

Vers une meilleure connaissance de l'ichtyofaune dulçaquicole de Nouvelle-Calédonie



Rapport final



Auteurs : N. Charpin - M. Mennesson - P. Keith

Mars 2023

Résumé

Titre du projet	Vers une meilleure connaissance de l'ichtyofaune dulçaquicole de Nouvelle-Calédonie
Evolutions	Rapport final - Mars 2023
Auteurs	N. Charpin - M. Mennesson - P. Keith
Editeur	Vies d'Ô douce
Durée du projet	2021 - 2022
Contexte	<p>En Nouvelle-Calédonie, de nombreux travaux de taxonomie et d'écologie ont été réalisés sur la faune piscicole d'eau douce, entre 1999 et 2009, notamment par le MNHN, conduisant à plusieurs thèses et à la réalisation d'un Atlas (2003), prélude à la mise en place de la première réglementation et des listes d'espèces protégées. Ces études, basées sur les méthodes taxonomiques classiques de l'époque, avaient déjà mis en évidence la difficulté de déterminer certains taxons en particulier chez les Eleotridae, les Gobiidae et les Syngnathidae, et elles supposaient la présence d'espèces cryptiques.</p> <p>La mise à jour de ces espèces au niveau de la Nouvelle-Calédonie revêt donc une importance particulière pour les services qui assurent un grand nombre d'échantillonnages piscicoles et/ou sont en charge de la mise en place de la Politique Partagée de l'Eau (PEP). Aussi, il apparaît primordial d'avoir une liste valide des poissons d'eau douce, de savoir les reconnaître, et de les intégrer dans le référentiel taxonomique.</p>
Objectifs	L'objectif du présent projet est de clarifier entièrement le statut de l'ichtyofaune dulçaquicole de la Nouvelle-Calédonie par une révision de la taxonomie et de créer une base de référence moléculaire des espèces présentes à partir de spécimens conservés en collection.
Résultats	Les inventaires et analyses réalisés dans le cadre de ce projet ont permis de recenser 86 espèces dites "d'eau douce et eau saumâtre". Parmi ces espèces, 11 constituent des nouvelles occurrences pour la Nouvelle-Calédonie, 2 sont des nouvelles espèces introduites et 7 des nouvelles espèces pour la science.

Remerciements

Nous tenons à remercier tout particulièrement Christine Fort et la DAFE pour le financement de la première mission de terrain et sans qui, les résultats du présent projet auraient été tout autre.

Merci également à Jean-Jérôme Cassan du Service d'Impact Environnemental et Conservation (DDEE) de la Province Nord, pour sa réactivité et sa détermination à mener à bien ce projet ainsi qu'à l'ensemble des équipes de la Brigade des Gardes Nature de la Province Nord pour leur aide logistique sur le terrain et leur bonne humeur. Nous remercions également Romain Causse et Vincent Haÿ pour leur aide à la détermination des *Stenogobius* et des *Microphis* dont ils sont respectivement les spécialistes.

Merci à la Province Sud et à la DAVAR pour leur soutien respectif.

Enfin, un grand merci à tout ceux qui, de près ou de loin, ont participé aux différentes campagnes d'échantillonnage.

SOMMAIRE

I.	Contexte et enjeux	4
II.	Objectifs	5
III.	Matériel et méthodes	6
	1. Échantillonnage	6
	2. Analyses génétiques	10
IV.	Résultats taxonomiques	14
	1. Nouvelles occurrences d'espèces autochtones	15
	2. Nouvelles occurrences d'espèces introduites	16
	3. Nouvelles espèces pour la science	17
	4. Espèces dont le nom scientifique a changé/évolué	19
V.	Base de référence moléculaire	20
VI.	Conclusion	24
VII.	Publications scientifiques	25
VIII.	Annexes	26

I. Contexte et enjeux

En Nouvelle-Calédonie, de nombreux travaux de taxonomie et d'écologie ont été réalisés sur la faune piscicole d'eau douce, entre 1999 et 2009, notamment par le MNHN, conduisant à plusieurs thèses et à la réalisation d'un Atlas (2003), prélude à la mise en place de la première réglementation et des listes d'espèces protégées. Ces études, basées sur les méthodes taxonomiques classiques de l'époque, avaient déjà mis en évidence la difficulté de déterminer certains taxons en particulier chez les Eleotridae, les Gobiidae, les Oxudercidae et les Syngnathidae, et elles supposaient la présence d'espèces cryptiques. Depuis quelques années, de nombreux progrès ont été réalisés dans les outils permettant de mettre en évidence la biodiversité dans les régions particulièrement riches, et notamment de déceler des espèces cryptiques et d'améliorer leur détermination.

Avec l'arrivée des Nouvelles Techniques de Séquençage NGS (New Generation Sequencing), le MNHN - dont l'expertise est reconnue au niveau mondial - a mis au point des méthodes basées sur la taxonomie intégrative (méthode associant morphométrique, ADN, écologie, biogéographie, etc...) permettant de mettre en évidence la présence de nombreuses espèces cryptiques. En métropole, c'est ainsi plus de 15 espèces cryptiques qui ont été découvertes. Des travaux récents menés par le MNHN dans la région Indo-Pacifique conduisent aux mêmes résultats avec la découverte de plusieurs nouvelles espèces et nous savons déjà que ceux-ci auront un impact sur les connaissances en Nouvelle-Calédonie.

La mise à jour de ces espèces au niveau de la Nouvelle-Calédonie revêtait donc d'une importance particulière pour les services qui assurent un grand nombre d'échantillonnages piscicoles. Aussi, il apparaît primordial d'avoir une liste valide des poissons d'eau douce, de savoir les reconnaître et de les **intégrer dans le référentiel taxonomique**.

II. Objectifs

L'objectif du présent projet fut de **clarifier entièrement le statut de l'ichtyofaune dulçaquicole** de la Nouvelle-Calédonie par une révision de la taxonomie et de créer une **base de référence moléculaire des espèces présentes** à partir de spécimens conservés en collection.

La réalisation de ce projet s'est déroulée suivant **trois phases**. La première phase avait pour but de réaliser un échantillonnage le plus large possible sur l'ensemble du territoire de Grande Terre (*i.e.*, deux missions de terrain sur les années 1 et 2 du projet, qui ont été perturbées par l'excédent de pluviométrie depuis 2021 suite au phénomène 'La Nina'). La seconde phase consistait à réceptionner au Muséum National d'Histoire Naturelle de Paris les spécimens échantillonnés, à les reconditionner (mise en alcool et étiquetage) pour leur mise en collection au MNHN. La dernière phase a reposé sur les analyses moléculaires des spécimens retenus pour réaliser la base de références moléculaire.

Cette dernière constitue la - **base de références la plus complète jamais réalisée à ce jour pour la Nouvelle-Calédonie**. Elle répertorie le maximum de données possibles pour chaque espèce valide présente sur le territoire, au travers de la mise en collection des spécimens collectés durant les deux années d'échantillonnage réalisées par Nicolas Charpin de l'association Vies d'Ô douce. Dans cette base de données, un certain nombre d'informations sont disponibles pour chaque spécimen telles qu'un numéro de terrain (RTNC-XX), un numéro de voucher (MNHN-IC-XX), le lieu de collecte et le nom du collecteur. Pour les spécimens choisis comme spécimen de référence pour une espèce (= voucher), une fiche plus complète est fournie, composée d'une photo du spécimen entier ainsi que les données moléculaires suivantes : le 12S partiel (aide pour l'ADNe) et le *COI* partiel (dédié au barcoding).

La réalisation de ces trois phases a permis :

1. D'établir une liste valide - la plus exhaustive possible - des espèces de poissons d'eau douce présentes en Nouvelle-Calédonie.
2. D'améliorer les connaissances sur celles-ci et de faciliter leur identification.
3. De constituer une base de références moléculaire solide sur la plateforme web dédiée au barcoding ADN : Barcoding of Life Data System (BOLD), accessible gratuitement.

Ce rapport final fait état des résultats taxonomiques obtenus suite aux études et analyses des spécimens collectés lors des différentes campagnes d'échantillonnage, entre 2020 et 2022.

III. Matériel et méthodes

1. Échantillonnage

Cette étude cible uniquement les milieux aquatiques dulçaquicoles répartis sur la Grande Terre, à l'exception d'un site de prélèvement réalisé à Bélep.

Au total, 109 sites ont fait l'objet d'un inventaire au sein de la Province Nord (Grande Terre, N=53 ; Bélep, N=1) et de la Province Sud (N=55), certains sites ayant été prospectés à plusieurs reprises (Tableau 1).

Tableau 1 : Récapitulatif des stations échantillonnées dans chaque Province de Nouvelle-Calédonie.

PROVINCE NORD			PROVINCE SUD		
City	River	Number of sampling sites	City	River	Number of sampling sites
Bélep*	Numu	1	Boulouparis	Ouaménié	1
Ciit	Pwé Hiit	4		La Ouenghi	1
Colnett	Mâ Tila	1	Dumbéa	La Dumbéa	4
Foé	Trou d'eau	1	Farino	Farino	1
Gamai	Louanga	1		Creek Baie Nord	6
Kaala Gomen	Swaha	2		Carénage	3
Koné	Mare	1		Truu	2
Koumac	Koumac	3	Goro	Kwé	4
	Néhoué	2		Kuébini	2
Le Cresson	Creek du bambou	1		Trou bleu	1
	Muéo	2		Wadjana	1
Népoui	Népoui	2		Pirogues	2
	Le Diahot	1		La Coulée	1
	Maayon	1	Mont Dore	La Lembi	1
	Marais	1		Kadji	2
	Pwaala	3		Lac de Yaté	3
Poindimié	Napoemien	1		Rivière Bleue PPRB	1
	Tiwaka	1	Ouinné	La Ouinné	1
Pomâ	Kugâc	1	Port Boisé	Creek	1
	Naoéa	1	Prony	Creek	1
Ponerihouen	Népia	6	Tamoa	Tamoa	1
	Nimbaye	1	Thio	Kwé Népu	1
	Öröpömwâê	1		Dothio	1
Poro	Wânéubwayö	2		Creek	2
Pouébo	Colnett	1	Tontouta	Fausse Tontouta	1
	Af Ouende	1		Marai Pasco	1
	La Blanche	1		Kwa No	1
Pouembout	La Rouge	1		Nedrowé	1
	Ouende	1	Unia	Creek	1
	Pouembout	1		Véo	1
	Nèpwé Nèwiicî	1		Yomèrê	1
Tchamba	Nèpwé Nètéawé	1		Kû Bwéré	1
	Nèpwé Pwèpéa	1	Yaté	Fausse Yaté	1
Tibarama	Nappé Pôwé	1		Rivière des Lacs	1
Yambé	Garana	3		Creek Pernod	1
		T=54			T=55

Pour chaque site, les coordonnées GPS ont été relevées (Figure 1).



Figure 1 : Localisation des différentes stations échantillonnées en Nouvelle-Calédonie.

Les campagnes d'échantillonnage se sont déroulées entre septembre 2020 et décembre 2022. Elles ont toutes été réalisées par Nicolas Charpin de l'association Vies d'Ô douce. Il est important de rappeler ici que les missions de terrain ont été fortement perturbées par l'excédent de pluviométrie qui s'abat sur le territoire calédonien depuis 2021 (Figure 2).

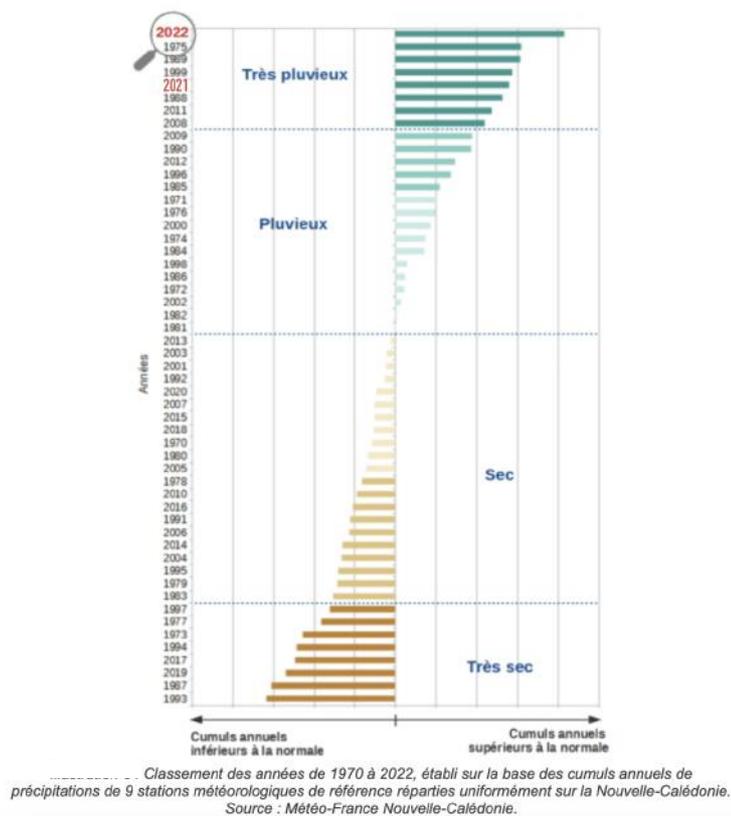


Figure 2 : Classement des années de 1970 à 2022 sur la base des cumuls annuels de précipitations sur la Nouvelle-Calédonie (source : météo-France Nouvelle-Calédonie).

La grande majorité des spécimens a été collectée en plongée (masque-tuba) à l'aide d'épuisettes (mailles de 1 et 3 mm) ; ces sessions ont été réalisées de jour comme de nuit. Lorsque la visibilité en eau douce n'était pas bonne (ex : forte turbidité ou fortement polluée), la méthode par pêche électrique, avec un appareil SAMUS 1000, a été privilégiée. De plus, cette technique permet de capturer plus facilement les espèces anguilliformes mais aussi d'obtenir plusieurs spécimens pour une espèce cible, notamment dans le cas des espèces cryptiques (ex : chez le genre *Eleotris*, deux espèces identifiées sous le nom d'*E. melanosoma*, nécessitant la capture de plusieurs spécimens d'une même espèce pour la décrire).



Capture à l'épuisette dans la Nèpwé Nétéawé
(© David Wetta - BGN)



Capture par pêche électrique dans la Koumac
(© Alice Mathieu - BGN)

Différents milieux ont pu être échantillonnés lors des campagnes de terrain. Des milieux lotiques (creeks et rivières) ainsi que des milieux lentiques (marais, lacs et autres zones humides) ont été prospectés.

Le choix des milieux inventoriés a été fait en fonction des espèces recherchées et/ou ciblées, et ce, à partir des connaissances actuelles sur les habitats qu'elles fréquentent et grâce aux données acquises par l'association Vies d'Ô douce depuis plusieurs années.



Cours supérieur de la Népia
(© David Wetta - BGN)



Marais prospecté dans a région de Ouégoa
(© Nicolas Charpin - Vies d'Ô douce)

Étant donné la richesse de la biodiversité dulçaquicole sur le territoire calédonien, l'ensemble des zonations des cours d'eau a été échantillonné, à savoir :

- La zone sous influence des marées (eau saumâtre),
- Le cours inférieur,
- Le cours moyen,
- Le cours supérieur.

L'ensemble des spécimens capturés et/ou observés a été identifié directement sur le terrain jusqu'à l'espèce, lorsque cela était possible. Pour certains complexes d'espèces (ex : le genre *Eleotris*), une loupe a été utilisée afin de valider les critères d'identification. Les spécimens choisis pour représenter une espèce (= voucher, spécimen de référence) dans la base de références moléculaire ont été photographiés à l'aide d'aquariums de terrain (deux tailles disponibles en fonction du gabarit), permettant de capturer les patterns de coloration des différentes espèces dans leur milieu naturel.



Photographie et identification des spécimens
(© Alice Mathieu - BGN)



Conservation des spécimens *in situ*
(© Nicolas Charpin - Vies d'Ô douce)

Au cours des différentes campagnes d'échantillonnage, des spécimens entiers ont été collectés. Pour les espèces cryptiques et/ou potentiellement nouvelles, un maximum de 3-4 individus par rivière échantillonnée a été collecté. Pour les espèces introduites et/ou envahissantes, la totalité des individus ayant été collectés a été prélevée.

Conformément à l'annexe IV de la directive 2010/63/UE, les spécimens ont été : soit euthanasiés à l'aide d'une surdose d'huile de girofle (10%), soit un morceau de nageoire leur a été prélevé pendant qu'ils étaient anesthésiés. En cas d'anesthésie, le poisson a ensuite été réveillé dans de l'eau claire avant d'être relâché. Les individus entiers ou les morceaux de nageoire ont ensuite été stockés et conservés dans de l'éthanol à 95% pour les analyses morpho-métriques et moléculaires.

Chaque individu (et parfois des lots de spécimens) a ensuite été assimilé à un acronyme RTNC (pour Révision Taxonomique des poissons de Nouvelle-Calédonie), suivi d'un numéro de collecte (ex : *Ophiocara ophicephalus* RTNC-001 étant le premier spécimen collecté du projet ; *Xiphophorus hellerii* RTNC-009A et RTNC-009B signifiant que nous avons affaire à un lot de deux spécimens). Lorsque les spécimens étaient trop imposants pour être euthanasiés, un prélèvement de nageoire a été réalisé dans le but des analyses moléculaires. Une photo aura également été prise si nécessaire et l'individu relâché ensuite.

L'ensemble des spécimens et tissus collectés a ensuite été reconditionné (mise en alcool, changement du contenant (bocal si nécessaire)) pour leur mise en collection au MNHN. Ainsi, un second numéro de collection MNHN-IC-XX a été attribué à chaque individu ou lot RTNC-XX. Cette étape, chronophage, n'a, à l'heure actuelle, pas été réalisée pour l'ensemble des spécimens.

Toutes les informations concernant chaque spécimen ont été implémentées dans la base de données BOLD (<http://www.boldsystems.org>), le code rattaché à ce projet étant le suivant : TAXNC (Taxonomie de Nouvelle-Calédonie).

Une fois toutes les fiches individuelles créées dans le projet, un numéro de Process ID a été attribué à chaque individu, permettant ainsi de pouvoir implémenter les séquences ADN réalisées.

2. Analyses génétiques

NB : Il est important de notifier qu'en plus des contraintes liées à la météorologie sur le territoire calédonien, des perturbations ont aussi été encourues sur le site parisien, au MNHN. En effet, le planning prévisionnel pour les analyses moléculaires a été soumis à de nombreux aléas liés à la crise Covid (confinements, fermetures ou réquisitions des laboratoires et plateforme d'analyses génétiques).

L'extraction des ADN a été réalisée à partir de fragments de nageoire d'environ 1 mm² ; *i.e.*, prélèvement d'un morceau de la pectorale ou du pédoncule caudal pour les spécimens très petits.

Les tissus ont ensuite été digérés dans 20 mL de tampon de lyse (Lysis buffer) associé à 2,5 mL de protéinase K provenant du kit d'extraction NucleoSpin® 96 Tissue. Les échantillons ont alors été placés dans une étuve à 57°C sous agitation pendant 24h. Après centrifugation, l'ADN a été extrait grâce au robot Eppendorf epMotion 5075, semi-automatique. Ce dernier se fixe à une membrane de silicate chargée positivement et les produits de la lyse cellulaire sont filtrés 3 fois par aspiration avec un tampon à base d'éthanol, afin d'éliminer les impuretés et les restes de débris cellulaires. Les traces d'éthanol sont éliminées lors du séchage de la plaque par aspiration. Pour finir, l'ADN a été élué par ajout de tampon Tris-HCl et conservé à -20°C.

Une fois les ADN extraits, vient ensuite le choix des marqueurs moléculaires.

De nombreux marqueurs mitochondriaux (*COI*, *Cytb*, 12S et 16S) ont été employés pour reconstruire l'évolution des espèces depuis les années 90, ce qui a permis de reconstruire les relations parentales de très nombreux groupes. Avec l'arrivée des nouvelles techniques de séquençage, les scientifiques ont pu avoir accès à un plus grand jeu de données incluant le mitogénome complet qui est compatible avec la plupart des marqueurs publiés dans les études au fil des années, les gènes mitochondriaux étant très populaires. D'autant plus que les jeux de données de mitogénomes ont été employés avec succès et de manière répétée sur de nombreux groupes de Téléostéens (Miya & Nishida, 2015)¹. Chez ces derniers, ce génome circulaire mesure environ 16 500 paires de bases (pb) et est composé de 13 gènes codants, 2 ARNr (12S et 16S) et 22 ARNt (Figure 3).

¹ Miya M. & Nishida M. – 2015 – The mitogenomic contributions to molecular phylogenetics and evolution of fishes: a 15-year retrospect, *Ichthyological Research*, 62 : 29-71.

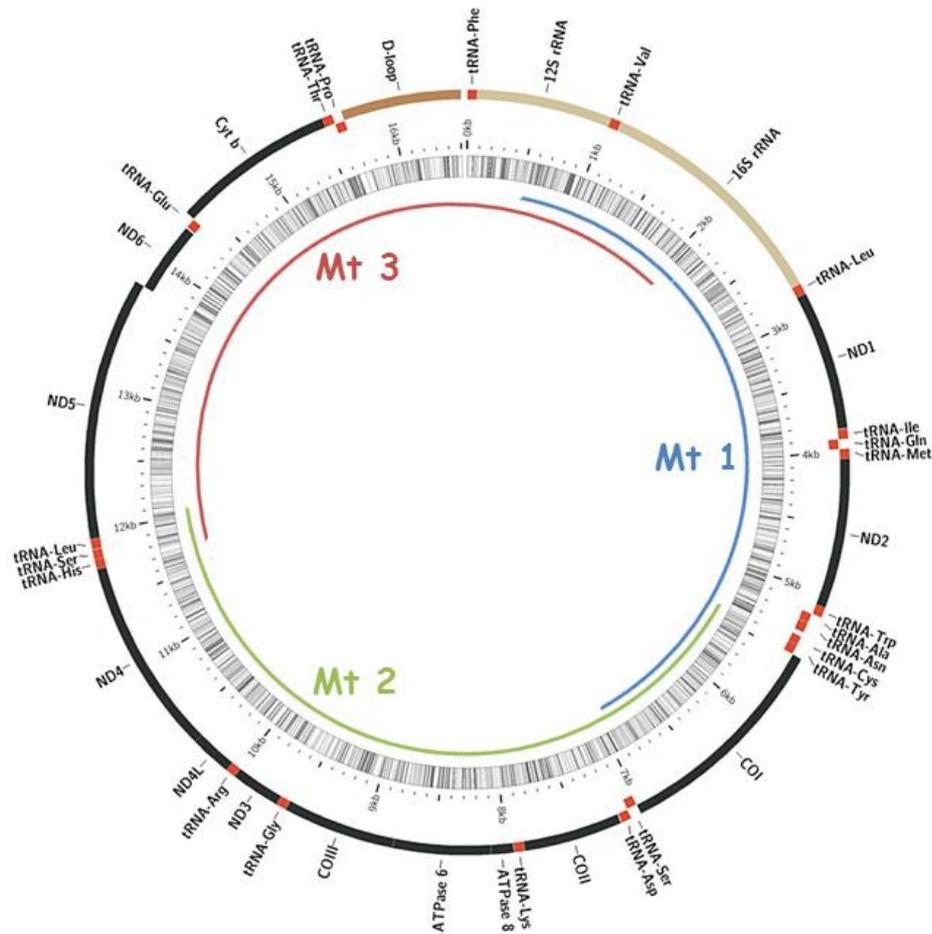


Figure 3 : Schématisation de la position et de la couverture des amorces Mt1, Mt2 et Mt3 utilisées pour obtenir les 3 parties du mitogénome (Menesson, 2016).

Pour ce projet, il a été décidé de réaliser une base de données ciblant le **gène non-codant du 12S** (utilisé pour l'ADN environnemental) et le **gène codant COI** (utilisé en Barcoding).

Au sein du MNHN, a été développé un protocole spécifique pour le séquençage nouvelle génération (Hinsinger *et al.*, 2015)². Cette approche consiste à utiliser des PCR longues afin de séquencer plus facilement le génome mitochondrial complet, pour un coût proche de celui pour séquencer un seul gène avec les méthodes classiques (Sanger).

L'amplification du mitogénome selon Hinsinger *et al.*, 2015 consiste à couper celui-ci en 3 parties chevauchantes utilisant ainsi seulement 3 couples d'amorces pour obtenir 16 500 pb. Une première amorce appelée **Mt1** (Tableau 2) permet d'amplifier du milieu du 12S jusqu'à ARNt-Ser ; l'amorce **Mt2** du ARNt-Cys jusqu'à ARNt-Leu et l'amorce **Mt3** du ARNt-Ser jusqu'au milieu du 16S (Figure 3). N'ayant besoin que des gènes 12S et COI pour ce projet, seul le couple d'amorce **Mt1** est utilisé afin d'obtenir une partie du 12S et le COI en entier.

² Hinsinger D.D., Debruyne R., Thomas M., Denys G.P.J, Mennesson M., Utge J., Dettai A. – 2015 – Fishing for barcoding in the Torrent: from COI to complete mitogenomes on NGS platforms. DNA Barcodes, 3: 170-186.

TABLEAU 2 : AMORCES UTILISÉES POUR AMPLIFIER LA 1^{ÈRE} PARTIE DU MITOGÈNOME.

Gène	Nom des amorces	séquence (5'-3')
Mitogénome MT1	12S-L1091R	AAACTGGGATTAGATACCCCACTAT
Mitogénome MT1	MtH7061	GGGTTATGTGGCTGGCTTGAAC

Les PCR (Polymerase Chain Reaction) sont réalisées dans un volume total de 18 µL incluant 5X de TAQ (ADN polymérase recombinante, HotStart LongAmp®), 0,4 ng/µL de BSA (Sérum d'Albumine Bovine), 3,5% de DMSO (DiMéthyl SulfOxyde), 300 nM de chaque amorce et 300 µM de dNTP (DésoxyNucléotide TriPhosphate). Le volume restant est de l'eau.

L'amplification du fragment **Mt1** se fait à l'aide d'un thermocycleur (Bio-Rad C1000 Touch Thermal Cycler). Le programme de PCR est constitué de plusieurs étapes :

1. Dénaturation initiale (30 s à 94°C) suivie de 45 cycles comprenant les étapes 2, 3 et 4,
2. Dénaturation (20 s à 94°C),
3. Hybridation des amorces (30 s à 62,5°C),
4. Élongation (15 min à 65°C),
5. Élongation terminale (15 min à 65°C).

Une électrophorèse sur gel d'agarose (40 mL de TAE (Tris-acetate-EDTA), 0,3 g d'agarose ; 0,8 µL de Bet (un agent intercalant de l'ADN : Bromure d'Ethydium)) est réalisée afin de visualiser les produits de la PCR. La migration par électrophorèse permet de séparer les amplifias et de contrôler leur taille et leur qualité grâce aux UV, qui révèlent la présence du Bet.

Les fragments **Mt1** issus des mitogénomes sont obtenus *via* un séquenceur MiSeq (Illumina) installé sur la plateforme iGenSeq à l'Institut du Cerveau (Paris).

Les séquences sont ensuite nettoyées manuellement à l'aide du logiciel *Geneious* 11.1.2 (Kearse *et al.*, 2012)³. Cette étape peut prendre du temps en fonction de la disponibilité ou non de mitogénomes de référence (disponibles sur des bases de données génétiques comme GenBank ou MitoFish). Une fois que tous les fragments **Mt1** sont nettoyés et annotés, ces derniers sont alignés avec *Muscle Alignment* (implémenté dans *Geneious*) et comparés avec les jeux de données actuels en notre possession mais aussi avec les séquences présentes dans GenBank et/ou dans BOLD.

Il est important de noter que cette étape de séquençage est taxon dépendante. En effet, pour des genres sur lesquels nous avons travaillé auparavant (par exemple, les Eleotridae ou les Sicydiinae), le séquençage n'a présenté aucun problème. Cependant, pour les genres très peu étudiés (voire non étudiés en moléculaire) tels que *Dotsugobius* ou *Bleheratherina*, un autre protocole de nettoyage a dû être réalisé en l'absence de mitogénome de référence. De ce fait, un fragment du gène *COI* a été séquencé en *Sanger* (séquençage classique) d'environ 500 pb à partir duquel a été reconstitué la première partie du mitogénome (soit environ 6.500 pb). Ce travail de reconstitution peut prendre

³ Kearse M., Moir R., Wilson A., Stones-Havas S., et al. – 2012 – Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics*, 28: 1647-1649.

jusqu'à 3 jours. Pour le cas spécifique de *Moringua microchir*, les amorces universelles n'ont pas semblé fonctionner. Cette espèce demandera donc une recherche approfondie quant à la création de nouvelles amorces.

Une fois que les séquences ont été considérées comme « propres », celles-ci ont été implémentées dans les fiches des individus sur BOLD. Pour le gène 12S, environ 500 pb sont obtenues avec les amorces spécifiques, ce chiffre pouvant varier en fonction des genres séquencés. Pour le gène *COI*, seule la partie correspondant au barcoding a été mise à disposition, soit environ 585 bp.

IV. Résultats taxonomiques

Comme indiqué au début de ce rapport, le présent projet avait pour objectif de réaliser un inventaire le plus complet possible des espèces dulçaquicoles de Nouvelle-Calédonie mais aussi de se pencher sur les « complexes d'espèces cryptiques » dont une clarification taxonomique s'imposait.

Ainsi, un total de 84 espèces a été recensé dans les rivières calédoniennes. Il s'agit en **très grande majorité d'espèces dites « d'eau douce »** (58 espèces, espèces diadromes incluses), de plusieurs espèces dites « d'estuaire » (19 espèces) et de quelques espèces « marines » (7 espèces) remontant sporadiquement le cours inférieur des rivières calédoniennes. Bien que ces dernières n'aient pas été ciblées dans le cadre ce projet, certains spécimens ont été conservés (prises accessoires) lorsque ceux-ci faisaient parties des espèces couramment observées à l'aval des rivières calédoniennes. Ces dernières ne sont toutefois plus traitées dans la suite de ce rapport. Ce dernier se focalisera ainsi sur les **77 espèces dites « d'eau douce » et « d'eau saumâtre »** répertoriées dans le cadre de ce projet.

Certaines espèces dulçaquicoles n'ont pas fait l'objet de recherche poussée sur le terrain (i.e., *Lamnostoma* spp.), celles-ci étant compliquées à échantillonner du fait de leur rareté ou de leur disparition (i.e., *Rhyacichthys gilberti*). Cependant, ces espèces manquantes continueront à faire l'objet de recherche dans le cadre des activités d'inventaires de l'association Vies d'Ô douce. Si toutefois certaines d'entre elles venaient à être échantillonnées, elles seront intégrées dans la base de références moléculaire sur BOLD ainsi que dans les collections du MNHN.

Parmi les spécimens collectés appartenant à des espèces dites « d'estuaire », certains ont fait l'objet d'analyses moléculaires afin de s'assurer de leur identification. En effet, certaines de ces espèces (i.e., *Pseudogobius*, *Acentrogobius* ou *Favonigobius*) peuvent être confondues avec des juvéniles de *Glossogobius* ou d'*Awaous*. Bien que ne faisant pas partie des espèces dites « d'eau douce », ces espèces ont été intégrées dans les résultats du présent rapport.

1. Nouvelles occurrences d'espèces autochtones

Lors des différentes campagnes d'échantillonnage, **11 espèces ont été recensées pour la première fois** en Nouvelle-Calédonie, à savoir :

Espèces dites « d'eau douce »

- 2 espèces de la famille des Syngnathidae : *Hippichthys heptagonus* et *Hippichthys albomaculosus*⁴,



Hippichthys albomaculosus



Hippichthys heptagonus

- 2 espèces de la famille des Eleotridae : *Giuris aporocephalus* et *Hypseleotris alexis*⁵.

Espèces dites « d'estuaire »

- 3 espèces appartenant à la famille des Oxudercidae : *Dotsugobius bleekeri*, *Pandaka cf. trimaculata* et *Pseudogobius melanosticta*,
- 3 espèces de Gobiidae : *Flavonigobius sp.*, *Bathygobius cocosensis* et *Callogobius sp.*,
- 1 espèce de la famille des Muraenidae : *Echidna rhodochilus*.



Dotsugobius bleekeri



Flavonigobius sp.

⁴ Haÿ V., Charpin N., Keith P., Lord C. Et Mennesson M.I. - 2022 - First record of *Hippichthys albomaculosus* Jenkins & Mailautoka, 2010 (Syngnathidae) in New Caledonia.

⁵ Keith P. Et Mennesson M.I. - Accepted - Review of *Hypseleotris* (Teleostei: Eleotridae) from Indo-Pacific Islands using molecular and morphometric approaches, with description of one new species. Zoological Journal of the Linnean Society *in press*.

2. Nouvelles occurrences d'espèces introduites

Une espèce introduite, non recensée auparavant sur le territoire calédonien, a été collectée durant ce projet. D'après la base de données GenBank (100-98,5%), celle-ci serait l'espèce *Poecilia sphenops*, appartenant à la famille des Poeciliidae. Cette espèce a été observée pour la première fois par la Brigade des Gardes Nature de la Province Nord. Les premiers spécimens ont pu être capturés avec l'aide de l'Agence Néo-Calédonienne de la Biodiversité (ANCB, anciennement Conservatoire d'Espaces Naturels).



Poecilia cf. sphenops

Une deuxième espèce introduite, ayant fait l'objet d'un signalement début 2020 auprès de l'Agence Néo-Calédonienne de la Biodiversité et de la Province Sud, a également été observée mais n'a pu être collectée malgré plusieurs tentatives. Il s'agit de l'espèce *Astronotus ocellatus*, appartenant à la famille des Cichlidae et originaire d'Amérique du Sud.

3. Nouvelles espèces pour la science

Les premières analyses, couplées aux études actuellement menées à l'échelle indo-pacifique, ont mis en évidence la présence de **7 espèces nouvelles pour la science** dont la présence est avérée en Nouvelle-Calédonie. Ces 7 espèces se répartissent **au sein de 3 familles** : les Eleotridae, les Gobiidae et les Oxudercidae.

- 4 espèces appartenant à la famille des Eleotridae,

Trois d'entre elles ont déjà été décrites depuis le début du projet ; *Giuris caussei*, *Giuris charpini* (Keith et Mennesson, 2020)⁶ ainsi que *Giuris viator* (Keith *et al.*, 2020)⁷.



Giuris charpini



Giuris viator

La quatrième espèce, dont la description est actuellement en cours, concerne le complexe *Eleotris cf. melanosoma*.

- 2 espèces de la famille des Gobiidae,

Seule une espèce de *Parioglossus* avait été enregistrée sur le territoire calédonien, *Parioglossus neocaledonicus*. Cependant, deux nouvelles espèces ont été mises en évidence au cours de ce projet. Ces dernières ont été collectées fin 2022. Un travail de taxonomie devra être fait dans un futur proche.



Parioglossus neocaledonicus

⁶ Keith P. et Mennesson M.I. - 2020 - Review of *Giuris* (Teleostei: Eleotridae) from Indo-Pacific islands, with description of three new species.

⁷ Keith P. *et al.* - 2020 - *Giuris* (Teleostei: Eleotridae) from Indonesia, with description of a new species.

- 1 espèce de la famille des Oxudercidae,

Cela concerne une espèce du genre *Stiphodon*. Des analyses plus poussées sont actuellement en cours afin de vérifier si cette espèce est réellement nouvelle pour la science ou si les spécimens collectés pourraient être des hybrides.



© Nicolas Charpin - Vies d'Ô douce

Stiphodon sp. (cf. *elegans*)

4. Espèces dont le nom scientifique a changé/évolué

Les études bibliographiques et les analyses morpho-méristiques et génétiques ont permis de **mettre à jour 10 noms d'espèce** (en plus des espèces nouvelles décrites), depuis la dernière liste des poissons d'eau douce de Nouvelle-Calédonie (Keith *et al.*, 2014)⁸. Il s'agit aussi bien d'espèces dont le nom était mal orthographié que d'espèces auparavant mal identifiées ou mises en synonymie.

Cette mise à jour concerne une espèce de la famille des Butidae (mal identifiée auparavant), deux espèces de la famille des Eleotridae, trois espèces de la famille des Gobiidae et quatre espèces de la famille des Syngnathidae (Tableau 3).

TABLEAU N°3 : MISE À JOUR DES NOMS D'ESPÈCE.

Famille	Ancien nom	Nom scientifique valide en NC	Modification
Butidae	<i>Ophiocara porocephala</i>	<i>Ophiocara ophicephalus</i>	Révision du genre*
Eleotridae	<i>Eleotris acanthopoma</i>	<i>Eleotris acanthopomus</i>	Mal orthographié
	<i>Hypseleotris cyprinoides</i>	<i>Hypseleotris guentheri</i>	Révision du genre**
Gobiidae	<i>Sicyopus zosterophorum</i>	<i>Sicyopus zosterophorus</i>	Mal orthographié
	<i>Stenogobius yateiensis</i>	<i>Stenogobius genivittatus</i>	Révision du genre***
	<i>Stiphodon atratus</i>	<i>Stiphodon pelewensis</i>	Mise en synonymie
Syngnathidae	<i>Coelonotus argulus</i>	<i>Microphis argulus</i>	Révision du genre****
	<i>Coelonotus leiapsis</i>	<i>Microphis leiapsis</i>	Révision du genre****
	<i>Lophocampus retzii</i>	<i>Microphis torrentius</i>	Révision du genre****
	<i>Oostethus brachyurus</i>	<i>Microphis brachyurus</i>	Révision du genre****

* Keith P. et Mennesson M.I. - 2021 - Review of *Ophiocara* (Teleostei : Butidae) from Indo-Pacific Islands.

** Keith P. et Mennesson M.I. - Accepted - Review of *Hypseleotris* (Teleostei: Eleotridae) from Indo-Pacific Islands using molecular and morphometric approaches, with description of one new species. *Zoological Journal of the Linnean Society in press.*

*** Causse *et al.* - 2023 - *Stenogobius* (Teleostei: Gobiidae) from the Indian-Pacific island rivers - *Cybium in press.*

**** Haÿ *et al.* - 2023 - Integrative taxonomic revision of Indo-Pacific freshwater pipefish (Nerophinae) - *Zoological Journal of the Linnean Society in press.*

⁸ Keith P., Lord C., Taillebois L. et Feutry P. - 2014 - New data on freshwater fish of New Caledonia.

V. Base de référence moléculaire

Le projet de références moléculaire TAXNC, crée dans la base de données mondiale BOLD (The Barcode of Life Data System ; [www. boldsystems.org](http://www.boldsystems.org)), comprend un total de **514 spécimens** (Figure 4).



Figure 4 : Descriptif des données intégrées et disponibles dans la base de données mondiale BOLD.

Pour l'ensemble de ces 514 spécimens implémentés dans la base, les données de collecte (pays, province, région et coordonnées GPS) sont disponibles, 378 d'entre eux disposant également d'une photo. Il est important de rappeler que la réalisation de la base de données ne nécessite pas d'avoir une photo par individu. L'objectif est d'avoir entre 3 et 4 spécimens de référence (que l'on appelle voucher) par espèce, conservés en collection au MNHN et donc consultables.

Ainsi, au sein d'une même espèce potentielle, tous les spécimens collectés n'ont pas été séquencés. Ce qui explique pourquoi seulement 254 spécimens présentent des séquences pour les gènes 12S et COI. Les 3 à 4 spécimens (= vouchers) ont été sélectionnés en fonction de la présence ou non de photo (avec une priorité pour ceux qui en avaient) mais aussi en fonction des lieux de collecte, dans le but d'avoir le meilleur aperçu possible de la répartition des espèces.

Lorsqu'un doute a été émis pour une espèce (par exemple avec les *Parioglossus*), un plus grand nombre d'individus a alors été séquencé afin de s'assurer de ne pas manquer une information importante sur la distribution de l'espèce.

L'analyse taxonomique des **514 spécimens** composant le jeu de données nous révèle que (Figure 5) :

1. 13 ordres sont représentés, les plus importants étant les Gobiiformes (71%) et les Syngnathiformes (10%).
2. **24 familles** sont représentées dont 5 prédominantes : les Oxudercidae (28%), les Eleotridae (21%), les Gobiidae (16%), les Syngnathidae (10%) et les Butidae (6%).
3. **63 espèces** ont été séquencées (voir Annexe 1)

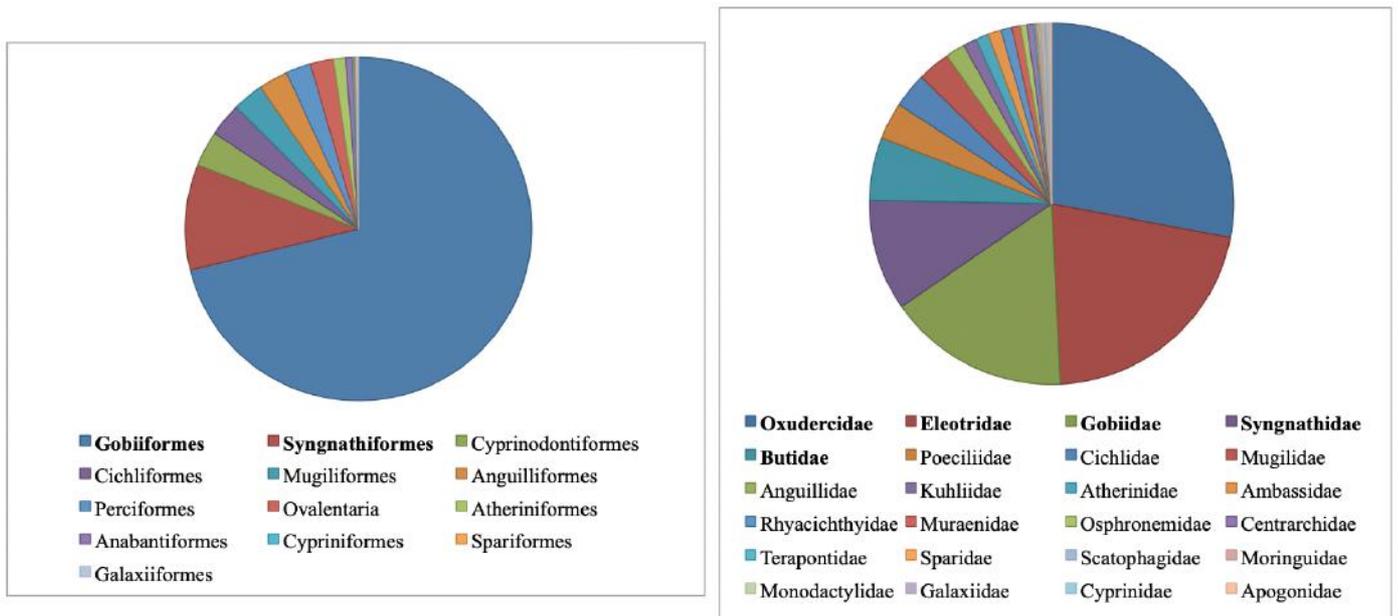


Figure 5 : Analyse taxonomique des spécimens implémentés dans la base de références BOLD.

Afin d'expliquer au mieux comment se présente la base de références moléculaire des poissons d'eau douce de Nouvelle-Calédonie, l'exemple du *Bunaka gyrioides* dont le numéro de terrain (Field ID) est le RTNC-307 est exposé ci-après (Figure 6). Une photo a pu être faite pour ce spécimen et sa mise en collection (obtention d'un numéro MNHN-IC-XX) est en cours.

RTNC_307 - Revision Taxonomique des poissons d'eau douce de Nouvelle-Caledonie [TAXNC]



RTNC_307 + -



Charpin Nicolas CreativeCommons Attribution NonCommercial
ShareAlike (2022)
Museum National d'Histoire Naturelle Paris

charpin.nicolas@gmail.com

Tags + -

Comments +

Lateral



Process ID: TAXNC330-21
Identification: Bunaka gyrinoides (Bleeker, 1853)
Identified by: New Caledonia, North
Collected in by: Charpin Nicolas
Institution Storing: Museum National d'Histoire Naturelle, France
Field ID: RTNC_307
Museum ID:

Edit Specimen
Show Delta View

Specimen Details ^ x

Sample ID: RTNC_307	Voucher Status:	Clip fin
Process ID: TAXNC330-21	Tissue Descriptor:	Sex:
Project: TAXNC	Institution Storing: Museum National d'Histoire Naturelle, France	Reproduction:
Field ID: RTNC_307	Museum ID:	Life Stage:
Collection Code:	Reference Link:	Extra Info:
Note:		Associated Taxa:
		Associated Specimens:

Taxonomy ^ x

Phylum: Chordata	Identification: Bunaka gyrinoides (Bleeker, 1853)	
Class: Actinopterygii	Rank: Species	
Order: Gobiiformes	Identifier:	
Family: Eleotridae	Identification Method:	
Subfamily: Eleotrinae	Identifier Institution:	
Genus: Bunaka	Identifier Email:	
Species: Bunaka gyrinoides	Taxonomy Note:	

Barcode Index Numbers ^ x

BIN: BOLD:AAW7163	Phylum: Chordata [14]	
Type: Member	Class: Actinopterygii [14]	
Max Divergence in BIN: 0.68% (p-dist)	Order: Gobiiformes [14]	
Distance to NN: 5.98% (p-dist)	Family: Eleotridae [14]	
	Subfamily: Eleotrinae [14]	
	Genus: Bunaka [14]	
	Species: Bunaka gyrinoides [14]	

Collection Data ^ x

Country: New Caledonia	Collector: Charpin Nicolas	
Province/State: North	Date Collected: 03-Nov-2021	
Region/County: Grande Terre	Date Accuracy:	
Sector:	Time Collected:	
Exact Site: Nehoue/Koumac	Site Code:	
Lat/Lon: -20.418, 164.22	Habitat:	
Elevation:	Sampling Protocol:	
Elevation Accuracy:	Coord. Source:	
Depth:	Coord. Accuracy:	
Depth Accuracy:		
Collection Event ID:		
Collection Notes:		

Map ^ x



Leaflet | © OpenStreetMap contributors

Recent Activities ^ x

25 records per page Search:

Timestamp	Who	Action
Jun-10, 2022 07:38	Nicolas P Charpin	Modify-Specimen
Jun-10, 2022 07:38	Nicolas P Charpin	New-Image(s)
Nov-24, 2021 10:06	BOLD Data Manager	New-Record

Showing 1 to 3 of 3 entries First Previous 1 Next Last

Download History: Last Week Last Month Last 6 Months

Comments ^ x

+

Figure 6 : Exemple de fiche descriptive d'un spécimen implémenté dans la base BOLD.

Différentes sections sont présentées :

1. Les informations concernant le spécimen : les différents numéros d'identification du spécimens (n° de terrain = RTNC-307 ; Process ID = numéro donné à l'individu par BOLD qui est rattaché au numéro de projet, ici : TAXNC330-21) ; le nom du collecteur (ici, Nicolas Charpin), le lieu de stockage du spécimen (ici, MNHN prochainement), etc.
2. La taxonomie du spécimen : Quand l'identification jusqu'à l'espèce n'a pu être faite, il a été noté le nom de genre suivi du terme 'sp.' (ex : *Butis* sp.) indiquant ainsi que le travail de taxonomie sur cet individu n'a pas encore pu être finalisé. De plus, avec l'émergence de la description de nouvelles espèces cryptiques, la base de données BOLD a parfois du mal à suivre les nouveaux noms d'espèce qui sont publiés. Par conséquent, il arrive que le nom de l'espèce identifié ne soit pas encore disponible sur la plateforme. Il faut donc prendre en compte l'impossibilité de forcer le système et de mettre le nom d'espèce souhaité.
3. Une section « Barcode Index Numbers » ou BINs permet d'accéder à une fiche qui regroupe des informations sur l'espèce identifiée à l'échelle de la base de données tout entière. Ainsi, tous les *Bunaka gyrinoides* identifiés dans le projet présentent le même numéro BIN (ici : BOLD:AAW7163).

Identification	Specimen Page	Sequence Page	Extra Info	BIN	Record Flags Legend						Bases [Ambig]		
												COI-5P	12S
Bunaka gyrinoides	RTNC_301	TAXNC324-21		BOLD:AAW7163		1	0					585[0n]	527[0n]
Bunaka gyrinoides	RTNC_307	TAXNC330-21		BOLD:AAW7163		1	0					585[0n]	528[0n]
Bunaka gyrinoides	RTNC_308	TAXNC331-21		BOLD:AAW7163		0	0					585[0n]	528[0n]
Bunaka gyrinoides	RTNC_038	TAXNC042-21		BOLD:AAW7163		1	0					585[0n]	526[0n]
Bunaka gyrinoides	RTNC_441	TAXNC554-23				1	0					0	0

4. Les informations concernant le lieu de collecte peuvent être remplies avec plus ou moins de précisions. Une carte est jointe à la fiche.
5. La zone « Recent Activities » permet aux gestionnaires du projet de voir les dernières modifications apportées à la fiche du spécimen.

VI. Conclusion

Au regard des collectes réalisées durant ce projet (77 espèces) et des données historiques (et vérifiables) sur les espèces recensées par le passé dans les milieux aquatiques calédoniens, la liste des espèces piscicoles dulçaquicoles présentes en Nouvelle-Calédonie s'élève à 86 espèces, hors espèces marines remontant sporadiquement les rivières (Annexe 1).

Avec l'évolution des techniques de séquençage (NGS), la mise en évidence de la présence d'espèces cryptiques s'avère plus facile. En effet, aux alentours de 2010, le nombre d'espèces répertoriées dans les rivières de Nouvelle-Calédonie était de 73. Or, en 2023, celui-ci est bien au-dessus, illustrant ainsi la nécessité de réaliser le présent projet. Il est important de notifier que la majeure partie des espèces identifiées sont des espèces dites « d'eau douce » dont un large nombre sont des espèces diadromes (i.e., familles des Oxudercidae, Eleotridae, Gobiidae, Syngnathidae et Butidae). Parmi ces dernières, huit espèces sont strictement endémiques de Nouvelle-Calédonie (NC) (ex : *Protogobius attiti*, *Parioglossus neocaledonicus*), cinq ont une aire de répartition limitée à la NC et au Vanuatu (ex : *Siphodon mele*, *Smilosicyopus chloe*) et une est présente en NC et en Papouasie-Nouvelle-Guinée (*Giuris causse*).

Parmi les résultats obtenus, plusieurs chiffres sont à retenir : i- **13 nouvelles occurrences** (incluant deux espèces introduites, *Poecilia cf. sphenops* et *Astronotus ocellatus*) enregistrées, ii- **sept nouvelles espèces** répertoriées chez les familles des Eleotridae, des Gobiidae et des Oxudercidae et iii- **une évolution** (i.e., une modification) **de certains noms d'espèces** pour des raisons d'orthographe ou de révision.

La création d'une base de données moléculaire était nécessaire afin d'avoir une liste d'espèces claire et précise, incluant des spécimens de référence enregistrés (= vouchers) dans les collections du MNHN.

Avec l'appui de la génétique (gènes *COI* et *12S*), couplée aux données de collecte et aux photos des spécimens de référence, ce projet constitue **la base de références moléculaire la plus complète pour les poissons d'eau douce de Nouvelle-Calédonie**, mise gratuitement à disposition de la communauté scientifique sur le site de BOLD (The Barcode of Life Data System ; [www. boldsystems.org](http://www.boldsystems.org)). Elle permet ainsi de faciliter le travail d'identification des espèces avec l'utilisation du Barcoding (gène *COI*) ou avec l'utilisation de l'ADN environnemental (ADNe, gène *12S*).

La mise à jour de la liste des espèces de poissons d'eau douce de Nouvelle-Calédonie était primordiale notamment pour la révision future de la liste rouge des espèces menacées de Nouvelle-Calédonie mais également pour les services qui assurent un grand nombre d'échantillonnages piscicoles et/ou qui sont en charge de la mise en place de la Politique Partagée de l'Eau (PEP). Elle constitue également un base solide et capitale en vue d'une mise en place de plans de gestion et de conservation adaptés à chaque espèce.

VII. Publications scientifiques

Parmi les résultats, 4 ont déjà fait l'objet d'une publication scientifique :

- Keith P. & Mennesson M.I. – 2020 – Review of *Giuris* (Teleostei: Eleotridae) from Indo-Pacific islands, with description of three new species. *Cybium*, 44(4): 331-349.
- Keith P., Mennesson M.I., Sauri S., Busson F., Delrieu-Trottin E., Limmon G., Sukmono T., Jiran, Risdawati R., Dahruddin H., Hubert N. – 2020 – *Giuris* (Teleostei: Eleotridae) from Indonesia, with description of a new species. *Cybium*, 44(4): 317-329.
- Keith & Mennesson – 2021 – Review of *Ophiocara* (Teleostei : Butidae) from Indo-Pacific Islands.
- Haÿ V., Charpin N., Keith P., Lord C. & Mennesson M.I. – 2022 – First record of *Hippichthys albomaculosus* Jenkins & Mailautoka, 2010 (Syngnathidae) in New Caledonia.

VIII. Annexes

ANNEXE 1 : LISTE DES ESPÈCES DE POISSONS RECENSÉES DANS LES MILIEUX AQUATIQUES INVENTORIÉS EN NOUVELLE-CALÉDONIE ET DONT LA PRÉSENCE EST CONFIRMÉE (EN VERT LES ESPÈCES ENDÉMIQUES, EN BLEU LES ESPÈCES À AIRE DE RÉPARTITION LIMITÉE NC / VANUATU, EN ROUGE LES ESPÈCES INTRODUITES).

Famille	Auteur	Auteur	Séquencage
Ambassidae	<i>Ambassis interrupta</i>	Bleeker, 1853	
	<i>Ambassis miops</i>	Günther, 1872	
Anguillidae	<i>Anguilla australis</i>	Richardson, 1841	
	<i>Anguilla marmorata</i>	Quoy & Gaimard, 1824	
	<i>Anguilla megastoma</i>	Kaup, 1856	
	<i>Anguilla obscura</i>	Günther, 1872	
	<i>Anguilla reinhardtii</i>	Steindachner, 1867	
Atherinidae	<i>Bleheratherina pierucciae</i>	Aarn & Ivantsoff, 2009	
Butidae	<i>Butis amboinensis</i>	Bleeker, 1853	
	<i>Ophiocara ophicephalus</i>	Valenciennes, 1837	
Centrarchidae	<i>Micropterus salmoides</i>	Lacepède, 1802	
Cichlidae	<i>Oreochromis mossambicus</i>	Peters, 1852	
	<i>Sarotherodon occidentalis</i>	Daget, 1962	
	<i>Astronotus ocellatus</i>	Agassiz 1831	
Cyprinidae	<i>Carassius auratus</i>	Linnaeus, 1758	
	<i>Cyprinus carpio</i>	Linnaeus, 1758	
Eleotridae	<i>Bunaka gyrinoides</i>	Bleeker, 1853	
	<i>Eleotris acanthopomus</i>	Bleeker, 1853	
	<i>Eleotris fusca</i>	Bloch & Schneider 1801	
	<i>Eleotris melanosoma</i>	Bleeker, 1853	
	<i>Eleotris cf. melanosoma sp1</i>		
	<i>Giuris aporocephalus</i>	Macleay, 1884	
	<i>Giuris causei</i>	Keith, Mennesson & Lord, 2020	
	<i>Giuris charpini</i>	Keith & Mennesson, 2020	
	<i>Giuris viator</i>	Keith & Mennesson, 2020	
	<i>Hypseleotris guentheri</i>	Bleeker, 1875	
<i>Hypseleotris alexis</i>	Whitley, 1959		

Famille	Auteur	Auteur	Séquencage
Galaxiidae	<i>Galaxias neocaledonicus</i>	Weber & de Beaufort, 1913	
Gobiidae	<i>Bathygobius cocosensis</i>	Bleeker, 1854	
	<i>Callogobius sp.</i>		
	<i>Favonigobius sp.</i>		
	<i>Parioglossus neocaledonicus</i>	Dingerkus & Séret, 1992	
	<i>Parioglossus sp2</i>		
	<i>Parioglossus sp3</i>		
Kuhliidae	<i>Kuhlia marginata</i>	Cuvier, 1829	
	<i>Kuhlia munda</i>	De Vis, 1884	
	<i>Kuhlia rupestris</i>	Lacepède, 1802	
Moringuidae	<i>Moringua microchir</i>	Bleeker, 1853	
Mugilidae	<i>Cestraeus oxyrhyncus</i>	Valenciennes, 1836	
	<i>Cestraeus plicatilis</i>	Valenciennes, 1836	
Muraenidae	<i>Echidna rhodochilus</i>	Bleeker, 1863	
	<i>Gymnothorax polyuranodon</i>	Bleeker, 1854	
Ophichthyidae	<i>Lamnostoma kampeni</i>	Weber & de Beaufort, 1916	
	<i>Lamnostoma orientalis</i>	McClelland, 1844	
Osphronemidae	<i>Trichopodus pectoralis</i>	Regan, 1910	
	<i>Trichogaster trichopterus</i>	Pallas, 1770	
	<i>Awaous guamensis</i>	Valenciennes, 1837	
	<i>Awaous ocellaris</i>	Broussonet, 1782	
	<i>Dotsugobius bleekeri</i>	Popta, 1921	
	<i>Glossogobius illimis</i>	Hoese & Allen, 2012	
	<i>Lentipes kaaea</i>	Watson, Keith & Marquet, 2002	
	<i>Mugilogobius notospilus</i>	Günther, 1877	
	<i>Mugilogobius mertoni</i>	Weber, 1911	
	<i>Pandaka cf. trimaculata</i>	Akihito & Meguro 1975	
	<i>Psammogobius cf. biocellatus</i>	Valenciennes, 1837	
	<i>Pseudogobius melanosticta</i>	Day, 1876	
	<i>Redigobius balteatus</i>	Herre, 1935	
	<i>Redigobius bikolanus</i>	Herre, 1927	

