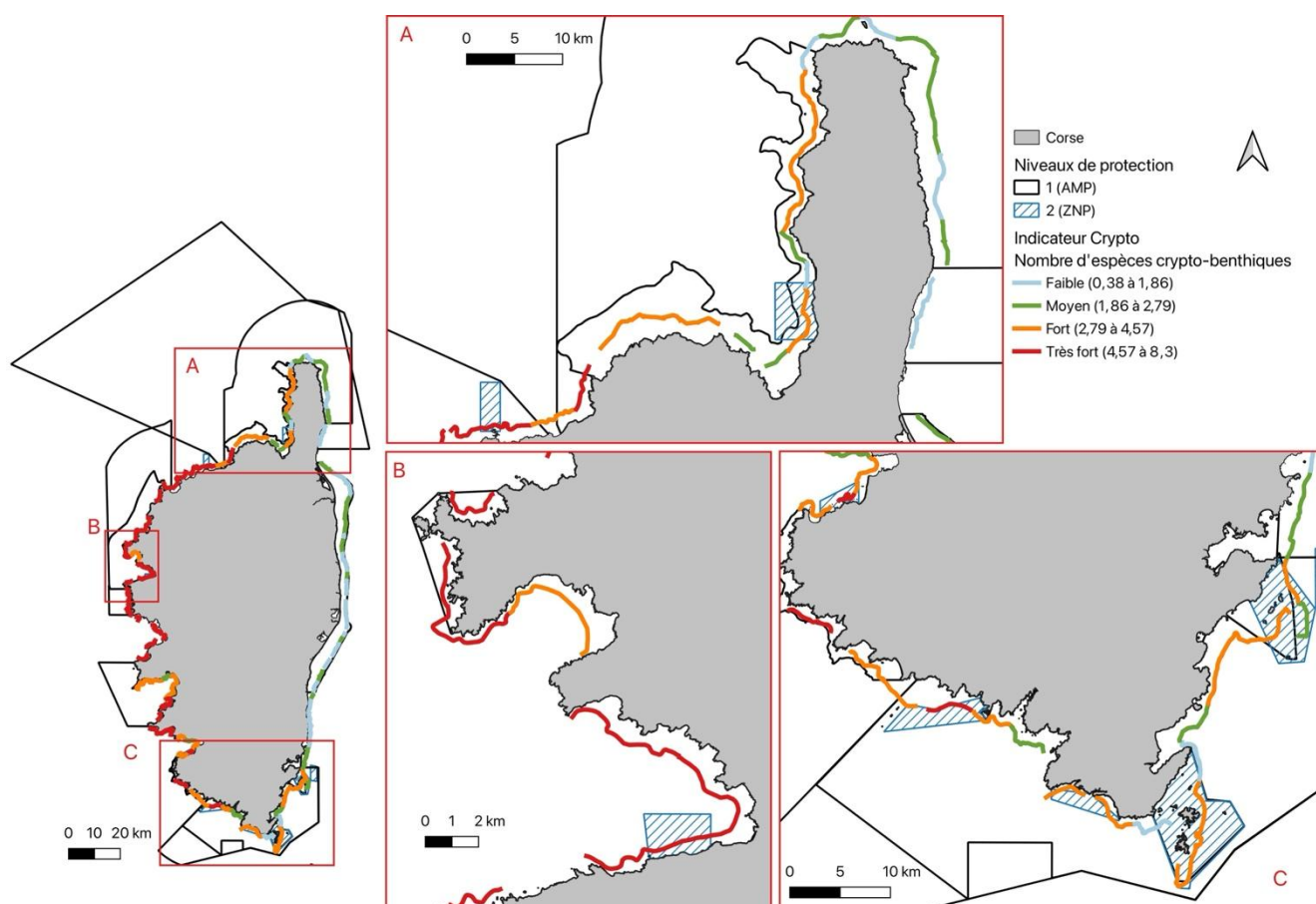


Figure 25 : Nombre d'espèces crypto-benthiques (Crypto) détectées par tronçon prédits par le GLM. Les zones d'aires marines protégées sans interdiction de prélèvements sont de niveau 1. Le niveau 2 correspond aux zones de non-prélèvement.

II.E. Indicateur Commercial et High Commercial corrigés par le GLM

Le nombre d'espèce à intérêt et à fort intérêt commercial parmi les poissons échantillonnés en fonction des niveaux de protection des tronçons prédits par le GLM est représenté sur la Figure 26. L'indicateur Commercial est **compris entre 9,2 et 26,1 espèces**. Le nombre d'espèces à fort intérêt commercial est compris **entre 1,8 et 4,6**. Ces deux indicateurs sont significativement expliqués par les niveaux de protection (Kruskal-Wallis avec une p-value < 0,05). Il y a significativement plus d'espèces à intérêt commercial dans les zones de non-prélèvements que dans les autres zones. Dans les AMP ou hors AMP ces indicateurs sont significativement moins importants.

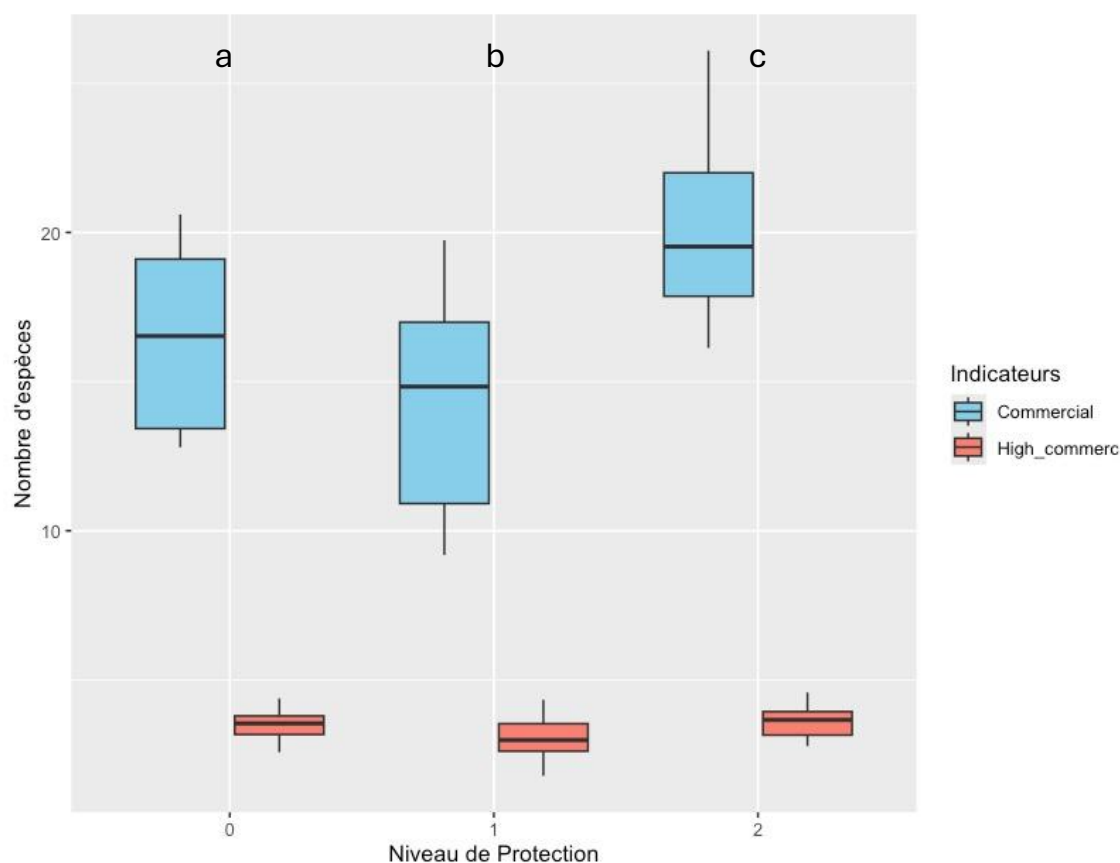


Figure 26 : Boxplot représentant les indicateurs Commercial (en bleu) et High_commerc (en rouge) en fonction du niveau de protection des tronçons. Les zones sans protection sont de niveau 0, les zones d'aires marines protégées sans interdiction de prélèvements sont de niveau 1. Le niveau 2 correspond aux zones de non-prélèvement. Les lettres a, b et c représentent des groupes statistiquement différents.

Il y a significativement plus d'espèces à fort intérêt commercial à l'est de l'île (Figure 27A), bien que l'indicateur Commercial soit significativement plus important à l'ouest (Figure 27B).

Les espèces considérées comme fort intérêt commercial selon FishBase et détectées par ADNe sur ces tronçons sont :

-
- Le bogue (*Boops boops*)
- L'anchois commun (*Engraulis encrasicolus*)
- La sardine (*Sardina pilchardus*)
- La sardinelle (*Sardinella aurita*)
- L'émissole lisse (*Mustelus mustelus*)
- Le merlu commun (*Merluccius merluccius*)
- La bonite à dos rayé (*Sarda sarda*)
- Le merlan bleu (*Micromesistius poutassou*)
- La baudroie (*Lophius piscatorus*)

Certaines espèces considérées comme fort intérêt commercial par FishBase ont été enlevées des calculs car elles sont interdites de pêche en Méditerranée française, comme le Corb (*Sciaena umbra*) ou le mérou brun (*Epinephelus marginatus*) et ne peuvent donc pas être décemment considérées comme d'intérêt commercial.

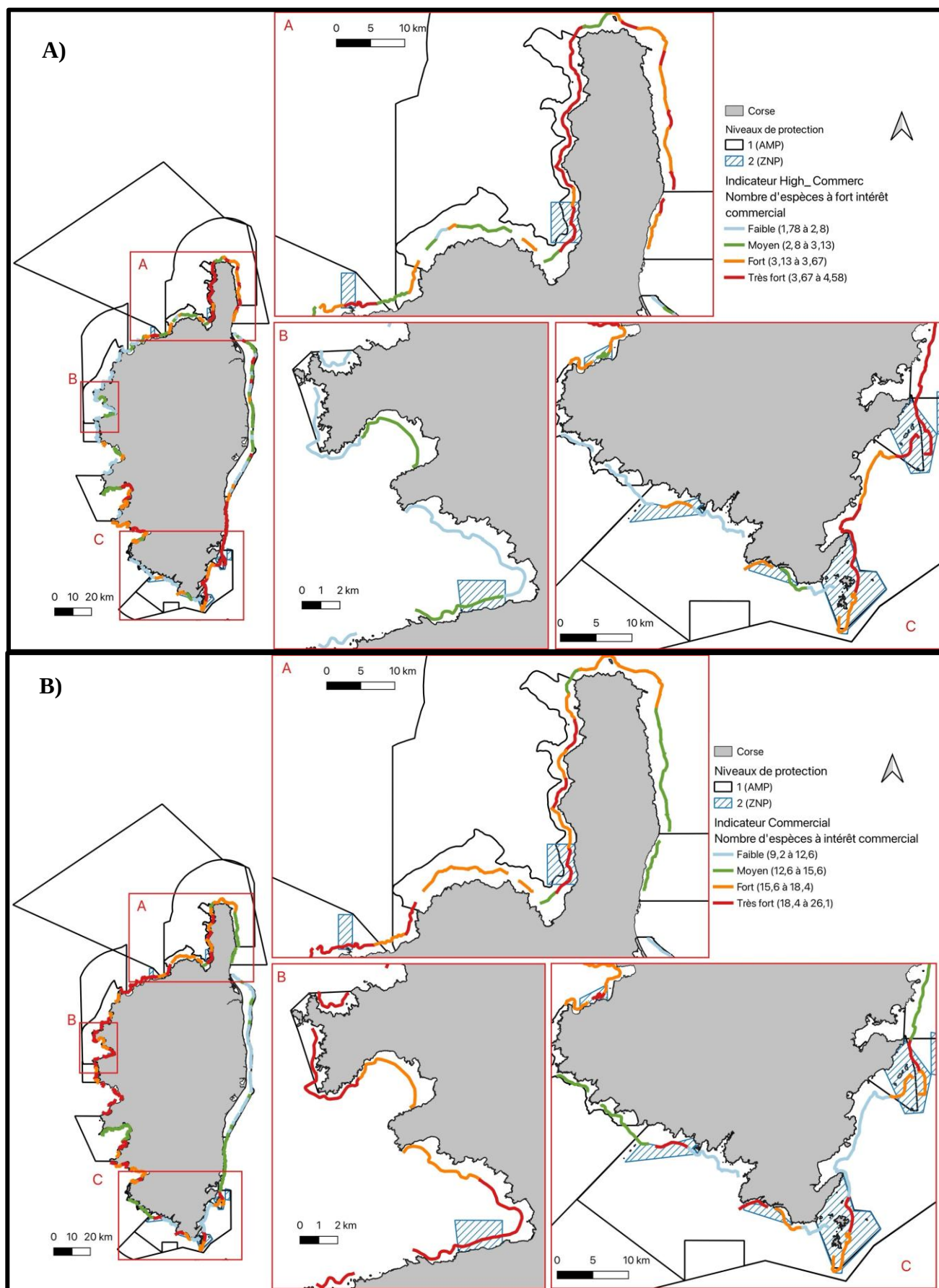


Figure 27 : Nombre d'espèces A) à fort intérêt commercial (High_commerc) et B) à intérêt commercial (Commercial) détectées par transects prédits par le GLM. Les zones d'aires marines protégées sans interdiction de prélèvements et les zones Natura 2000 sont de niveau 1. Le niveau 2 correspond aux zones de non-prélèvement.

II.F. Indicateur de la diversité génétique (PD) corrigé par le GLM

Pour rappel, cet indicateur correspond à la somme totale des longueurs des branches phylogénétiques, les chondrichthyens ne sont pas pris en compte. Plus l'indicateur est grand plus il y a une diversité phylogénétique importante.

La diversité phylogénétique de l'assemblage des poissons échantillonnés autour de la Corse en fonction des niveaux de protection des tronçons prédit par le GLM (Figure 28) est **comprise entre 6,53 et 15,26** et est significativement expliquée par les niveaux de protection (Kruskal-Wallis avec une p-value < 0,05). Il y a significativement plus de diversité phylogénétique dans les zones de non-prélèvement et dans les zones sans protection que dans les AMP.

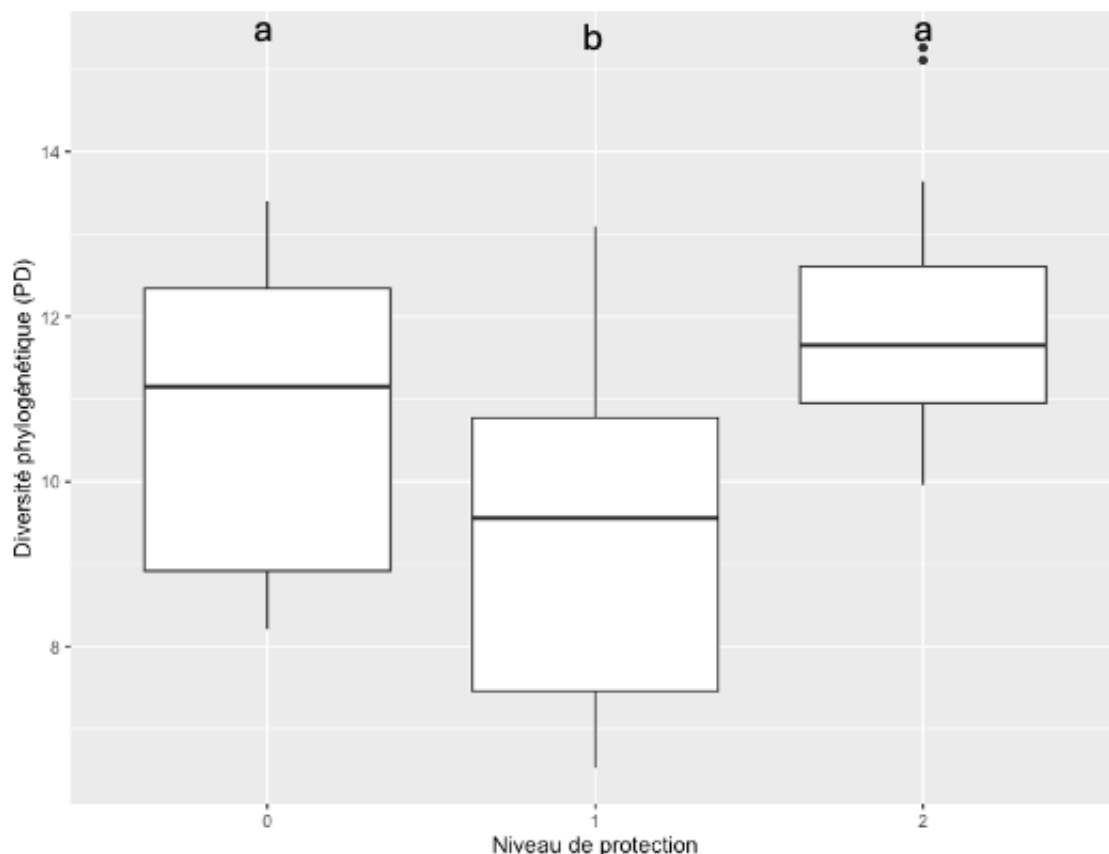


Figure 28 : Boxplot représentant l'indicateur PD en fonction du niveau de protection des tronçons. Les zones sans protection sont de niveau 0, les zones d'aires marines protégées sans interdiction de prélèvements sont de niveau 1. Le niveau 2 correspond aux zones de non-prélèvement. Les lettres a, b et c représentent des groupes statistiquement différents.

L'indicateur PD prédit par le GLM est également plus important à l'ouest (11,45) qu'à l'est de la Corse (8,34) ($p < 0,05$; Figure 29).

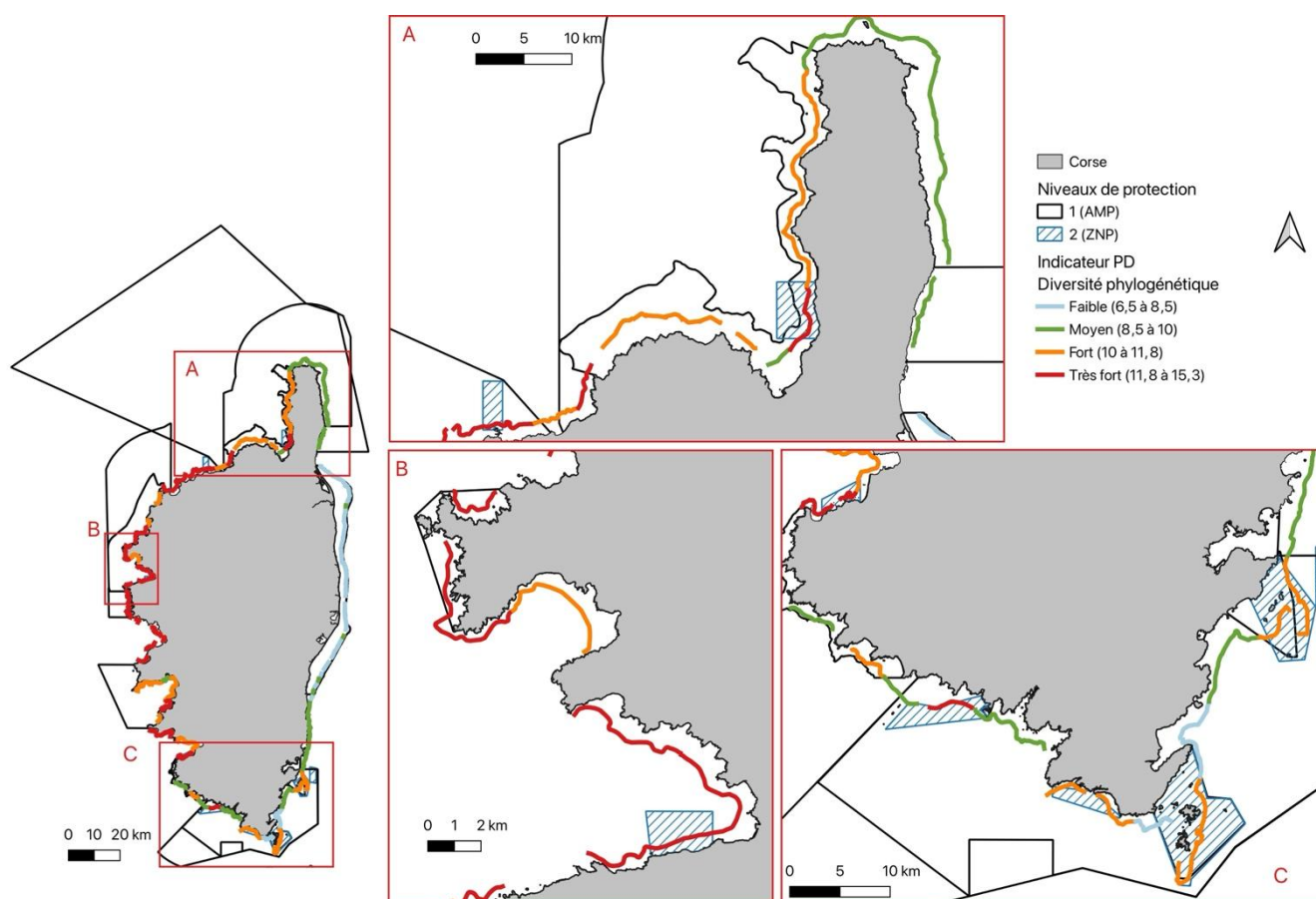


Figure 29 : Diversité phylogénétique (PD) des assemblages d'espèces détectées par tronçon prédits par le GLM. Les zones d'aires marines protégées sans interdiction de prélèvements sont de niveau 1. Le niveau 2 correspond aux zones de non-prélèvement.

II.G. Indicateur DP_B_ratio

L'indicateur du ratio des espèces démerso-pélagiques sur les espèces benthiques ne nécessite pas de correction par le GLM. Cet indicateur est compris entre 0,31 et 1,78 avec une moyenne de 0,76. Il n'y a pas de différence significative entre les différents niveaux de protection pour cet indicateur.

II.H. Indicateurs RedList et Chondri

Le GLM n'a pas corrigé le biais d'échantillonnage entre les filtrations de 30 L et 60 L pour les indicateurs RedList et Chondri. Les comparaisons spatiales qui vont suivre sont donc à prendre avec précaution. Des tendances peuvent toutefois être observées.

La liste des espèces avec leur statut UICN sont disponibles en ANNEXE 7.

L'indicateur RedList des communautés de poissons échantillonnées autour de la Corse en fonction des niveaux de protection des tronçons (Figure 30) est compris **entre 0 et 9** et **est significativement expliqué par les niveaux de protection** (Kruskal-Wallis avec une p-value de 0,02). Les zones de non-prélèvements ont un score RedList significativement plus important que les zones protégées sans interdiction de prélèvement.

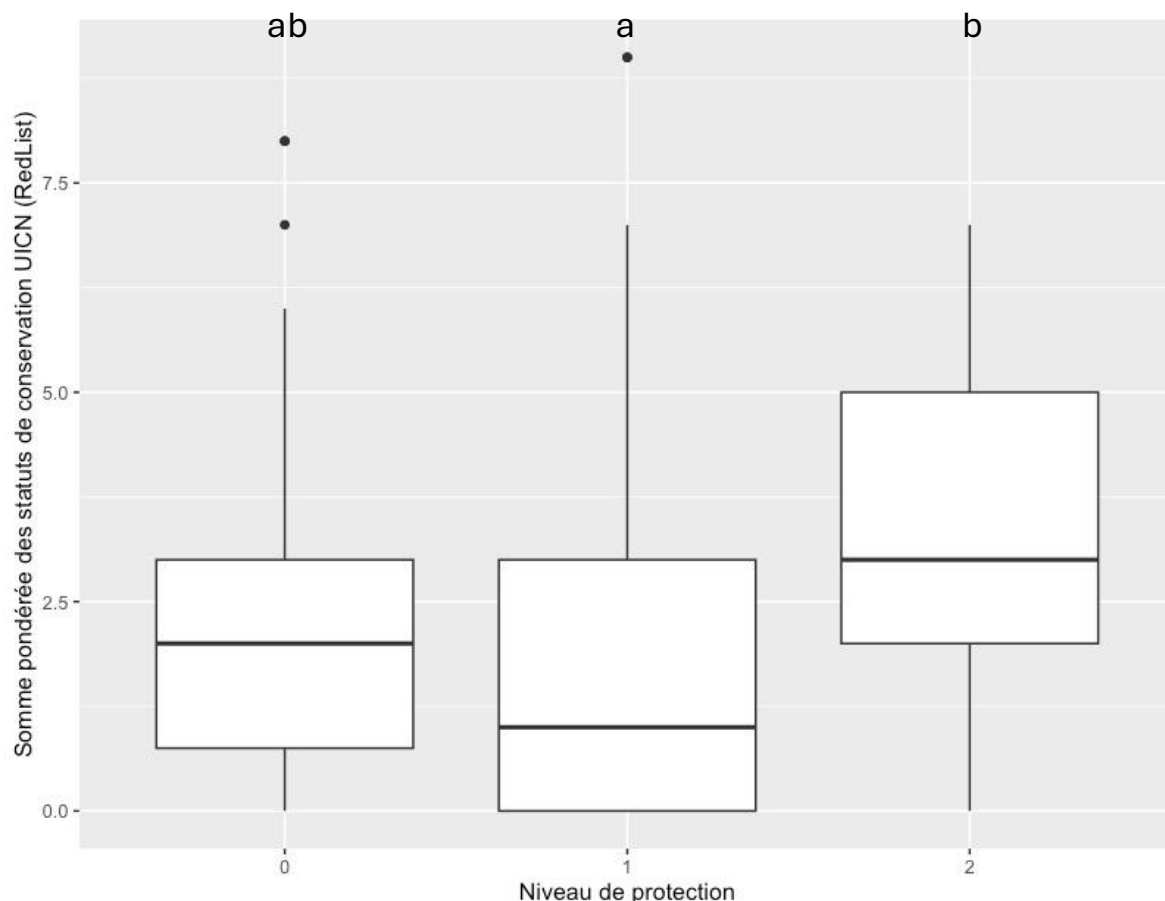


Figure 30 : Boxplot représentant l'indicateur RedList en fonction du niveau de protection des tronçons pour lesquels des volumes d'eau variant de 30 à 120 litres ont été filtrés. Les zones sans protection sont de niveau 0, les zones d'aires marines protégées sans interdiction de prélèvements sont de niveau 1. Le niveau 2 correspond aux zones de non-prélèvement. Les lettres a, b et c représentent des groupes statistiquement différents.

Deux tronçons ont le score RedList maximal qui est de 9 : PIAF_60 et Transect_27. PIAF_60 se situe au sud-ouest de la Corse en face de Figari et le Transect_27 dans le PNMCCA à l'est du cap corse en face de Porticciolo.

Les espèces avec un haut statut de protection UICN détectées sur ces deux tronçons sont représentées dans le Tableau 6. La plupart sont des chondrichthyens, seul le mérou brun (*Epinephelus marginatus*) ne fait pas partie de ce taxon. Pour chaque tronçon, trois espèces en danger critique d'extinction d'après l'UICN ont été détectées : la **raie aigle** (*Myliobatis aquila*) pour les deux tronçons, la **raie vachette** (*Aetomylaeus bovinus*) pour « PIAF_60 » et l'**ange de mer commun** (*Squatina squatina*) pour le « Transect_27 ».

Tableau 6 : Liste des espèces avec un haut statut de protection UICN détectées sur « PIAF_60 » et « Transect_27 ». VU = Vulnérable, EN = en danger et CR = en danger critique d'extinction.

PIAF_60	Transect_27
<i>Epinephelus marginatus</i> (EN)	<i>Squatina squatina</i> (CR)
<i>Dasyatis pastinaca</i> (VU)	<i>Mustelus mustelus</i> (EN)
<i>Torpedo marmorata</i> (VU)	<i>Torpedo marmorata</i> (VU)
<i>Myliobatis aquila</i> (CR)	<i>Myliobatis aquila</i> (CR)
<i>Aetomylaeus bovinus</i> (CR)	

Sur ces deux tronçons a aussi été inventorié **le nombre maximal de chondrichthyens** de cette étude, soit **7 espèces**. Pour compléter la liste du tableau 3 et avoir l'inventaire total des chondrichthyens détectés par ADNe il faut rajouter : sur le « Transect_27 » la **pastenague de Tortonese** (*Dasyatis tortonesei*), le **requin de Blainville** (*Squalus blainville*); puis sur « PIAF_60 » la **pastenague commune** (*Dasyatis pastinaca*), la **raie lisse** (*Raja brachyura*) et la **raie capucin** (*Dipturus oxyrinchus*). La **raie pastenague violette** (*Pteroplatytrygon violacea*) a également été détectée sur les tronçons « PIAF_74 » et « PIAF_78 », tous deux à l'est de la Corse.

Une dépendance significative a été calculée entre ces deux variables avec un test de Kendall (score de 0,73 avec une p-value < 0,05). La corrélation entre ces deux variables est représentée dans la Figure 31.

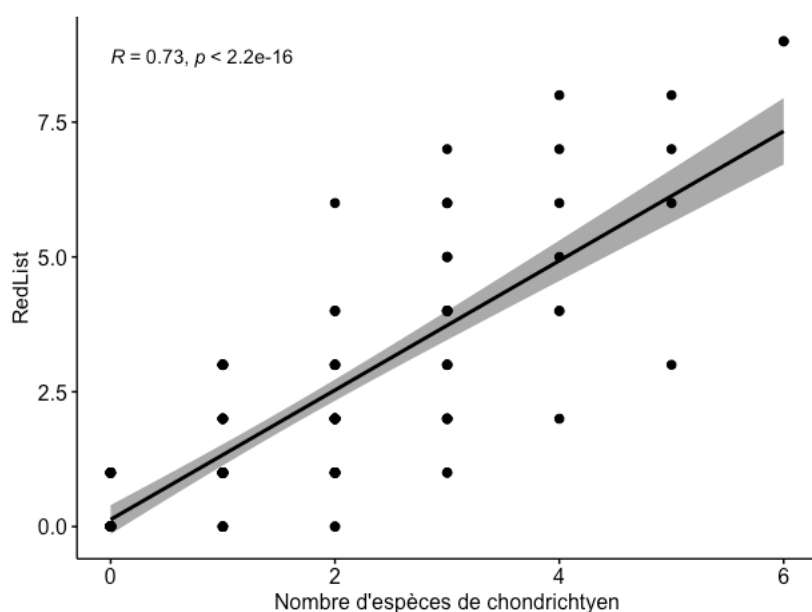


Figure 31 : Indicateur RedList en fonction du nombre d'espèces de chondrichthyens. Les résultats du test de Kendall sont affichés où la dépendance entre ces deux variables est de 0,73 avec une p-value < 0,05

Le nombre d'espèces de raies et requins par tronçon est représenté sur la carte de la Figure 32. Les tronçons pour lesquels cet indicateur présente une valeur nulle ne sont pas représentés.

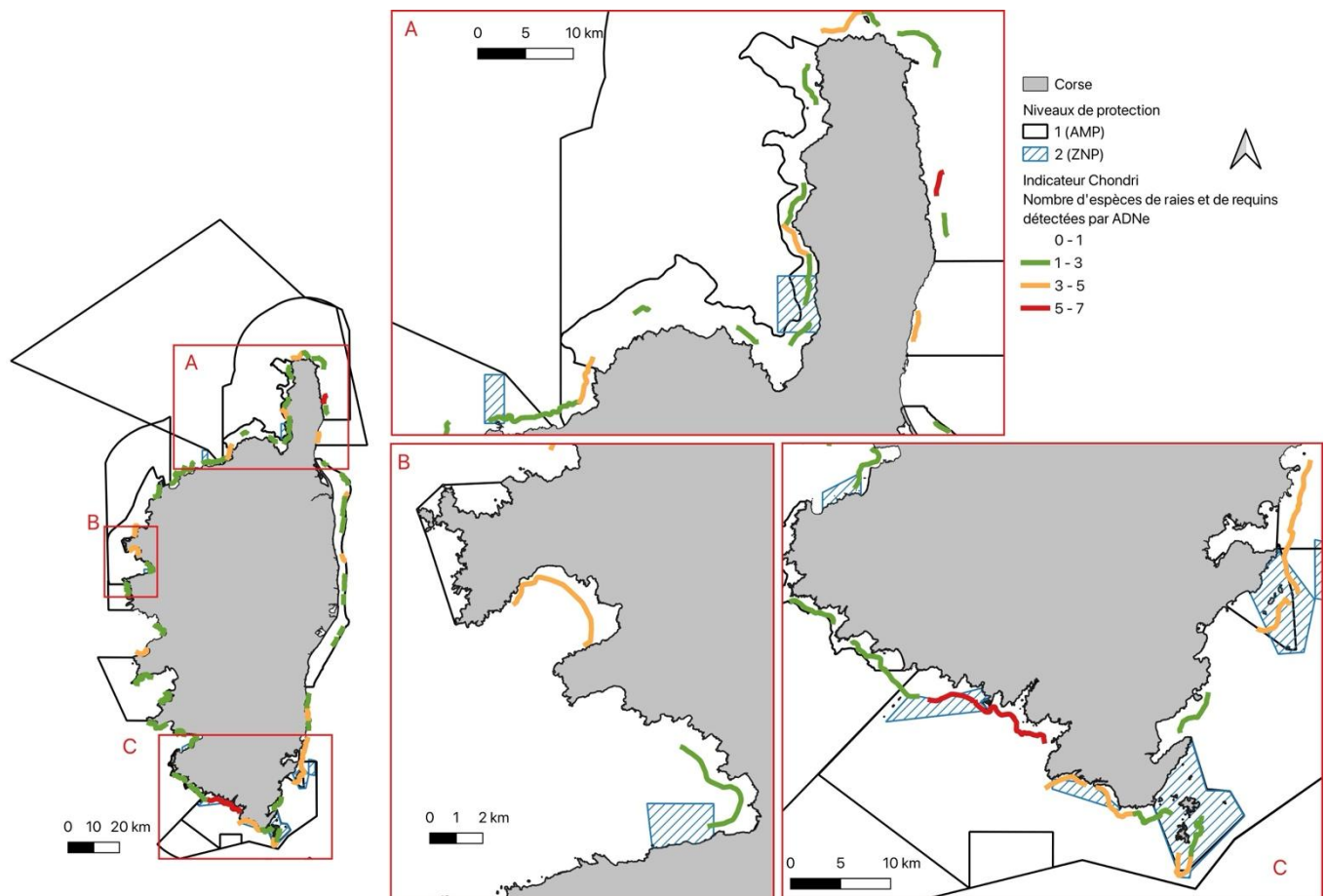


Figure 32 : Somme pondérée des score UICN (RedList) des espèces détectées par tronçon pour lesquels des volumes d'eau variant de 30 à 120 litres ont été filtrés. Les zones d'aires marines protégées sans interdiction de prélèvements sont de niveau 1. Le niveau 2 correspond aux zones de non-prélèvement.

III. Indicateur SOS

Parmi les 180 tronçons du projet PIAF, 38 ont été écartés de l'étude de sensibilité au chalutage car les inventaires des espèces benthiques n'ont pas pu être réalisés par manque de visibilité.

Sur les 142 tronçons analysés, douze taxons sont recensés au total avec une moyenne de deux espèces par tronçon et un à cinq taxons recensés par tronçon. La majorité des organismes observés grâce aux vidéos sont des holothuries. Parmi les taxons observés, peu d'entre eux ont un fort indicateur BESITO (Tableau 7).

Tableau 7 : Liste des espèces observées sur les caméras tractées pour l'ensemble des tronçons ainsi que le score BESITO de chacune de ces espèces.

Taxon	Score BESITO
<i>Astropecten sp</i>	1
<i>Axinella sp</i>	4
<i>Bonellia viridis</i>	3
<i>Echinaster (Echinaster) sepositus</i>	2
Gorgoniidae	5
<i>Halocynthia papillosa</i>	3
<i>Holothuria sp</i>	3
<i>Octopus vulgaris</i>	2
<i>Ophiura sp</i>	1
<i>Pennatula sp</i>	4
Sabellidae	2
<i>Sphaerechinus granularis</i>	2

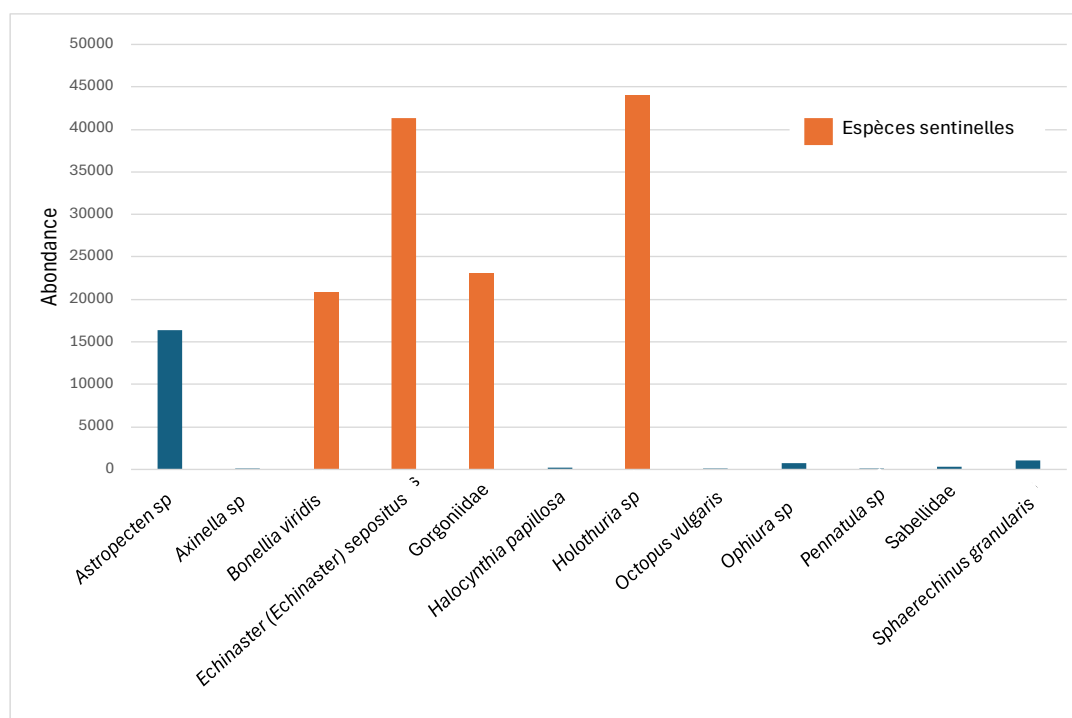


Figure 33 : Abondances des différents taxons observés sur les vidéos du traineau d'échantillonnage. Les espèces sentinelles sont en orange.

D'après l'analyse spatiale entre les données de chalutage de Global Fishing Watch et les tronçons, seulement 30 sont considérés comme impactés par le chalutage (Figure 34).

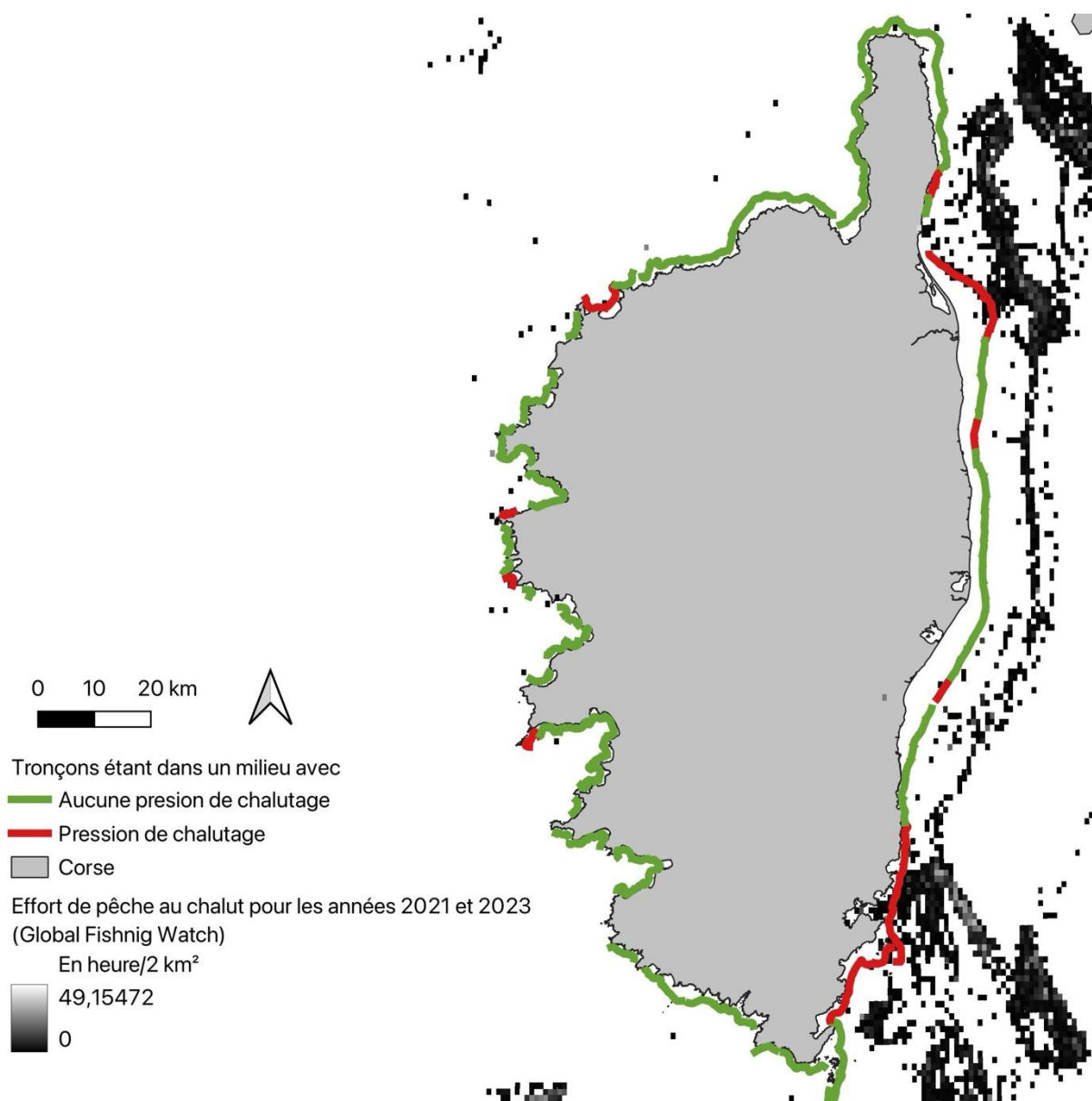


Figure 34 : Tronçons avec une pression de chalutage (en rouge) ou non (en vert) déterminés à partir des données de Global Fishing Watch en 2021 et 2023

Les abondances des quatre espèces majoritaires (en gras dans la Figure 33), appelées espèces sentinelles, sont utilisées pour calculer l'indicateur SOS par tronçon. D'après cet indicateur, la majorité des tronçons est en bon état de santé puisque qu'ils présentent des valeurs proches de 1 (Figure 35). Les tronçons dont les communautés ont été plus impactées par le chalutage (<0,67 indiquant un état mauvais ou moyen), se trouvent le long de la côte orientale et un tronçon (PIAF_28) se trouve à l'ouest à proximité de la plage d'Arone. Sur ce tronçon ont été recensées beaucoup d'étoiles de mer du genre *Astropecten* sp considérées comme opportunistes au chalutage (score BESITO de 1). Cependant PIAF_28, à l'ouest, ressort comme ayant un état de santé moyen.

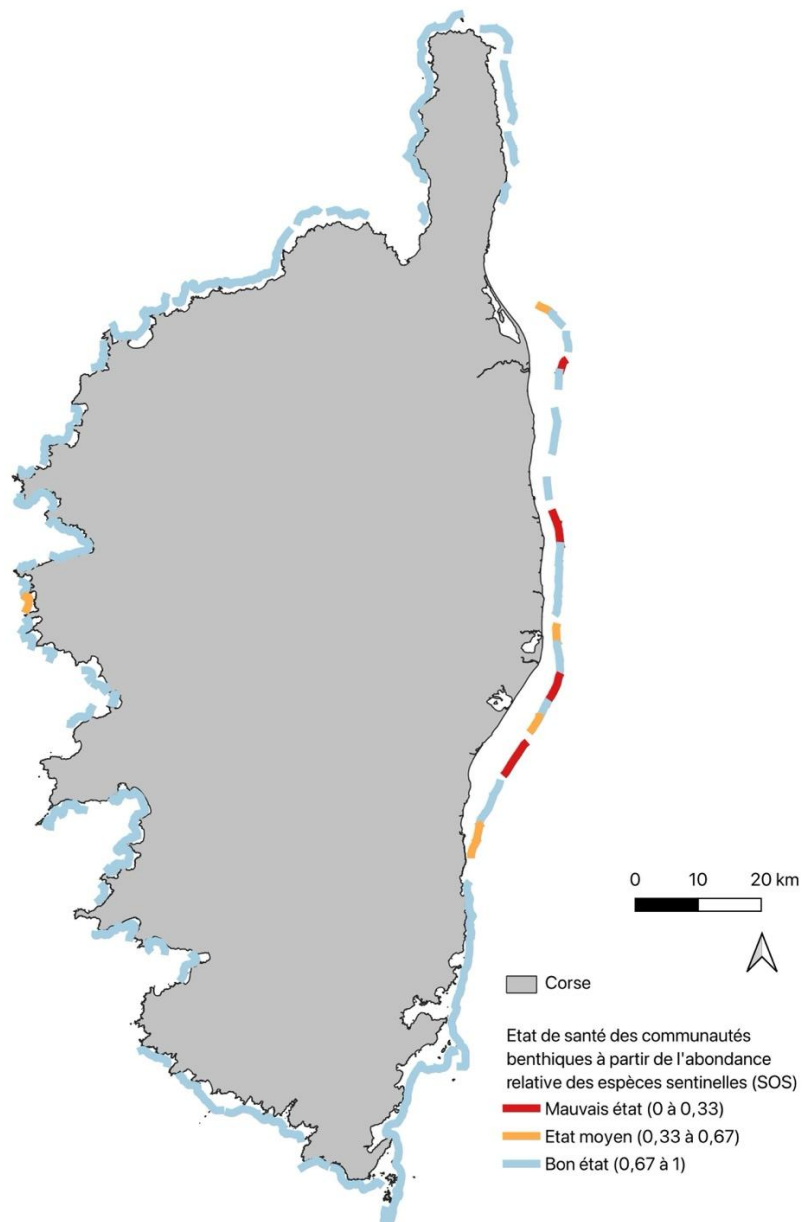


Figure 35 : Abondance relative des espèces sentinelles de l'indicateur SOS représentant l'état de santé des communautés épibenthiques par tronçon.

Pour calculer cet indicateur SOS de nombreuses limites ont été rencontrées. Premièrement la méthode d'inventaire de la faune épibenthique par relevés caméras n'est pas optimale. En effet, une prise de vidéos à une vitesse de 2,7 nœuds en moyenne 5 m au-dessus du fond ne permet pas d'identifier toutes les espèces. De ce fait, la liste des espèces sentinelles est très petite comparée au nombre des espèces qu'il faudrait obtenir (c'est-à-dire 10 espèces) pour avoir un indicateur sensible et représentatif du milieu. Toutefois, les scores obtenus sont assez représentatifs car la Corse est connue pour présenter un faible effort de pêche, avec une intensité maximale sur la côte orientale (Ferrà et al., 2018; Cuyvers & Vaz, 2023).

La pression de chalutage sur les tronçons n'impacte pas les résultats de bioindicateurs (p -value > 0,05).

IV. Pressions anthropiques (hors chalutage)

Toutes les 13 pressions estimées sur les tronçons sont faibles (catégorie « low ») en comparaison à la Méditerranée Française.

Le tableau des scores moyens de toutes les pressions en fonction des tronçons est disponible en ANNEXE 8. Aucune pression ne dépasse le score de 0,5 mis à part le score des pressions cumulées (Figure 36) pour six tronçons situés :

- dans le Golfe d'Ajaccio : « PIAF_40 » (0,88), « PIAF_41 » (0,73), « PIAF_43 » (0,87) et « PIAF_44 » (0,83).
- au large de Propriano : « PIAF_52 » (0,62) et « PIAF_53 » (0,66).

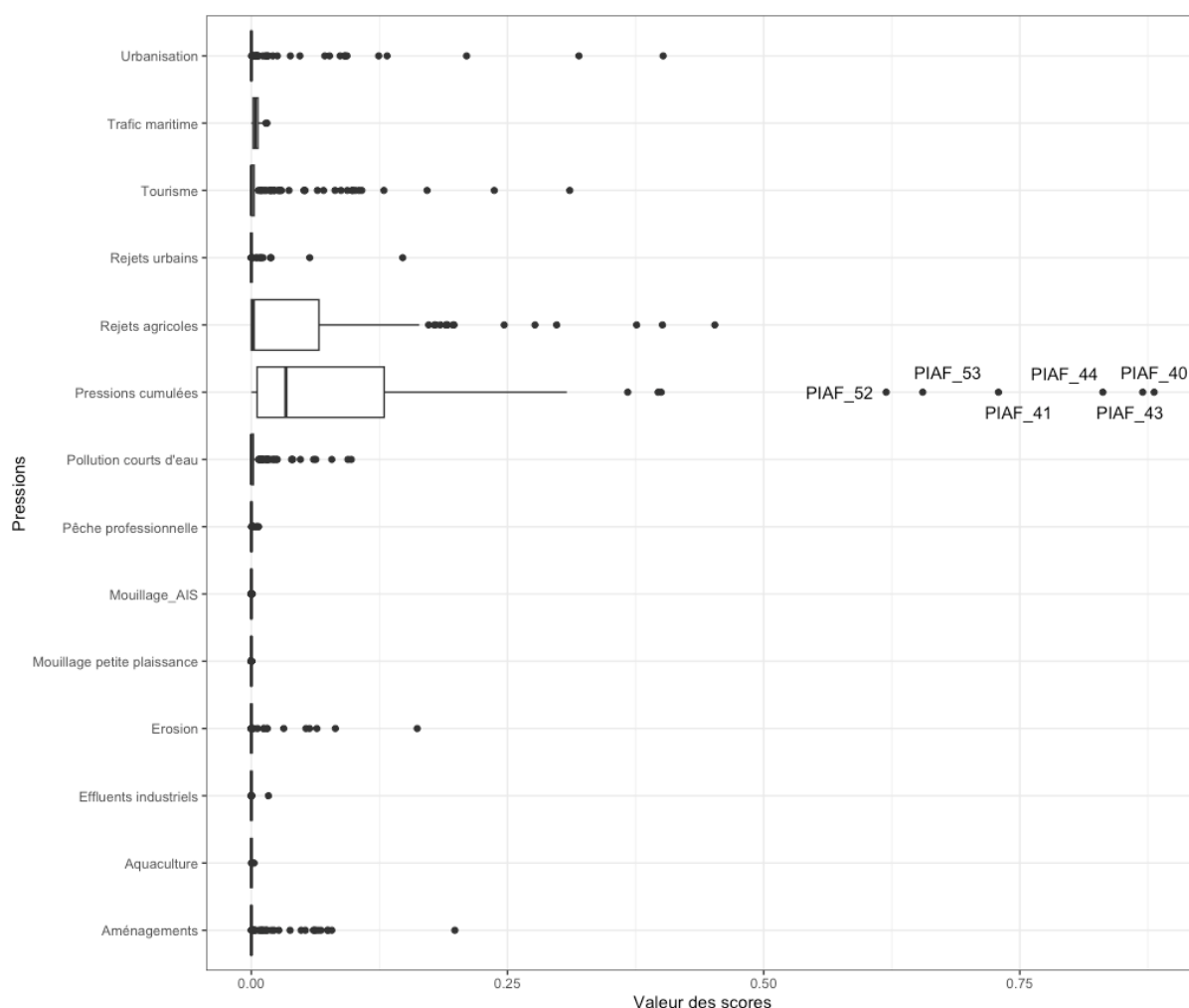


Figure 36 : Boxplots des valeurs de scores par pression et pour les pressions cumulées.

Il n'y a pas d'effet statistiquement observé des pressions cumulées sur les indices de biodiversité ($p > 0,05$).

V. Éléments remarquables

VI.A. Arènes de reproductions de picarels (*Spicara smaris*)

Des nids de picarels (*Spicara smaris*) ont été observés grâce aux caméras du traineau d'échantillonnage à l'ouest (de Macinaggio à Solenzara) et à l'entrée de la baie de Porto-Vecchio en mai 2023 ; tous les nids étaient vides c'est-à-dire que la période de reproduction était passée. Ces colonies de reproduction, véritables écosystèmes éphémères, ont été décrites par Deter *et al.*, 2024, le long de la côte est de la Corse grâce aux transects ADN effectués dans le cadre du projet ANGE en 2021 (Figure 38). En mai 2021, 15 colonies de reproduction (dont trois en activité) avaient été découvertes sur la côte orientale.

A ces observations s'ajoute la colonie de reproduction inactive identifiée par la STARESO lors du programme ARENA le 27/05/2024 entre -40 et -45 m de profondeur au large de Calvi (Marengo, comm. pers.). Tous les sites de colonie de reproduction de picarels sont synthétisés sur la Figure 37.

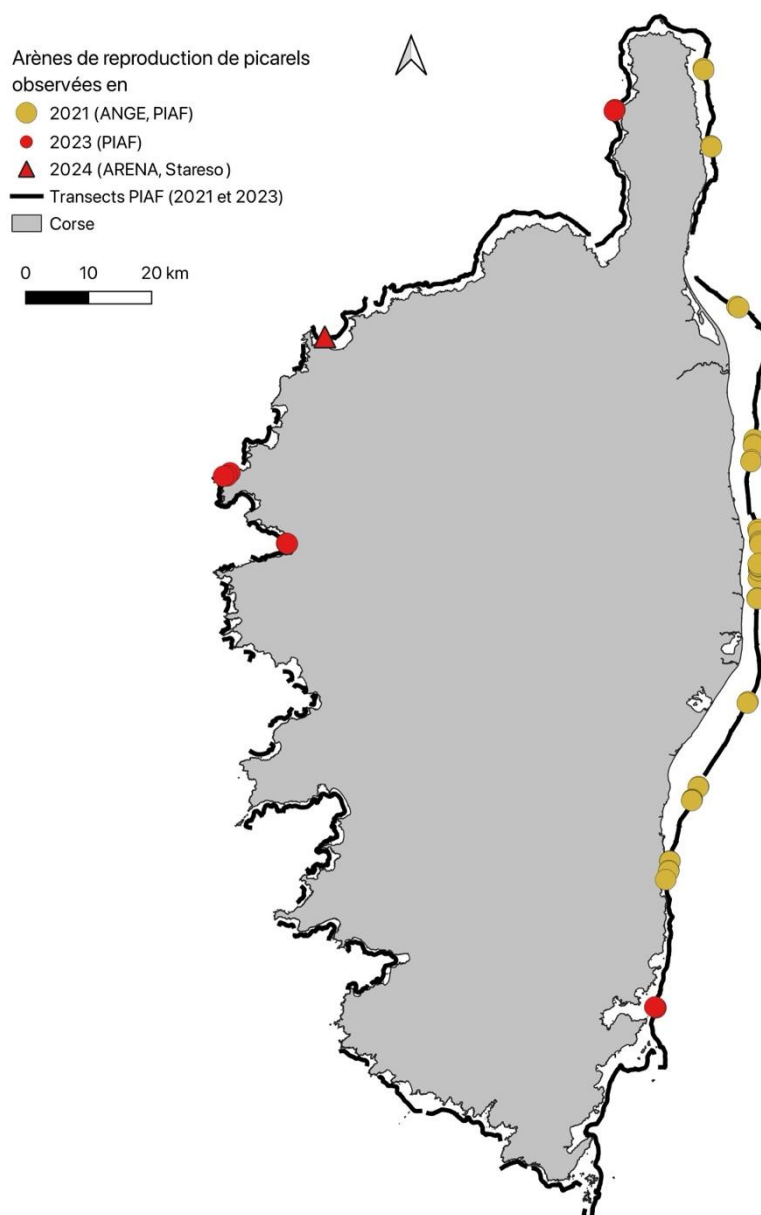


Figure 37 : Nids de picarels (*Spicara smaris*) observés sur les tronçons d'ADN environnemental des projets ANGE et PIAF (rond) en 2021 (en jaune) et en 2023 (en rouge) et lors du projet ARENA en 2024 (triangle rouge).

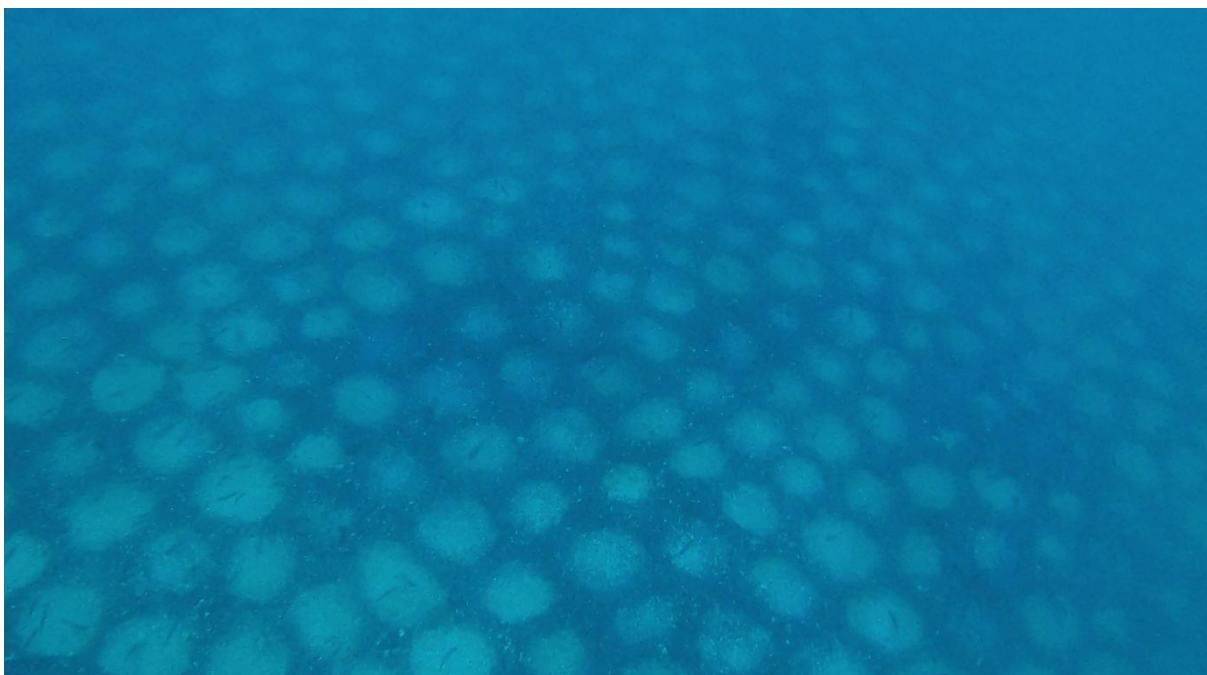


Figure 38 : Illustration des nids de picarels observés par caméras tractées lors des échantillonnage d'ADN environnemental pour les projet ANGE (2021) et PIAF (2023).

VI.B. Grand dauphin (*Tursiops truncatus*)

Lors de l'échantillonnage sur le tronçon « PIAF_68 » au large de Santa Manza, **un groupe de 5 à 8 grands dauphins** (*Tursiops truncatus*) a accompagné le traineau pendant une vingtaine de minutes. La caméra avant a capturé leur passage (Figure 39). Cette observation confirme l'absence de dérangement de la faune par notre dispositif.



Figure 39 : Captures vidéo des passages des grands dauphins (*Tursiops truncatus*) lors de l'échantillonnage du tronçon "PIAF_68"

Cette espèce n'est pas dans la liste d'espèces détectées par ADNe car le marqueur Teleo utilisé dans cette étude ne permet pas le séquençage des mammifères marins. Le marqueur adéquat pourrait être utilisé sur les échantillons ADNe de ce projet lors de la thèse de Nadia Faure (2024-2027).

DISCUSSION ET CONCLUSION

Par ce projet, nous avons montré notre **capacité à échantillonner les fonds meubles sur de grandes distances** (tout le pourtour de la Corse, soit 537 km), en profondeur (35 m en moyenne) et en un temps relativement court (6 jours en 2021 et 11 jours en 2023, soit 17 jours au total). C'est le premier inventaire des poissons de fonds meubles par ADN environnemental et sur une telle surface.

Les inventaires réalisés à partir d'ADN environnemental en 2021 et 2023 indiquent que les fonds meubles de la Corse abritent **une grande diversité d'espèces** de poissons cartilagineux et osseux : **138 espèces de 105 genres différents**. L'ADNe permet de confirmer la présence de nombreuses espèces crypto-benthiques mais aussi d'espèces rares ou des profondeurs comme l'ange de mer commun (*Squatina squatina*), l'anguille élancée (*Nemichthys scolopaceus*) ou encore le mérrou blanc (*Epinephelus aeneus*).

La majorité des bioindicateurs calculés montre des **valeurs plus fortes dans les zones protégées de la pêche (zones de non-prélèvement)**. Dans les AMP sans restriction de prélèvement, il y a significativement **moins de richesse spécifique (R), de diversité fonctionnelle (FD), de diversité phylogénétique (PD), de grands poissons (LFI), et même d'espèces d'intérêt commercial que dans les zones sans protection aucune**.

Des espèces rares et avec un haut statut de protection UICN sur la liste rouge des espèces menacées ont été détectées comme l'ange de mer commun (*Squatina squatina*, en danger critique d'extinction), la raie vachette (*Aetomylaeus bovinus*, en danger critique d'extinction), la raie blanche (*Rostroraja alba*, en danger) ou encore la raie aigle (*Myliobatis aquila*, vulnérable) confirmant l'importance des îles, et notamment de la Corse, comme zone refuge pour les élassomobranches et les espèces de poissons menacées (Pichot et al., 2024). Une capsule de raie blanche prouvant la reproduction de cette espèce dans la zone du PNMCCA vient d'ailleurs d'être trouvée (22 janvier 2025, Cancemi, Comm. Pers.) sur la plage de Macinaggio. L'indicateur RedList indique que les espèces avec un **haut statut de conservation sont plus présentes en zones de non-prélèvement** que dans les autres zones. Pour ces espèces menacées, la **côte Est de la Corse semble particulièrement importante**. Toutefois, alors que la présence de l'ange de mer commun en Corse sur la côte est et dans le PNMCCA a déjà été confirmée (Faure et al., 2023 & Bousquet et al., 2024), l'analyse des échantillons du projet PIAF avec un marqueur spécifique à *Squatina sp.* (Faure et al., 2023) apporte une nouvelle zone de présence de l'espèce *S. squatina* au sud-ouest de la Corse dans le **golfe de Valinco** (Barroil et al., 2024).

L'évolution des bioindicateurs en fonction des niveaux de protection ne suit pas les résultats de Dalongeville et al. (2022) qui montraient un indicateur DP_B_ratio plus important dans les zones protégées que dans les zones sans restriction et une richesse spécifique (indicateur R) moins importante dans les zones de non-prélèvement. Or, cette présente étude indique **plus de diversité spécifique dans les zones de non-prélèvement et aucune différence significative pour l'indicateur DP_B_ratio entre les différents niveaux de protection**. Cela peut s'expliquer par la différence de méthode d'échantillonnage entre les deux études. Dalongeville et al., 2022 ont calculé les bioindicateurs à partir de filtrations faites en surface et non pas au plus proche du substrat autour de -40 m comme cela a été fait pour PIAF, en suivant un protocole de filtration plus ou moins distant des réserves (zones de non-prélèvement).

Bien que la **richesse spécifique et d'autres indicateurs** (FD, LFI, crypto, PD, commercial) montrent des **valeurs plus fortes à l'ouest qu'à l'est**, il est important de noter que de **nombreuses espèces à haut statut de conservation ont été recensées à l'est et que l'indicateur de fort intérêt commercial y montre même des valeurs plus fortes qu'à l'ouest**. La plaine orientale, avec pour principaux habitats, l'herbier de posidonie et le sable détritique (y compris des lits de rhodolithes en cours de cartographie, voir projet CAREMaërl), abritent des écosystèmes essentiels au cycle de vie de nombreuses espèces.

Une **quinzaine d'arènes de picarels** ont été recensées depuis 2021 à l'est de la Corse entre le Cap Corse et Porto-Vecchio (ANDROME OCEANOLOGIE, 2023; Deter et al., 2024). Des **espèces menacées d'extinctions** sont attirées par cette activité et viennent s'y nourrir.

Les données environnementales enregistrées par la sonde en 2023 indiquent de **légères variations entre les tronçons** et donc les zones géographiques autour de la Corse. Les événements météorologiques ont également un impact sur les variables environnementales, notamment sur la température. Il n'y a **pas d'influence de ces variables environnementales sur les bio indicateurs à l'échelle de temps à laquelle nous avons travaillé**.

Cette étude montre également que l'utilisation de **modèles basés sur les données satellite pour des données physico-chimique dans la colonne d'eau n'est en rien comparable à des données enregistrées *in situ* par une sonde CTD**.

Le calcul des scores des pressions anthropiques à partir des données projet [IMPACT](#) montre un **niveau de pression faible sur les milieux échantillonnés**. Les seuls tronçons qui ressortent avec un score de pressions cumulées supérieur à 0,5 sont localisés dans le golfe d'Ajaccio et de Valinco. Ces plus forts scores de pressions cumulées n'ont pas d'effet significatif sur les indices de biodiversité. L'indicateur SOS permettant d'analyser la sensibilité du milieu au chalutage indique également une faible pression en Corse. Un seul tronçon à l'ouest de l'île à un score SOS moyen, l'essentiel de l'effort de pêche se trouvant à l'est de l'île là où exercent encore les derniers chalutiers. Cependant il est important de rappeler que cet effort reste assez faible proche de la côte et représente d'assez faibles impacts : **30 tronçons sont dans un milieu impacté par le chalutage**. Aucun effet de la pression de chalutage n'est statistiquement détecté sur les indices de biodiversité.

Il est toutefois à noter que l'échantillonnage vidéo pour le calcul des indicateurs SOS n'est pas le plus adéquat. En effet, la méthode d'échantillonnage de cette étude ne permet pas d'avoir une assez bonne visibilité pour recenser au mieux les espèces benthiques. Seulement 4 espèces sentinelles ont été sélectionnées alors qu'une liste de 10 espèces minimum serait plus robuste pour le calcul de cet indicateur.

Au-delà des indicateurs SOS, les vidéos ont été utiles pour s'assurer du milieu dans lequel les filtrations avaient été réalisées. De plus, elles ont permis d'observer des comportements remarquables de certaines espèces non recherchées par ADNe comme le grand dauphin (*Tursiops truncatus*) et d'inventorier les zones de nidifications des picarels (*Spicara smaris*) qui offrent de remarquables écosystèmes éphémères, attirant de nombreux prédateurs (ANDROME OCEANOLOGIE, 2023; Deter et al., 2024).

Il sera intéressant de comparer les résultats de cette étude avec ceux du [projet IPOCOM](#) (Inventaire des poissons osseux et cartilagineux en Méditerranée continentale) qui a utilisé la même méthode d'échantillonnage le long de la côte continentale française de l'Italie à l'Espagne au printemps 2024. Les mêmes bioindicateurs seront calculés fin 2025 pour une analyse synthétique globale des données des deux projets attendue dès 2026. Une valorisation scientifique des résultats à travers des articles dans des journaux à comité de relecture est prévue.

WEBOGRAPHIE

Andromède-océanologie (2025) DONIA EXPERT, Cartographie détaillée des habitats marins.
https://medtrix.fr/portfolio_page/donia-expert/. Consulté le 20/01/2025.

Andromède-océanologie (2025) IMPACT, suivi des pressions anthropiques côtières en Méditerranée Française. Disponible sur https://medtrix.fr/portfolio_page/impact/. Consulté le 20/01/2025.

Andromède-océanologie (2025) PISCIS, réseau de surveillance par le suivi des assemblages ichthyologiques. Disponible sur https://medtrix.fr/portfolio_page/piscis/. Consulté le 20/01/2025.

Andromède-océanologie (2025) Plateforme MEDTRIX : <https://plateforme.medtrix.fr/> ; <https://medtrix.fr/>

Andromède-océanologie (2025) SURFSTAT, Réseau d'analyse surfacique des habitats marins.
Disponible sur https://medtrix.fr/portfolio_page/surfstat/. Consulté le 20/01/2025.

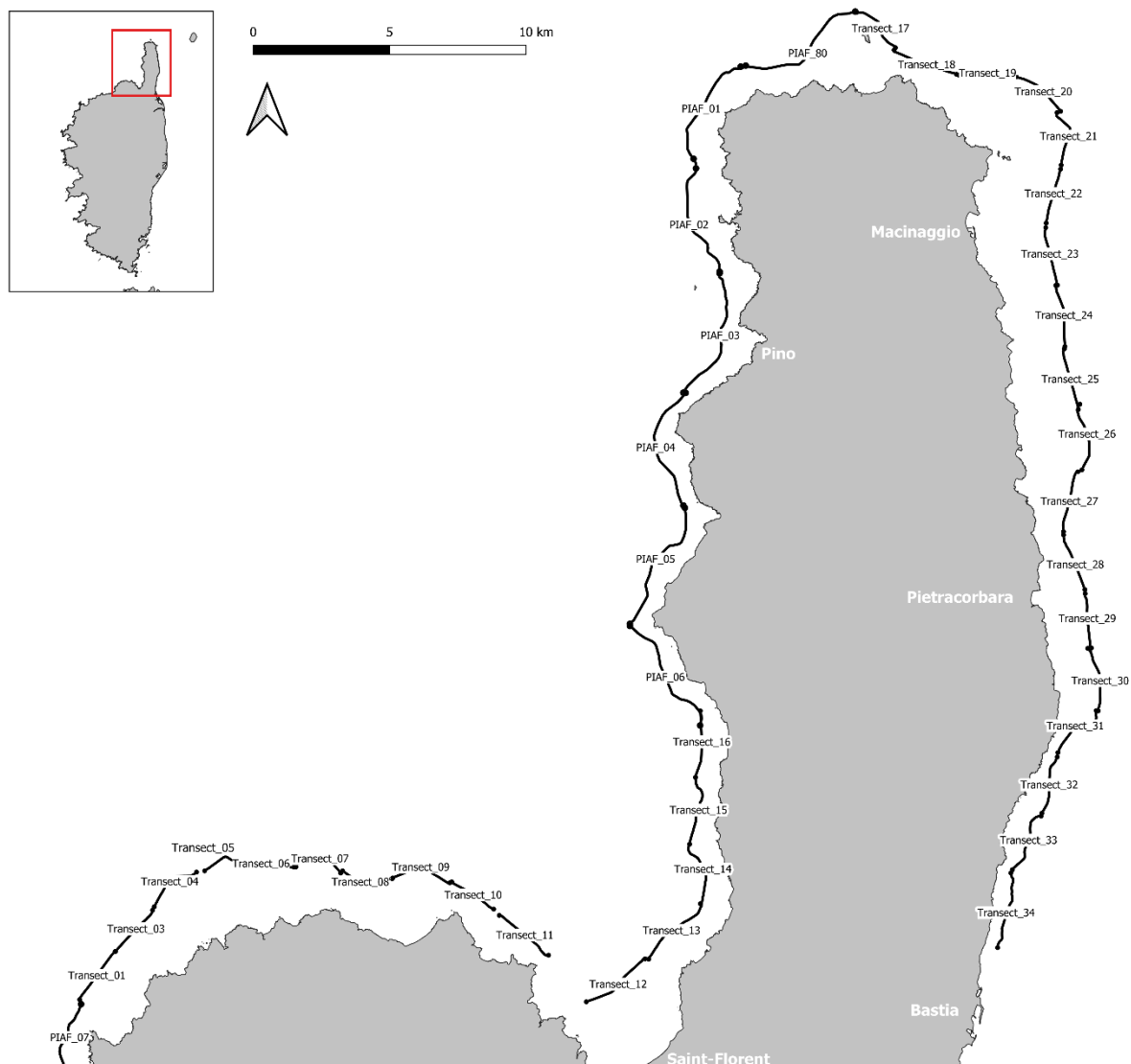
BIBLIOGRAPHIE

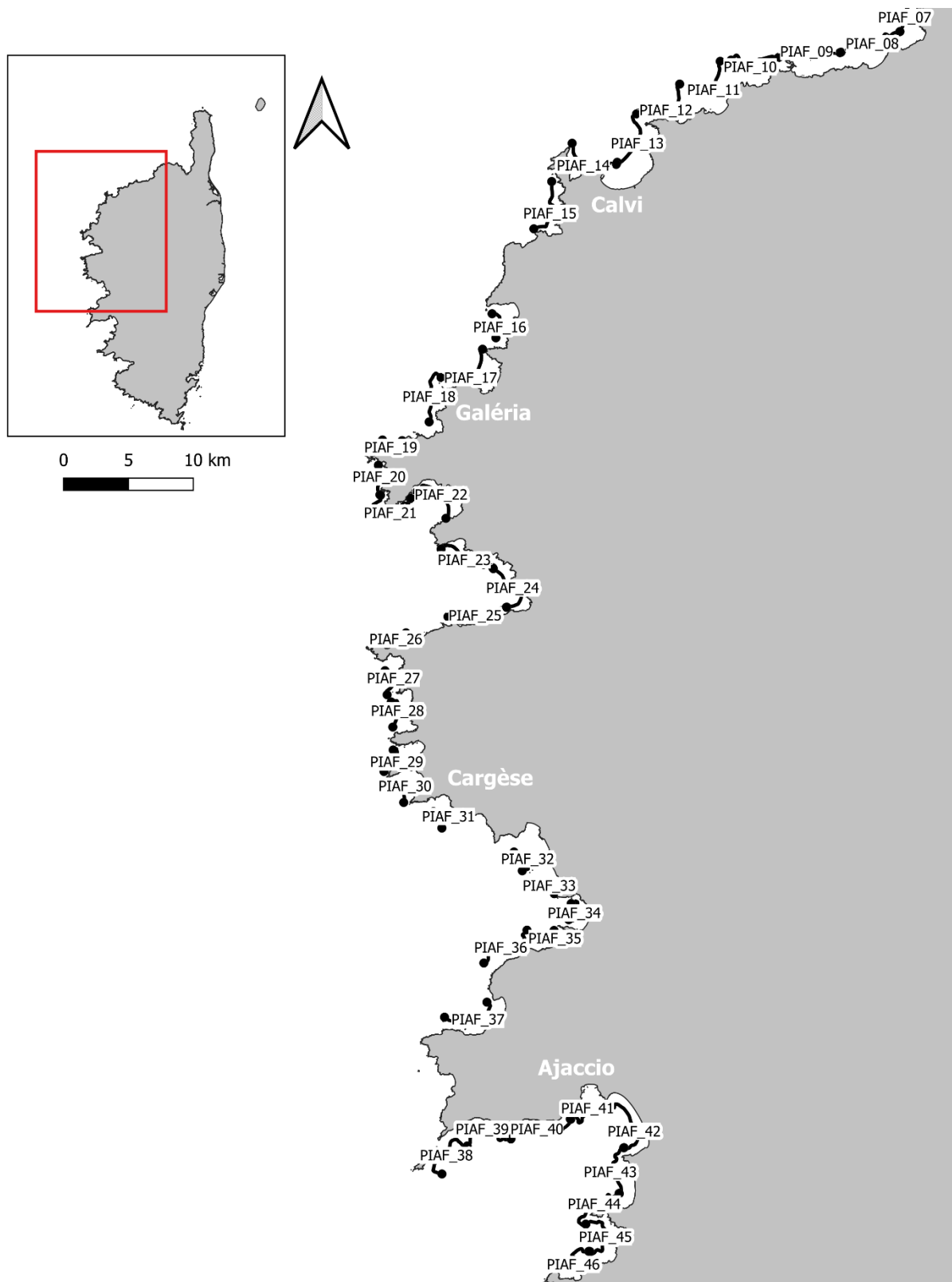
- ANDROME OCEANOLOGIE (2023) Projet SPICARA CIRCUS Rôle écologiques des frayères à Spicara sp avec la qualité des habitats marins côtiers. Rapport final., 91.
- Barroil, A., Auguet, J.-C., Arnal, V., Blandin, A., Bockel, T., Delaruelle, G., et al. (2024) ANGE : Connaitre et faire connaitre le dernier refuge (Corse) de l'Ange de mer commun (*Squatina squatina*) en France. Rapport final. Financement Agence de l'eau Rhône méditerranée, Corse, Office Français de la Biodiversité, Parc Naturel Marin du Cap Corse et de l'Agriate, Fondation Prince Albert 2., 189.
- Bockel, T., Holon, F. & Deter, J. (2021) IMPACT 2021: Map of anthropogenic pressures in French mediterranean coastal waterbodies. SEANOE. <https://www.seanoe.org/data/00870/98195/> [accessed 23 September 2024].
- Boulanger, E., Loiseau, N., Valentini, A., Arnal, V., Boissery, P., Dejean, T., et al. (2021) Environmental DNA metabarcoding reveals and unpacks a biodiversity conservation paradox in Mediterranean marine reserves. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 288, 20210112. Royal Society.
- Coll, M., Piroddi, C., Albouy, C., Ben Rais Lasram, F., Cheung, W.W.L., Christensen, V., et al. (2012) The Mediterranean Sea under siege: spatial overlap between marine biodiversity, cumulative threats and marine reserves. *Global Ecology and Biogeography*, 21, 465–480.
- Cuyvers, D. & Vaz, S. (2023) Seabed sensitivity to bottom trawling in the French Mediterranean. Application of ICES WGFBIT assessment framework.
- Dalongeville, A., Boulanger, E., Marques, V., Charbonnel, E., Hartmann, V., Santoni, M.C., et al. (2021) Benchmarking eleven biodiversity indicators based on environmental DNA surveys: More diverse functional traits and evolutionary lineages inside marine reserves. *Journal of Applied Ecology*, n/a.
- Deter, J., Agel, N., Bockel, T., Boude, T., Dalongeville, A., Dejean, T., et al. (2023) eREF : État de référence de la biodiversité en vertébrés dans les masses d'eaux côtières méditerranéennes à partir de l'ADN environnemental.
- Deter, J., Ballesta, L., Barroil, A., Marre, G., Faure, N., Riutort, J.-J., et al. (2024) Gigantic breeding colonies of a marine fish in the Mediterranean. *Current Biology*, 34, R852–R853.
- Deter, J., Lozupone, X., Inacio, A., Boissery, P. & Holon, F. (2017) Boat anchoring pressure on coastal seabed: Quantification and bias estimation using AIS data. *Marine Pollution Bulletin*, 123, 175–181.
- Faure, N., Manel, S., Macé, B., Arnal, V., Guellati, N., Holon, F., et al. (2023) An environmental DNA assay for the detection of Critically Endangered angel sharks (*Squatina* spp.). *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 33, 1088–1097.
- Ferrà, C., Tassetti, A.N., Grati, F., Pellini, G., Polidori, P., Scarcella, G. & Fabi, G. (2018) Mapping change in bottom trawling activity in the Mediterranean Sea through AIS data. *Marine Policy*, 94, 275–281.
- Giraud, C., Boissery, P., Dalongeville, A., Dejean, T., Deter, J., Lacoëuilhe, A. & Mouillot, D. (2024) Guide d'utilisation de l'ADN environnemental en milieu marin. Connaître, comprendre et utiliser l'ADNe pour préserver la biodiversité marine.
- González-Irusta, J.M., De La Torriente, A., Punzón, A., Blanco, M. & Serrano, A. (2018) Determining and mapping species sensitivity to trawling impacts: the Benthos Sensitivity Index to Trawling Operations (BESITO). *ICES Journal of Marine Science*, 75, 1710–1721.
- Gordon, C., Hood, A., Al Mabruk, S., Barker, J., Bartolí, A., Ben Abdelhamid, S., et al. (2019) Mediterranean Angel Sharks: Regional Action Plan. The Shark Trust.

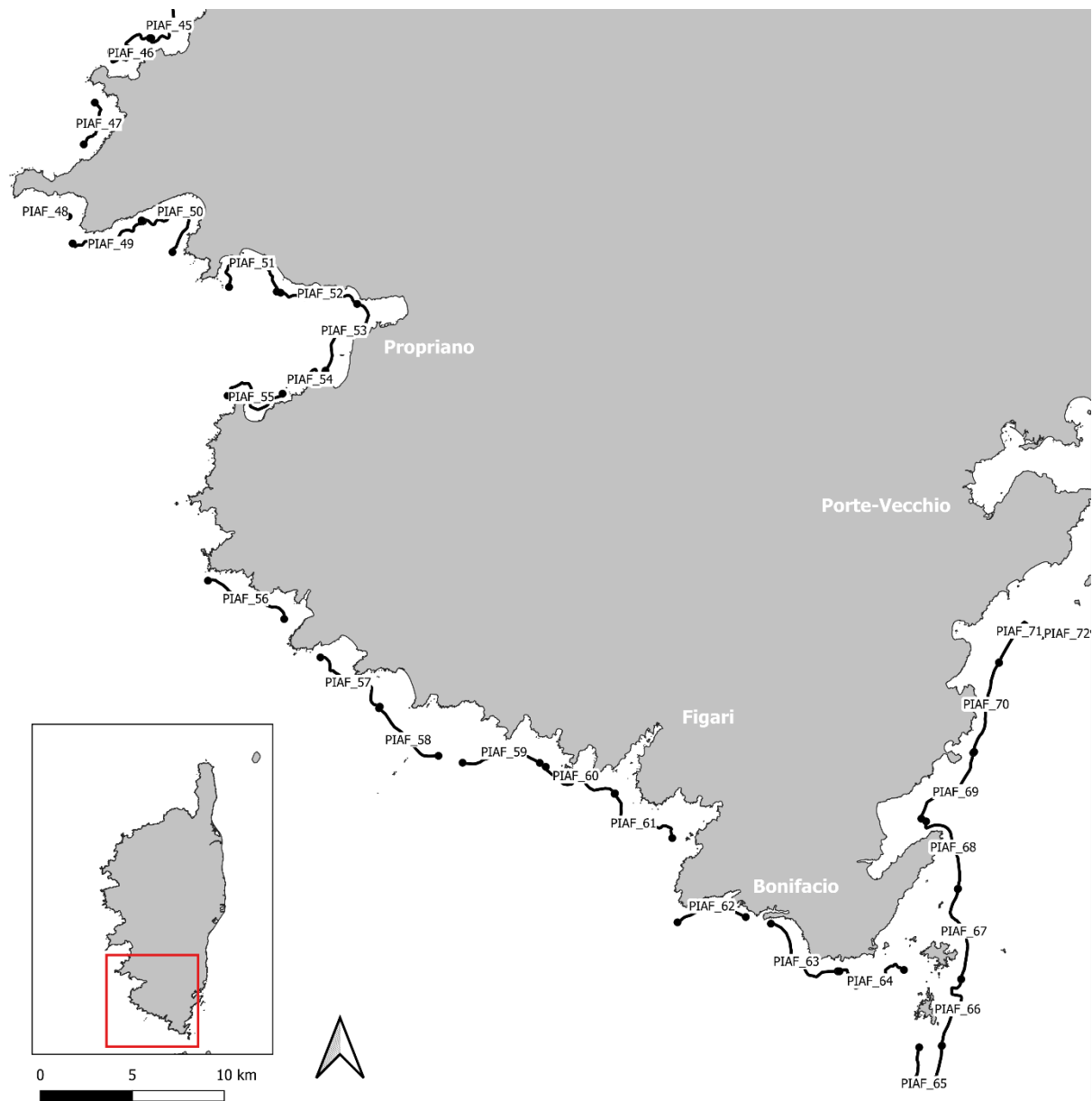
- Gorud-Colvert, K., Sullivan-Stack, J., Roberts, C., Constant, V., Horta E Costa, B., Pike, E.P., et al. (2021) The MPA Guide: A framework to achieve global goals for the ocean. *Science*, 373. American Association for the Advancement of Science (AAAS).
- Holland, M.M. & Risser, P.G. (1991) The Role of Landscape Boundaries in the Management and Restoration of Changing Environments: Introduction. In *Ecotones: The Role of Landscape Boundaries in the Management and Restoration of Changing Environments* (eds M.M. Holland, P.G. Risser & R.J. Naiman), pp. 1–7. Springer US, Boston, MA.
- Holon, F., Boissery, P., Guilbert, A., Freschet, E. & Deter, J. (2015) The impact of 85 years of coastal development on shallow seagrass beds (*Posidonia oceanica* L. (Delile)) in South Eastern France: A slow but steady loss without recovery. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 165, 204–212.
- Houngnandan, F., Kéfi, S. & Deter, J. (2020) Identifying key-conservation areas for *Posidonia oceanica* seagrass beds. *Biological Conservation*, 247, 108546.
- ICES (2023) Working Group on Fisheries Benthic Impact and Trade-offs (WGFBIT; outputs from 2022 meeting). report, ICES Scientific Reports.
- Jac, C. (2020) Intégrité des habitats benthiques du plateau continental face aux perturbations physiques naturelles et aux arts trainants : quelles méthodes d’observations ? Comment suivre le retour vers un bon état écologique ? phdthesis, Université Montpellier.
- Jac, C., Desroy, N., Certain, G., Foveau, A., Labrune, C. & Vaz, S. (2020) Detecting adverse effect on seabed integrity. Part 1: Generic sensitivity indices to measure the effect of trawling on benthic mega-epifauna. *Ecological Indicators*, 117, 106631.
- Jac, C., Desroy, N., Duchêne, J.-C., Foveau, A., Labrune, C., Lescure, L. & Vaz, S. (2021) Assessing the impact of trawling on benthic megafauna: comparative study of video surveys vs. scientific trawling. *ICES Journal of Marine Science*, 78, 1636–1649.
- Labrune, C., Gauthier, O., Conde, A., Grall, J., Blomqvist, M., Bernard, G., et al. (2021) A General-Purpose Biotic Index to Measure Changes in Benthic Habitat Quality across Several Pressure Gradients. *Journal of Marine Science and Engineering*, 9, 654. Multidisciplinary Digital Publishing Institute.
- Martín, J., Puig, P., Palanques, A. & Giamportone, A. (2014) Commercial bottom trawling as a driver of sediment dynamics and deep seascape evolution in the Anthropocene. *Anthropocene*, 7, 1–15.
- Pichot, F., Mouillot, D., Juhel, J.-B., Dalongeville, A., Adam, O., Arnal, V., et al. (2024) Mediterranean Islands as Refugia for Elasmobranch and Threatened Fishes. *Diversity and Distributions*, n/a, e13937.
- Risser, P.G. (1995) The Status of the Science Examining Ecotones: A dynamic aspect of landscape is the area of steep gradients between more homogeneous vegetation associations. *BioScience*, 45, 318–325.
- Serrano, A., de la Torriente, A., Punzón, A., Blanco, M., Bellas, J., Durán-Muñoz, P., et al. (2022) Sentinels of Seabed (SoS) indicator: Assessing benthic habitats condition using typical and sensitive species. *Ecological Indicators*, 140, 108979.
- Thrush, S.F. & Dayton, P.K. (2002) Disturbance to Marine Benthic Habitats by Trawling and Dredging: Implications for Marine Biodiversity. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 33, 449–473.
- Valentini, A., Taberlet, P., Miaud, C., Civade, R., Herder, J., Thomsen, P.F., et al. (2016) Next-generation monitoring of aquatic biodiversity using environmental DNA metabarcoding. *Molecular Ecology*, 25, 929–942.
- Veale, L.O., Hill, A.S., Hawkins, S.J. & Brand, A.R. (2000) Effects of long-term physical disturbance by commercial scallop fishing on subtidal epifaunal assemblages and habitats. *Marine Biology*, 137, 325–337.
- Zenetos, A. (2022) Benthic indicators to use in Ecological Quality classification of Mediterranean soft bottom marine ecosystems, including a new Biotic Index | Mediterranean Marine Science. <https://ejournals.epublishing.ekt.gr/index.php/hcmr-med-mar-sc/article/view/12221> [accessed 7 December 2023].

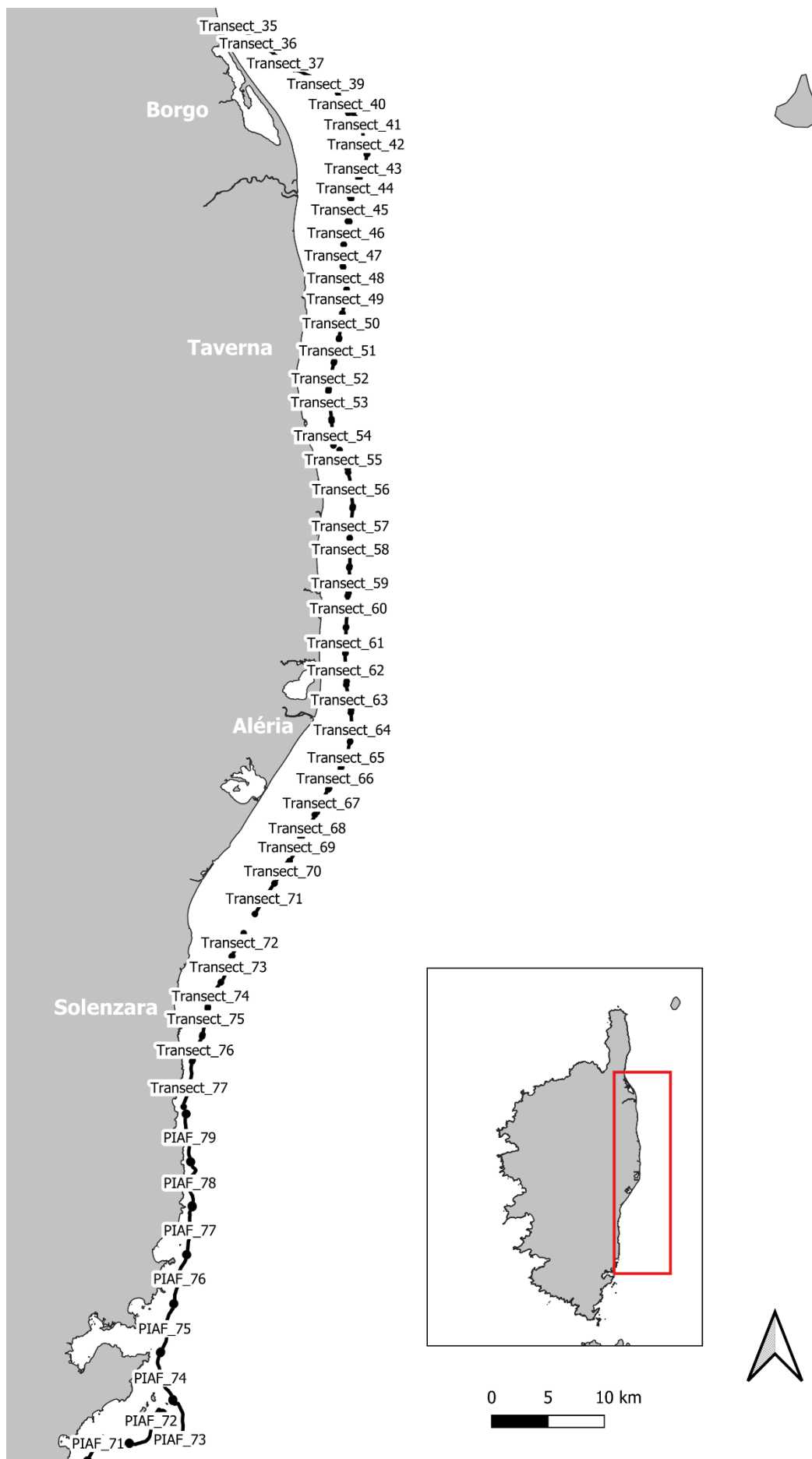
ANNEXES

ANNEXE 1 : Cartes des tronçons numérotés. Les tronçons notés « Transect_XX » ont été réalisés en 2021 (ANGE) et les tronçons notés « PIAF_XX » ont été réalisés en 2023 (PIAF).









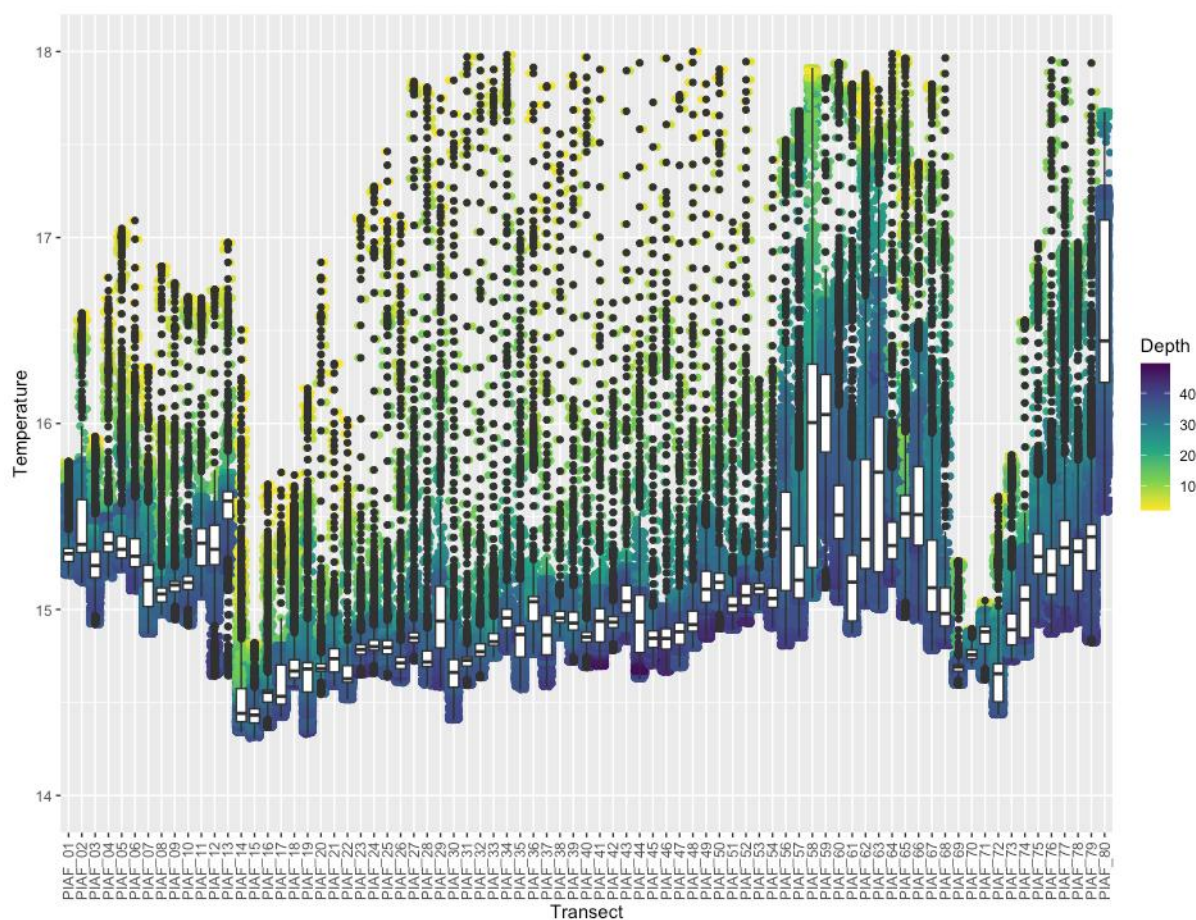
ANNEXE 2 : Tableau expliquant les assignations des scores BESITO aux espèces en fonction de leurs traits de vie (González-Iusta et al., 2018)

Table 1. Explanation of the biological traits and the scores assigned.

		Score 1	Score 2	Score 3	Score 4
Size	Big organisms are more easily affected by trawling than the smaller ones, which can escape through the net having less probabilities of being affected	Small (<2 cm)	Medium (2–10 cm)	Medium large (10–50 cm)	Large (>50 cm)
Longevity	Long-life organisms have a lower recovery capacity and usually need more time to reach sexual maturity	<5 years	5–10 years	10–50 years	>50 years
Motility	Mobile species are more able to escape from trawling and can colonize trawling grounds by migration	Swimmer	Crawl	Burrow/Crevice/ Occasional crawl	Sessile
Attachment	Species with a permanent attachment cannot survive if they are decoupled, whereas species with a temporal attachment have a chance	No sessile	–	Temporary	Permanent
Benthic position	Exposition to trawling disturbance is highly influenced by benthic position. Burrowing species are less exposed than emergent ones	Burrowing	–	Surface	Emergent (>20 cm)
Flexibility	Sessile species with a high flexibility are less sensitive to trawling than species with low flexibility.	High (>45°) or no sessile	–	Low (10–45°)	None (<10°)
Fragility	Species with a very strong shell (e.g. some mollusca species) are less sensitive to physical impacts than species with a very fragile shell (e.g. <i>Echinus melo</i>), which can suffer mortal damage with a higher probability	Hardshell, vermiform	Strong	No protection	Fragile shell
Feeding habit	Scavengers or opportunistic scavenger can prey on dead and injured individuals after trawling, whereas filter animals usually are negative affected by trawling (siltation)	Scavenger	Predators, Omnivores	Deposit-feeders	Filter-feeders

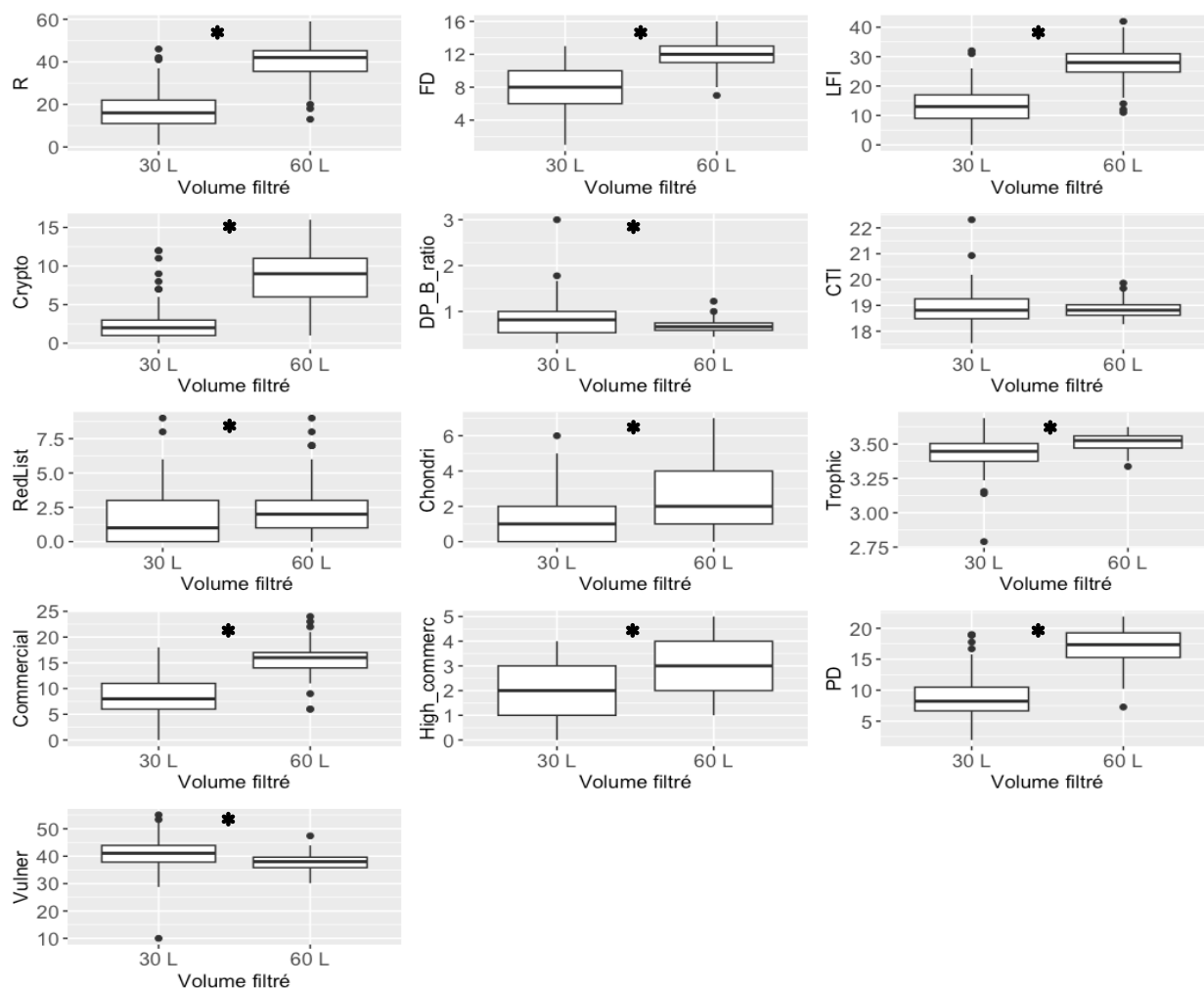
ANNEXE 3 : Exemple de données de températures en fonction de la profondeur sans filtration des données

Boxplot de la température en fonction des tronçons. Sur cette figure y sont représentés en premier plan les box plot avec les outliers (point noirs) et en second plan les températures enregistrées en fonction de la profondeur d'échantillonnage. Plus les points sont clairs, plus la température a été enregistrée proche de la surface.



ANNEXE 4 : Influence du volume filtré par tronçons sur les bioindicateurs :

Il y a un biais d'échantillonnage en fonction du volume filtré. En effet parmi les 14 bioindicateurs, seul l'indicateur thermique (CTI) n'est pas significativement différent en fonction du volume filtré (Test de Kruskal Wallis $> 0,05$). L'indicateur Exo n'est pas représenté car aucune espèce exotique n'a été détectée.



ANNEXE 5 : Bioindicateurs par tronçons sans correction du biais d'échantillonnage « PIAF_XX » réalisés en 2023 et « Transect_XX » en 2021.

Tronçons	R	FD	LFI	Crypto	DP_B_ratio	CTI	Exo	RedList	Chondri	Trophic	Commercial	High_comm	PD	Vulner
PIAF_01	29	13	22	5	1	19,138657	0	2	1	3,5265517	14	3	14,658463	38,453793
PIAF_02	40	12	30	7	0,7083333	19,13016	0	2	2	3,5775	17	3	15,387717	41,368
PIAF_03	38	12	29	6	0,95	19,14571	0	1	1	3,5765789	17	4	16,516834	41,030789
PIAF_04	39	11	26	8	0,6666667	18,872291	0	1	0	3,4933333	16	4	17,605185	37,305897
PIAF_05	42	12	29	9	0,7916667	18,876437	0	2	2	3,4857143	18	3	17,919072	38,098571
PIAF_06	51	12	34	10	0,5294118	18,622042	0	4	4	3,5088235	20	5	21,010662	38,816471
PIAF_07	44	12	32	7	0,8	18,937191	0	4	4	3,5675	17	5	18,526606	40,902727
PIAF_08	39	14	25	10	0,5384615	18,492889	0	1	2	3,4646154	16	3	17,103881	36,734103
PIAF_09	59	15	40	13	0,6216216	18,99307	0	2	3	3,5257627	21	5	21,887423	37,024068
PIAF_10	42	10	30	8	0,4827586	18,938592	0	2	1	3,5538095	16	3	17,47827	38,92
PIAF_11	55	16	36	16	0,6470588	18,776102	0	1	3	3,4685455	19	2	20,11351	36,37
PIAF_12	40	15	27	8	0,7083333	18,62828	0	1	2	3,47875	14	2	16,403513	35,36275
PIAF_13	48	12	32	13	0,5806452	18,819735	0	2	2	3,5166667	17	2	18,43981	35,837708
PIAF_14	56	13	37	15	0,5	18,606446	0	0	1	3,4846428	24	4	21,756133	36,229107
PIAF_15	43	13	29	11	0,5714286	18,779847	0	2	3	3,5313953	15	2	19,117556	36,90093
PIAF_16	9	5	4	5	0,6666667	17,859399	0	0	0	3,3377778	3	0	6,1505532	28,757778
PIAF_17	28	11	18	7	0,6111111	18,485245	0	0	0	3,4710714	11	2	14,925412	34,433929
PIAF_18	54	13	35	14	0,6666667	18,750579	0	7	4	3,54	16	2	20,760748	37,206852
PIAF_19	10	6	6	4	0,8333333	19,126536	0	0	0	3,483	5	1	6,9839862	30,281
PIAF_20	22	9	15	3	1,3	18,532844	0	1	1	3,3813637	12	1	11,564287	35,32
PIAF_21	37	12	21	9	0,7272727	18,340098	0	0	0	3,4362162	14	3	17,35754	33,761892
PIAF_22	43	16	31	9	0,6923077	18,493888	0	4	4	3,5460465	16	2	19,602245	39,688605
PIAF_23	46	15	28	11	0,88	18,803984	0	1	1	3,5406522	17	3	21,592721	36,476304
PIAF_24	43	9	27	11	0,76	18,36097	0	2	3	3,4525581	17	4	18,541894	36,639302
PIAF_25	49	13	27	16	0,5625	18,412778	0	0	1	3,4304082	17	2	20,511489	32,231224
PIAF_26	27	9	21	3	1	18,954369	0	1	0	3,5722222	9	2	14,465436	40,690741
PIAF_27	37	11	23	11	0,5833333	18,803268	0	2	2	3,4802703	13	2	15,790752	34,274595
PIAF_28	32	11	20	9	0,65	18,484473	0	1	2	3,4465625	13	2	14,469659	36,747188
PIAF_29	42	11	26	12	0,5925926	18,858055	0	1	1	3,4466666	15	2	18,862703	35,40619
PIAF_30	25	8	15	6	0,7333333	18,751797	0	0	0	3,504	8	1	12,426686	35,01
PIAF_31	34	12	25	7	0,6666667	17,946773	0	1	1	3,4705882	14	2	16,691526	36,314412
PIAF_32	14	8	8	4	0,875	18,281493	0	0	0	3,2364286	7	1	7,2452535	30,028571
PIAF_33	28	12	19	6	1,4166667	18,696633	0	0	2	3,4485714	14	4	13,382354	36,4175
PIAF_34	30	13	23	5	0,9375	18,876582	0	4	2	3,5153333	16	3	13,319658	39,601667
PIAF_35	1	1	0	1	1	19,039324	0	0	0	3,1400001	0	0	2,9688967	10
PIAF_36	45	12	28	10	0,7037037	18,720864	0	1	0	3,4924444	19	3	19,129367	35,674667
PIAF_37	44	13	30	10	0,8	18,642666	0	1	4	3,5195454	16	3	18,908612	38,638636
PIAF_38	45	12	30	11	0,7692308	18,793415	0	2	2	3,536	19	2	19,20374	38,130444
PIAF_39	54	13	35	14	0,6666667	18,348322	0	4	3	3,5288889	23	3	20,806557	37,908704
PIAF_40	18	9	12	4	0,5833333	18,679474	0	0	0	3,4705555	6	2	11,536679	33,762222
PIAF_41	22	8	14	4	0,6428571	18,515657	0	0	0	3,3754545	13	3	12,098626	33,231364
PIAF_42	20	8	17	1	0,6153846	19,362341	0	0	0	3,44	13	3	11,666215	39,04
PIAF_43	45	11	26	14	0,7037037	18,270502	0	1	1	3,42	17	4	21,027654	31,968667
PIAF_44	25	10	16	6	0,7333333	18,887373	0	1	0	3,4316	9	2	14,611637	35,6616
PIAF_45	39	12	28	9	0,6666667	18,480805	0	1	2	3,601282	16	1	15,886515	39,647179
PIAF_46	44	11	26	14	0,6666667	19,002679	0	1	2	3,4870454	15	1	17,391733	34,839091
PIAF_47	17	8	12	3	0,5	20,117342	0	0	1	3,5135294	5	1	10,953162	40,127059
PIAF_48	28	10	19	6	0,9333333	18,846006	0	2	2	3,5917857	11	2	13,361161	37,8375
PIAF_49	43	13	27	10	0,8333333	18,44046	0	1	2	3,4651163	17	3	17,716777	35,395581
PIAF_50	39	11	24	11	0,6	18,721586	0	2	1	3,4751282	14	2	17,413868	35,281538

Tronçons	R	FD	LFI	Crypto	DP_B_ratio	CTI	Exo	RedList	Chondri	Trophic	Commercial	High_comm	PD	Vulner
PIAF_50	39	11	24	11	0,6	18,721586	0	2	1	3,4751282	14	2	17,413868	35,281538
PIAF_51	36	8	23	8	0,85	18,362662	0	3	2	3,515	15	3	16,70703	38,65
PIAF_52	30	10	22	4	0,9375	19,048694	0	0	0	3,4513333	15	3	16,114172	36,909
PIAF_53	39	13	31	4	1,2222222	18,862376	0	2	3	3,5753846	19	4	17,336309	41,773333
PIAF_54	20	7	13	5	0,75	19,464812	0	0	0	3,3545	7	2	10,486107	35,0285
PIAF_55	29	7	19	7	0,5789474	18,467565	0	0	0	3,5348276	12	2	14,138191	35,80931
PIAF_56	46	13	32	10	0,6206897	18,922191	0	3	3	3,6243478	14	1	19,455249	38,977609
PIAF_57	41	11	29	9	0,6153846	18,740672	0	1	3	3,5395122	15	2	17,141885	37,261463
PIAF_58	26	11	22	2	0,6875	19,013479	0	2	3	3,5907692	11	1	10,229738	43,964231
PIAF_59	44	13	32	9	0,6666667	18,756568	0	7	6	3,5568182	17	3	16,086829	42,225455
PIAF_60	56	16	39	13	0,5833333	18,844081	0	9	7	3,5646428	18	4	20,856184	39,941607
PIAF_61	56	15	42	10	0,78125	18,705461	0	3	7	3,6153571	22	5	20,630339	40,570893
PIAF_62	50	12	31	14	0,5	18,921324	0	5	4	3,5414	16	2	18,486501	36,4282
PIAF_63	48	11	39	6	0,75	19,194206	0	6	4	3,5922917	17	3	18,899261	42,224792
PIAF_64	28	11	21	5	0,6111111	19,56735	0	2	3	3,5057143	11	2	11,647301	39,613929
PIAF_65	43	12	29	10	0,6296296	19,26494	0	2	4	3,5039535	17	3	15,335981	38,224884
PIAF_66	33	11	26	5	0,7894737	19,487024	0	3	2	3,5881818	13	3	13,092362	42,468182
PIAF_67	41	12	27	11	0,5	18,657279	0	2	1	3,4058537	14	3	15,542816	32,74122
PIAF_68	34	11	25	6	0,75	18,54901	0	1	0	3,4185294	17	3	15,101992	37,777353
PIAF_69	34	12	25	6	0,6666667	19,555863	0	1	2	3,5402941	15	4	16,090119	35,563529
PIAF_70	37	11	23	11	0,6521739	18,592741	0	0	0	3,337027	15	4	14,746788	30,123243
PIAF_71	37	9	25	10	0,4615385	19,113194	0	1	0	3,4391892	14	3	16,686193	36,826216
PIAF_72	47	15	35	9	0,5	18,871767	0	5	4	3,593617	17	4	20,022824	39,704468
PIAF_73	33	11	26	4	0,7	19,659376	0	3	1	3,5315152	14	2	13,98779	39,011818
PIAF_74	42	16	30	7	0,5925926	19,311359	0	3	4	3,6183333	19	5	15,645784	40,991429
PIAF_75	42	14	29	9	0,6538462	18,843088	0	8	5	3,5221428	15	5	16,775133	42,041667
PIAF_76	32	13	23	6	0,8333333	18,741379	0	6	5	3,600625	11	3	13,536408	41,0875
PIAF_77	13	8	11	1	0,75	19,865185	0	0	0	3,5246154	6	1	7,283265	38,73
PIAF_78	42	11	28	8	0,6538462	19,076235	0	1	2	3,5707143	17	5	20,190019	38,085238
PIAF_79	54	13	38	9	0,4473684	19,050364	0	7	5	3,5512963	20	4	21,902992	39,337593
PIAF_80	37	12	31	4	0,5833333	18,951257	0	5	5	3,5708108	15	2	14,33346	47,418378
Transect_01	3	3	2	0	3	18,777278	0	0	0	3,6766666	2	2	3,5830035	50,306667
Transect_03	17	8	15	1	1	18,749355	0	0	0	3,4823529	9	2	8,1111747	41,791765
Transect_04	26	8	20	4	0,9285714	18,811134	0	1	0	3,5	9	1	11,995508	42,123846
Transect_05	18	9	12	4	0,9	18,738744	0	0	2	3,3905555	8	2	10,11738	41,234444
Transect_06	36	10	25	8	0,5416667	18,726812	0	1	1	3,5552778	15	1	12,859615	39,281389
Transect_07	18	8	15	2	1,1111111	19,404352	0	1	0	3,4111111	7	1	8,5592268	39,405556
Transect_08	17	8	15	0	1,5714286	19,105609	0	0	0	3,4947059	6	1	6,8853721	41,074706
Transect_09	12	5	6	3	1,1666667	17,534846	0	0	0	3,5091667	5	0	9,0368534	35,9775
Transect_10	2	2	2	0	0,5	22,315354	0	0	0	3,375	1	1	3,4483964	41,855
Transect_11	26	10	20	3	0,9285714	19,271434	0	2	2	3,5334615	12	3	12,731728	42,355769
Transect_12	35	12	26	6	0,8	18,861195	0	3	1	3,4274286	15	4	17,770532	38,173714
Transect_13	41	13	32	7	0,5555556	18,598803	0	3	3	3,5456098	18	4	18,971251	40,279024
Transect_14	24	10	20	3	0,9230769	18,64257	0	3	3	3,4558334	11	3	10,233337	41,3025
Transect_15	46	13	31	12	0,7407407	18,865559	0	5	3	3,4308696	17	2	18,954318	36,325435
Transect_16	24	8	18	3	1,7777778	19,766442	0	4	2	3,4920834	13	3	10,245949	39,741667
Transect_17	27	11	22	2	0,8666667	19,290634	0	1	3	3,4996296	12	2	10,119155	42,033704
Transect_18	18	9	17	1	1,1111111	19,152922	0	2	1	3,4144444	10	3	10,141031	42,167222
Transect_19	27	10	23	3	0,8666667	19,405972	0	4	3	3,4603704	11	3	12,979161	44,455556
Transect_20	22	11	20	1	0,9166667	19,813352	0	2	2	3,52	11	2	8,5836849	41,011818
Transect_21	19	11	15	3	0,8181818	18,985094	0	2	2	3,4326316	8	3	10,254545	41,006842
Transect_22	20	9	19	0	0,9090909	18,662339	0	0	1	3,447	11	3	9,4558125	43,9185
Transect_23	19	10	17	1	1,2222222	19,436541	0	1	1	3,4121053	10	3	9,5988969	41,303684
Transect_24	11	6	11	0	1	19,818879	0	0	0	3,1545455	6	3	6,0143739	41,19
Transect_25	14	9	12	1	1,1428571	19,582528	0	0	0	3,3364286	8	3	7,7682965	36,811429

Tronçons	R	FD	LFI	Crypto	DP_B_ratio	CTI	Exo	RedList	Chondri	Trophic	Commercial	High_comm	PD	Vulner
Transect_26	17	8	15	1	1	19,450377	0	0	0	3,3141176	9	3	8,2208465	39,748824
Transect_27	15	8	15	0	1	19,251101	0	9	6	3,6166667	9	3	5,6877112	55,078
Transect_28	6	4	5	0	1,3333333	20,927872	0	1	1	3,455	2	1	3,2690576	53,378333
Transect_29	17	10	12	4	0,5	18,735739	0	3	3	3,4835294	7	3	9,0309067	36,781176
Transect_30	13	7	10	3	0,75	18,496388	0	0	0	3,2915385	8	2	7,4880276	32,536154
Transect_32	11	6	7	1	0,7142857	19,035776	0	0	0	3,3290909	5	1	7,343414	35,222727
Transect_33	8	6	7	1	1,25	19,827176	0	3	1	3,45375	5	2	5,2152748	48,43125
Transect_34	16	8	16	0	1,4285714	19,140008	0	6	4	3,513125	11	3	7,2216555	52,9775
Transect_35	23	9	19	2	0,8461538	19,909068	0	3	1	3,4682609	11	2	9,4707787	40,043913
Transect_36	15	8	14	1	1	19,797676	0	3	3	3,416	9	2	7,1794118	46,882
Transect_37	21	10	17	3	1	18,992487	0	3	1	3,4528571	9	3	11,345111	41,438095
Transect_38	14	8	13	0	1,5	18,603637	0	3	1	3,207143	11	4	8,2931818	44,988571
Transect_39	11	5	9	1	1,4	18,34751	0	0	0	3,4727273	9	2	8,2531485	36,381818
Transect_40	19	9	16	3	0,8181818	18,755608	0	6	3	3,4326316	9	3	8,9057337	44,603684
Transect_41	19	8	14	4	0,5384615	18,605696	0	3	2	3,3968421	8	2	11,289208	37,534737
Transect_42	5	4	5	0	1	20,187456	0	0	0	3,236	4	2	4,3838214	38,088
Transect_43	18	8	14	3	0,5833333	19,329156	0	0	0	3,3605556	7	2	10,899215	37,957222
Transect_44	19	9	14	3	0,6666667	19,050463	0	8	5	3,5310526	7	3	7,8962054	43,582632
Transect_45	14	10	12	1	0,5	18,186549	0	4	3	3,4864286	5	2	8,2101848	45,516429
Transect_46	14	8	12	2	1,1428571	18,083472	0	6	3	3,4421428	6	1	5,3020148	50,335714
Transect_47	13	8	11	2	0,4	18,915171	0	4	3	3,4107692	6	1	6,6657487	43,526923
Transect_48	10	4	8	2	0,5714286	18,168747	0	0	0	3,377	7	2	6,4333278	36,396
Transect_49	16	7	13	3	0,3076923	17,975833	0	0	2	3,344375	8	1	6,9694736	37,93875
Transect_50	16	8	15	1	0,8888889	19,427473	0	2	3	3,560625	10	3	7,654669	44,553125
Transect_51	10	5	9	1	0,5714286	18,371793	0	1	1	3,382	5	1	4,2610812	42,388
Transect_52	13	6	11	2	0,4	18,454531	0	0	0	3,3215385	7	1	7,5517027	37,604615
Transect_53	8	5	8	0	0,5	17,591737	0	0	0	3,45375	6	1	5,0583309	45,8825
Transect_54	17	9	14	3	0,5	17,954546	0	1	1	3,4782353	9	2	9,5698177	39,433529
Transect_55	18	8	17	1	0,3571429	18,757094	0	4	4	3,5261111	8	1	7,2224776	45,449444
Transect_56	14	6	13	1	0,5	18,387099	0	0	0	3,5057142	9	2	6,7743959	43,237857
Transect_57	9	4	8	1	0,4285714	19,287121	0	0	0	3,3733333	5	1	5,4490002	43,25
Transect_58	16	9	12	2	0,3076923	18,181632	0	1	2	3,68875	6	2	8,5680281	44,63125
Transect_59	20	10	17	2	0,4	18,989133	0	4	3	3,601	8	1	9,8743474	47,321
Transect_61	10	6	8	2	0,375	19,04813	0	2	2	3,438	5	1	5,9793341	42,103
Transect_62	12	6	10	1	0,4444444	18,892713	0	0	0	3,3408333	6	1	6,7039402	41,5525
Transect_63	6	4	6	0	1,3333333	18,905916	0	0	0	3,6399999	5	1	4,6328166	48,475
Transect_64	7	6	6	1	1,6666667	18,484777	0	1	0	3,5528571	5	1	4,0079468	46,377143
Transect_65	1	1	1	0	1	18,315667	0	0	0	2,79	1	1	1,9630223	50,69
Transect_66	13	6	10	2	0,75	19,586805	0	3	2	3,3284615	8	2	7,3663735	40,262308
Transect_67	8	4	6	2	0,8	17,746511	0	0	0	3,4225	6	1	4,7007215	41,24375
Transect_68	11	6	8	3	0,5	17,6612	0	6	3	3,5590909	4	2	5,8485754	41,023636
Transect_69	7	5	6	0	1,6666667	18,52054	0	1	1	3,3157143	4	1	4,7341417	45,244286
Transect_71	11	7	9	2	0,7142857	17,849849	0	3	1	3,3745454	6	1	7,0496153	44,172727
Transect_72	16	5	14	2	0,5454545	18,628365	0	1	1	3,456875	10	2	8,7950028	42,1825
Transect_73	10	4	8	1	0,375	18,434394	0	0	0	3,425	7	1	4,587356	40,222
Transect_74	13	6	12	1	0,4	18,552046	0	0	0	3,3	7	2	7,0430997	39,364615
Transect_75	14	6	13	1	0,3636364	18,645588	0	3	1	3,3814286	9	2	8,3912909	43,875
Transect_76	12	5	11	1	0,4444444	18,405195	0	0	1	3,3733334	7	2	7,4478022	40,410833
Transect_77	26	10	22	2	0,5	18,919036	0	2	3	3,5765385	11	3	13,893579	45,093077

ANNEXE 6 : Résultats des indicateurs de biodiversité en fonction des niveaux de protection selon le guide des AMP prenant en compte les critères UICN (Gorud-Colvert et al., 2021).

Pour rappel, les 5 niveaux de protections sont les suivants :

- 1 : Incompatible
- 2 : Minimally protected
- 3 : Lightly protected
- 4 : Highly protected
- 5 : Fully protected

Ces niveaux de protections ont été attribué selon le guide des AMP qui se base sur les critères de l'UICN (Gorud-Colvert et al., 2021) (Figure 40).

Le nombre de tronçons pour chaque niveau de protection est synthétisé dans le tableau ci-dessous. Le nombre de transects utilisés pour le GLM est également noté dans ce tableau, 7 transects ont été enlevé de l'études pour problème technique (*i.e.* moins de 5 espèces détectées par ADNe).

Dans les zones de protection 2, 4 et 5 moins de 10 tronçons ont été échantillonnés. Dans le niveau de protection 4 seulement deux tronçons font parties de ce niveau. Ce faible échantillonnage biaise les résultats statistiques suivants.

Niveau de protection	Nombre de transect	Nombre de transect utilisé dans le GLM
1 : Incompatible	132	125
2 : Minimally protected	6	6
3 : Lightly protected	8	8
4 : Highly protected	2	2
5 : Fully protected	8	8

Pour 156 tronçons seulement 24 sont considérés dans des zones avec des mesures de protection selon l'UICN. En effet 132 tronçons sont dans des zones dont les mesures de protections sont insuffisantes pour la conservation du milieu (Figure 41).

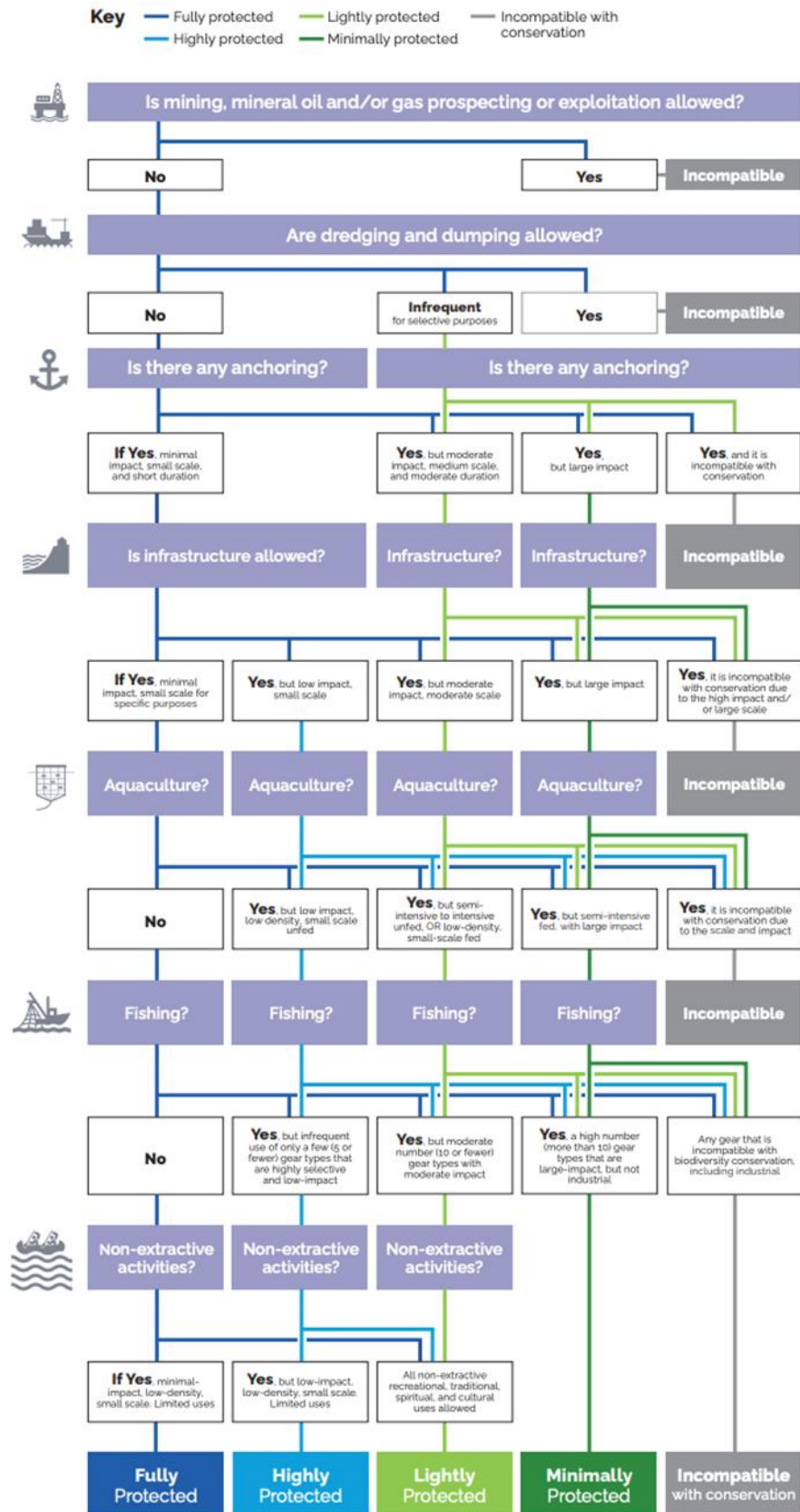


Figure 40 : Decision tree to determine the protection LEVEL of an MPA, or zone within a multi-zone MPA, based on activities that are allowed or disallowed. Answers to questions in this decision tree lead sequentially to categorizing an MPA or MPA zone into one of four LEVELS of protection: Fully, Highly, Lightly, or Minimally, based on maximum allowed impact of seven different types of activities.

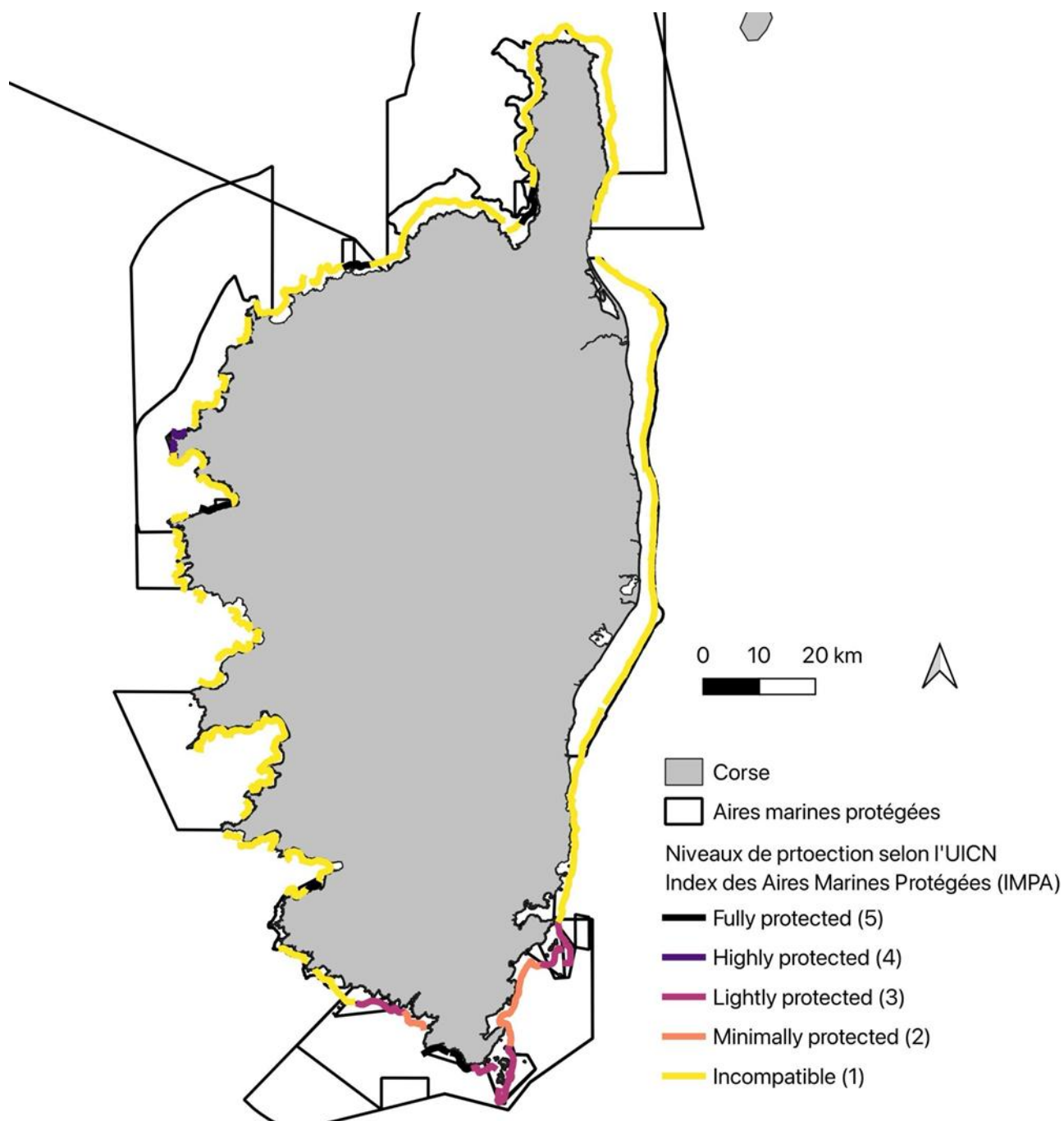


Figure 41 : Tronçons d'échantillonnage en fonction de leur index IMPA attribué selon Grorud-Colvert et al., 2021.

Un GLM a été effectué avec en variables explicative : le site, le niveau de protection, le volume filtré, la diversité d'habitat, l'indice de déclin et de cohésion, le score de pressions cumulées, la distance à la côte, la distance aux ports, l'habitat principal, les températures et la salinités moyenne des tronçons. Huit indicateurs sont expliqués par le model ($R^2 > 0,30$).

Bioindicateur	R ²
R	0,56
FD	0,46
LFI	0,44
Crypto	0,60
DP_B_ratio	0,18
RedList	0,12
Chondri	0,12
Trophic	0,17
Commercial	0,54
High_commerc	0,34
PD	0,57
Vulner	0,42

La richesse spécifique (R), la diversité fonctionnelle (FD), la taille des poissons (LFI), le nombre d'espèces cryptiques (Crypto), le nombre d'espèces à intérêt commercial (Commercial) et à fort intérêt commercial (High_commerc) ainsi que l'indicateur de vulnérabilité (Vulner) sont expliqués par le model.

Après correction du modèle pour passer toutes les filtrations à 30L, seuls les résultats les plus remarquables des 8 indicateurs sont exposés ci-dessous.

Les indicateurs Richesse spécifique (R), Diversité Fonctionnelle (FD), Large Fish Index (LFI), Commercial et la diversité phylogénétique (PD) sont significativement plus important dans les zones complètement protégées (niveau 5) que dans les zones non protégées (niveau 1), partiellement (niveau 3) et hautement protégées (niveau 4).

La Richesse spécifique :

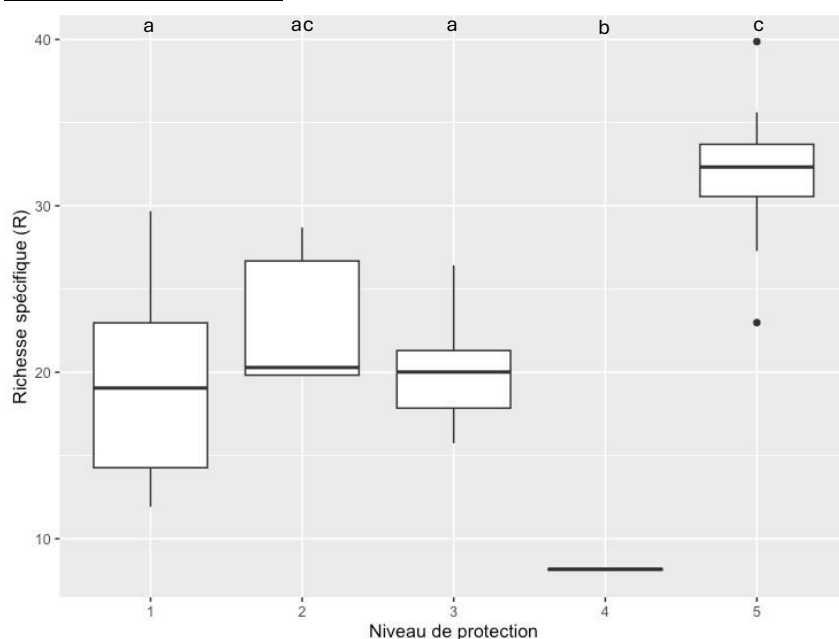


Figure 42 : Richesse spécifique en fonction du niveau de protection. Les lettres a, b et c représentent des groupes statistiquement différents.

La diversité fonctionnelle :

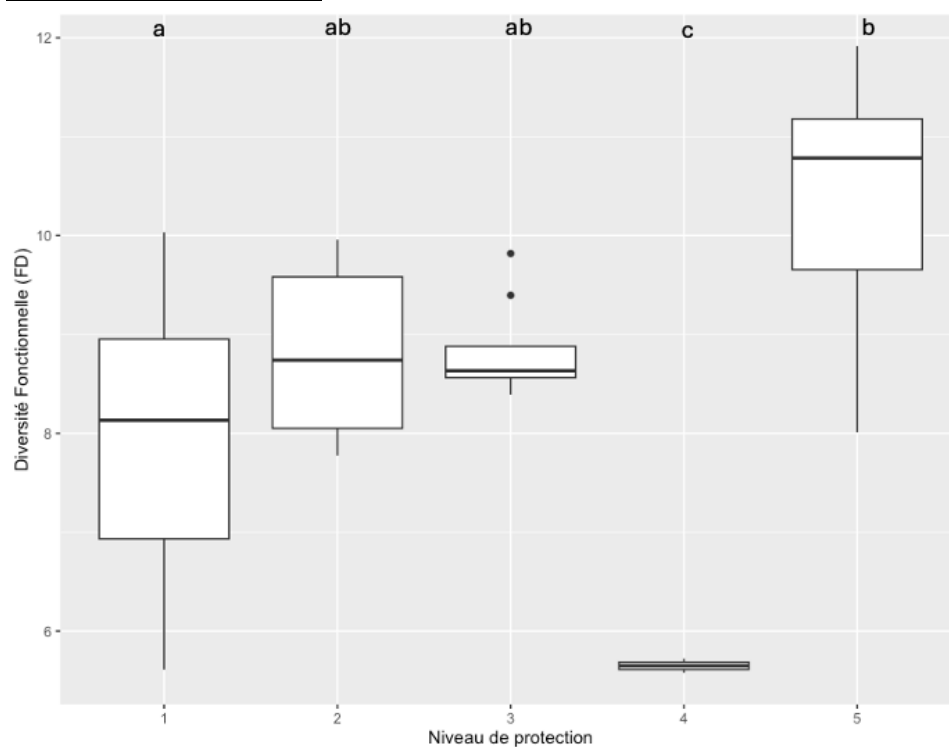


Figure 43 : Diversité fonctionnelle en fonction du niveau de protection. Les lettres a, b et c représentent des groupes statistiquement différents.

Large Fish Index :

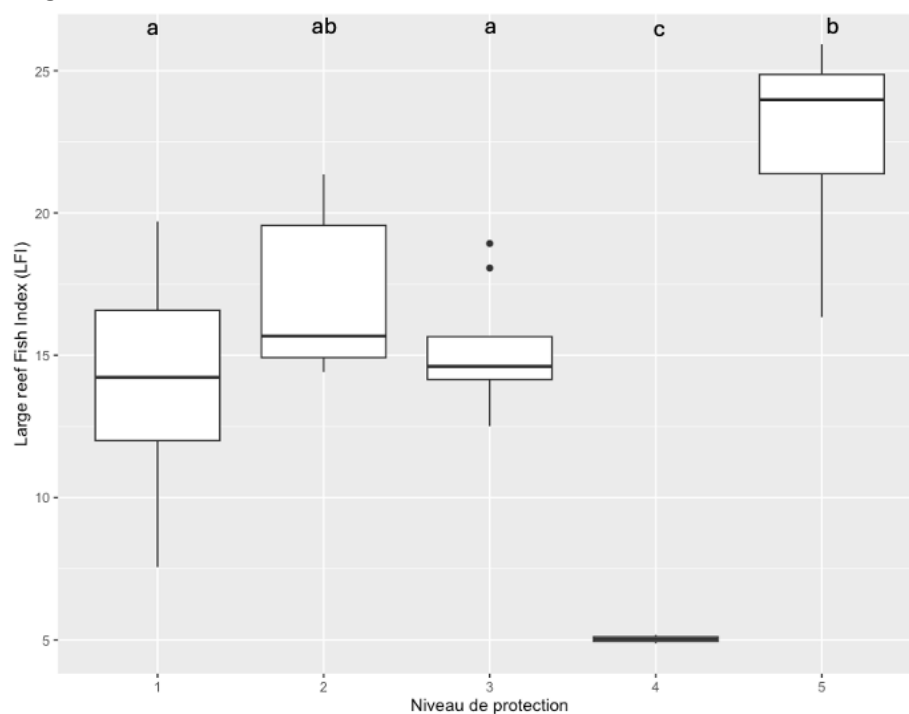


Figure 44 : Large Fish Index en fonction du niveau de protection. Les lettres a, b et c représentent des groupes statistiquement différents.

Nombre d'espèces à intérêt commercial :

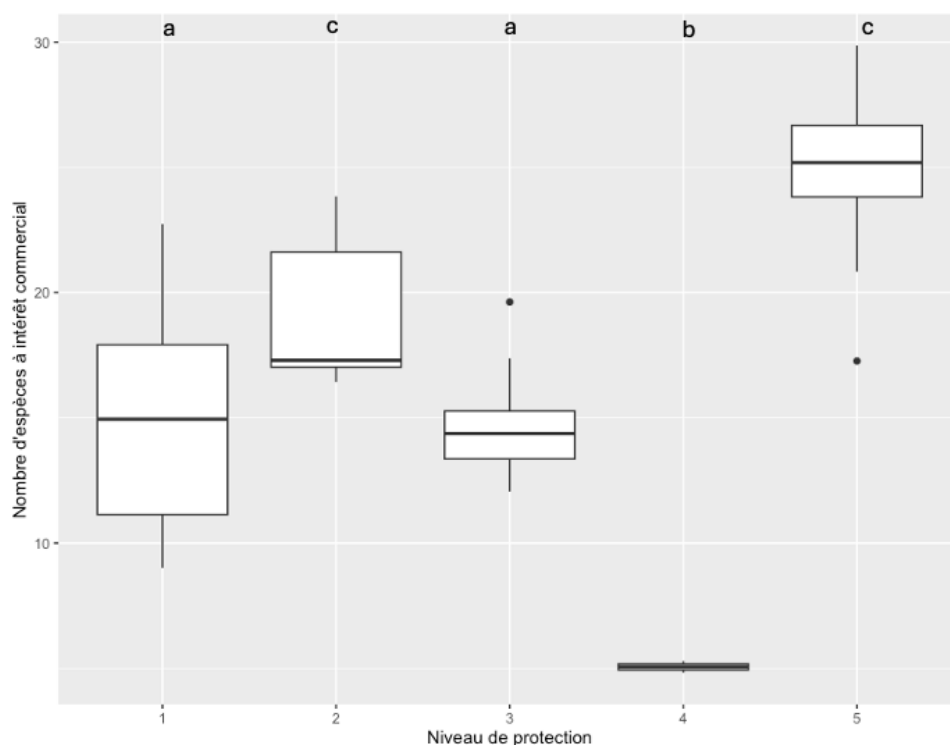


Figure 45 : Nombre d'espèces à intérêt commercial en fonction des niveaux de protection. Les lettres a, b et c représentent des groupes statistiquement différents.

Diversité phylogénétique :

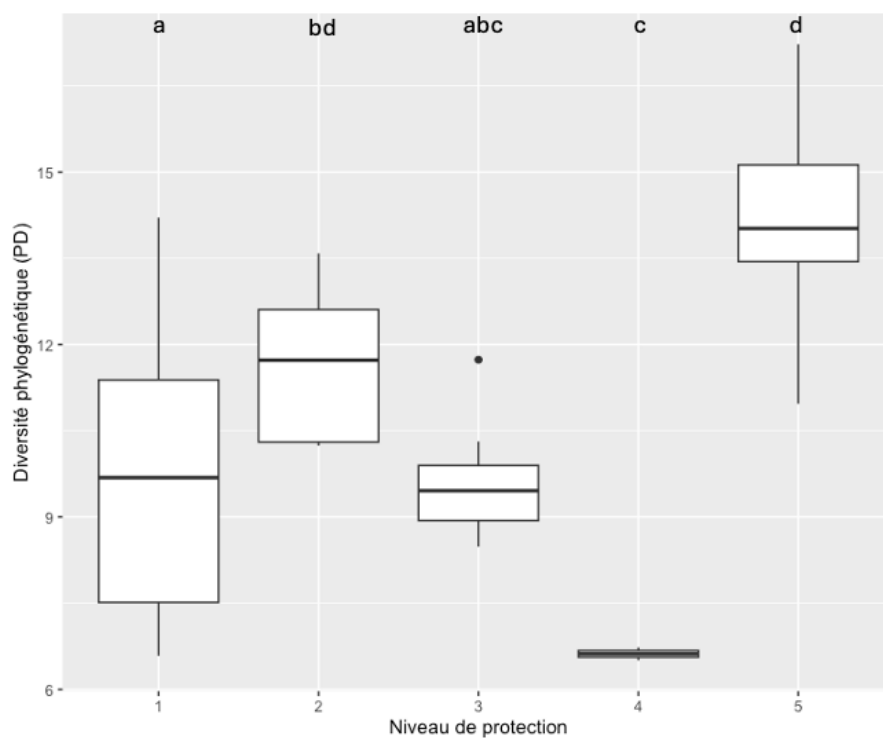


Figure 46 : Diversité phylogénétique en fonction du niveau de protection. Les lettres a, b, c et d représentent des groupes statistiquement différents.

Le nombre d'espèces crypto benthiques :

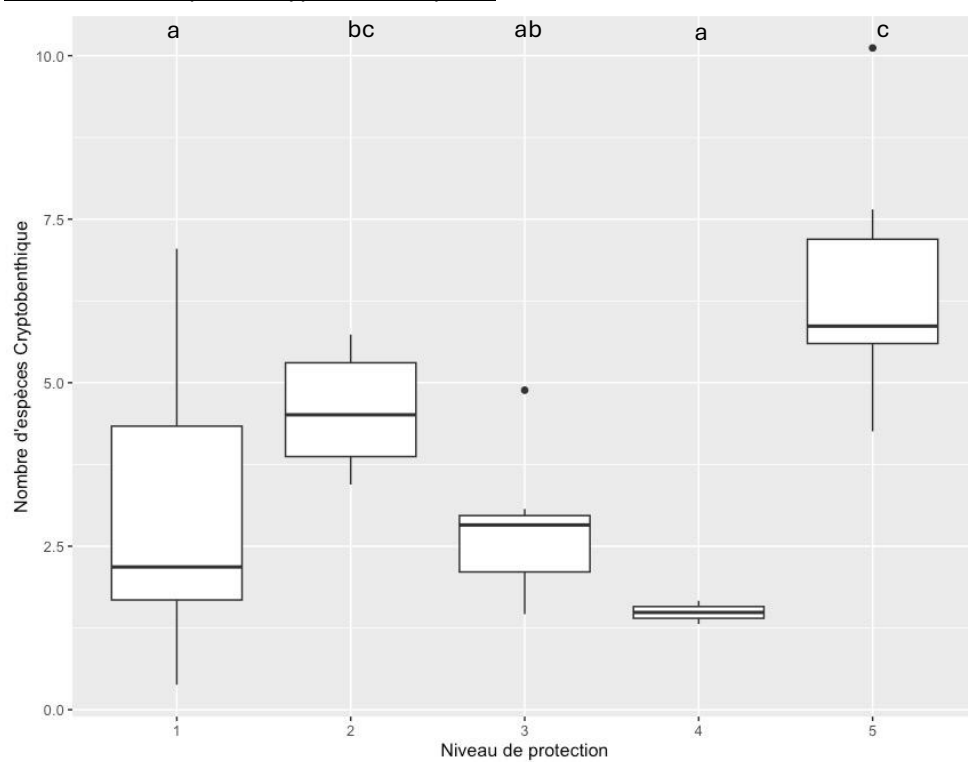


Figure 47 : Nombre d'espèces cryptobenthique en fonction du niveau de protection. Les lettres a, b et c représentent des groupes statistiquement différents.

ANNEXE 7 : Liste des espèces détectées par ADN environnemental et leur statut UICN en Méditerranée.

DD = Data Deficient

LC = Least Concern

NT = Near Threatened

EN = Endangered

CR = Critically Endangered

Espèces	Statut UICN	Espèces	Statut UICN	Espèces	Statut UICN
<i>Aetomylaeus bovinus</i>	CR	<i>Gobius ater</i>	LC	<i>Pteroplatytrygon violacea</i>	LC
<i>Anthias anthias</i>	LC	<i>Gobius bucchichi</i>	LC	<i>Raja brachyura</i>	NT
<i>Aphia minuta</i>	LC	<i>Gobius cruentatus</i>	LC	<i>Raja miraletus</i>	LC
<i>Apogon imberbis</i>	LC	<i>Gobius geniporus</i>	LC	<i>Rostroraja alba</i>	EN
<i>Argyrosomus regius</i>	LC	<i>Gobius niger</i>	LC	<i>Sarda sarda</i>	LC
<i>Ariosoma balearicum</i>	LC	<i>Gobius xanthocephalus</i>	DD	<i>Sardina pilchardus</i>	LC
<i>Arnoglossus imperialis</i>	LC	<i>Gymnammodytes cicerelus</i>	LC	<i>Sardinella aurita</i>	LC
<i>Arnoglossus laterna</i>	LC	<i>Hippocampus guttulatus</i>	NT	<i>Sarpa salpa</i>	LC
<i>Atherina boyeri</i>	LC	<i>Labrus mixtus</i>	LC	<i>Sciaena umbra</i>	VU
<i>Balistes capriscus</i>	DD	<i>Lampanyctus crocodilus</i>	LC	<i>Scomber colias</i>	NT
<i>Belone belone</i>	LC	<i>Lebetus guilleti</i>	DD	<i>Scorpaena notata</i>	LC
<i>Benthoosema glaciale</i>	LC	<i>Lepadogaster candolii</i>	LC	<i>Scorpaena porcus</i>	LC
<i>Blennius ocellaris</i>	LC	<i>Lepadogaster lepadogaster</i>	LC	<i>Scorpaena scrofa</i>	LC
<i>Boops boops</i>	LC	<i>Lesueurigobius friesii</i>	LC	<i>Scyliorhinus canicula</i>	LC
<i>Bothus podas</i>	LC	<i>Lesueurigobius suerii</i>	LC	<i>Scyliorhinus stellaris</i>	NT
<i>Buenia affinis</i>	LC	<i>Lipophrys trigloides</i>	LC	<i>Seriola dumerili</i>	LC
<i>Carapus acus</i>	DD	<i>Lithognathus mormyrus</i>	LC	<i>Serranus cabrilla</i>	LC
<i>Centrolophus niger</i>	LC	<i>Lophius budegassa</i>	LC	<i>Serranus hepatus</i>	LC
<i>Cepola macrophthalma</i>	LC	<i>Lophius piscatorius</i>	LC	<i>Serranus scriba</i>	LC
<i>Ceratoscopelus maderensis</i>	LC	<i>Macroramphosus scolopax</i>	LC	<i>Solea senegalensis</i>	DD
<i>Chelon labrosus</i>	LC	<i>Maurolicus muelleri</i>	LC	<i>Sparus aurata</i>	LC
<i>Chelon ramada</i>	LC	<i>Merluccius merluccius</i>	VU	<i>Speleogobius trigloides</i>	LC
<i>Chromis chromis</i>	LC	<i>Micromesistius poutassou</i>	LC	<i>Sphyraena sphyraena</i>	LC
<i>Citharus linguatula</i>	LC	<i>Mola mola</i>	DD	<i>Sphyraena viridensis</i>	LC
<i>Conger conger</i>	LC	<i>Mullus barbatus</i>	LC	<i>Spicara maena / S. smar</i>	LC
<i>Corcyrogobius liechtensteini</i>	LC	<i>Mullus surmuletus</i>	LC	<i>Spondyliosoma cantharus</i>	LC
<i>Coris julis</i>	LC	<i>Muraena helena</i>	LC	<i>Squalus blainville</i>	DD
<i>Crystallogobius linearis</i>	LC	<i>Mustelus mustelus</i>	VU	<i>Squatina squatina</i>	CR
<i>Ctenolabrus rupestris</i>	LC	<i>Myctophum punctatum</i>	LC	<i>Symphodus ocellatus</i>	LC
<i>Dactylopterus volitans</i>	LC	<i>Myliobatis aquila</i>	VU	<i>Symphodus tinca</i>	LC
<i>Dalophis imberbis</i>	LC	<i>Nemichthys scolopaceus</i>	LC	<i>Syngnathus acus</i>	LC
<i>Dasyatis pastinaca</i>	VU	<i>Notacanthus bonaparte</i>	LC	<i>Synodus saurus</i>	LC
<i>Dasyatis tortonesei</i>	DD	<i>Oblada melanura</i>	LC	<i>Tetronarce nobiliana</i>	LC

<i>Deltentosteus collonianus</i>	LC	<i>Odondebuenia balearica</i>	LC	<i>Thalassoma pavo</i>	LC
<i>Dicentrarchus labrax</i>	NT	<i>Oedalechilus labeo</i>	LC	<i>Thunnus thynnus</i>	EN
<i>Diplodus annularis</i>	LC	<i>Pagellus acarne</i>	LC	<i>Torpedo marmorata</i>	LC
<i>Diplodus puntazzo</i>	LC	<i>Pagellus bogaraveo</i>	LC	<i>Trachinus draco</i>	LC
<i>Diplodus sargus</i>	LC	<i>Pagellus erythrinus</i>	LC	<i>Trachinus radiatus</i>	LC
<i>Diplodus vulgaris</i>	LC	<i>Parablennius gattorugine</i>	LC	<i>Trachurus picturatus</i>	LC
<i>Dipturus oxyrinchus</i>	NT	<i>Parablennius incognitus</i>	LC	<i>Tripterygion delaisi</i>	LC
<i>Echelus myrus</i>	LC	<i>Parablennius rouxi</i>	LC	<i>Tripterygion melanurum</i>	LC
<i>Engraulis encrasicolus</i>	LC	<i>Parablennius zvonimiri</i>	LC	<i>Tripterygion tripteronotum</i>	LC
<i>Epinephelus aeneus</i>	NT	<i>Pegusa lascaris</i>	DD	<i>Uranoscopus scaber</i>	LC
<i>Epinephelus marginatus</i>	EN	<i>Pegusa nasuta</i>	DD	<i>Xyrichtys novacula</i>	LC
<i>Euthynnus alletteratus</i>	LC	<i>Pomatoschistus minutus</i>	VU	<i>Zebrus zebrus</i>	LC
<i>Gaidropsarus mediterraneus</i>	LC	<i>Pseudaphya ferreri</i>	LC	<i>Zeus faber</i>	LC

ANNEXE 8 : Scores des pressions pour chaque tronçon où « PIAF_XX » sont les tronçons faits en 2023 et « Transect_XX » les tronçons faits en 2021.

Tronçons	declin_mean	cohesion_mean	mean_ag	mean_am	mean_aq	mean_co	mean_er	mean_in	mean_mo_ais	mean_mo_pp	mean_pe	mean_po	mean_re	mean_to	mean_tm	p_mean_cum	dist_land	dist_ports		
PIAF_01	0	0,799836676	0,009696848	0,002214974	0	0	0	0	6,4209510174562	4,8701573726922	1,7435670818882	0	0	0	0,004982303	0,016917073	2362,07762	16899,78624		
PIAF_02	0	0,774193772	0,000128899	0,067828328	0	0	4,9129098538270	0	0,000141105	7,0174766864025	0	9,0623538400856	0	0,001452596	0,004608095	0,074255261	3614,136061	10510,41893		
PIAF_03	0,0022363636	0,719482759	2,5753742159878	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,003503048	0,003528802	3114,192372	8081,06557		
PIAF_04	0,000404145	0,712977273	0,133003717	0,007196821	0	0,000138787	2,3581958145047	0,00010338	1,8630941135997	0	0	0,000103821	0,000103503	0,000103821	0,002353117	0,143130734	4734,108028	20307,28764		
PIAF_05	0	0,688983607	0,067198563	0,00373938	0	0	4,7633115998473	0	9,3200433482293	2,4785326697015	0	0	0	0,002909699	0,073877284	4643,304721	18263,03602			
PIAF_06	0,000274809	0,618238095	0,163902475	0	0	0	0,014973245	0	1,0078762401172	0	0	0	0	0,002159225	0,181045023	4579,722681	25092,68362			
PIAF_07	0	0,7345	0,043263747	0	0	0	0	0	1,4031943822903	0	0	0	0	0	0,004586978	0,047852129	3455,84049	5493,073417		
PIAF_08	0,022878661	0,782110619	0,122810006	0	0	0,007252935	0	0,00010913	0	0	0	0	0	0,009492266	0,002367124	0,142031461	1196,948582	11915,2971		
PIAF_09	0,063385965	0,774906103	0,179724451	0,074909006	0	0,000931171	1,7594290617391	0	1,0783470179024	3,1957127143469	0	0,020988932	0,056985697	0,026758462	0,007003341	0,367329471	1605,072249	14051,6976		
PIAF_10	0	0,62568	0,014736944	0,014093683	0	0	0	0	0	0	0	0,005404493	2,7662587534929	0,001746114	0,008786951	0,044795848	2107,229409	16204,1665		
PIAF_11	0	0,576	0,021839483	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,008138907	0,02997839	1798,825633	14521,93767		
PIAF_12	0	0,405818182	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,006939693	0,006939693	1328,273038	13033,94259		
PIAF_13	0,278555556	0,483909091	0	0,010933914	0	0	0	0	0,000126764	1,8377515037053	0	0,006831683	1,0064042345580	0,000547772	0,008910894	0,027362929	1424,55845	11413,89072		
PIAF_14	0,382653061	0,618730769	0	0,048599846	0	0	0	0	0,000166273	1,9410417587963	0	0,038101781	0,019300268	0,026458333	0,014257248	0,146885691	1036,423964	9760,692956		
PIAF_15	0	0,511697674	0	0	0	0	0	0	3,6917409090500	0	0	0	0	0	8,6449299342122	0,006963517	799,3850461	8002,351378		
PIAF_16	0,019015152	0,59585	0	0	0	0	0	0	3,9863792627392	0	0	0	0	0	9,0824410011323	0,003777536	0,003908224	553,3981423	5445,352935	
PIAF_17	0	0,525818182	0	6,8626576695046	0	0,000176399	0	0	0	0	0	0	0	0	0,00010978	0,005388052	963,6337693	3262,144546		
PIAF_18	0	0,585287671	0	0	0	0,000126151	0	0	5,7359542055126	1,4785106621117	0	0	0	0	0,001875214	0,005095739	1037,307777	4483,453765		
PIAF_19	0	0,658225	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,000344805	0,004056415	0,00440122	969,9132299	6969,856847	
PIAF_20	5e-04	0,598757576	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,003676764	0,003676764	843,6541776	8928,615579		
PIAF_21	0,002	0,617867647	0	0	0	0,001044322	0	3,6169235247641	4,1993307313074	7,3229853851980	0	3,6695677162549	5,6212152787716	3,6695677162549	0,003725426	0,004964836	549,3858654	11373,11251		
PIAF_22	0,001390625	0,668698113	0	0	0	0,00032025	0	0	2,6533674282915	3,4142131992618	0	0	0	0	4,2631695843346	0,003906909	0,004261371	207,7084294	13020,806435	
PIAF_23	0,004781095	0,745532258	0	0	0	0,007284389	0,000312874	0	0	2,4892382575478	0	0	0	0	0,002489576	0,001507055	0,011657842	770,757112	5818,425017	
PIAF_24	0,013671642	0,699904762	0	0,002095066	0	0,024604294	0	0	0	0	0	0	0	0	0,000829602	0,00132757	0,028856531	1315,897367	5772,270491	
PIAF_25	0	0,70282906	0	0,001320041	0	0,040263195	4,3084244406764	0	2,6569941772803	0	0	0	0	0	0,004435349	0,001799001	0,047820674	2462,797807	5520,467653	
PIAF_26	0	0,696098901	0,001913027	0	0	0,000864355	0	0	0,000205724	4,1902287789464	2,9244970372098	0	0	0	0,005536122	0,008561131	1829,157027	4121,798961		
PIAF_27	0	0,698130435	0,068745396	0	0	1,1105781453189	0	0	5,0259056386598	0	0	0	0	0	0,000481714	0,006957686	0,076196404	1855,105486	2775,555508	
PIAF_28	0	0,76262963	0,067082011	0	0	0,001582298	0	0	2,4831658348717	0	0	0	0	0	0,000197012	0,006307676	0,075193829	2009,474945	2743,927213	
PIAF_29	0	0,671087719	0,052227712	0,000349401	0	0,016608223	0	0	5,9259903699582	0	0	0	0	0	0,006887189	0,006629695	0,082702813	1819,742745	3670,860699	
PIAF_30	0	0,715875	0,075470709	0,00943392	0	0,000525983	0	0	0	1,9309194702404	0	3,6609890303551	0	0	0,003112007	0,007679042	0,096734987	1884,867848	2611,185686	
PIAF_31	0	0,846236842	0,133450909	0,052721096	0	4,0670543082692	0	0	0	0	0	0	0	0	0,011455702	0,003600954	0,20126933	2038,446864	2241,449207	
PIAF_32	0	0,730129032	0,035139697	0	0	0,00103215	0	0	1,7878308067165	0	0	0	0	0	4,9610109046358	6,6036600764837	0,001273356	0,037495058	1044,040714	2254,951515
PIAF_33	0	0,783368421	0,160114848	0,002260985	0	0,015666702	0,053283492	0	0	0	0	1,4360427505669	0,000676502	0,051233455	0,000746952	0,283984372	978,1324763	3478,338781		
PIAF_34	0	0,735726027	0,084817679	0,037851236	0	0,062947769	0,000636812	0	6,4504006244228	5,4790717837251	0	0,010973472	0	0	0,013282029	0,000811868	0,211327863	1542,912242	5768,844669	
PIAF_35	0	0,718692308	0,026319564	0,000201123	0	0,014774688	0	0	2,0499084500247	0	0,006359088	0	0	0	0,000802957	0,000956189	0,049413813	1268,620137	7676,850969	
PIAF_36	0	0,773265823	0,008288899	0	0	0,000597922	0	0	3,9617179316873	0	0	0	0	0	0	0,001880191	0,010767408	388,136154	9150,904435	
PIAF_37	0	0,711020833	0,054242671	0	0	0,022152045	3,0424221050916	0	0	0	0	0	0	0	0,000361357	0,00376153	0,08090384	415,9071423	6855,746366	
PIAF_38	0,093243902	0,743666667	1,9846315954408	0	0	0	0	0	4,0795981405798	2,4938489070716	0,000174764	0,016450875	0	0	0,010048458	0,026716903	379,6995812	4541,372404		
PIAF_39	0,093746479	0,784246154	0	0	0	3,8996493416245	0	0	6,1654992815282	0	0,000134166	0,091676887	3,2654482391573	0,002249704	0,00899572	0,103189784	357,8190641	1668,88791		
PIAF_40	0,038640693	0,728009524	0,005980192	0,078483841	0	0,002642446	0,161884922	0	7,9866290382793	1,4205608042692	0,000106019	0,401894757	0,147719812	0,070500691	0,011785016	0,881091769	1520,575006	4630,728799		
PIAF_41	0,056901639	0,657075472	0,020888366	0,198615675	0,001060911	0,010098396	0,063934407	0	0,00016351	6,110562810135	0,00019259	0,319714479	0,008679168	0,093629765	0,012172915	0,729166293	2322,184011	6783,142625		
PIAF_42	0,035166667	0,69537037	0,067951645	0,074260366	0,002702329	0,014247436	0	0	0,000414655	2,1582530103564	1,2038096181036	0,093339938	0,000897507	0,018962261	0,00530138	0,27800808	3082,287763	8487,953405		
PIAF_43	0,011911439	0,742614504	0,401208758	0,060555676	0	0,094278629	0,012018527	0	6,1615042152156	9,3902292926824	2,5605205979375	0,124244717	0,004384131	0,171495523	0,00170886	0,869935978	4565,788459	12537,72609		
PIAF_44	0,003696498	0,754066116	0,452353558	0,026840242	0	0,09753371	0,012023522	0	0,000324852	0,000242142	7,2392570633852	0,132441216	0,018658653	0,087480396	0,00310952	0,831015051	5589,335381	14748,89389		
PIAF_45	0,006228571	0,703014706	0,041736329	7,3797877715981	0	0,000506442	0	0	5,6757569028045	1,8924552585967	0	0,004972592	0	2,0523772719604	0,003796884	0,051165219	5645,288992	16645,4049		
PIAF_46	0,005317073	0,693061728	0,019413374	0	0	0,000949535	0	0	1,1055574128348	7,482159579093	4,4618594715540	0,000499139	0	0,000261765	0,004261762	0,025441556	6350,116598	18645,41673		
PIAF_47	0	0,549	0	0	0	0	0	0	3,6890919290535	0	3,2020255162112	0	0	0	0,005774977	0,005812188	5526,061608	20477,97663		
PIAF_48	0	0,556473684	0,178551182	0	0	0	0	0	7,2263025183492	0	5,7699731513870	0	0	0	0,012758495	0,19136809				

Tronçons	declin_mean	cohesion_mean	mean_ag	mean_am	mean_aq	mean_co	mean_er	mean_in	mean_mo_ais	mean_mo_pp	mean_pe	mean_po	mean_re	mean_to	mean_tm	p_mean_cum	dist_land	dist_ports	
PIAF_49	0,000738938	0,709082927	0,376001792	0	0	0,013010841	0	5,0551007891645	6,5879873283640	5,7668213605045	6,2827200700557	5,0531461610217	5,0610990491662	0,002332161	0,008480463	0,399991659	3447,417997	14195,53964	
PIAF_50	0,000346154	0,740109589	0,110319622	9,8582933989356	0	0,008825355	0	0	2,1830779887674	0	0	0	0	0,004634858	0,006447512	0,130328114	3433,702205	12399,24024	
PIAF_51	0,004083333	0,623844444	0,117344999	0,02207457	0	0,002109139	0	0	0	0	0	0	0	0,052370623	0,006585356	0,200484687	3160,06015	10245,40167	
PIAF_52	0,000818182	0,568543478	0,297924572	0,01181722	0	0,01661211	0,031638825	0	6,5605346168537	8,0564986051574	0	0,014437688	0,006020351	0,237091986	0,004015385	0,619565504	3095,625123	5991,599202	
PIAF_53	0	0,586862069	0,276833983	0,019681675	0	0,04794892	0,082007509	0	1,0182513155388	8,1400520468573	0	0,086632727	0,009246484	0,129392031	0,003474274	0,6552286	2686,820979	3643,512888	
PIAF_54	0	0,646886076	0,111599417	3,3516627262929	0	0,004584952	0,00600712	0	1,5237046472938	0	0	0,071677158	0	0,020532878	0,003121881	0,212152038	2199,675399	2414,10056	
PIAF_55	0,000858333	0,581136364	0,013242138	0	0	0,000519624	0	4,7401648358382	3,0862180943228	0,000177384	0	0,004012196	0,011413174	0,002412382	0,007905038	0,039717538	1863,961259	2410,95712	
PIAF_56	0	0,643677083	0,050744613	3,5614070596200	0	0,039863136	2,7442272935743	0	1,3325841179075	0	1,3971455811421	0	0	0,028411323	0,010884049	0,129968776	2298,181254	3985,758306	
PIAF_57	0	0,672950704	0,025277192	0	0	0,021874362	0	0,000157731	8,8522282121008	4,6125504507670	0	0	0,018704721	0,012708206	0,078769223	2425,5016	5922,456999		
PIAF_58	0,000596774	0,631356688	0,040685209	0	0	7,8085175531133	0	2,2247097219484	0	1,1260475339460	0	0	0	0,012117564	0,052903117	0,091966472	2614,552751	8772,281699	
PIAF_59	0,017134831	0,631817073	0,006087863	0	0	0,002192013	0	0	0	3,5667810025325	0	0	0	0,011084638	0,019400182	0,19400182	2726,991734	11067,65161	
PIAF_60	0,005417062	0,69413198	0,196729373	0	0	0,010133096	0,002256268	0	0,000104643	0	0	0	0	0,022173836	0,006518574	0,23791579	2363,257258	13553,37199	
PIAF_61	0,004107623	0,729685185	0,103955252	0	0	0,003512206	0	0	0,000105362	0	0	0	0	0,018102276	0,005895153	0,131570249	2114,784582	15928,55048	
PIAF_62	0,000302632	0,700661972	0,000293464	0,008679837	0	0	0	0	6,6280505805533	5,0301230500042	2,6465040532375	6,9653991736936	0	0,036762254	0,015281576	0,06117958	2259,974954	18652,01178	
PIAF_63	0	0,717380531	0,050059137	0,014261425	0	8,7687919565262	0,005989951	8,0016777305032	0,000475764	8,3038588178352	4,9025610128632	0,004771881	8,0111721670443	0,31073797	0,010373977	0,39697525	2196,054797	20883,81972	
PIAF_64	0	0,760910526	0,190775917	0,003556978	0	0	6,5727721901697	0	0,000155609	2,8243599414838	5,4266583277933	0,000542733	0	0,104946564	0,007851702	0,3079329	2281,788321	23652,95164	
PIAF_65	0	0,829237705	9,1524402669791	0	0	0	0	0	0	0,000299488	0	0	0	0,052086191	0,012010341	0,064487544	2991,736552	26164,61578	
PIAF_66	0	0,714459459	0,000692974	0,01587257	0	0	0	0,000937389	1,3900688888524	7,6037735991296	0	0	0,064499236	0,009874365	0,091966472	3777,2744	27265,85786		
PIAF_67	0	0,840433333	0,012559578	0,065080548	0	0	0	0	0,000215142	2,0302778979965	1,0786902373957	0	0	0,107804711	0,007103388	0,192794457	4643,414479	22728,23865	
PIAF_68	0	0,882565068	0,024304639	0	0	0,008162563	0	1,6124985242802	3,7587137292824	1,4663425047898	7,8807127697174	1,6119816874496	1,6144118729895	0,10157752	0,009312163	0,143523135	4846,461604	20147,92652	
PIAF_69	0	0,925993421	0,006121831	0	0	0,002157239	0	3,9892049130185	0	3,5838985175192	0,00052009	0	0	0,098214881	0,008679027	0,115736545	4890,318716	17783,37852	
PIAF_70	0	0,81755516	0,000252169	0	0	0,000263386	0	7,7905148148988	0	0	0,015605075	0	0	0,022770173	0,008790682	0,047689276	5137,897854	15384,74077	
PIAF_71	0	0,789111111	0	0	0	0	0	0	0	2,0445083789693	0,013408959	0	0	0	0,007763718	0,021193122	5158,91372	12138,7493	
PIAF_72	0	0,880265372	0	0	0	0	0	0	0	0,000525587	0,004422185	0	1,1529734403103	0,007898373	0,002939071	0,007898373	3749,34104	7855,774517	
PIAF_73	0	0,806880435	4,5351373175972	0	0	0	0	0	1,6986763699377	0	0,000324853	0,001229456	0	4,1326406086201	0,002411651	0,004069625	2830,106668	3124,907177	
PIAF_74	0,023628205	0,807723684	0	0	0	0	0	0	1,2462251729870	0	0,001345486	0,090867841	0	0,002791893	0,003689508	0,09870719	1908,488786	2120,523757	
PIAF_75	0,174135135	0,820806061	0,001002463	0	0	0	0	0	3,8243792579840	0	0,001997657	0,076329811	0	0,002258539	0,00585979	0,087486504	919,2521258	2144,364579	
PIAF_76	0,203910891	0,841905028	0,007695987	2,2044511875632	0	0	0	0	0	0,00197026	0	0	0	0,004581493	0,005473495	0,01972344	543,3491803	3202,495789	
PIAF_77	0,285285714	0,744116022	0,022772758	0	0	0,011163347	0	0,000141363	0	0,001009983	9,7636252158684	0	0	0,098921623	0,005057252	0,139067303	50,33536273	2284,275512	
PIAF_78	0,157492248	0,77978355	7,0396002616754	0	0	0,078514603	1,8342251189531	0	7,9244028010796	2,3946342415462	0,00014284	0,002134267	0	0,081691576	0,003945922	0,166597214	385,4244535	1164,039948	
PIAF_79	0,149700422	0,756741627	0	0	0	0,06080066	2,4163999202515	0	0,000114634	7,3224752656015	0,001586597	0	0	0,029420092	0,002463418	0,09439514	541,8519288	2302,874258	
PIAF_80	0	0,779074468	0,023781863	2,2670234919961	0	0	0	0	0	0	2,0835559685839	0	0	2,9369703969479	0,004291515	0,028076147	NA	6866,805027	
Transect_01	4,00E-04	0,807083333	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,006452277	0,006452277	925,7953499	2218,862462	
Transect_03	0	0,815365385	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,003683846	0,003683846	881,8901923	1495,057126
Transect_04	0	0,517	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,002738022	0,002738022	361,5681627	1212,035104
Transect_05	0	0,599666667	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,002557294	0,002557294	481,485034	10989,72894
Transect_06	0,12003125	0,627172414	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,003467024	0,003467024	243,822649	3994,972472
Transect_07	0,0019375	0,751819048	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,003814412	0,003814412	471,3091421	12066,46618
Transect_08	0	0,760707865	0	0	0	0,00087568	0	4,4363827302411	7,7098594539470	0	0	0	0	0	0	0,003642911	0,004563726	267,1720083	8428,195582
Transect_09	0	0,794672	0	0	0	0,008081952	0	7,8307924625154	6,8644712361463	0	0	0	0	0	0	0,003966116	0,012127062	NA	5180,92838
Transect_10	0	0,679462963	0	0	0	0,002394368	0	3,7160782254474	0	0	0	0	0	0	0	0,004465756	0,00686384	194,753075	4988,700095
Transect_11	0	0,824027523	0,00191093	0	0	0,010624287	0	6,8521726384676	0	0	0	0	0	0,001735096	0,004252087	0,018590923	49,99385426	5266,939268	
Transect_12	0	0,770909091	0,051276233	0	0	0,001647782	0	1,3210213327875	0	0	0	0	0	0	0	0,002113917	0,05051143	NA	3041,961341
Transect_13	0,022196809	0,890335135	0,246741402	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,000825642	0,247567044	97,52737238	2203,569281
Transect_14	0,160907216	0,746917647	0,137569631	0	0	0	0	4,3260341802408	0	0	0	0	0	0	0	0,0008178	0,138387863	142,2134696	4215,762744
Transect_15	0,130621359	0,659231707	0,023780907	0	0	0	0,0004791	0	0	0	0	0	0	0	0	0,001273029	0,025533036	346,7908011	1985,197426
Transect_16	0,000444444	0,58973913	0,158559236	0	0	0	0,056817039	0	1,6469018186598	1,7465200596053	0	0	0,000284233	0,001391894	0,001366804	0,21843585	327,7700131	2026,358792	
Transect_17	0	0,772858407	0,092613138	0,00092045	0	0	0	0	0	1,0216933815427	5,7270592764707	0	0	0	0,00044696	0,005132223	0,09911385	241,6996454	9997,643795

Tronçons	declin_mean	cohesion_mean	mean_ag	mean_am	mean_aq	mean_co	mean_er	mean_in	mean_mo_ais	mean_mo_pp	mean_pe	mean_po	mean_re	mean_to	mean_tm	p_mean_cum	dist_land	dist_ports
Transect_18	0,000342593	0,77909901	0,084047315		0	0	0	0	0	0	2,9581068597455	0	0	0,001457286	0,006147286	0,091681468	436,0291322	8697,087186
Transect_19	0,03115	0,775697368	0,072767069	0	0	0	0	0	0	0	5,0267640114710	0	0	0	0,007226166	0,080043502	458,878626	6234,794333
Transect_20	0	0,837119266	0	0	0	0	0	0	0	0	1,3082571709676	0	0	0	0,008170155	0,008183238	379,656791	4076,923944
Transect_21	0,073923077	0,802412281	0,022233489	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,007471168	0,029704656	463,3760396	1965,350783
Transect_22	0,059669231	0,834448819	0,040821705	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,006596697	0,047418403	694,1940137	1015,746436
Transect_23	0,055718519	0,857376923	0,023958216	0	0	0	0	0	0	0	2,7074393551213	0	0	0	0,00533812	0,02932341	574,5359857	2113,867351
Transect_24	0,052461039	0,868686275	0,008288612	0	0	0	0	0	0	0	9,7120774339911	0	0	0	0,004537704	0,012923437	233,4567799	4269,255683
Transect_25	0,017132867	0,873071429	0,086646179	0	0	0	0	0	0	0	6,7303579611489	0	0	0	0,004328342	0,091041824	394,4373219	6855,320318
Transect_26	0,00218543	0,902918919	0,184359298	0,001693177	0	0	0	0	0	0	4,5234316758523	0	0	0	0,003851408	0,189949118	421,812461	8269,496149
Transect_27	0,00679646	0,816990991	0,173030412	0	0	0	0	0	1,6040653506753	4,3686354678857	3,8052148095910	0	0	0	0,004452082	0,177492272	866,143811	7956,176144
Transect_28	0,011069767	0,866094488	0,123894358	0	0	0	0	0	9,9229013084883	4,5041326383971	1,0552523718541	0	0	0	0,004617459	0,128518368	314,8174134	9941,603402
Transect_29	0,038542553	0,848271739	0,062737658	0	0	0	0	0	5,8589821061272	0	1,5200436273159	0	0	0	0,004246317	0,067005034	1490,370618	9681,082353
Transect_30	0,040470588	0,881878788	0,003118674	0	0	0	0	0	0	0	0,000286074	0	0	0	0,004819009	0,008223757	1000,944995	6125,531159
Transect_31	0,082926606	0,773858586	0,002253136	0,00122572	0	0	0	0	3,0337255071465	4,9218671811817	0,000352328	0,001021252	0	0	0,004635997	0,009489228	149,8716584	1361,94769
Transect_32	0,128085271	0,834041322	0,001410407	0,062174392	0	0	0	0	0,000113227	4,8117934742543	0,000137239	0,025373022	0	0	0,002758599	0,091967368	239,8513519	640,0263923
Transect_33	0,177928058	0,806706349	0,000351123	0,009810655	0	0	2,5228800220991	7,6957794348101	2,395456972325e	0	0,000103396	0,047372081	0	0	0,008958669	0,002441159	0,069136224	227,9383555
Transect_34	0,153157068	0,776138728	0,008245813	0,062028524	0	5,1741262870248	4,1766761509890	0,016702968	2,4965533888208	8,5057722306754	9,3478934479698	0,2100606	0	0	0,001976735	0,001925029	0,301091092	NA
Transect_35	0,564191176	0,724104167	0,128386208	0	0	0	0	0	0	0	0,000648287	0,006259328	0,000489946	0	0,004559599	0,140343368	NA	7275,546241
Transect_36	0,476558824	0,745	0	0	0	0	0	0	0	0	0,00136875	0	0	0	0,006067465	0,007346216	499,2080491	9083,963219
Transect_37	0,70154902	0,58158209	0	0	0	0	0	0	0	0	0,005189281	0	0	0	0,002907044	0,008096325	285,203285	11201,80918
Transect_38	0,582288889	0,660297872	0	0	0	0	0	0	0	0	0,006861375	0	0	0	0,002950152	0,009811527	602,1091215	13273,39443
Transect_39	0,676434483	0,67909589	0	0	0	0	0	0	0	0	0,006928214	0	0	0	0,002873565	0,009801779	690,8102701	9910,244257
Transect_40	0,92884375	0,510827586	0	0	0	0	0	0	0	0	0,005408424	0	0	0	0,002591298	0,007999722	764,1473399	8701,011861
Transect_41	0,445601064	0,819123077	0	0	0	0	0	0	0	0	0,003446135	0	0	0	0,002144928	0,005591063	100,273963	4834,926863
Transect_42	0,452891304	0,710588235	0	0	0	0	0	0	0	0	0,001187695	0	0	0	0,001781982	0,002969676	419,5292616	2714,330907
Transect_43	NA	NA	0	0	0	0	0	0	0	0	0,000287753	0	0	0	0,001652381	0,001940134	337,6817967	1355,467871
Transect_44	0,586285714	0,701234043	0	0	0	0	0	0	0	0	8,2594758953359	0	0	0	0,001156215	0,00123881	572,4356862	8580,074701
Transect_45	0,532170732	0,723813953	0	0	0	0	0	0	0	0	2,6787869240395	0	0	0	0,000893701	0,000896379	1055,629785	3758,557441
Transect_46	0,792636364	0,578466667	0	0	0	0	0	0	0	0	3,5639631440946	0	0	0	0,000931056	0,000966695	318,4135056	1821,827726
Transect_47	0,970810811	0,6176	0	0	0	0	0	0	0	0	2,2121022162604	0	0	0	0,000890043	0,000912164	318,4128911	1785,988428
Transect_48	0,859184397	0,607767442	0	0	0	0	0	0	0	0	9,7251457186929	0	0	0	0,000878236	0,000879208	209,5072541	4111,264125
Transect_49	0,59610274	0,780619048	0	0	0	0	0	0	0	0	2,0028614202006	0	0	0	0,000892205	0,000892225	24,47433328	6713,96291
Transect_50	0,568889764	0,77890411	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,000960886	0,000960886	160,6812606	827,9985248
Transect_51	0,99772973	0,325	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,001160606	0,001160606	484,3504893	1611,495624
Transect_52	0,951046512	0,597444444	0	0	0	0	0	0	0	0	1,5225897236517	0	0	0	0,001571818	0,001571819	392,2446457	3236,745755
Transect_53	0,929203883	0,6113125	0,018450859	0	0	0	0	0	0	0	7,6087044608592	0	0	0	0,00189872	0,020425666	1021,456368	7121,337538
Transect_54	0,497136364	0,822140845	0,197848587	0	0	0	0	0	0	0	0,00015746	0	0	0	0,001748715	0,199754762	1184,333698	5904,618035
Transect_55	0,703433735	0,715179487	0,18972875	0	0	0	0	0	0	0	0,000317202	0	0	0	0,001365107	0,191411059	186,2020801	3568,562067
Transect_56	0,497863354	0,794211009	0	0	0	0	0	0	0	0	0,000332981	0	0	0	0,001304044	0,001637025	220,9117732	3609,088181
Transect_57	0,423017045	0,838556452	0	0	0	4,0107703337743	0	0	0	0	0,000291819	0	0	0	0,001284122	0,001616049	353,558069	2130,466262
Transect_58	0,456966667	0,848347458	0	0	0	7,9632569728922	0	0	0	0	0,000359136	0	0	0	0,001381826	0,001741758	NA	936,4948125
Transect_59	0,431375	0,837283186	0,19151721	0	0	0	0	0	0	0	0,000444603	0	0	0	0,001589125	0,193550938	520,1755824	4396,596372

Tronçons	declin_mean	cohesion_mean	mean_ag	mean_am	mean_aq	mean_co	mean_er	mean_in	mean_mo_ais	mean_mo_pp	mean_pe	mean_po	mean_re	mean_to	mean_tm	p_mean_cum	dist_land	dist_ports
Transect_60	0,415342593	0,794308642	0,104851219	0	0	0	0	0	0	0	0,000269373	0	0	0	0,001707141	0,106827733	1122,774812	10406,02285
Transect_61	0,337466667	0,791792308	0	0	0	0,000101268	0	0	4,1886966544725	0	0,000186109	0	0	0	0,001722452	0,002014018	500,851128	10302,55731
Transect_62	0,602976563	0,712512821	0	0	0	0,015855215	0	0	6,1444880947612	0	0,000314738	0	0	0	0,002012827	0,018188924	154,4873224	9495,038151
Transect_63	0,230483221	0,858820313	0,004190042	0	0	0,01946254	0	0	0	0	0,000193938	0	0	0	0,002002778	0,025849299	NA	9087,954207
Transect_64	0,087783333	0,89354386	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	320,4920109	9037,282402
Transect_65	0,204135714	0,745257813	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	366,9575468	8947,562464
Transect_66	0,197771186	0,770866071	0	0	0	0	0	0	0	0	0,000307966	0	0	0	0,001643851	0,001951817	589,1287637	1427,441634
Transect_67	0,187021898	0,832163934	0	0	0	0	0	0	0	0	0,000345213	0	0	0	0,001787321	0,002132533	1646,644823	8777,866347
Transect_68	0,347784722	0,760010204	0	0	0	0	0	0	0	0	0,000352382	0	0	0	0,001766473	0,002118856	661,0809588	8964,863207
Transect_69	0,026516129	0,733302521	0	0	0	0	0	0	0	0	0,000422886	0	0	0	0,002169816	0,002592702	465,5094158	9847,930078
Transect_70	0,061121951	0,767088608	0	0	0	0	0	0	0	0	0,000526425	0	0	0	0,0021566	0,002683025	551,7768585	8243,879948
Transect_71	0,058426087	0,765111111	0	0	0	0	0	0	0	0	0,000634775	0	0	0	0,001864143	0,002498918	848,7440204	8207,044636
Transect_72	0,193441176	0,842035714	0	0	0	0	0	0	0	0	0,00111832	0	0	0	0,001470843	0,002589163	845,0538988	10711,82394
Transect_73	0,242	0,836	0	0	0	0	0	0	0	0	0,000943489	0	0	0	0,001487055	0,002430544	1214,545986	2850,895023
Transect_74	0,186142857	0,519375	0	0	0	0,00352685	0	0	0	0	0,001119411	0	0	0	0,001401057	0,006047318	591,2638942	14194,32702
Transect_75	0,004016667	0,6846	0,01078637	0,0008922	0	0,039283611	0	0	0	0	0,000650791	0	0	0	0,001274266	0,052887237	553,3475627	11942,56132
Transect_76	0,084241379	0,7637	6,1510383964758	0	0	0,025293797	0	0	0	0	8,2478947342416	0	0	0	0,001163169	0,026545596	296,7072554	7687,258817
Transect_77	0,144216028	0,812715953	0,000339494	3,043120552529e	0	0,011102125	0,015667525	0	3,6838210814182	0,000181894	5,1169044193033	0,002732669	0	0,015064384	0,00113031	0,046263399	523,2497817	5394,684478