



HAL
open science

Transferts de contaminants hydrophobes du sédiment au biote : construction de modèles dans une perspective de gestion

Marc Babut, Cecile Miege, A. Roy, C. Lopes, G. Roux, M. Desmet, H. Persat

► **To cite this version:**

Marc Babut, Cecile Miege, A. Roy, C. Lopes, G. Roux, et al.. Transferts de contaminants hydrophobes du sédiment au biote : construction de modèles dans une perspective de gestion. [Rapport de recherche] irstea. 2011, pp.186. hal-02595310

HAL Id: hal-02595310

<https://hal.inrae.fr/hal-02595310>

Submitted on 15 May 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Transferts de contaminants hydrophobes du sédiment au biote : construction de modèles dans une perspective de gestion

Rapport final



(juin 2011)

CemOA : archive ouverte d'Irstea / Cemagref



ZABR

ZONE ATELIER BASSIN
RHONE BASIN LONG TERM ENVIRONMENTAL



Titre

Transferts de contaminants hydrophobes du sédiment au biote : construction de modèles dans une perspective de gestion

Auteurs

Marc BABUT, Cécile MIEGE, Annie ROY, Christelle LOPES, Gwenaëlle ROUX, Marc DESMET, Henri PERSAT

Equipe de projet

Marc BABUT (coordinateur), Cécile MIEGE, Annie ROY, Christelle LOPES, Marie-Claude ROGER, Bernard MOTTE (Cemagref, UR MALY)

Marc DESMET¹, Gwenaëlle ROUX (ENTPE, Laboratoire des Sciences de l'Environnement),

Henri PERSAT (CNRS-UCBL, LEHF, UMR 5023),

Irène LEFEVRE, Philippe BONTE (LSCE, CNRS-CEA),

Barbara MAHLER & Peter van METRE (USGS, Austin, TX, USA)

Financement

Plan Rhône (volet recherche) : Agence de l'Eau Rhône-Méditerranée et Corse, Région Rhône-Alpes, Région Provence-Alpes-Côte d'Azur, Compagnie Nationale du Rhône

Office National de l'Eau et des Milieux Aquatiques

Remerciements

Eric Doutriaux (CNR), Thierry Meunier (TREDI Saint Vulbas, groupe Sèche-Environnement), Cédric Giroux, M. Simon, Président de l'Association de Pêche de St-Romain-en-Gier, gestionnaire du plan d'eau de la Bricotte, le personnel du Centre d'Observation de la Nature de l'Ile du Beurre, pour les informations fournies et l'aide aux prélèvements.

Nous voulons également remercier tout particulièrement Barbara J. Mahler et Peter C. van Metre pour tout ce qu'ils ont apporté à ce projet, notamment à sa partie consacrée à l'étude des sédiments. A ce titre ils devraient figurer dans la liste des auteurs, ce qui n'a pu se faire à ce jour pour des raisons administratives.

¹ Actuellement UMR ISTO, Université de Tours

Résumé :

Le plan national d'actions sur les polychlorobiphényles (PCB), adopté en février 2008, inclut un axe de renforcement des connaissances, dont la première action, dans laquelle s'insère cette étude, concerne la compréhension des relations entre la contamination des sédiments et celle des poissons. Il s'agit (i) d'améliorer la compréhension de ces relations en les décrivant par un modèle cinétique de bioaccumulation, qui permette entre autres (ii) de déterminer un niveau seuil de PCB dans les sédiments au-dessus duquel les poissons ne seraient pas conformes au seuil réglementaire de 8 pg TEQ.g⁻¹ de poids frais, et enfin (iii) de déterminer les tendances temporelles et spatiales de la contamination des poissons et des sédiments par les PCB.

L'évaluation des tendances de la contamination des sédiments repose sur l'étude de carottes de sédiments collectées sur cinq sites du Rhône (lône de la Morte, Crépieux, Grand Large, Table Ronde et lône de l'île du Beurre) et un affluent, le Gier, datées à l'aide principalement de marqueurs radioactifs. 18 congénères de PCB ont été analysés sur des tranches de l'ordre du cm. En complément, la contamination de la couche superficielle des sédiments du plan d'eau du Grand Large a été cartographiée de manière extensive (16 points sur 144 ha). Les données recueillies dans cette première partie de l'étude montrent un gradient de contamination de l'amont vers l'aval, avec des apports significatifs à l'amont et à l'aval de l'agglomération lyonnaise. Elles soulignent également une tendance nette à la diminution des concentrations dans le temps, tendance plus marquée à l'amont de l'agglomération lyonnaise qu'à l'aval, où le Gier notamment contribue à la contamination du Rhône avec des concentrations encore élevées. L'interprétation des caractéristiques granulométriques et de la distribution des congénères soulignent également le rôle des crues et plus généralement la dynamique hydro-sédimentaire du Rhône, et pour la partie amont le rôle des chasses sédimentaires, dans la redistribution de la contamination dans le système.

Sur trois des cinq sites précités, la Morte, Grand Large et île du Beurre, trois espèces de poisson, la brème commune (*Abramis brama*), le barbeau (*Barbus barbus*) et le chevaine (*Squalius cephalus*) ont été capturés, ainsi que les invertébrés constituant la base de leur alimentation, à savoir larves de chironomes, gammares, éphémères, et mollusques bivalves (*corbicules* et *pisidium*). L'ensemble de ces échantillons a fait l'objet d'analyses d'isotopes froids du carbone ($\delta^{13}\text{C}$) et de l'azote ($\delta^{15}\text{N}$), ainsi que de PCB, 7 à 18 congénères selon le type d'échantillon. Les caractéristiques biométriques des poissons (taille, masse, âge) ont également été relevées, et les contenus stomacaux de chaque individu analysés. Un modèle de régression log-linéaire visant à expliquer la contamination de la chair des poissons, et un modèle linéaire généralisé, visant à estimer la probabilité de dépasser le seuil sanitaire ont été développés en utilisant toutes les variables explicatives disponibles. Par régression pas à pas descendante, seules les variables significatives ont été conservées : le meilleur modèle log-linéaire, qui explique 78 % de la variabilité totale de la contamination, toutes espèces confondues sur l'ensemble des sites, est obtenu avec seulement trois variables : la taille des poissons, la proportion de carbone d'origine détritique dans leur alimentation, et la concentration maximale dans le sédiment à laquelle ils ont été exposés durant leur vie. Le modèle linéaire généralisé estimant la probabilité de dépasser le seuil explique quant à lui 70% de la variabilité avec les trois mêmes variables. Ces résultats confirment le rôle prédominant du compartiment sédimentaire dans le processus de contamination des poissons.

Un modèle de bioaccumulation à base physiologique a également été développé pour le congénère PCB#153 à partir des données expérimentales recueillies dans cette étude, de données historiques sur la température de l'eau du Rhône, et d'informations collectées dans la littérature sur la physiologie des poissons ou la cinétique d'accumulation des PCB par les invertébrés. Ce modèle a été discrétisé par classes d'âge de poisson, et prédit de fortes variations saisonnières du niveau de contamination de chaque individu, qu'il a été impossible de vérifier expérimentalement. Les concentrations prédites par le modèle comparées aux niveaux observés dans les poissons montrent qu'il est assez robuste, avec un seul faux négatif sur 114 cas. La proportion de faux positifs est cependant plus élevée,

essentiellement à cause du chevaie, pour lequel le modèle surestime globalement les niveaux de contamination. Cela pourrait être dû au fait que dans la modélisation le régime alimentaire de chaque espèce est fixe quel que soit l'âge de l'individu, alors que le chevaie est particulièrement opportuniste. L'analyse de sensibilité montre qu'aucun paramètre de ce modèle n'influence la proportion de faux négatifs, et que les paramètres influant le plus la qualité d'ajustement sont ceux décrivant la voie trophique (efficacité d'assimilation, préférences alimentaires vis à vis de certaines proies, concentrations dans les proies, concentrations dans le sédiment), ainsi que le taux d'excrétion.

Ces deux approches de modélisation ont été utilisées pour déterminer des concentrations dans le sédiment au-dessous desquelles les poissons seraient conformes au seul réglementaire de consommation. Avec le modèle statistique (log-linéaire) 90% des poissons de notre jeu de données seraient conformes si la somme des concentrations des PCB indicateurs dans le sédiment était inférieure à 5.9 ng.g⁻¹ (poids sec). En contraignant le modèle à base physiologique de façon à ce que les poissons ne dépassent jamais le seuil réglementaire, les concentrations seuil obtenues varient entre 2.6 et 14 ng.g⁻¹ (poids sec) selon l'espèce et le site, ce qui paraît assez convergent avec l'approche statistique.

On peut enfin estimer que le niveau de contamination a baissé de manière continue dans les poissons du site de la Morte au cours des périodes 1970-84, 1985-99 et 1995-2009. Il a probablement augmenté dans les poissons du Grand Large jusqu'à 1997-98, et serait actuellement en diminution, sans qu'il soit possible avec le modèle statistique de prédire à quel moment les poissons seront tous conformes au seuil réglementaire. Il a diminué dans la période la plus récente à l'île du Beurre par rapport aux périodes précédentes, mais les fluctuations des concentrations dans les sédiments, influencées par l'hydrologie sur ce site et les apports du Gier, ne permettent pas de prédire une tendance à moyen terme pour les poissons de ce secteur.

Mots-clés :

PCB ; sédiments ; carottes ; bioaccumulation ; réseau trophique ; invertébrés ; poissons ; modèle statistique ; modèle de bioaccumulation à base physiologique

Abstract:

The French action plan on polychlorobiphenyls (PCBs) was adopted in 2008. An important element of the plan is to produce information leading to an improved understanding of the fate and transport of these contaminants. The first step, addressed by this study, is to better understand the relation between PCB contamination of sediment and that of biota. The objectives of the study presented in this report were (i) to develop a bioaccumulation model that relates PCB concentrations in sediment to those in fish, (ii) in order to predict a "safe" PCB concentration in sediment, i.e., that corresponds a PCB concentration in fish tissue that is less than the current regulatory maximum for fish consumption (8 pgTEQ.g⁻¹ wet weight), and (iii) to describe spatial and temporal trends in PCBs in Rhône River sediment and fish.

Spatial and temporal trends in PCBs in Rhône sediment were investigated by collection and analysis of sediment cores from five locations along the Rhône (La Morte, Crépieux, Grand Large, Table Ronde, and île du Beurre) and from one location on a tributary (the Gier River). Dates of deposition of sediments in the cores were determined on the basis of the date of site construction or connection to the Rhône, occurrence of radionuclides, and changes in grain-size distribution corresponding to major flood events. Eighteen PCB congeners were analyzed at 1-cm intervals in one core from each site. Additionally, 16 samples of surface sediments were collected in the Grand Large, a fluvial lake of 144 ha, in order to map PCB contamination of surficial lake sediments. The data collected for this first part of the study show that PCB concentrations increase in a downstream direction, with significant releases to the river both upstream and downstream of Lyon and its suburbs. Although concentrations at all sites decrease toward the top of the core (corresponding to recently deposited sediments), this tendency is more pronounced

upstream of Lyon, whereas downstream of Lyon the Gier River continues to contribute substantially to the PCB contamination of Rhône sediments. The role of floods, and, more generally, hydro-sedimentary dynamics are reflected in changes in grain-size distribution and PCB congener patterns throughout the system, and upstream of Lyon sediment flushing events also affect PCB congener patterns.

Three fish species (the common bream *Abramis brama*, the barbel *Barbus barbus*, and the chub *Squalius cephalus*) and their invertebrate prey (chironomid larvae, freshwater shrimp, ephemera, and bivalve mollusks corbicula and pisidium) were collected at three of the sediment-sampling locations (La Morte, Grand Large, and Ile du Beurre). All samples were analyzed for isotopes of carbon ($\delta^{13}\text{C}$) and nitrogen ($\delta^{15}\text{N}$) and seven to 18 PCB congeners. Biometric characteristics (size, weight and age) were recorded, and fish stomach contents were analyzed. All available variables were used to develop (i) a log-linear model relating PCB contamination of fish tissue to that of sediment, and (ii) a generalized linear model that estimates the probability that the PCB contamination threshold for fish consumption is exceeded for a given concentration of PCBs in sediment. For both models, three significant variables were identified by backward stepwise regression: fish size, the proportion of fish diet composed of detrital carbon, and the maximum PCB concentration in sediment to which the fish were exposed over their lifetime. Using these three variables, the log-linear model was able to explain 78% of the total contamination variability (all species from all locations combined), and the generalized linear model, which determines the probability that the consumption concentration threshold is exceeded, was able to explain 70% of the variability. These results confirm the importance of the relation between PCB contamination of sediments and that of fish.

physiology-based food-web model was developed for the PCB congener #153 using the experimental data obtained during this study, historical records of water temperature, and literature data on fish physiology and invertebrate contamination kinetics. The model, discretized by fish age classes, predicts large seasonal variations in the contamination of individuals, although this result could not be confirmed experimentally. Comparison of predicted and observed concentrations demonstrates that the model is fairly robust, with only one false negative out of 114 cases. The rate of false positives (overestimation of contamination level) was higher, and occurred principally for chubs. This likely is because fish diet in the model is fixed regardless of fish age, and because chubs are opportunistic feeders. A sensitivity analysis indicated that none of the model parameters affected the rate of false negatives. The parameters that most affected the model fit were those describing the trophic exposure route (assimilation efficiency, feeding preferences, PCB concentration in prey, and PCB concentration in sediment) and the excretion rate.

The two modeling approaches were used to determine the PCB concentration in sediment below which PCBs in fish tissue are likely to be at a concentration that does not exceed the regulatory maximum for consumption. On the basis of the log-linear model, 90% of the fish in the study database would have a PCB concentration less than that of the regulatory maximum if the PCB concentration in the sediment were less than 5.9 ng.g⁻¹ (dry weight). If the food-web model was constrained so that no fish would exceed this maximum, the resulting benchmark concentration for sediment varied between 2.6 and 14 ng.g⁻¹ (dry weight), depending on fish species and location, a result that is consistent with that of the log-linear model.

On the basis of what was learnt regarding temporal trends in PCB concentrations in sediment, PCB concentrations in fish at La Morte likely have decreased almost continuously since the 1970s. In contrast, PCB concentrations in fish at Grand Large probably increased until 1997-98 and now are decreasing. However, the date at which all the fish in the Grand Large would contain PCBs at a concentration below the regulatory threshold for fish consumption cannot be predicted with the statistical model. At Ile du Beurre, PCB contamination of fish likely decreased during 1995-2009 relative to previous decades, but the large variations in sediment PCB concentrations, which are

affected by the flow regime and contributions from the Gier River, hamper any prediction of trends in fish contamination in this area.

Keywords:

PCB; sediment; core; bioaccumulation; food web; invertebrates; fish ; statistical model ; physiology-based bioaccumulation model

SOMMAIRE

1	Introduction.....	1
2	Démarche & méthodes.....	2
2.1	Acquisition de données – sites d'étude.....	2
2.1.1	Carottages de sédiments	3
2.1.2	Capture de poissons – analyses et autres déterminations.....	5
2.1.3	Prélèvements d'invertébrés – analyses et autres déterminations	5
2.1.4	Evaluation de la qualité des données.....	6
2.1.5	Normalisation des concentrations ?.....	7
3	Contamination des sédiments par les PCB : tendances temporelles et spatiales.....	9
3.1	Carottes réalisées sur l'axe Rhône	9
3.1.1	Les modèles d'âge.....	9
3.1.2	La distribution granulométrique et les évènements de crues	9
3.1.3	Evolution des concentrations de PCB	11
3.1.4	Gradients temporels amont-aval.....	13
3.2	Aperçu des résultats des carottes réalisées en 2009.....	14
3.2.1	Datation	15
3.2.2	Granulométrie	15
3.2.3	Profils de contamination par les PCB.....	16
3.3	Dioxines et furannes	17
3.4	Corrélations entre congénères de PCB et ΣPCB, dioxines et furanes.....	18
3.5	Contamination des sédiments en surface du Grand Large	19
3.6	Analyse des profils de contamination : essai de modélisation des sources de PCB.....	22
3.6.1	Objectifs.....	22
3.6.2	Principe de la modélisation PMF	22
3.6.3	Constitution du jeu de données	23
3.6.4	Paramétrage de PMF	25
3.6.5	Profils des sources.....	26
3.6.6	Contributions des facteurs.....	28
3.6.7	Comparaison des facteurs identifiés aux mélanges techniques.....	33
3.6.8	Discussion	35
3.7	Synthèse sur la contamination des sédiments.....	36
4	Réseaux trophiques du barbeau, de la brème commune et du cheveine ; voies de contamination des poissons et facteurs de contrôle	38
4.1	Contamination du biote par les PCB et facteurs de contrôle	38
4.1.1	Données de contamination	38
4.1.2	Facteurs de contrôle	40
4.2	Voies de contamination des poissons.....	42
4.2.1	Inventaires faunistiques.....	42
4.2.2	Contenus stomacaux.....	44
4.2.3	Lien entre inventaires faunistiques et contenus stomacaux	50
4.2.4	Analyse des données isotopiques et lien avec la contamination	50
4.2.5	Modèle statistique	55
4.2.6	Tendances temporelles de la contamination des poissons.....	58
4.2.7	Conclusion sur les voies de contamination et les facteurs de contrôle	59
5	Modèle d'accumulation dans les chaînes trophiques.....	60
5.1	Principes généraux	60
5.1.1	Contamination des poissons	60

5.1.2	Contamination des invertébrés (proies des poissons).....	61
5.1.3	Hypothèses sous-jacentes.....	62
5.2	Paramétrages	62
5.2.1	Choix du congénère.....	62
5.2.2	Modélisation des variables dépendantes.....	63
5.2.3	Modélisation des fonctions relatives à la contamination des poissons.....	68
5.2.4	Modélisation des fonctions relatives à la contamination des invertébrés.....	71
5.2.5	Variables de forçage.....	72
5.2.6	Méthode de simulation.....	72
5.3	Application du modèle de chaîne trophique, simulations	72
5.3.1	Résultats de simulations.....	72
5.3.2	Analyse de sensibilité.....	75
5.3.3	Utilisation prédictive : définition de seuils de concentration dans le sédiment compatible avec la réglementation.....	76
5.3.4	Discussion et perspectives - modèles et concentration seuil dans les sédiments.....	77
6	Synthèse et conclusions	78

Index des tableaux

Tableau 1 - Bilan des captures de poissons (nombre d'individus capturés par espèce et par site).....	5
Tableau 2 - Bilan des captures d'invertébrés.....	6
Tableau 3 - Concentrations maximum et actuelles des PCDD et PCDF dans les carottes.....	17
Tableau 4 - Concentrations en PCB _i (somme des 7 congénères, poids sec) et carbone organique total dans les échantillons de surface du Grand Large.....	20
Tableau 5 - Proportions moyennes (%) des congénères ayant des valeurs <LQ estimées dans les strates environnantes (min. 5 – max. 9 couches).....	25
Tableau 6 - Composition des facteurs (essai PMF-18 variables, itération #15).....	28
Tableau 7 - Comparaison des facteurs obtenus après bootstrap avec les facteurs de la modélisation de base (itération #15).....	28
Tableau 8 - Différences de proportion des 18 congénères de PCB dans les formules commerciales de Phénoclor et Aroclor.....	34
Tableau 9 - Comparaison des facteurs issus de PMF avec différents mélanges techniques.....	35
Tableau 10 - Distribution du seuil sédiment rétro-calculé à partir du modèle log-linéaire (Équation 13).....	57
Tableau 11 - Concentrations maximum dans les sédiments en fonction du temps.....	58
Tableau 12 - Valeurs des paramètres obtenues pour la cinétique de température.....	64
Tableau 13 - Valeurs des paramètres estimées pour chaque espèce.....	66
Tableau 14 - Estimation des paramètres du modèle de von Bertalanffy pour chaque espèce.....	66
Tableau 15 - Concentration dans les sédiments (en ng.g ⁻¹ poids sec) à ne pas dépasser.....	76

Index des figures

Figure 1 - Distribution granulométrique des sédiments des carottes MTE, CPX et BRE.....	10
Figure 2 - ΣPCBi dans les carottes MTE, CPX et BRE.....	11
Figure 3 - Ratios ΣPCBi /COT en fonction de la profondeur (MTE, CPX et BRE).....	13
Figure 4 - Tendances spatiales et temporelles des concentrations de PCB par période dans les carottes MTE, CPX et BRE.....	14
Figure 5 - Profils de concentration des PCB (ΣPCBi) dans les carottes du Grand Large, de la Table Ronde et de la Bricotte.....	16
Figure 6 - Profil en profondeur des dioxines et furannes à La Morte et au Grand Large.....	18
Figure 7 - Valeur de ΣPCBi dans les sédiments de surface du Grand Large (en µg.kg ⁻¹ ps).....	21
Figure 8 - Concentrations des congénères de PCB indicateurs dans les 5 facteurs (essai PMF-18 variables, itération #15).....	27
Figure 9 - Contributions des facteurs 1, 3, et 5 dans la carotte MTE.....	29
Figure 10 - Contributions des facteurs 1, 3 et 5 dans la carotte GDL.....	30
Figure 11 - Contributions des facteurs 1, 3 et 5 dans la carotte TBR.....	31
Figure 12 - Contributions des facteurs 1, 3, 4 et 5 dans les sédiments de surface (hors GDL).....	33

Figure 13 - Synthèse des tendances spatiales et temporelles de la contamination des sédiments par les PCB....	37
Figure 14 - Niveaux de contamination en PCB dans chaque espèce de poisson sur les 3 sites	38
Figure 15 - Profils de contamination de chaque espèce en chaque site pour les 7 congénères de PCB indicateurs.....	39
Figure 16 - Niveaux de contamination en PCB de chaque famille d'invertébrés sur les 3 sites	39
Figure 17 - Profils de contamination des familles d'invertébrés en chaque site pour les 7 congénères de PCB indicateurs.....	40
Figure 18 - Représentation de l'ACP réalisée sur toutes les données de contamination des poissons	41
Figure 19 – Corrélations des variables 2 à 2 (en log).	42
Figure 20 - Représentativité des espèces d'invertébrés présentes sur chaque site.....	43
Figure 21 - Représentativité des espèces d'invertébrés présentes sur chaque site.....	44
Figure 22 - Aperçu du contenu stomacal d'un cheveine de l'Île du Beurre.	45
Figure 23 - Pourcentages d'occurrence de chacune des 17 catégories de proies recensées dans les contenus stomacaux pour chaque espèce en chaque site.....	46
Figure 24 - Pourcentages d'occurrence de chacune des 7 catégories de proies recensées dans les contenus stomacaux pour chaque espèce en chaque site.....	47
Figure 25 - Pourcentages moyens d'individus de chacune des 17 catégories de proies recensées dans les contenus stomacaux pour chaque espèce en chaque site.....	48
Figure 26 - Pourcentages moyen d'individus de chacune des 7 catégories de proies recensées dans les contenus stomacaux pour chaque espèce en chaque site.....	48
Figure 27 - Pourcentages moyens du poids frais de chacune des 7 catégories de proies recensées dans les contenus stomacaux pour chaque espèce en chaque site.....	49
Figure 28 - Distribution a posteriori obtenue pour chaque paramètre de l'Équation 6.....	52
Figure 29 - Dual graphe de la position trophique en fonction de la signature isotopique en carbone sur chaque site, pour chaque espèce.....	53
Figure 30 - Distributions de probabilité de la proportion de carbone d'origine détritique (en rouge) et autochtone (en noir) dans le profil isotopique de chaque espèce obtenues par les modèles de mélange.....	54
Figure 31 - Relation entre la proportion de carbone détritique exploité par chaque individu et son niveau de contamination.....	55
Figure 32 - Relation entre les concentrations en PCB prédites par le modèle log-linéaire (Équation 10) et les observations.....	56
Figure 33 - Distribution du seuil sédiment rétro-calculé à partir du modèle log-linéaire (Équation 13).....	57
Figure 34 – Voies de contamination des poissons par les PCB.....	60
Figure 35 - Relation entre la somme des 7 PCB indicateurs et le congénère 153 (en log à base 10), pour chaque espèce sur chaque site	63
Figure 36 - Température journalière moyenne de l'eau du Rhône de 1994 à 2008 au Bugey.....	64
Figure 37 - Ajustement du modèle gaussien aux températures journalières moyennes de l'eau.....	65
Figure 38 - Ajustement du modèle poids/taille pour chaque espèce et son intervalle de crédibilité à 95%.....	66
Figure 39 - Ajustement du modèle de croissance de von Bertalanffy pour chaque espèce et son intervalle de crédibilité à 95%.....	67
Figure 40 - Ajustement du modèle de croissance de von Bertalanffy en considérant l'effet de la température de l'eau	67
Figure 41 - Cinétique de croissance pondérale pour chaque espèce et son intervalle de crédibilité à 95%	68
Figure 42 - Variation de la fraction lipidique en fonction du poids des organismes	69
Figure 43 - Variation du taux de croissance de chaque espèce (en log) au cours du temps.	71
Figure 44 - Cinétiques moyennes de contamination et leurs intervalles de crédibilité pour des individus ayant 6-7 ans en 2008.....	73
Figure 45 - Comparaison des concentrations mesurées et prédites	74
Figure 46 - variation de l'indice I2 (Équation 38) pour une modification de $\pm 10\%$ de la valeur des paramètres impliqués.....	76

Annexes

Annexe 1 Carte de la zone d'étude.....	80
Annexe 2 Dioxines et furannes – profils des carottes de Crépieux, Table ronde, île du Beurre et Bricotte.....	81
Annexe 3 Prélèvements de sédiments superficiels dans le Grand Large	83

<i>Annexe 4</i>	<i>Modélisation PMF – Graphiques additionnels.....</i>	<i>84</i>
<i>Annexe 5</i>	<i>Code du modèle à base physiologique.....</i>	<i>89</i>
<i>Annexe 6</i>	<i>Actions de valorisation.....</i>	<i>168</i>
<i>Annexe 7</i>	<i>Références</i>	<i>170</i>

Executive summary

Transferts de contaminants hydrophobes du sédiment au biote: construction de modèles dans une perspective de gestion

1 INTRODUCTION

Produits industriellement depuis 1930 environ, les polychlorobiphényles (PCB) ont été utilisés dans une large gamme d'applications, notamment les gros équipements électriques tels que transformateurs et diélectriques, jusque vers la fin de la décennie 1980. Depuis 1987 en France, comme dans les autres pays industrialisés dans la même période, toute production est interdite ; les équipements déjà en service devaient être éliminés au plus tard au 31 décembre 2010. Les restrictions d'usage puis les interdictions sont intervenues au fur et à mesure de la prise en considération de l'accumulation des PCB dans les chaînes alimentaires et de leur toxicité, complexe et partiellement similaire à celle des polychlorodibenzo-dioxines [1, 2, 3-4]. En France, la découverte d'une contamination de poissons d'eau douce dans le Rhône vers 1985-1986 a eu entre autres conséquences de mettre en place une valeur-guide de 2 mg.kg⁻¹ (poids frais) pour l'ensemble des PCB dans la chair des poissons. La surveillance des poissons du Vieux Rhône de Miribel sous l'égide du Service de la Navigation Rhône-Saône a perduré jusqu'en 1999, où il a été constaté que ce niveau guide de 2 mg.kg⁻¹ était respecté [5]. En 2005, la découverte fortuite de deux brèmes contaminées par les PCB dans le plan d'eau du Grand-Large, et l'avis subséquent de l'AFSSA concluant à un risque possible pour les consommateurs [6], ont conduit par paliers à un diagnostic étendu à l'ensemble du linéaire du Rhône, puis ses affluents, puis à partir de 2008 à l'ensemble du territoire national.

Le diagnostic de l'étendue de la contamination des poissons par les PCB s'inscrit dans le troisième axe du plan national d'actions sur les PCB, adopté en février 2008²; ce plan inclut également un axe de renforcement des connaissances, dont la première action concerne la compréhension des relations entre la contamination des sédiments et celle des poissons, dans la perspective de « cibler les éventuels chantiers de dépollution ».

En effet, les premières études réalisées dans le bassin du Rhône à partir de 2005, appuyées sur les connaissances disponibles dans la littérature scientifique, ont renforcé la conviction que la contamination des poissons trouvait son origine dans celle des sédiments, dont la mobilité pouvait aussi expliquer la distribution de la contamination dans le fleuve tout entier [7]. Cependant, même avéré, ce lien reste complexe. L'accumulation des PCB par les poissons peut être modulée par différents facteurs environnementaux tels que la granulométrie des sédiments [8], la quantité et la nature de la matière organique [8, 9], ou par des facteurs écologiques tels que l'habitat des poissons [10] ou encore physiologiques, notamment le taux de lipides des organismes [11]. Il a donc paru souhaitable d'améliorer la compréhension de ces relations entre contamination des sédiments et des poissons en les décrivant par un modèle cinétique de bioaccumulation, à développer dans le contexte du Rhône.

D'autre part ces premières études n'ont pas non plus permis d'établir de manière claire les tendances temporelles de la contamination des poissons, celles des sédiments paraissant un peu mieux cernées au moins dans le secteur du Grand Large [7].

²http://www.developpement-durable.gouv.fr/IMG/spipwwwmedad/pdf/Plan_actions_PCB_Details_cle578f3f.pdf

Néanmoins l'extrapolation de ces premiers résultats méritaient à notre avis d'être affinés, au plan des méthodes, et complétés au plan spatial, notamment vers l'aval de Lyon.

Ce rapport présente les travaux réalisés par notre groupe dans le cadre de cette action de renforcement des connaissances du plan d'actions sur les PCB³.

Les objectifs principaux de l'étude peuvent être exposés ainsi :

1. identifier, pour des espèces « clé » de poissons, les voies de contamination prédominantes et les facteurs de contrôle ;
2. déterminer les zones d'impact, et les tendances temporelles de la contamination ;
3. déterminer un niveau de PCB dans les sédiments compatible avec le niveau réglementaire (8 pg TEQ⁴.g⁻¹ de dioxines, furannes et PCB-DL⁵ dans la chair des poissons, à l'exception des anguilles [12]).
4. Idéalement, il conviendrait aussi d'estimer un temps de retour à des niveaux de contamination du poisson inférieurs à la limite réglementaire, mais en l'absence de modélisation de l'évolution des sédiments cet objectif ne peut être traité que partiellement.

La démarche mise en œuvre pour atteindre ces objectifs associe une approche expérimentale (acquisition et interprétation de données) et le développement d'un modèle de bioaccumulation décrivant de manière quantitative le transfert des PCB dans les réseaux trophiques des espèces de poissons sélectionnées.

2 DEMARCHE & METHODES

La démarche élaborée dans cette étude s'articule autour des cinq étapes ci-dessous :

- Acquisition de données sur la contamination des sédiments, de 3 espèces de poissons et de leur nourriture supposée (invertébrés) : PCB, isotopes ¹⁵N et ¹³C notamment.
- Développement des modèles d'âge sur les carottes de sédiment, et utilisation de ces modèles d'âge pour esquisser la description de l'évolution temporelle de la contamination des sédiments par les PCB.
- Description des chaînes trophiques des espèces de poissons sélectionnées et identification des voies de contamination.
- Développement d'un modèle cinétique de contamination des poissons, et simulations, permettant (a) de déterminer une gamme de concentrations en PCBs dans les sédiments correspondant au niveau réglementaire pour la consommation des poissons, et (b) d'identifier les tendances de la contamination des poissons, soit de manière rétrospective (comparaison à l'aide du modèle de la situation actuelle avec la situation 10 ou 20 ans en arrière) ou prospective.

Compte tenu d'un délai convenu de l'ordre de deux ans pour la réalisation de l'étude, les approches expérimentales ont été mises en œuvre sur un secteur relativement restreint par rapport à l'étendue du Rhône. En tout état de cause, le développement d'un modèle numérique générique, donc adaptable à d'autres secteurs que celui de l'étude, était l'objectif central du projet.

2.1 Acquisition de données - sites d'étude

Quatre sites ont été sélectionnés (Annexe 1):

- a. Lône de la Morte (MTE) à proximité de Brégnier-Cordon, site amont du secteur d'interdiction de consommation des poissons le plus amont (Sault-Brénaz – aval

³ La même action figure également dans le plan régional d'actions http://www.rhone-mediterranee.eaufrance.fr/usages-et-pressions/pollution_PCB/pcb-programme-actions-2008-2010.php

⁴ équivalent toxique dioxines

⁵ PCB de type dioxine

de Lyon), constituant a priori une référence relative. La sédimentation sur ce site est influencée par le barrage de Brégnier-Cordon.

- b. Grand Large (GDL), plan d'eau en annexe du canal de Jonage où ont été capturés les premiers poissons contaminés en 2005. La carotte réalisée sur ce site a été refaite durant la deuxième phase de l'étude : la première carotte s'est avérée impossible à dater, compte tenu d'un remaniement important des sédiments sur le site de prélèvement.
- c. « darse » de Crépieux (CPX) ; il s'agit d'une enclave créée artificiellement au début des années 1980 en annexe du bras reliant les canaux de Miribel et Jonage ; les sédiments accumulés dans cette darse doivent permettre de préciser l'historique de la contamination due aux sources amont, dont l'usine TREDI à Saint Vulbas.
- d. Lône de l'Île du Beurre (BRE), à l'aval de Lyon, site protégé des érosions en période de crue grâce à l'effet du barrage de Vaugris.

A l'exception de la darse de Crépieux (c), les sites ont fait l'objet de carottages de sédiments, et de prélèvements de poissons et d'invertébrés. Le détail des prélèvements de chaque catégorie est présenté dans les § 2.1.1 à 2.1.2.

Dans un deuxième temps, deux autres sites ont fait l'objet de carottages sans prélèvement de poissons ni d'invertébrés : lône de la Table Ronde (TBR) sur le Rhône à l'aval de Pierre-Bénite, et étang de la Bricotte (BRC) sur le Gier. L'objectif principal de ces carottages complémentaires était d'aider à comprendre le profil de contamination au site de l'Île du Beurre.

2.1.1 Carottages de sédiments

L'analyse fine des processus de dépôt et de l'impact de la dynamique sédimentaire sur les profils de contamination nécessite d'une part des analyses granulométriques et d'autre part l'établissement d'une chronologie de chaque archive sédimentaire. Cette chronologie est établie par l'étude des radionucléides ^{210}Pb , ^{137}Cs , avant d'être raffinée par l'étude du paramètre Mass Accumulation Rate (MAR) et de la chronologie des crues majeures.

Les carottages ont été réalisés en deux campagnes : en 2008, sur trois sites⁶ (La Morte, Crépieux et île du Beurre), et en 2009 sur trois autres (Grand Large, Table Ronde et étang de la Bricotte). Pour la campagne 2008, plusieurs carottes ont été prélevées sur chaque site, et analysées respectivement pour la datation, le plomb (Pb), la granulométrie, et les PCB [13]. Les carottes des sites de La Morte, Crépieux et île du Beurre ont été obtenues avec un carottier UWITEC doté de tubes transparents en polyéthylène de \varnothing 63 mm ; 3 carottes ont été récoltées à chaque site, de façon à obtenir suffisamment de matériaux pour les analyses. Les carottes du Grand-Large (GDL), Table Ronde (TBR) et de l'étang de la Bricotte (BRC), ont été réalisées fin 2009 avec un carottier UWITEC doté de tubes transparents en polyéthylène de \varnothing 90 mm, à raison d'une carotte par site. Après ouverture, les carottes sont conservées en chambre froide à 6°C sous film plastique.

20 échantillons de surface (5 cm d'épaisseur) ont été collectés dans le Grand Large, en janvier 2009, selon une grille régulière (Annexe 2), à l'aide du carottier de \varnothing 60 mm.

⁶ En fait 4, mais une des carottes n'a pu être exploitée, la datation s'étant révélée incohérente

Analyses sédimentologiques

La densité et la teneur en eau : pour chacun des sites, la moitié de chaque carotte a été échantillonnée sur 1cm tous les cm. Environ 10g des sédiments humides ainsi prélevés sur chaque intervalle ont été conditionnés dans un volume V connu, pesées avec une balance de précision, séchés à 60°C pendant cinq jours, puis pesés à nouveau dès la sortie de l'étuve afin de déterminer la densité comme suit :

$$\mu = \frac{M_{\text{sédiments secs}}}{V}$$

Équation 1

En g/cm³

La formule suivante fournit la valeur θ de la teneur en eau, qui permet ensuite de déterminer la densité sèche totale :

$$\theta = \frac{M_{\text{sédiments brutes}} - M_{\text{sédiments secs}}}{(M_{\text{sédiments brute}})} \times 100$$

Équation 2

La granulométrie : les analyses granulométriques ont été menées pour chaque site sur une demi-carotte, sur 1 cm tous les cm. Chaque échantillon a été analysé par un granulomètre laser Mastersizer® 2000 équipé d'une cuve de dispersion. L'agitateur était réglé à 600 tr.min⁻¹ et la pompe à 1500 tr.min⁻¹. La quantité de sédiment introduite était telle que l'obscurisation était comprise entre 10 et 20%, avec un poids résiduel toujours inférieur à 1. Chaque échantillon a été soumis aux ultra-sons pendant au minimum 1 min de façon à casser les agrégats des fractions les plus fines. Les données ainsi fournies ont été traitées par le logiciel Gradistat® afin de regrouper les résultats de chaque échantillon en % d'argile (< 4 µm), de silt (4-63 µm) et de sable (> 63 µm). Au total (6 carottes), 540 analyses granulométriques ont été réalisées.

Analyse des radioéléments

L'étude de la radioactivité permet une datation des couches successives d'une carotte. Dans cette étude, une attention particulière a été portée à l'échelle du siècle, par l'étude des isotopes naturels (²³⁸U, ²²⁶Ra, ²¹⁰Pb) et artificiels (¹³⁷Cs, ⁷Be, ⁶⁰Co) provenant des essais nucléaires aériens (antérieurs au moratoire international de 1964) qui injectèrent dans l'atmosphère des isotopes artificiels qui sont le produit de la fission, et des accidents thermonucléaires (Tchernobyl en 1986).

Spectrométrie gamma : les échantillons ont été séchés à 60°C pendant trois jours, puis conservés dans des boîtes en polystyrène. La spectrométrie gamma a été réalisée au LSCE de Gif-sur-Yvette sur une demi-carotte pour chaque site (MTE08-05 : 29 analyses, CPX08-02 : 25 analyses, BRE08-03 : 26 analyses, GDL09-07 : 19 analyses, TBR09-01 : 21 analyses, BRC09-02 : 16 analyses). L'échantillon est protégé de la radioactivité ambiante par un château de plomb. Les photons gamma sont détectés à l'aide d'un détecteur de germanium, caractérisé par une grande pureté, un bruit de fond très faible et une efficacité relative de 20.6%. Ce type de détecteur présente une excellente efficacité aux basses énergies, ce qui est particulièrement nécessaire pour les isotopes qui nous intéressent ici. Chaque comptage s'effectue sur une durée de 24 heures au minimum. Le spectre gamma ainsi obtenu met en évidence des marqueurs géochimiques (K, U, Th) et des marqueurs temporels (⁷Be, ²¹⁰Pb, ¹³⁷Cs). Les détails de la méthode sont donnés dans [14].

Détermination de la chronologie

La chronologie des archives sédimentaires de la zone d'étude a été établie en utilisant la décroissance radioactive du ²¹⁰Pb, la datation au ¹³⁷Cs, la corrélation avec des événements hydro-sédimentaires historiquement documentés, et le calcul du Mass

Accumulation Rate (MAR). En effet, un taux de sédimentation continu présume qu'une masse de sédiment donnée est déposée pour chaque intervalle de temps, et ne varie pas entre deux marqueurs temporels. Le calcul du MAR est indispensable pour corriger automatiquement le phénomène de compaction à l'intérieur de la carotte ainsi que les biais consécutifs à la charge sédimentaire plus importante qui est déposée lors des épisodes de crues, ce que le taux de sédimentation linéaire ne fait pas. Le MAR représente ainsi la masse de sédiment sec par unité de surface de la carotte, divisée par l'intervalle de temps représenté. Les détails de la méthode sont donnés dans Van Metre et Mahler [15]. Les pics en ^{137}Cs de Tchernobyl en 1986, des essais nucléaires aériens en 1964 et les épisodes de crues majeures (<http://www.hydro.eaufrance.fr/>) ont servi de marqueurs temporels.

2.1.2 Capture de poissons - analyses et autres déterminations

Trois espèces de cyprinidés ont été recherchées de façon à (i) représenter différentes chaînes trophiques, et (ii) pouvoir comparer aux données disponibles par ailleurs, notamment dans la perspective des simulations. Il s'agit d'espèces communes, suffisamment pour être présentes sur les trois sites d'étude, et connues a priori pour accumuler les PCB à différents niveaux de contamination : le barbeau (*Barbus barbus*), la brème commune (*Abramis brama*) et le chevaine (*Squalius cephalus*). Les captures ont été réalisées par pêche électrique et filet⁷ ; la taille et le poids ont été déterminés sur place.

sites	brème commune	barbeau fluviatile	chevaine	dates des pêches
la Morte	7	11	20	août-oct-déc-08
Grand Large	15	15	15	août-nov-08
île du Beurre	17	5	17	oct-nov-08, jan-09

Tableau 1 - Bilan des captures de poissons (nombre d'individus capturés par espèce et par site)

Outre les prélèvements de filets aux fins d'analyse de PCB et d'isotopes et de quantification des taux de lipides, chaque poisson a été pesé et mesuré, son contenu stomacal examiné, son sexe déterminé et des écailles ont été prélevées pour évaluer son âge par scalimétrie.

Une fois prélevé le filet est stocké dans un sac en polyéthylène ou polypropylène (sac congélation), de telle sorte que seule la peau touche le sac, ou enveloppé dans du papier aluminium à l'intérieur du sac congélation. La préparation des filets pour l'analyse commence par la séparation de la peau ; la graisse sous-cutanée est récupérée avec le filet. Les filets séparés de la peau sont congelés (-20°C) puis lyophilisés, enfin placés dans des bocaux en verre préalablement tarés. Le poids sec est déterminé par pesée, ensuite les lyophilisats sont broyés et homogénéisés avec un broyeur à couteaux. Les échantillons obtenus sont conservés à l'abri de la lumière dans une enceinte climatisée jusqu'à analyse.

L'analyse des PCB indicateurs (PCBi, congénères #28, 52, 101, 118, 138, 153 et 180) a été réalisée par le laboratoire CARSO-LSEHL⁸, par HR-GC-MS⁹, méthode interne au laboratoire adaptée du protocole d'analyse de l'USEPA 1668.

2.1.3 Prélèvements d'invertébrés - analyses et autres déterminations

Les espèces privilégiées ont été choisies sur la base des connaissances disponibles sur la diète du barbeau et de la brème dans le secteur étudié [16]. Pour chaque espèce on a

⁷ dans ce cas avec l'aide de Cédric Giroux, pêcheur professionnel

⁸ av Tony Garnier 69007 LYON

⁹ HR-GC-MS: chromatographie en phase gazeuse – détection spectrométrie de masse haute résolution

collecté entre 0.3 g et 1 g (poids sec), ce qui représente une centaine d'individus pour les chironomes et les gammares.

sites	Chironomes	Gammares	Ephémères	Corbicules (3cm)	Corbicules (1cm) + Pisidiums	dates des prélèvements
la Morte	1 (150)	2 (60,200)	2 (34, 60)	1 (15)		juin-juil-08
	2 (25, 360)				1 (15) + 1(140)	mars-avril 09
Grand Large	1 (200)	2 (53, 120)	1 (21)	1 (13)		juil-août-08
					1 (50) + 1 (160)	mars-avril 09
île du Beurre	1 (400)	1 (130)	-	3 (18, 18, 24)		juin-oct-08
					1 (85) + 1 (130)	mars-avril 09

Tableau 2 – Bilan des captures d'invertébrés

Les chiffres dans les cellules indiquent le nombre de lots constitués pour analyse, entre parenthèses le nombre d'individus constituant chaque lot.

Les grosses corbicules (3cm) et les pisidiums ont été collectés comme référence (ligne de base) pour la détermination de la position trophique ($\delta^{15}\text{N}$). Les petites corbicules ($\leq 1\text{cm}$) et les pisidiums constituent aussi une partie de la nourriture des poissons, et ont fait l'objet des analyses résumées ci-dessous.

Dès le retour au laboratoire, les invertébrés sont mis à jeûner 24h dans les flacons de prélèvements, dépourvus de toute source de nourriture, et après tri manuel des éventuels résidus de sédiment, avec un bulleur pour assurer l'oxygénation de l'eau. Le lendemain, les invertébrés sont placés dans un pilulier et congelés rapidement, de façon à ce qu'ils ne meurent pas avant la congélation.

Après décongélation les invertébrés sont séchés sur du papier adsorbant, et replacés dans les piluliers pour la pesée du poids frais, puis recongelés à -20°C . Les piluliers sont ensuite placés dans des bocaux en verre et lyophilisés pendant environ 36 heures, puis pesés (poids sec).

Après pesée les échantillons sont broyés dans un mortier en agate. Les échantillons broyés sont stockés dans les piluliers à l'abri de la lumière dans une enceinte climatisée jusqu'à analyse.

L'analyse des PCB_i, des PCB de type dioxine (PCB-DL, congénères # 77, 81, 105, 114, 118, 123, 126, 156, 157, 167, 169 et 189), des polychlorodibenzo-dioxines et -furannes (PCDD et PCDF, 17 congénères tétra à octachlorés) a été réalisée par le laboratoire CARSO-LSEHL par HR-GC-MS, méthode interne au laboratoire adaptée du protocole d'analyse de l'USEPA 1668.

2.1.4 Evaluation de la qualité des données

Les analyses de PCBs, PCDD/Fs dans les sédiments ont toutes été effectuées par le laboratoire EUROFINS¹⁰. L'incertitude sur les résultats de mesures est de 20 à 45% selon les congénères, sauf pour le PCB 28 où elle peut atteindre 60%. Les limites de quantification (LQ) annoncées variaient entre 0.32 et 1.90 ng.kg⁻¹ rapporté à la matière sèche (ms) pour les PCDD/F, 0.097 et 11.8 ng.kg⁻¹ ms pour les PCB-DL et entre 48 et 146 ng.kg⁻¹ ms pour les PCB_i. A cause d'effets de matrices, les limites de quantification finalement atteintes varient pour un même composé dans des échantillons différents. Ceci a été observé pour 8 substances sur les 36 analysées (i.e. 123789-HexaCDF,

¹⁰ EUROFINS environnement, 15 r Fonderie 45100 ORLÉANS

1234789-HeptaCDF, 2378-TetraCDD, 12378-PentaCDD, 123478-HexaCDD, PCB81, PCB114, PCB126 et PCB169). Par exemple, la LQ du PCB 126 passe de $1.71 \text{ ng.kg}^{-1} \text{ ms}$ à $9.68 \text{ ng.kg}^{-1} \text{ ms}$ selon l'échantillon de sédiment.

Dans les analyses statistiques, les LQ seront prises en compte soit dans l'esprit de la directive sur 2009/90 sur la surveillance de l'état des eaux [17], soit avec des approches moins biaisées [18], selon l'objectif des traitements.

Enfin, la qualité des résultats a également été passée en revue du point de vue de la distribution des congénères. Un échantillon de la carotte de l'île du Beurre présentait une proportion (et une concentration) exceptionnelle de congénère #52. Cela dit, la datation indique que cet échantillon correspond à une crue majeure, ce qui est corroboré par la granulométrie. Il a donc été considéré comme valide dans le tableau des résultats, mais traité comme « outlier » dans certaines analyses statistiques.

Les PCB_i chez les poissons, les PCB_i et PCB-DL chez les invertébrés ont tous été dosés par le laboratoire CARSO¹¹, avec une incertitude maximale sur les résultats de 15%. Les limites de quantification sont de 2 ng.g^{-1} (poids frais, pf) pour les PCB_i et varient entre ~ 1 et $\sim 100 \text{ pg.g}^{-1}$ pour les PCB-DL¹².

Les isotopes des poissons et des invertébrés ont été analysés par le laboratoire CNRS-SCA¹³, avec une incertitude de 0.3‰.

Des échanges entre le Cemagref et les laboratoires d'analyse ont permis d'améliorer l'homogénéité des données et des unités. Par ailleurs, un certain nombre de contrôles qualité ont été exigés, comme par exemple d'avoir éprouvé les performances des protocoles analytiques avec des matrices certifiées ou (à défaut) des matrices dopées.

2.1.5 Normalisation des concentrations ?

De nombreux auteurs pratiquent la normalisation des concentrations de PCB par une variable supposée contrôler les variations de concentrations de la substance d'intérêt, ici les PCB. Dans le cas des sédiments, et de composés hydrophobes, cette variable est généralement le carbone organique, tandis que dans le biote, en particulier les poissons, il s'agit du taux de matières grasses.

La normalisation a pour certains (e.g. [19]) l'avantage de diminuer la variabilité. Elle permet la comparaison d'échantillons entre eux en éliminant l'un des facteurs responsables des variations de concentration des PCB, COT ou lipides. Ainsi une différence entre sites, ou échantillons, ne serait plus due qu'à des différences d'exposition. Dans le cas des sédiments, le COT serait le principal facteur contrôlant la disponibilité des PCB pour l'accumulation dans le biote [20] ; dans ce « modèle » c'est la concentration dissoute qui détermine la concentration accumulée. La normalisation par le COT permettrait donc d'approcher la fraction disponible de la charge en PCB. Nous avons notamment utilisé cette approche pour comparer les tendances spatiales et temporelles des PCB dans les carottes de sédiments.

Cependant la normalisation sera valide si la variable utilisée pour normaliser est effectivement la principale en cause, en dehors de la variation de l'exposition, et que les autres variables n'interviennent que marginalement. Malheureusement ce n'est pas toujours le cas : Koelmans et al. [21] observent que 11% de la perte au feu n'est pas due au COT. Ils constatent également que le sédiment est moins organique que les matières en suspension, et que le rapport entre matières organiques et azote est aussi différent, suggérant que le phytoplancton est en moindre proportion dans le sédiment. En d'autres termes, la matière organique du sédiment évolue, est plus d'adsorber susceptible plus fortement les des PCB, comme le montre la comparaison des K_{OC} . Brannon et al. [22], étudiant l'augmentation de l'aromaticité de la matière organique au cours de son vieillissement dans le sédiment, vont dans le même sens, et concluent que l'hypothèse

¹¹ Carso Laboratoire Santé Environnement Hygiène - 161 av Tony Garnier 69007 LYON

¹² seulement mesurés chez les invertébrés

¹³ CNRS, chem Canal 69360 SOLAIZE

que la matière organique adsorbe les composés hydrophobes de manière univoque est erronée.

D'autres comme Burgess et co-auteurs [23] maintiennent cependant que dans le cas d'un congénère de PCB tétra-chloré c'est bien la quantité de matière organique qui explique la variabilité du coefficient de partage (K_{OC}), tout en reconnaissant que son influence dépend du composé. Cette variation avait déjà été notée antérieurement [24]. Burgess et co-auteurs nuancent d'ailleurs leur point de vue dans une étude ultérieure, en montrant le rôle de la granulométrie [25]. Opel et co-auteurs [26] se sont intéressés à l'interrelation entre contaminants (PCB et autres), matière organique et fractions granulométriques. Selon eux le meilleur compromis pour assurer la comparabilité entre échantillons ou sites consiste à travailler sur la fraction <125 μm et normaliser par le carbone organique.

Dans la mesure où il contrôle l'accumulation des PCB dans les sédiments, le carbone organique influence également la biodisponibilité. Normaliser par le COT permettrait donc d'estimer, indirectement, la fraction biodisponible. Cette hypothèse a aussi fait l'objet d'études, comme celle de Pickard et al. [27], qui ont testé l'accumulation des PCB par un oligochète (*Lumbriculus variegatus*) et montré que la nature du carbone organique, et pas seulement sa quantité, a une influence sur la biodisponibilité des PCB. On retrouve la même idée chez Gobas et Maclean [28], pour qui la répartition [des PCB] entre l'eau et le sédiment n'est pas seulement un processus de partage, mais est contrôlée dans une large mesure par le processus [local] de minéralisation de la matière organique.

S'agissant de biodisponibilité des contaminants hydrophobes comme les PCB dans les sédiments, d'autres éléments de la matrice interviennent, en particulier le carbone kérogène (*black carbon*). Bien que représentant en moyenne 9% du COT, selon Koelmans et co-auteurs,¹⁴ il peut réduire la biodisponibilité jusqu'à deux ordres de grandeur (100 fois) [30]. Werner et al. [31] le confirment sur la base de données expérimentales : la concentration dissoute dans l'eau et la concentration dans les lipides calculées sur la base des concentrations dans la fraction organique des sédiments sont largement sous-estimées. Les prédictions distinguant la matière organique amorphe du carbone kérogène s'avèrent plus précises.

Dans le cas du biote, notamment les poissons, la normalisation par le taux de lipides implique que les variations des PCB s'accumulent proportionnellement à ce taux de lipides [32]. Cependant, la normalisation ne corrige l'effet des variations du taux de lipides que dans le cas où les deux variables (PCB et lipides) sont corrélées, et d'autre part la normalisation basée sur un quotient peut d'après ces auteurs conduire à des conclusions erronées. Ils préconisent une normalisation basée sur l'analyse de covariance (ANCOVA) lorsqu'il est possible de démontrer une corrélation entre PCB et taux de lipides.

Les relations entre contamination des poissons et taux de lipides sont examinées au § 4.1.2 p40 ; pour les sédiments, voir § 3.1 p1. En conclusion, la normalisation des données par le COT pour les sédiments ou par le taux de lipides pour le biote ne nous a pas paru une méthode à appliquer systématiquement, mais plutôt à envisager cas par cas, selon les besoins de l'interprétation.

¹⁴ dans les sédiments ; valeurs plus basses dans les sols 29. Nam, J.J., et al., *Relationships between organic matter, black carbon and persistent organic pollutants in European background soils: Implications for sources and environmental fate*. Environmental Pollution, 2008. **156**(3): p. 809-817.

3 CONTAMINATION DES SEDIMENTS PAR LES PCB : TENDANCES TEMPORELLES ET SPATIALES

3.1 Carottes réalisées sur l'axe Rhône

Une partie des résultats et interprétations présentés dans cette section font l'objet d'un article à soumettre à la revue *Environmental Pollution* (cf. Annexe 4, article 1 dans la liste des articles soumis à des revues ; il s'agit des analyses de PCB dans les carottes de La Morte, Crépieux et Ile du Beurre ; les autres carottes seront valorisées ultérieurement).

3.1.1 Les modèles d'âge

Les différents modèles d'âge sont basés d'une part sur l'évolution des radionucléides (décroissance radioactive du ^{210}Pb en excès et pics de ^{137}Cs), de l'établissement du MAR et de décalages chronologiques à partir des dates de crues (débit supérieur à $4000 \text{ m}^3 \cdot \text{s}^{-1}$) corrélés aux changements de granulométrie dans les archives sédimentaires.

La carotte provenant du site de La Morte présente deux pics de ^{137}Cs : un à 27 cm (interprété comme correspondant à l'accident nucléaire de Tchernobyl en 1986) et un autre à 51 cm (interprété comme correspondant au maximum des essais nucléaires aériens en 1963). La normalisation du ^{137}Cs au potassium (K), qui est un indicateur de la quantité d'argile dans le sédiment, confirme la présence de ces pics. De plus, la détection de l'élément ^{241}Am au niveau du pic de ^{137}Cs le plus profond et l'absence de cet élément au niveau du pic situé plus en surface confirme l'identification des sources de ces pics, puisque la présence de ^{241}Am résulte essentiellement des essais nucléaires aériens. Le MAR avant 1986 était de $0.81 \text{ g} \cdot \text{cm}^{-2} \cdot \text{an}^{-1}$, et de $0.56 \text{ g} \cdot \text{cm}^{-2} \cdot \text{an}^{-1}$ de 1986 au sommet de la carotte. En utilisant ces MARs pour établir le modèle d'âge, nous obtenons pour cette archive sédimentaire un enregistrement de 52 ans, en accord avec la décroissance du ^{210}Pb xs (temps de demi-vie : 22 ans).

Sur le site de Crépieux, le modèle d'âge est basé sur le pic de ^{137}Cs présent à 85 cm, interprété comme étant celui de Tchernobyl en 1986 (interprétation confirmée par l'absence de ^{241}Am). L'enregistrement sédimentaire est donc de 25 ans, sachant que la longueur de cet enregistrement ne peut pas excéder l'âge de construction de la darse dans les années 1980. Le MAR de cette carotte, d'une valeur de $3.2 \text{ g} \cdot \text{cm}^{-2} \cdot \text{an}^{-1}$, est élevé. Un raffinement de ce modèle d'âge qui utiliserait la décroissance radioactive du ^{210}Pb Xs n'a pas été possible sur ce site, en raison d'une part du court temps d'enregistrement de la carotte, et d'autre part d'une sédimentation épisodique avec des dépôts sableux consécutifs à des épisodes de crues.

A l'Ile du Beurre, un pic de ^{137}Cs à 55 cm a été interprété comme consécutif à l'accident de Tchernobyl (pas de ^{241}Am détecté dans cet échantillon). Un changement de granulométrie à 70 cm signe un changement radical du mode de déposition. Deux hypothèses sont possibles : la construction en aval du barrage de Saint-Pierre de Bœuf, qui, faisant remonter la ligne d'eau du fleuve, a engendré la connexion de la lône au fleuve Rhône, inexistante auparavant ; ou le déplacement d'un tas d'ordure en 1984 qui obstruait jusqu'alors la lône. Actuellement, nous n'avons pas les éléments suffisants pour faire un choix entre ces deux hypothèses. Une recherche ultérieure de photos aériennes nous permettrait peut-être de déterminer la date exacte de ce changement de mode de déposition, et ainsi de contraindre le modèle d'âge sur la totalité de l'enregistrement de l'Ile-du-Beurre.

Les taux de sédimentation moyen sont de $1.24 \text{ cm} \cdot \text{an}^{-1}$ à La Morte, $3.86 \text{ cm} \cdot \text{an}^{-1}$ à Crépieux et $2.5 \text{ cm} \cdot \text{an}^{-1}$ à l'Ile du Beurre. Les MAR moyens sont de $0.6 \text{ g} \cdot \text{cm}^{-2} \cdot \text{an}^{-1}$ à La Morte, $3.19 \text{ g} \cdot \text{cm}^{-2} \cdot \text{an}^{-1}$ à Crépieux et $4.0 \text{ g} \cdot \text{cm}^{-2} \cdot \text{an}^{-1}$ à l'Ile du Beurre.

3.1.2 La distribution granulométrique et les événements de crues

La Figure 1 représente la distribution granulométrique des sédiments des carottes de La Morte, Crépieux et l'Ile du Beurre en fonction de la profondeur. Cette distribution est

exprimée en pourcentage de silt et de sable. Nous avons fait le choix de ne pas représenter le pourcentage d'argile, celui-ci étant très faible et relativement constant le long de chaque archive, et moins représentatif que le pourcentage de silt.

Les analyses granulométriques de la carotte de La Morte indiquent un taux de silt relativement constant le long de l'archive (moyenne géométrique : 76.5%), supposant un processus de décantation fine [33]. Cependant, quatre crues majeures (en 1990, 1992, 2001 et 2002) avec un débit supérieur à $4000 \text{ m}^3 \cdot \text{s}^{-1}$ à la station de Ternay à l'aval de Lyon ont déposées des séquences d'une granulométrie supérieure. La chasse triennale du Haut Rhône en 1978 a également déposé une séquence de crue.

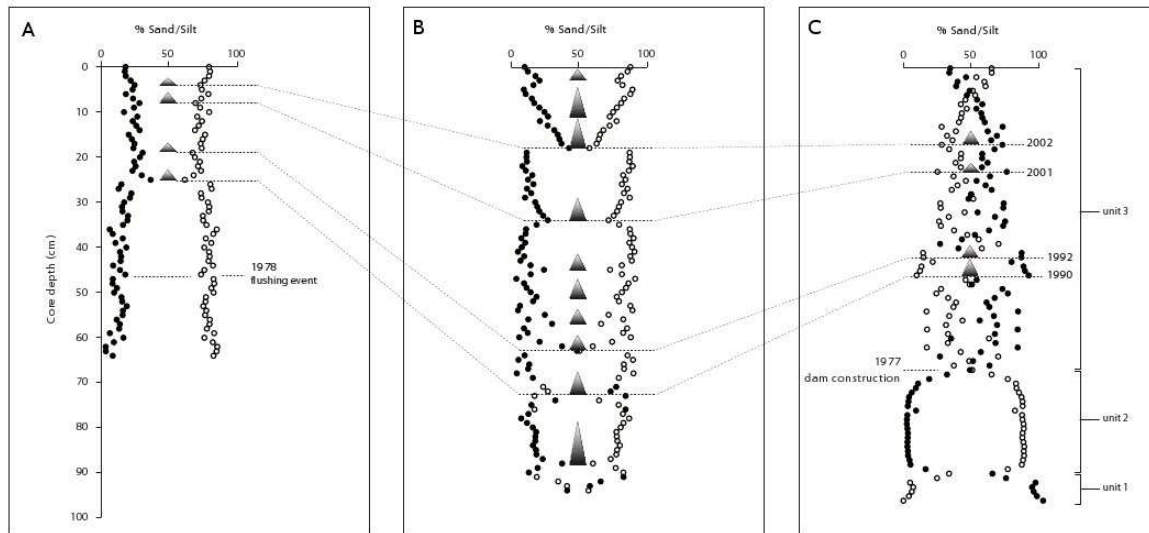


Figure 1 - Distribution granulométrique des sédiments des carottes MTE, CPX et BRE

Figure tirée de la publication en préparation, citée en début de section. Sites de gauche à droite A : MTE ; B : CPX ; C : BRE. En abscisse la profondeur de la carotte, en ordonnée les % de sable (sand) ou d'argile (silt). *Dam construction* : construction de barrage (en l'occurrence Vaugris). *Flushing event* : chasse sédimentaire.

Sur le site de Crépieux, la distribution granulométrique présente un profil en « arrêtes de poisson », signant ainsi les effets de différentes crues. Le pourcentage de silt est en moyenne plus bas que sur le site de La Morte (moyenne géométrique : 69%) et les décrochements dans la granulométrie causés par les crues sont plus marqués. Les quatre crues majeures identifiées dans l'enregistrement de La Morte sont également présentes dans celui du site de Crépieux. Ce site enregistre particulièrement bien les épisodes de crues, et d'autres événements similaires peuvent être observés malgré des débits inférieurs à $4000 \text{ m}^3 \cdot \text{s}^{-1}$.

La granulométrie de la carotte de l'Île du Beurre la divise en trois unités stratigraphiques distinctes. Depuis la base de la carotte jusqu'à 88 cm (unité 1), le pourcentage de sable est supérieur à 90%. De 88 cm à 68 cm (unité 2), le pourcentage de silt est supérieur à 80%, indiquant le passage d'un débit important à un débit moindre, conduisant à un dépôt de particules fines. De 68 cm au sommet de la carotte (unité 3), la granulométrie est très variable, et bien que des séquences de crues soient enregistrées, il est plus délicat de les identifier. L'unité 2 marque la période pendant laquelle la lône n'était pas connectée au Rhône ; la granulométrie de cette unité est donc beaucoup plus fine. Comme précisé dans le paragraphe précédent, nous n'avons pas les éléments suffisants pour contraindre la date de la connexion au Rhône. La transition entre l'unité 2 et l'unité 3 a pu se mettre en place en 1977 (mise en service de Saint-Pierre de Bœuf) ou en 1984 (déblaiement d'un tas d'ordures qui obstruait la lône). La variabilité interannuelle au sein de l'unité 3 est consécutive aux événements de crues, ainsi qu'éventuellement aux chasses réalisées en amont et aux opérations de construction des barrages.

3.1.3 Evolution des concentrations de PCB

La Figure 2 représente les concentrations de PCBi des carottes de La Morte, Crépieux et Ile du Beurre en fonction du modèle d'âge précédemment établi.

A La Morte, deux périodes distinctes de contamination aux PCBi sont enregistrées. La première période, de 1964 à 1980, présente des concentrations variables, mais relativement élevées (moyenne de $50 \mu\text{g.kg}^{-1}$), avec un pic centré sur les années 1970. La deuxième période, de 1980 à 2008, présente des concentrations en PCBi plus faibles, d'une variabilité moindre, et en graduelle décroissance. Cet enregistrement au niveau du site de La Morte est cohérent avec des études similaires réalisées dans le nord de l'Europe [34-36] et aux Etats-Unis [37-38]. Le pic de concentration enregistré à La Morte correspond au maximum de production et d'émission de PCB en France [39-40], et au maximum de concentration dans le Lac du Bourget [41]. Un échantillon, daté en 1978, soit environ 10 ans après le pic majeur, a une concentration comparable à celle du pic des années 1960. Cet échantillon coïncide avec la chasse exceptionnelle des barrages du Haut Rhône en 1978, suggérant ainsi une redistribution de sédiments anciens contaminés. Durant la seconde période d'enregistrement du signal des PCBs, la concentration en PCBi décroît graduellement de $20 \mu\text{g.kg}^{-1}$ à environ $5 \mu\text{g.kg}^{-1}$.

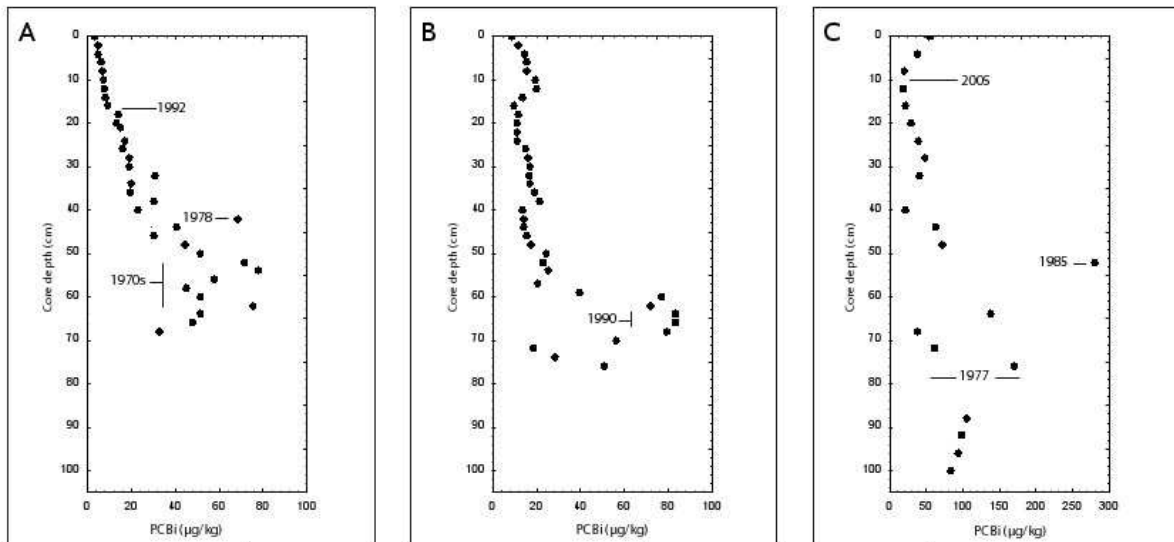


Figure 2 - ΣPCBi dans les carottes MTE, CPX et BRE

Figure tirée de la publication en préparation, citée en début de section. Sites de gauche à droite A : MTE ; B : CPX ; C : BRE. En abscisse la profondeur de la carotte, en ordonnée les concentrations exprimées en $\mu\text{g.kg}^{-1}$ de matière sèche (ou poids sec).

Au moins trois sources importantes de PCB qui ont pu impacter le signal enregistré sur le site de La Morte :

- les sources de PCB du Haut-Rhône, dont le transport se serait effectué via le Lac de Genève,
- les sources urbaines et industrielles de PCB entre le Lac de Genève et la lône de La Morte,
- les dépôts atmosphériques de PCB, mobilisés dans le transport sédimentaire (c'est-à-dire en aval du Lac de Genève et du Lac du Bourget).

Les lacs de Genève et du Bourget sont de grands et actuels « pièges à sédiments » [41-43]. Nous présumons que ces deux lacs limitent grandement le transport plus en aval des sédiments contaminés aux PCB. Dans les cours d'eau aussi aménagés et développés que le Rhône, l'impact des dépôts atmosphériques de PCB ou d'autres composants organiques semi-volatils similaires est trop faible pour expliquer les taux de contamination des

sédiments fluviaux en aval des lacs et des réservoirs [44-45]. Nous concluons donc que la seconde source supposée (les contaminations provenant des aires urbaines et industrielles entre le Lac de Genève et La Morte) est certainement celle qui participe majoritairement au signal enregistré sur le site de La Morte. La carotte de ce site présente un enregistrement du signal de contamination en PCB du Rhône que nous pouvons comparer aux enregistrements plus en aval du fleuve afin d'évaluer l'importance de sources plus locales.

Les sédiments de la carotte de Crépieux présentent un enregistrement sur les trente dernières années. À l'identique du site de La Morte, le signal des PCB du site de Crépieux montre deux périodes de contamination distinctes : une première période avec des concentrations variables et élevées (de 1978 à 1995) et une période plus récente, avec une lente et constante diminution des concentrations (de 1995 à nos jours). Bien que les concentrations en PCB des sites de La Morte et Crépieux présente une magnitude généralement similaire, les pics ne se situent pas aux mêmes dates. Nous n'avons pas de connaissance sur les taux de contamination dans les sédiments du Rhône sur la zone de Crépieux dans les années 1970, puisque la darse de Crépieux n'était pas construite à ce moment-là. Les concentrations élevées à Crépieux à la fin des années 1980 et au début des années 1990, à la même période que le signal bas et stable à La Morte, suggèrent une source de contamination plus récente (+/- 1990) entre La Morte et Crépieux. La moyenne des concentrations en PCB sur cette période est de $50 \mu\text{g.kg}^{-1}$ (et de $19 \mu\text{g.kg}^{-1}$ sur La Morte), avec un maximum de $83 \mu\text{g.kg}^{-1}$ au début des années 1990. Des crues majeures (1990, 92 et 93) et un des paliers réglementaires concernant le rejet autorisé de l'usine TREDI de Saint-Vulbas (à environ 30 km en amont de Crépieux) sont concomitants à cette période de fortes concentrations en PCB. Le rejet quotidien autorisé de PCB était de 1 500g en 1987, 500 g.jr^{-1} en 1991, 200 g.d^{-1} en 1995 et 10 g.jr^{-1} en 2007 [46]. Les rapports de TREDI indiquent un rejet en moyenne 10 fois inférieur aux normes autorisées. Ce rejet est actuellement de 0.2 g.d^{-1} . Sans informations supplémentaires, nous ne sommes pas en mesure actuellement d'identifier la part relative dans le signal global de pollution des crues remobilisant des sédiments anciens et des rejets autorisés de TREDI.

Dans la seconde partie du signal sur le site de Crépieux, de 1995 à l'actuel, le profil de contamination aux PCB est marqué par des concentrations plus faibles, plus stables et par une décroissance générale. Cette période est ponctuée par trois « décrochements » qui semblent séparer quatre événements, durant lesquels le signal décroît. Ces événements sont probablement des événements de crues, bien que le rapport direct entre les crues et la contamination en PCB ne soit pas actuellement clairement établi. Le profil granulométrique des sédiments de Crépieux montrant ce même signal en « arrêtes de poisson », nous supposons cependant une relation étroite entre la contamination sur ce site et le comportement hydro-sédimentaire du Rhône [47].

Le profil de contamination sur le site de l'Île du Beurre peut être divisé en trois périodes :

- une augmentation des concentrations entre les années 1960 et 1970,
- des concentrations élevées et variables de 1977 environ à 1990,
- des concentrations plus basses et relativement constantes de 1990 à nos jours.

L'augmentation apparente des concentrations en PCB au sommet de la carotte coïncide avec une augmentation du carbone organique total. La tendance générale de la contamination à l'Île du Beurre est comparable à l'enregistrement sur le site de Crépieux, avec une période de concentrations élevées et variables centrée sur 1990 environ, suivie d'une période de lente décroissance. Cependant, il existe une différence notable entre ce site et ceux situés plus en amont : les concentrations à l'Île du Beurre sont plus élevées, indiquant que l'agglomération lyonnaise et les zones industrielles en amont sont d'importantes sources historiques de contamination. Le maximum de concentration sur ce site est de $300 \mu\text{g.kg}^{-1}$ à 54 cm de profondeur (soit 1990 environ). Ce point analysé une nouvelle fois afin de s'assurer qu'il ne s'agissait pas d'une erreur d'analyse, et il correspond à la période de concentration la plus élevée sur ce site.

3.1.4 Gradients temporels amont-aval

Les PCBs ont une affinité avec la matière organique, et sont souvent corrélés avec le carbone organique contenu dans les sédiments [48-49]. En raison des variations importantes de la granulométrie et du Carbone Organique Total (COT) dans ces archives sédimentaires, dues à la nature fluviale du système, les comparaisons des concentrations absolues entre les sites à différentes périodes temporelles ne peuvent pas rendre compte du degré de contamination. Afin de faciliter cette comparaison inter-sites, nous avons normalisé les concentrations en PCB_i au COT. A titre d'exemple, la normalisation des PCB_i au COT indique que l'augmentation des concentrations au sommet de la carotte de l'Ile du Beurre est un artefact du à l'augmentation du COT sur cette même période, et n'est donc pas représentative d'une tendance.

La Figure 3 représente les ratios Σ PCB_i /COT dans les trois carottes en fonction de la profondeur, et la Figure 4 leur distribution en forme de boîtes à moustache sur trois périodes de temps (2008-1998, 1997-1987, 1987-1977). Ces analyses ont pour but de (i) documenter l'évolution décennale de la contamination en PCBs sur chaque site, (ii) déterminer l'existence d'un gradient amont-aval, (iii) dans la mesure du possible, déterminer les sources majeures de la contamination (Lyon et ses sites industriels, TREDI et les rejets autorisés, la redistribution de sédiments anciens contaminés, etc...). Afin de quantifier les effets des sources de contamination sur le Rhône entre chaque site, un facteur d'enrichissement a été déterminé sur les valeurs médianes pour chaque période temporelle préalablement définie, sur la base de la concentration médiane de La Morte ou de Crépieux.

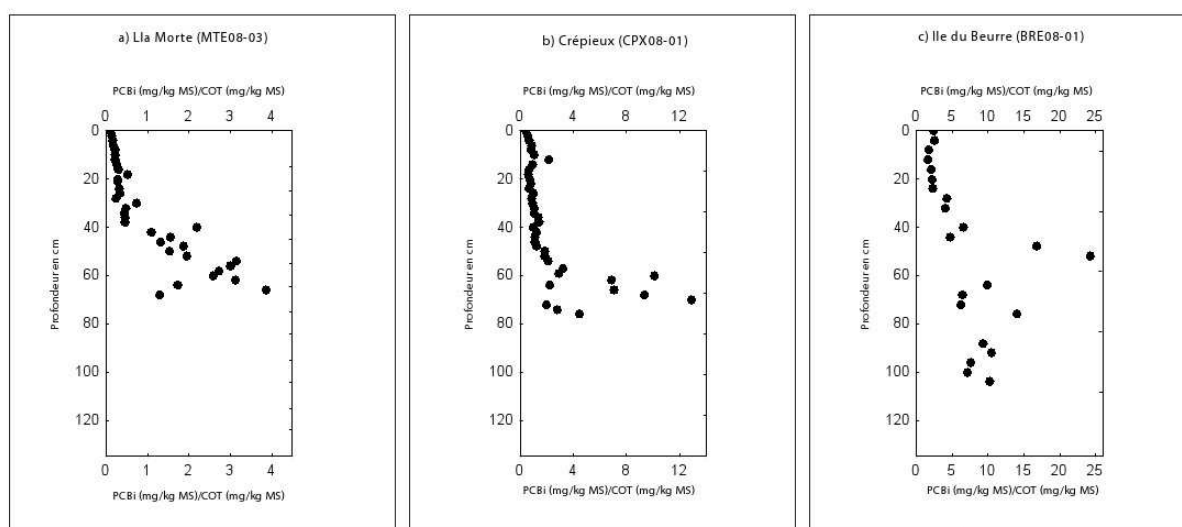


Figure 3 – Ratios Σ PCB_i /COT en fonction de la profondeur (MTE, CPX et BRE)

De 1977 à 1987, la valeur médiane de Σ PCB_i /COT est de 0.6 à La Morte et de 8.17 à l'Ile du Beurre, soit un facteur d'enrichissement (FE) de ~ 13 . Ce fort enrichissement indique des rejets importants de PCB entre La Morte et l'Ile du Beurre. L'enregistrement de Crépieux ne remontant pas jusqu'en 1977, nous ne pouvons pas évaluer la part relative des rejets à l'amont de ce site ou de Lyon (et de ses zones industrielles environnantes) sur cette période. Le bassin versant du Rhône ainsi que son débit sont bien plus importants à l'Ile du Beurre qu'à la Morte, amenant une plus grande dilution des contaminants anthropiques sur le site de l'Ile du Beurre; avec un facteur d'enrichissement de 13 entre ces deux sites, nous pouvons raisonnablement supposer que la contamination en PCB a en réalité augmenté plus de treize fois. Cette augmentation de la contamination et la présence d'une des plus grandes villes de France entre les deux sites de La Morte et de l'Ile du Beurre semblent indiquer que plusieurs sources de PCB ont contribué à la contamination entre les années 1970 et 1980.

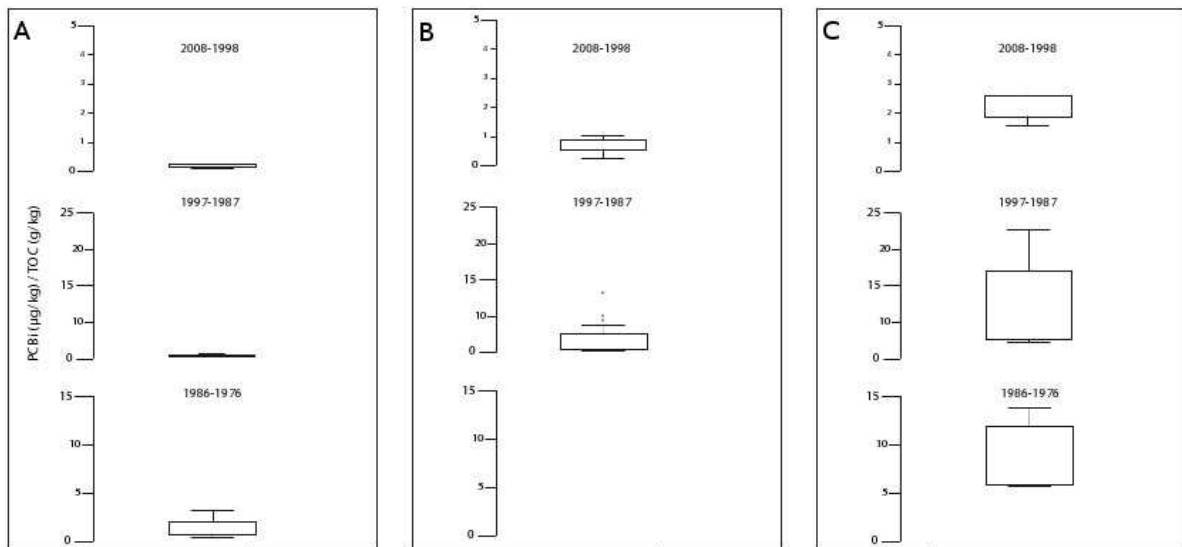


Figure 4 – Tendances spatiales et temporelles des concentrations de PCB par période dans les carottes MTE, CPX et BRE

Figure tirée de la publication en préparation, citée en début de section. Sites de gauche à droite A : MTE ; B : CPX ; C : BRE. Σ PCBi en ordonnée (une échelle par période).

De 1987 à 1997, la médiane des concentrations en PCB_i/COT est de 0.28 à La Morte, 2.05 à Crépieux et 6.58 à l'Ile du Beurre. Le facteur d'enrichissement entre La Morte et Crépieux est de 7.32 et de 23.5 entre La Morte et l'Ile du Beurre. De Crépieux à l'Ile du Beurre, en utilisant Crépieux comme référence, le facteur d'enrichissement est de 3.21. Ceci représente une très forte augmentation, d'autant plus que le fleuve Rhône est plus important dans la direction aval. Comme développé dans le chapitre précédent, il n'est pas évident de déterminer la part relative des rejets et de la remobilisation de dépôts anciens par les crues du début des années 1990 dans le signal global de la contamination aux PCB du site de Crépieux ; cependant, ce même enrichissement en PCB se retrouve en aval, à l'Ile du Beurre, durant la même période. L'impact des crues et la remobilisation de sédiments anciennement contaminés serait donc une meilleure explication du signal global de la pollution que de rejets spécifiques. Sur cette période de temps, nous pouvons donc conclure que la première source de la contamination globale en PCB à l'Ile du Beurre est une source urbaine et industrielle de Lyon et de ses industries, avec une augmentation des concentrations en 1990 plus vraisemblablement causée par des événements de crues.

De 1998 à 2008, la médiane des concentrations en PCB_i/COT est de 0.17 à La Morte, 0.80 à Crépieux, et 2.23 à Ile du Beurre. Le facteur d'enrichissement lors de cette dernière décennie est de 4.0 entre La Morte et Crépieux, 13 entre La Morte et l'Ile du Beurre, et 2.80 entre Crépieux et l'Ile du Beurre. Sur ces trois sites, nous observons une diminution de la contamination au cours des dix ou vingt dernières années. La diminution des concentrations dans le temps et l'analyse des facteurs d'enrichissement entre les sites étudiés témoignent des effets de la réglementation (restrictions d'usage, diminution des rejets autorisés) sur la contamination en PCB du fleuve Rhône.

3.2 Aperçu des résultats des carottes réalisées en 2009

Les carottages réalisés en 2009 répondaient à deux objectifs : d'une part refaire une carotte au Grand Large, suite à l'échec de la datation sur celle prélevée en 2008 dans ce plan d'eau, sous peine de ne pouvoir utiliser les résultats des mesures effectuées dans le biote sur ce site, et d'autre part apporter des informations additionnelles sur l'origine des concentrations observées à l'île du Beurre.

Le Grand Large correspond à un décanteur, la Table Ronde est assimilable à une annexe fluviatile de type reculée; concernant le Gier, le seul site enregistreur possible est l'étang de la Bricotte. Les mêmes protocoles de datation, d'analyses sédimentologiques, d'échantillonnage PCBs et d'analyses PCBs ont été appliqués à ces trois sites.

3.2.1 Datation

- Grand Large: 19 comptages gamma ont été réalisés selon un pas d'échantillonnage de 1 cm tous les 3 cm.
L'enregistrement remonte de façon certaine au delà de 1986, puisque le pic de Tchernobyl est présent à 24 cm de profondeur. Au delà, la chronologie reste perfectible car un seul point d'ancrage (probablement associé aux Essais Nucléaires Atmosphériques) a été identifié à 42cm. Le taux de sédimentation moyen est néanmoins estimé à 1.04 cm.an⁻¹, taux moyen comparable à celui du site de La Morte.
- Table Ronde: 21 comptages gamma ont été réalisés selon un pas d'échantillonnage de 1 cm tous les 6 cm.
L'absence du pic de Tchernobyl dans cet enregistrement ne permet pas l'utilisation du ¹³⁷Cs en tant que marqueur chronologique. Bien que l'utilisation de la décroissance du ²¹⁰Pb dans les enregistrements fluviatiles soit limitée, nous l'avons appliquée avec toutes les précautions qui s'imposent. Le taux de sédimentation moyen estimé à 4.92 cm.an⁻¹ a été raffiné par calage des occurrences de crues.
- Etang de La Bricotte: la base de la carotte (niveau de sable) correspond au début de l'enregistrement sédimentaire de l'étang de la Bricotte lié à sa construction en 1972. Ce calage chronologique est conforté par la présence du pic de Tchernobyl à 60 cm ainsi qu'une décroissance cohérente du PB210. Le taux de sédimentation moyen est de 2.6 cm.an⁻¹.

3.2.2 Granulométrie

La granulométrie a été effectuée selon un pas centimétrique ; il convient de signaler que la mesure de la taille des particules par granulométrie laser comporte le biais suivant : toutes les particules sont assimilées à des sphères, les pourcentages par classe granulométrique sont donc volumiques, et non massiques.

- Le Grand Large: de la base de la carotte jusqu'à 8 cm, le pourcentage de sable est, dans la plupart des cas, inférieur ou égal au pourcentage de silt. De 8 cm au sommet de la carotte, on constate que le pourcentage de sable atteint des valeurs supérieures à 70%. On a donc manifestement un enregistrement sédimentaire qui comporte deux unités bien distinctes. Quelques niveaux de crues ont permis de raffiner le modèle d'âge.
- Table Ronde: les pourcentages respectifs de silt et de sable sont constants sur la totalité de l'enregistrement, sauf :
 - entre 100 et 120 cm de profondeur, où trois niveaux de crue signent le motif en « arête de poisson » précédemment rencontré sur le site de Crépieux,
 - entre 60 et 75 cm de profondeur, où plusieurs horizons sableux s'intercalent dans une séquence silto-argileuse.
Les 5 premiers centimètres de la carotte sont caractérisés par une séquence grano-croissante¹⁵ très atypique, pour laquelle nous n'avons pas d'explication.
- Etang de la Bricotte: le pourcentage de silt est constant (75 à 80%) sauf :
 - à la base de la carotte, 5 cm correspondant à l'initiation du remplissage de l'étang,
 - entre 70 et 66 cm,

¹⁵ la taille des grains augmente de bas en haut : on parle également de granoclassement inverse par rapport à un dépôt classique de crue où les grains sont plus grossiers à la base qu'au sommet

- entre 58 et 51 cm.

Dans ces deux derniers cas, on note une séquence grano-croissante que nous n'avions encore jamais rencontré en contexte fluvial. Ce motif de dépôt est caractéristique d'un enregistrement de crue associé à un effet de seuil; la connexion en période de crue entre le Gier et l'étang de la Bricotte est graduelle mais, par effet de seuil, la déconnexion peut être abrupte, expliquant ainsi cette séquence tronquée.

3.2.3 Profils de contamination par les PCB

La Figure 5 représente l'évolution des concentration en PCB_i (en $\mu\text{g.kg}^{-1}$ ps) en fonction de la profondeur et du modèle d'âge associé pour les carottes prélevées en 2009, soit les archives sédimentaires des sites a) du Grand Large, b) de la Table Ronde et c) de l'Etang de la Bricotte. La date retenue en surface du prélèvement peut être 2010, car les carottages ont eu lieu en décembre 2009.

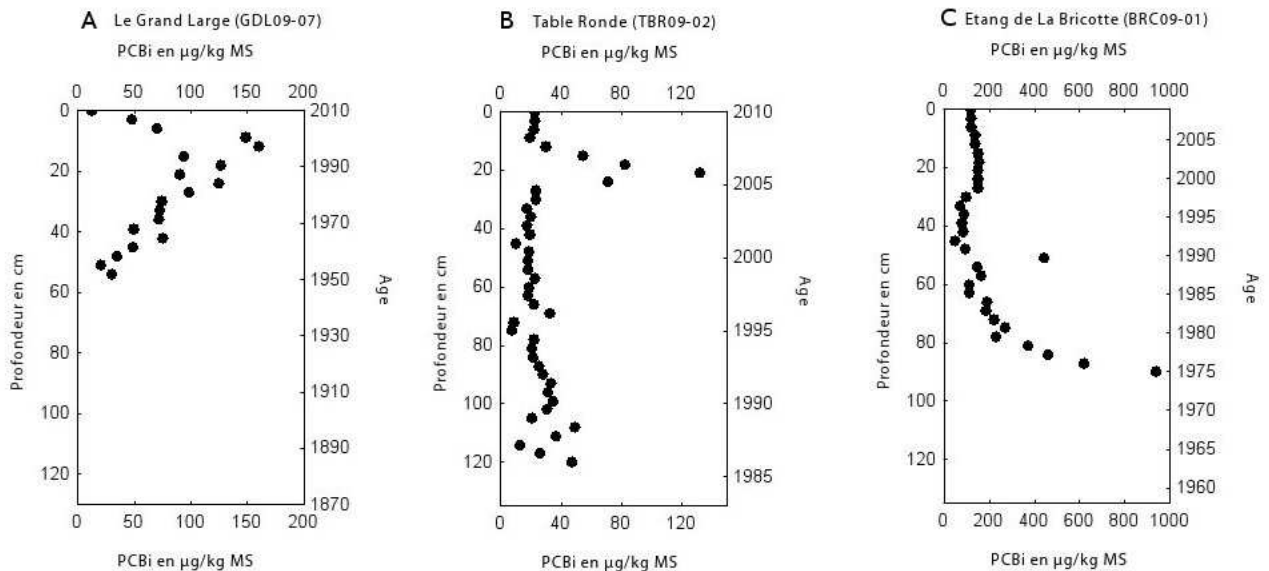


Figure 5 – Profils de concentration des PCB (ΣPCBi) dans les carottes du Grand Large, de la Table Ronde et de la Bricotte

Au Grand Large, la concentration en PCB_i augmente progressivement depuis la base de la carotte ($30 \mu\text{g.kg}^{-1}$ ps) jusqu'à 12 cm ($160 \mu\text{g.kg}^{-1}$ ps). Ce pic est daté en 1997 ; la valeur dans les sédiments de surface (premiers centimètres) rejoint celle des sédiments datant des années 1960. La dernière année de sédimentation (2009) archivée dans le dernier centimètre déposé, fournit une valeur en PCB_i cohérente avec la valeur médiane des 16 points de sédiments de surface (0-5 cm) échantillonnés également en 2009 (cf. § 3.5).

Sur le site de la Table Ronde, le profil de PCB_i (41 échantillons espacés de 3cm) montre une grande stabilité de la concentration (moyenne d'environ $30 \mu\text{g.kg}^{-1}$ ps) sauf

- à la base de la carotte et vers 70 cm, ces deux niveaux correspondant à des événements de crue identifiés à l'aide de la granulométrie
- de 12 à 24 cm (maximum à 21 cm, année 2007 - $132 \mu\text{g.kg}^{-1}$ ps). De tous les sites sur lesquels nous avons travaillé, ce pic est le plus récent, seule occurrence de la dernière décennie. Les interprétations granulométriques, en particulier les relations entre classement et asymétrie, démontrent qu'il n'existe aucun changement des processus de déposition, excluant ainsi l'impact d'une crue.

Au niveau de l'Étang de la Bricotte, on peut distinguer une première période allant de 1975 à 1985 (de 87 à 63 cm). Les PCB_i diminuent dans cette période de manière exponentielle, passant ainsi de 940 µg.kg⁻¹ ps à 200 µg.kg⁻¹ ps. La deuxième période, de 1985 à l'actuelle, présente un profil de PCB_i stable et centré sur une moyenne aux environs de 180 µg.kg⁻¹ ps. Un seul point, daté en 1991, a une valeur égale à 420 µg.kg⁻¹ ps. La valeur exceptionnellement élevée de 1975 s'explique par la proximité vis-à-vis du pic de production et d'émission des années 1970. L'évènement de 1991 n'a pas d'explication en l'état des travaux.

3.3 Dioxines et furannes

Bien que non indispensables pour cette étude centrée sur le transfert trophique des PCB entre sédiments et poissons, les polychlorodibenzo-dioxines (PCDD) et polychlorodibenzo-furanes (PCDF) ont été analysés, de même que les PCB-DL, dans tous les échantillons de sédiments. Il a semblé en effet pertinent d'exploiter au maximum les carottes, dont la collecte est assez contraignante. D'autre part, alors que la relation entre PCB_i et PCB-DL a été bien documentée, elle n'est pas aussi bien connue dans les sédiments, même si on peut soupçonner qu'il y a aussi une corrélation. Cette étude offrait ainsi l'opportunité de vérifier cette hypothèse.

Le Tableau 3 résume les concentrations maximales (C-max), associées à la date du pic, et actuelles (C-actuelle), pour les PCDD et PCDF.

Site	C-max (année)		C-actuelle (surface)	
	ΣPCDD	ΣPCDF	ΣPCDD	ΣPCDF
La Morte	4364 (1981)	457 (1981)	115	26.6
Crépieux	1411 (1988)	95 (1994)	104	18.5
Grand Large	2020 (2001)	105 (1992)	197	18.2
Table Ronde	992 (1986)	189 (1986)	320	42
Ile du Beurre	4927 (<1971)	726 (<1971)	132	24.6
Bricotte	7119 (1974)	639 (1974)	608	98

Tableau 3 – Concentrations maximum et actuelles des PCDD et PCDF dans les carottes

Somme des concentrations des 7 congénères de PCDD (ΣPCDD) et des 10 congénères de PCDF (ΣPCDF), en pg.g⁻¹ poids sec ; certaines couches de sédiments de la carotte de l'île du Beurre n'ont pu être datées avec précision, cf. 3.1.

A La Morte, des concentrations élevées, en particulier de PCDD, sont observées entre 1977 et 1988-1989, avec un maximum en 1982 (Figure 6 gauche). Ceci suggère une source spécifique, relativement isolée dans le temps. A Crépieux les PCDD présentent un profil similaire aux PCB, à savoir des concentrations élevées dans les années 1990, puis une nette diminution ; les PCDF diminuent graduellement au cours du temps. La carotte de la Table Ronde présente un profil similaire, avec quelques décrochements et une augmentation des PCDD dans les couches récentes, et toutefois un pic de 1234789CDF à 51-52 cm (~1990). Au Grand Large en revanche (Figure 6 droite) les concentrations de PCDF sont relativement stables au cours du temps, et les PCDD présentent des concentrations croissantes depuis 1980, culminant en 2001 ; les concentrations de PCDD ont fortement diminué depuis, en tous cas au site de carottage. A l'île du Beurre, on peut observer plusieurs pics et des concentrations élevées durant toute la période 1960-90, en baisse notable depuis les années 1990. La carotte prélevée dans l'étang de la Bricotte montre des concentrations de PCDD très élevées dans la période 1970-1980 ; la période récente est caractérisée par des concentrations relativement stables, autour de 600 pg.g⁻¹ (ps), ce qui reste plus élevé que dans les sédiments de l'axe Rhône.

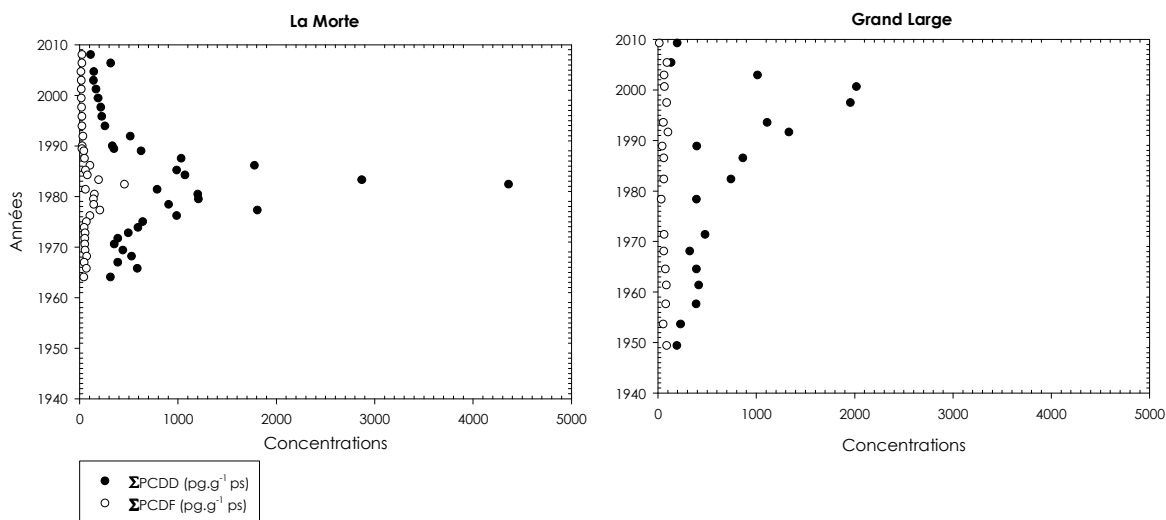


Figure 6 – Profil en profondeur des dioxines et furannes à La Morte et au Grand Large

Les graphes des autres carottes sont en Annexe 2.

Les profils relatifs des différents congénères sont partiellement discutés au § 3.6. Si l'on met de côté les congénères octa-chlorés, qui constituent la fraction majoritaire des PCDF et des PCDD, les congénères les plus significatifs sont la 1,2,3,4,6,7,8 heptachlorodibenzo-dioxine (1234678-HpCDD), le 1,2,3,4,7,8,9 heptachlorodibenzo-furanne (1234789-HpCDF), et dans une moindre mesure le tétrachlorodibenzo-furanne (2378-TCDF), et les 1,2,3,4,7,8 et 1,2,3,6,7,8 hexachlorodibenzo-furannes (123478-HxCDF et 123678-HxCDF).

Il n'y a pas d'évidence que les PCDF et surtout les PCDD soient corrélés aux PCB, même si à certains sites comme Crépieux les profils temporels des sommes respectives sont similaires. Cette similitude, qui n'est donc pas observée à tous les sites, suggèrerait plutôt que le dépôt à ces sites a été contrôlé par un facteur commun, notamment la succession des crues. Le pic de concentration observé à la Morte, et les profils temporels à la Table Ronde ou à l'île du Beurre, témoignent de sources distinctes des PCB. A la Bricotte on peut cependant penser que les sources des PCB et des PCDD/PCDF sont assez proches.

On note donc une tendance générale à la baisse des concentrations de PCDD et PCDF, avec quelques nuances : cette baisse est plus tardive au Grand Large que sur les autres sites ; on verra par la suite que le plan d'eau présente également en surface des concentrations en PCDD et PCDF (et PCB) nettement plus élevées que sur le site de carottage. Même si elles sont en décroissance les concentrations à la Bricotte restent élevées ; le transport de sédiments contaminés par le Gier pourrait expliquer une bonne partie des variations de concentrations observées à l'île du Beurre, alors que le profil de la Table Ronde est plus constant.

3.4 Corrélations entre congénères de PCB et ΣPCB, dioxines et furanes

Ni la somme des PCDF (ΣPCDF), ni la somme des PCDD (ΣPCDD) ne sont corrélées à la somme des PCB (R^2 0.28 et 0.23 respectivement), en revanche ΣPCDF et ΣPCDD sont corrélés (R^2 0.764, $p < 0.0001$).

Les congénères indicateurs sont plus ou moins corrélés à la somme des indicateurs ; c'est en particulier le cas pour le #153 (Équation 3). Ce type de corrélation a déjà été signalé dans la littérature, et servira plus loin dans cette étude, notamment pour déterminer un niveau de ΣPCBi acceptable dans les sédiments par apport à la consommation des poissons (cf. 5.3.3).

$$\log \sum PCB_i = 0.40(\pm 0.37) + 1.05(\pm 0.1) \times \log[153]$$

Équation 3

3.5 Contamination des sédiments en surface du Grand Large

Construit et mis en service à la fin du 19^{ème} siècle pour alimenter une usine hydroélectrique, le canal de Jonage transite sur 19 km environ 80% du débit du Rhône [50]. EDF est concessionnaire de cet aménagement jusqu'en 2041.

Le Grand Large est l'ancien réservoir d'eau de cette usine, et a une superficie d'environ 150 hectares. Ce plan d'eau ne joue plus de rôle fonctionnel vis à vis de l'usine hydroélectrique, et a été investi par les riverains pour des infrastructures de loisirs nautiques. Bordé principalement par la commune de Meyzieu, il a une forme approximativement triangulaire (~2500 m dans sa plus grande longueur le long du canal) (cf. Annexe 1 et Annexe 3). Le plan d'eau est séparé du canal de Jonage par une rangée de palplanches, avec une vanne (actuellement fermée) à l'extrémité NE. A cette même extrémité un dépôt de matériaux dragués dans le plan d'eau en 2004 a été réalisé derrière un rideau de palplanches.

C'est sur ce plan d'eau qu'ont été capturés en 2005 les premiers poissons jugés contaminés. Plusieurs carottes ont été prélevées et analysées l'année suivante [7], dont une identifiée GL3 à proximité de laquelle une des carottes de la présente étude a été réalisée en 2008. Bien que les deux points d'échantillonnage soient proches l'un de l'autre, une grande variabilité entre les activités des radionucléides (¹³⁷Cs et ²¹⁰Pb principalement) a été observée. La chronologie n'étant pas satisfaisante, nous avons choisi dans un premier temps de procéder à échantillonnage de surface, de façon à cartographier la distribution des polluants sur les 5 premiers centimètres du dépôt sédimentaire sur l'ensemble du plan d'eau.

18 échantillons de sédiments de surface répartis en 16 points ont été réalisés ; un prélèvement en triplicat a été réalisé sur un point. Les prélèvements des sédiments de surface ont été réalisés sur une profondeur de 5 cm, à l'aide d'une tige télescopique, dans des tubes en plexiglas de 60 mm de diamètre de façon à éviter toute contamination extérieure. La bathymétrie a été mesurée en chaque point à l'aide d'un échosondeur 200 kHz.

Les coordonnées des points de prélèvement figurent en Annexe 2. Les résultats bruts des analyses de PCB (congénères indicateurs) et du carbone organique (COT) sont reportés dans le Tableau 4. Les points GDL09-09S A, GDL09-09S B et GDL09-09S C correspondent aux trois prélèvements en triplicat. Ce triplicat permet d'évaluer la variabilité de la contamination à petite échelle ; l'écart type sur ces trois prélèvements est de 1.5 alors que l'écart type de la population globale (N=16) est de 8.6. Les écarts constatés entre les concentrations de PCB_i des différents points de prélèvements ont donc été jugés représentatifs. Pour la suite de cette section nous ne conserverons que le point GDL09-09S A, plutôt qu'une moyenne des trois points, afin de respecter l'homogénéité du jeu de données. La médiane de la somme des PCB_i (Σ PCB) s'établit à 18.5 $\mu\text{g.kg}^{-1}$ (ps), les premier et troisième quartiles à 17.3 et 20.2 $\mu\text{g.kg}^{-1}$ (ps) respectivement, et le 90^{ème} percentile à 31.2 $\mu\text{g.kg}^{-1}$ avec un maximum observé de 47.3 $\mu\text{g.kg}^{-1}$ (ps).

Echantillon	$\Sigma PCBi$ ($\mu\text{g.kg}^{-1}$ ps)	COT (% i.e. g/100 g)
GDL 09-01S	17.8	1.67
GDL 09-02S	47.3	1.5.8
GDL 09-03S	17.7	1.82
GDL 09-04S	18.2	1.85
GDL 09-05S	20.2	2.01
GDL 09-06S	31.2	1.72
GDL 09-07S	20.8	1.65
GDL 09-08S	19.2	1.64
GDL 09-09S A	20.2	1.59
GDL 09-09S B	17.3	1.93
GDL 09-09S C	18.8	1.63
GDL 09-10S	14.3	1.57
GDL 09-11S	17.4	1.68
GDL 09-12S	20.1	1.50
GDL 09-13S	18.7	1.61
GDL 09-14S	6.7	1.96
GDL 09-15S	17.3	1.60
GDL 09-16S	16.6	1.57

Tableau 4 – Concentrations en PCBi (somme des 7 congénères, poids sec) et carbone organique total dans les échantillons de surface du Grand Large

Les valeurs ont été réparties en quatre classes, déterminées en fonction des concentrations minimum et maximum dans cette série d'échantillons selon les bornes suivantes :

$[PCBi]_{\min}$	$\left(\frac{[PCBi]_{\min} + [PCBi]_{\max} + [PCBi]_{\min}}{2}\right)/2$	$\frac{[PCBi]_{\min} + [PCBi]_{\max}}{2}$	$\left(\frac{[PCBi]_{\min} + [PCBi]_{\max} + [PCBi]_{\max}}{2}\right)/2$	$[PCBi]_{\max}$
6.7 $\mu\text{g.kg}^{-1}$	16.9 $\mu\text{g.kg}^{-1}$	27 $\mu\text{g.kg}^{-1}$	37.2 $\mu\text{g.kg}^{-1}$	47.3 $\mu\text{g.kg}^{-1}$

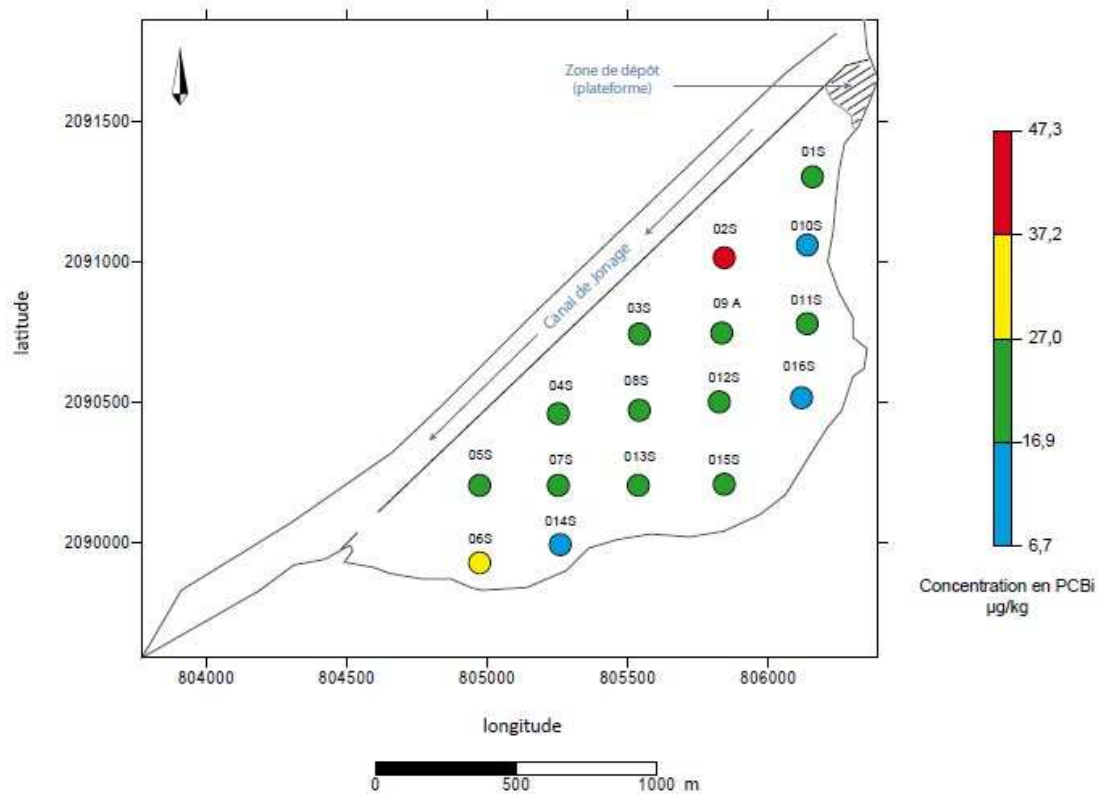


Figure 7 – Valeur de Σ PCBis dans les sédiments de surface du Grand Large (en $\mu\text{g.kg}^{-1}$ ps)

L'estimation spatiale des teneurs en PCBs sur le domaine d'étude est tout à fait possible selon la méthode du krigage. Cet outil géostatistique permet de prendre en compte le comportement spatial spécifique du polluant grâce à une fonction de corrélation spatiale calculée à partir des concentrations observées. A partir des valeurs observées sur le site de mesure, un variogramme expérimental est tracé : il quantifie la variabilité entre deux mesures en fonction de la distance qui les sépare. Un modèle de variogramme est ensuite ajusté au variogramme expérimental et entré dans le système linéaire d'équation, permettant de déterminer le poids optimal à affecter aux données d'entrée lors de l'interpolation. De cette façon un poids plus grand est affecté aux données les mieux corrélées avec la concentration au nœud considéré (réciproquement, un poids moins important est affecté aux données les moins corrélées). Nous n'avons cependant pas estimé utile de présenter ce travail, en raison du nombre somme toute limité d'échantillons de surface collectés, d'autant plus que le remaniement des sédiments effectué notamment en 2004 (dragage du plan d'eau) rend cette interpolation particulièrement hasardeuse.

Le point de prélèvement GdL09-02S présente la valeur maximale de concentration en PCBi. C'est aussi un point où l'on retrouve des concentrations élevées en dioxines et furannes (cf. 3.6). Contrairement à ce qu'on pouvait attendre, ce point n'est pas le plus proche de la zone de dépôt située au nord-est du Grand Large. A l'inverse, le point de prélèvement GDL09-14S présente la valeur minimale en concentration de PCBi de la zone d'étude.

La carotte réalisée en octobre 2009 (cf. 3.2) a été prélevée à proximité du point GDL-09-06.

La zone de dépôt susmentionnée a été échantillonnée en trois points. Les valeurs en PCBi de ses prélèvements sont de $60.8 \mu\text{g.kg}^{-1}$, $28.3 \mu\text{g.kg}^{-1}$ et $58.4 \mu\text{g.kg}^{-1}$, soit une moyenne de $49.2 \mu\text{g.kg}^{-1}$. Les matériaux du dépôt sont donc dans l'ensemble plus contaminés que les échantillons analysés dans notre étude. La granulométrie de ces prélèvements n'est donc ni représentative de la taille des particules des sédiments déposés en surface du

Grand Large, ni exploitable dans le cadre de la recherche d'un lien entre la concentration en PCB_i d'un prélèvement et la répartition de la taille des particules constitutives de ce même échantillon.

3.6 Analyse des profils de contamination : essai de modélisation des sources de PCB

3.6.1 Objectifs

Les résultats d'analyse de PCB dans les sédiments présentés dans les sections précédentes témoignent des tendances globales (ΣPCBi) en chaque site de prélèvement. Cette présentation ne permet ni de distinguer entre différentes sources – notamment dans le cas des sites aval, où la décroissance est moins nette –, ni de discerner la tendance propre à chaque source. Pour autant qu'il soit effectivement possible de distinguer entre des sources, les informations retirées de cette analyse pourraient aider les maitres d'ouvrage à affiner leurs stratégies d'intervention.

De fait, la contamination de chaque échantillon de sédiment peut être considérée comme la résultante d'un mélange de plusieurs sources. La question qui se pose est donc d'identifier les proportions respectives d'un nombre généralement indéterminé de sources (ou facteurs) dans un ensemble (matrice) de données, caractérisé avec un certain nombre de paramètres (contaminants) représentatifs des sources.

Cette question n'est pas nouvelle, et a déjà été traitée dans des domaines comme la géochimie [51], ou la pollution atmosphérique [52]. Plus récemment les outils développés antérieurement ont été appliqués aux sédiments ou aux sols, sur des problématiques de contamination par les PCB [53-54] ou les dioxines [55].

L'USEPA a développé plusieurs « modèles » permettant de traiter ce type de question¹⁶ ; certains d'entre eux (Unmix, PMF) sont utilisables sans connaissance a priori sur les sources, d'autres (CMB) nécessitent au contraire d'en connaître la composition. Dans le cas d'Unmix et PMF la connaissance de la composition de sources potentielles s'avère néanmoins essentielle à l'interprétation des résultats.

Nous avons procédé à plusieurs essais avec Unmix et PMF au cours de l'étude ; l'acquisition de carottes supplémentaires nous a conduit à reprendre l'analyse, mais celle-ci n'a pas encore été finalisée. En particulier, il n'a pas été possible avant la fin de l'étude d'appliquer deux modèles différents et de confronter leurs résultats, ce qui aurait consolidé les conclusions qu'on peut en retirer.

L'objectif de cette partie de l'étude est de procéder à une modélisation préliminaire des sources potentielles, de façon (i) à déterminer si l'influence de sources localisées est identifiable dans les sédiments aval, et (ii) quelles sont les tendances propres à chaque source.

Cette approche préliminaire a été réalisée avec le modèle PMF¹⁷. Ces résultats seront complétés ultérieurement et confrontés à ceux obtenus à l'aide du modèle Unmix.

3.6.2 Principe de la modélisation PMF

Le principe général de ce programme est une sorte d'analyse factorielle multivariée ; il décompose la matrice de données d'observations en deux matrices résultantes, l'une décrivant la composition des facteurs (sources) par rapport aux variables de départ, l'autre la distribution des facteurs dans chaque échantillon [56].

Partant d'une matrice comprenant i échantillons caractérisés par j variables (espèces, substances chimiques), l'objectif de cette analyse factorielle est d'identifier un nombre optimal p de facteurs, le profil f de chaque facteur et la proportion massique g de chaque facteur dans chaque échantillon (Équation 4).

¹⁶ <http://www.epa.gov/scram001/receptorindex.htm>

¹⁷ positive matrix factorization - <http://www.epa.gov/heads/products/pmf/pmf.html>

$$x_{ij} = \sum_{k=1}^p g_{ik}f_{kj} + e_{ij}$$

Équation 4

Avec e_{ij} les résidus pour chaque espèce dans chaque échantillon.

Le programme est contraint de façon à ce qu'aucun facteur n'aie une contribution négative pour un facteur. La solution recherchée minimise la fonction Q , sur la base des incertitudes u évaluées pour chaque espèce de chaque échantillon.

$$Q = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m \left[\frac{x_{ij} - \sum_{k=1}^p g_{ik}f_{kj}}{u_{ij}} \right]^2$$

Équation 5

La stabilité des solutions proposées par PMF est évaluée à l'aide d'une technique de bootstrap, qui consiste à générer un « nouveau » jeu de données par ré-échantillonnage de la matrice originale, et de comparer les résultats obtenus par PMF sur ce jeu aux résultats de la modélisation sur le jeu original.

3.6.3 Constitution du jeu de données

Echantillons de sédiments

Cette étude a permis d'obtenir cinq carottes, analysées avec une résolution proche du centimètre : sur l'axe Rhône, de l'amont vers l'aval, lône de la Morte à Brégnier-Cordon (MTE), « darse » de Crépieux (CPX), entrée du plan d'eau du Grand-Large (GDL), lône de la Table Ronde (TBR), lône de l'île du Beurre (BRE), et sur le Gier étang de la Bricotte (BRC). Elle a également permis de collecter une vingtaine d'échantillons de sédiments superficiels dans le plan d'eau du Grand Large.

Par ailleurs, des carottes de sédiments ont été récoltées et analysées selon un protocole quasi identique dans le cadre de l'observatoire des sédiments du Rhône (OSR) et de l'étude PCB-SFR, partie du programme PCB-Axelera. Il nous a donc semblé logique d'incorporer les pour des carottes issues de ces études situées en continuité avec celles de cette étude : il s'agit des sites d'Etournel (ETL ; 46°7' 54.80" N – 5°56'8.17" E), sur le Rhône à l'amont de MTE, et du barrage d'Arras (ARS ; 45°7'57.15" N – 4°48'26.31" E) également sur le Rhône à l'aval de BRE.

Enfin, il nous a également paru cohérent de prendre en considération les échantillons de sédiments superficiels analysés dans le même secteur depuis 2006, dans le cadre des études menées sous l'égide de la DREAL en 2006-2007 [7] et du suivi réglementaire de l'usine TREDI à Saint-Vulbas [46].

Au total, les résultats d'analyse de 289 échantillons de sédiments ont été examinés.

Variables (contaminants)

Les données disponibles pour ces 289 échantillons incluent les PCB indicateurs, les PCB-DL, 10 espèces de polychloro-dibenzo-furanes (PCDF) et 7 espèces de polychloro-dibenzo-dioxines (PCDD). Nous avons dans un premier temps sélectionné 23 variables, soit tous les PCB sauf le #169, qui présente une proportion trop élevée (~50%) de valeurs <LQ, 4 PCDF (2378-CDF, 23478-CDF, 123478-CDF, 1234789-CDF) et 2 PCDD (123678-CDD et 1234678-CDD) qui présentent à la fois peu d'échantillons <LQ et une variabilité plus importante.

Après un premier essai, il est apparu qu'en dehors des PCB, seule la 1234678-CDD contribuait significativement à la composition des facteurs. Nous avons fait un deuxième

essai avec une liste de 18 variables, soit les PCB #28, 52, 101, 118, 138, 153, 180, 77, 81, 105, 114, 123, 126, 156, 157, 167 et 189, et la 1234678-CDD.

Optimisation de la matrice pour l'analyse factorielle

L'information donnée sous la forme <LQ n'est pas utilisable dans une analyse factorielle, qui nécessite des données quantitatives. Deux options sont envisageables :

- a. Supprimer un échantillon : cette option a été appliquée lorsque la majorité des variables étaient <LQ ;
- b. Substituer les valeurs manquantes ; une option du programme PMF permet d'introduire dans ce cas la médiane des valeurs pour cette variable sur l'ensemble de la matrice, ce qui est relativement neutre sur la composition des facteurs. En revanche l'effet sur la distribution des facteurs dans chaque échantillon n'est pas nécessairement neutre. Nous avons appliqué une méthode différente, tenant compte des concentrations dans les couches voisines des carottes.

Trois échantillons de BRE ont ainsi été retirés de la matrice puisque toutes les variables étaient <LQ ; il s'agit de couches de sable, signant des crues. Les résultats de la carotte ETL ont également été retirés au stade de l'essai préliminaire à 23 variables, puisque la plupart des résultats pour les 4 PCDF et 2 PCDD, de même que pour le PCB #81, étaient <LQ. De fait, cela interdit de distinguer des sources spécifiques à la région Genève et le bassin de l'Arve de sources éventuelles plus à l'aval.

Un échantillon de la carotte GDL (couche 33-34 cm) a été éliminé, les résultats de PCDF et PCDD n'étant pas fiables dans cet échantillon et non substituables par la méthode utilisée. Enfin un échantillon de la carotte ARS (couche 45-47 cm) a été retiré pour la même raison que les 3 échantillons de BRE : toutes les variables étaient <LQ. La matrice résultante compte 251 échantillons.

A ce stade (251 échantillons * 23 variables) il restait 39 valeurs manquantes dans la matrice. Pour estimer les valeurs à substituer, nous avons dans un premier temps déterminé les proportions de chaque congénère dans la somme des concentrations de son groupe (PCB, PDF et PCDD) ; ensuite la proportion moyenne du congénère pour lequel il manque une valeur a été déterminée dans les strates de carotte voisines de la valeur manquante. Ensuite cette proportion moyenne a été multipliée par la somme des concentrations du groupe (PCB, PDF ou PCDD) dans l'échantillon. Dans l'ensemble les proportions des congénères sont faibles (Tableau 5), mais les valeurs substituées sont assez fréquemment supérieures, parfois de plusieurs ordres de grandeur, aux LQ reportées.

échantillon	#101	#138	#81	#105	#114	#123	#126	123478 9-CDF	123678 CDD	123467 8-CDD
BRC 30-31								2.63	0.61	
BRC 63-64										12.16
BRC 66-67								2.46		
BRC 81-82								2.45		
MTE 2-3								2.93		
MTE 4-5										
MTE 6-7	14.99		0.02							
MTE 10-11										
MTE 16-17										
MTE 38-39			0.01							
CPX 44-45					0.12					
CPX 46-47										
CPX 62-63					0.11					
GDL 0-1								1.82	0.37	
TBR 0-1								2.44		
TBR 45-46										
TBR 51-52								2.35		
BRE 0-1							0.03			
BRE 4-5										
BRE 8-9										
BRE 12-13										
BRE 16-17			0.01				0.03			
BRE 20-21										
BRE 24-25										
BRE 32-33										
BRE 36-37						0.09				
BRE 40-41					0.09		0.02	1.61		

Tableau 5 – Proportions moyennes (%) des congénères ayant des valeurs <LQ estimées dans les strates environnantes (min. 5 – max. 9 couches)

3.6.4 Paramétrage de PMF

Les éléments d'entrée du modèle PMF comprennent la matrice des concentrations de chaque espèce dans chaque échantillon, et une matrice de configuration et taille identiques, où sont reportées les incertitudes de mesure de chaque espèce dans chaque échantillon. Dans cette approche préliminaire, nous avons considéré que l'incertitude analytique était de 20%, pour toutes les espèces / tous les échantillons. Ce choix n'est pas vraiment conforme à la réalité (cf. 2.1.4 *Evaluation de la qualité des données*), mais l'information exacte sur l'incertitude n'est pas non plus disponible pour la totalité des échantillons. L'effet de ce biais est cependant modulé par la catégorisation des espèces : trois catégories sont possibles, de « mauvais » à « fort » en passant par « faible » ; les variables de la première catégorie sont exclues de la modélisation, celles qui sont « faibles » sont affectées d'une incertitude plus grande dans la modélisation.

Nous avons considéré comme « faibles » les espèces dont l'incertitude analytique était la plus élevée, à savoir les PCB #28, 52, 77, 81, 114, 123, 126 et le 123789-CDF (dans le premier essai à 23 variables).

L'interface du programme permet aussi, lors de l'analyse préliminaire des données qui sert de base au paramétrage, d'exclure des échantillons – qui resteront néanmoins dans le jeu de données d'entrée -. Nous avons appliqué cette procédure à deux échantillons, BRE 36-37 cm et ARS 60-62 cm, pour lesquels le PCB#52 apparaissait en proportion très élevée (90 et 78 % respectivement), sans que l'on puisse affirmer que les analyses soient

fausses¹⁸. Dans le premier essai (23 variables), l'échantillon TBR 51-52 cm a aussi été retiré en raison d'une concentration exceptionnelle de pour 1234789CDF.

Le nombre de facteurs a été fixé à 4 et 5 dans l'essai à 23 variables, et à 5 dans celui à 18 variables.

3.6.5 Profils des sources

Essai à 23 variables

Plusieurs itérations sur les 20 réalisées convergent autour des mêmes valeurs de Q (Équation 5), soit ~ 2041 dans le cas de 5 facteurs, et ~ 2718 lorsque le modèle est paramétré pour 4 facteurs.

Parmi les 5 facteurs, 3 sont essentiellement caractérisés par des proportions élevées de congénères indicateurs, avec des dominantes variables (F2, F4 et F5), et 2 sont caractérisés par les PCDD et PCDF, en réalité principalement la 1234678-CDD.

Le facteur 2 présente des concentrations plus élevées de congénères moins chlorés, le facteur 5 par des congénères fortement chlorés, et le 4 est caractérisé par des taux de chloration intermédiaires.

A quatre facteurs, solution moins bonne puisque la valeur de Q est augmentée, c'est un des facteurs dominé par les PCB indicateurs qui disparaît. En revanche le modèle retrouve deux facteurs déterminés par les dioxines et furanes.

Ces observations nous ont conduit (i) à réduire le nombre de variables de la matrice à 18 en ne conservant qu'une espèce de dioxine, et (b) à conserver 5 facteurs.

Essai à 18 variables

Les 20 itérations convergent avec des valeurs de Q voisines, entre 874 et 881. Les facteurs obtenus présentent des profils similaires à ceux de l'essai à 23 variables, mais moins variables entre les itérations.

¹⁸ Dans les deux cas la proportion exceptionnelle de #52 est associée à un marqueur de crue ; le résultat d'analyse nous paraît donc juste, mais ces échantillons en questions vont présenter des profils trop atypiques dans le modèle.

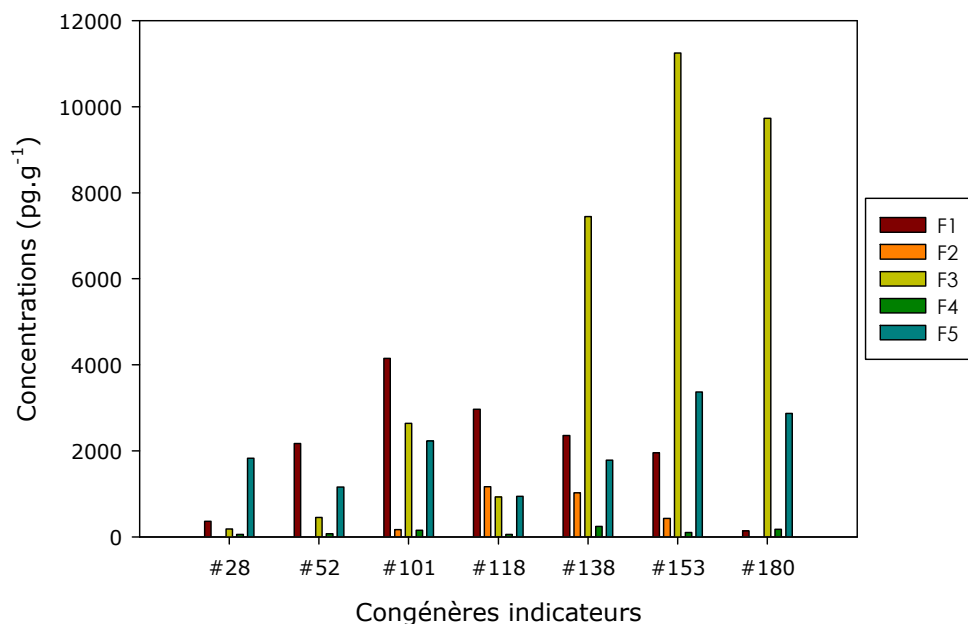


Figure 8 - Concentrations des congénères de PCB indicateurs dans les 5 facteurs (essai PMF-18 variables, itération #15)

La composition détaillée des facteurs est présentée dans le Tableau 6. Les numéros d'ordre des facteurs étant attribués par le programme, on ne retrouve pas les mêmes numéros pour les mêmes profils dans les deux essais : le facteur représentant les congénères plus chlorés dans l'essai à 18 variables est le facteur 3, celui représentant les congénères intermédiaires est ici le facteur 1 ; le facteur où les congénères légers sont mieux représentés est le facteur 5 (Figure 8). Les PCB-DL sont répartis entre les facteurs en fonction de leur nombre d'atomes de chlore : le facteur 1 est celui présentant la plus forte concentration de #105, et dans une moindre mesure de #156. Le facteur 3 présente des concentrations plus élevées de #156, et dans une moindre mesure de #167 et #189. Enfin le facteur 5 contient la plus forte concentration de #77, mais présente une concentration de #105 similaire. A noter que le facteur 2, dont les concentrations de PCB_i sont faibles, contient une concentration notable de #105, ainsi que du #156 ; ce facteur pourrait être envisagé comme un artefact. Bien que la procédure « bootstrap » ci-après fasse plus souvent que pour les autres facteurs une réaffectation de certains tirages au facteur 1 (cf. Tableau 7), ils ne sont pas pour autant corrélés sur l'ensemble du jeu de données, et seulement faiblement dans les carottes MTE ($R^2 = 0.57$) et GDL ($R^2 = 0.63$). La 1234678-CDD est essentiellement présente dans le facteur 4 (Tableau 6).

Congénères	Facteur 1	Facteur 2	Facteur 3	Facteur 4	Facteur 5
#28	361.2	8.4	180.6	54.5	1825.2
#52	2169.1	0.0	448.3	72.4	1160.5
#101	4148.7	167.4	2640.1	153.3	2231.9
#118	2967.9	1167.9	922.5	55.9	942.5
#138	2350.9	1022.3	7441.7	239.5	1782.9
#153	1956.5	424.9	11247.0	102.3	3366.5
#180	138.3	0.0	9732.0	176.2	2866.4
#77	42.1	85.9	14.8	7.7	264.2
#81	0.0	2.6	0.0	0.0	3.6
#105	1122.7	636.3	56.3	15.9	224.4
#114	47.1	22.8	3.1	0.0	11.7
#123	28.9	20.2	0.4	1.4	13.4
#126	3.5	12.0	1.7	0.6	2.8
#156	231.6	178.5	506.8	11.2	122.9
#157	65.2	49.5	55.0	3.7	0.0
#167	71.6	93.0	209.6	0.0	22.1
#189	0.0	15.3	136.8	3.9	36.5
1234678-CDD	0.1	6.6	2.4	90.5	2.5

Tableau 6 – Composition des facteurs (essai PMF-18 variables, itération #15)

Les concentrations sont en pg.g^{-1} (poids sec)

La modélisation des matrices obtenues par ré-échantillonnage par bootstrap (100 itérations) produit des solutions très voisines de l'itération #15 de la modélisation de base, suggérant une bonne stabilité de celle-ci (Tableau 7).

Bootstrap	Base					Unmapped
	Fact. 1	Fact. 2	Fact. 3	Fact. 4	Fact. 5	
Facteur 1	93	6	1	0	0	0
Facteur 2	7	92	1	0	0	0
Facteur 3	2	1	95	0	2	0
Facteur 4	0	0	0	100	0	0
Facteur 5	3	0	0	0	97	0

Tableau 7 – Comparaison des facteurs obtenus après bootstrap avec les facteurs de la modélisation de base (itération #15)

Les valeurs reportées dans les cellules du tableau correspondent aux nombres d'itérations de la procédure bootstrap (lignes) qui correspondent aux facteurs de la modélisation de base (colonnes) . Plus les valeurs de la diagonale sont proches de 100, meilleure est la modélisation de base. *Unmapped* désigne le nombre d'itérations d'un facteur de la procédure bootstrap ne correspondant à aucun facteur de la solution de base.

3.6.6 Contributions des facteurs

Bien que les résultats d'analyse de la carotte réalisée sur le site d'Arras (ARS) aient été inclus dans la modélisation PMF pour une meilleure cohérence de celle-ci, les contributions pour cette carotte ne sont pas présentés ici puisque celle-ci a été réalisée dans le cadre du projet Axelera-PRESED. Il est donc plus logique que la contribution des sources pour la carotte ARS soit présentée dans ce cadre plutôt que le présent rapport.

Lône de la Morte (MTE)

Les contributions respectives des facteurs 1, 3 et 5, qui représentent la plus grande partie des contributions des PCB, sont assez variables dans le temps jusqu'au milieu de la décennie 1980-90 (Figure 9). Ces variations sont rarement simultanées et plus souvent décalées d'environ un an (d'après le modèle d'âge décrit au 3.1 ci-dessus), à l'exception de 1980 (facteurs 1 et 3) et 1983 (idem). Le facteur 5 contribue en général moins que les facteurs 1 et 3, sauf en 1978 où il présente un pic de concentration. Les variations des 3 facteurs correspondent plus ou moins bien aux dates des chasses sédimentaires, reportées sur la droite de la Figure 9. Enfin la 1234678-CDD (facteur 4) se comporte de manière indépendante des facteurs PCB, avec des pics de concentration en 1976, 1981 et 1985, celui de 1981 étant beaucoup plus marqué que les autres (Annexe 4).

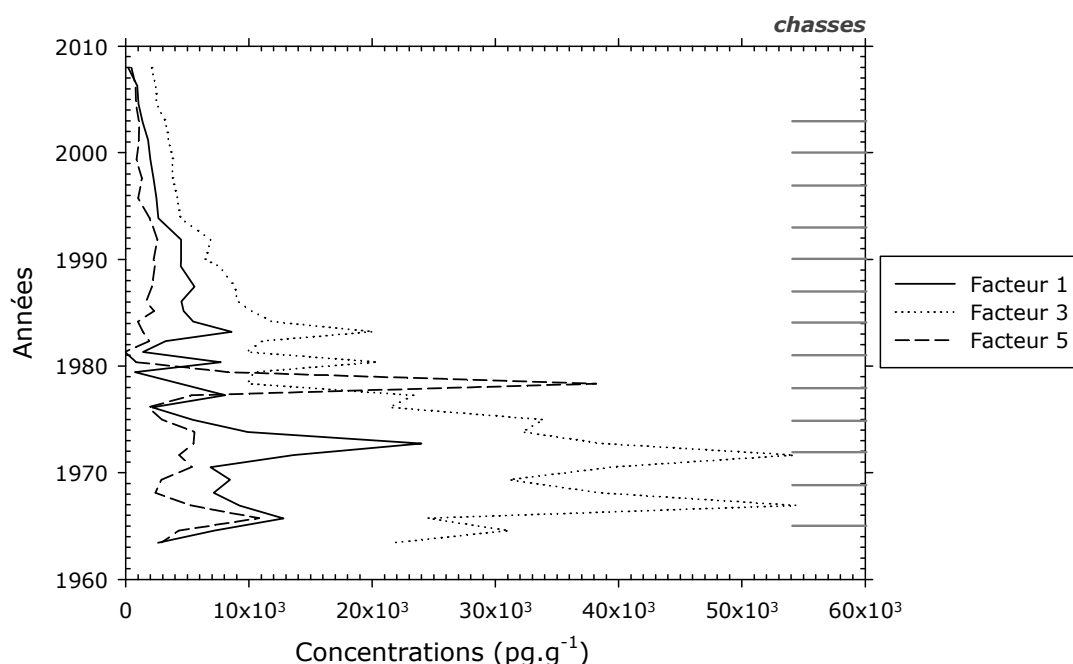


Figure 9 - Contributions des facteurs 1, 3, et 5 dans la carotte MTE

Grand Large (GDL)

On peut distinguer trois périodes relativement distinctes dans la répartition des facteurs 1, 3 et 5 dans cette carotte : une première période jusque ~1970, où les trois facteurs sont présents, le facteur 1 étant prédominant, puis le 2 et enfin le 5. Le maximum pour cette période est atteint en 1965. A partir de 1969-1970 les concentrations des facteurs 1 et 5 augmentent jusqu'en 1997, avec des pics parallèles (Figure 10). Un pic moins élevé apparaît pour le facteur 3 en 2005.

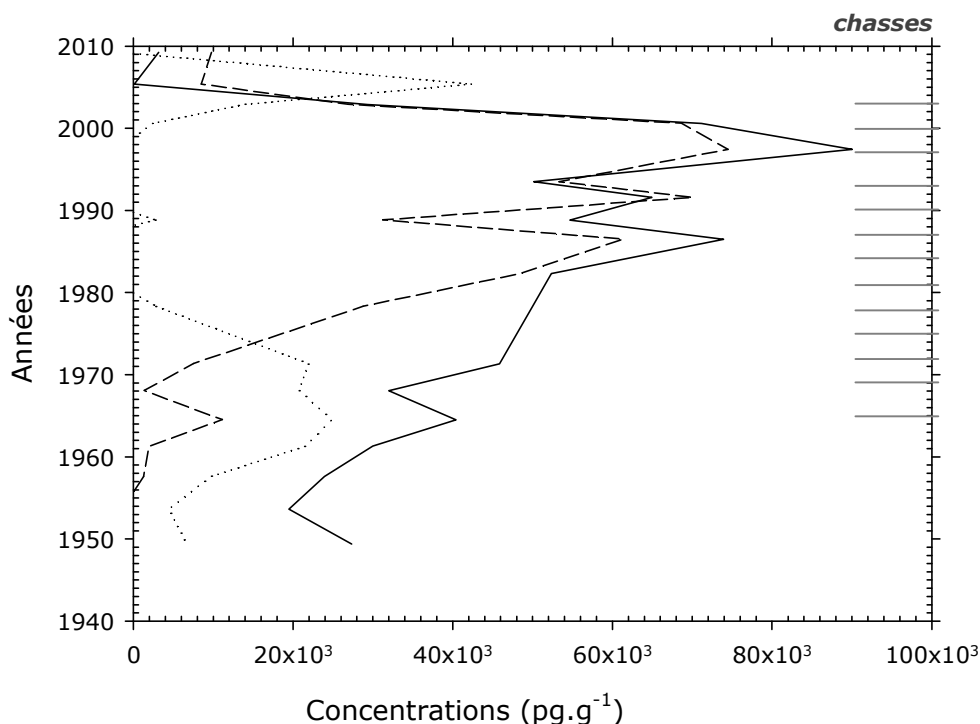


Figure 10 - Contributions des facteurs 1, 3 et 5 dans la carotte GDL

Les motifs des lignes correspondant aux facteurs sont identiques à ceux de la Figure 9.

Le facteur 4 présente des concentrations croissantes jusqu'en 1987, puis deux pics marqués en 1991 et 2000 (graphe en Annexe 4).

En surface du plan d'eau, où une vingtaine de prélèvements ont été analysés (cf. 3.5 ci-dessus, carte des points de prélèvement en Annexe 3), les contributions sont réparties de manière assez homogène entre les points, avec le facteur 5 représentant la contribution principale (graphe en Annexe 4). Quelques points se différencient cependant : 014S, sur la rive éloignée du canal, où les facteurs 1, 3 et 5 sont en proportions similaires, mais en concentrations plus faibles que dans le reste du plan d'eau ; 02S dans la partie centrale en bordure du plan d'eau, où l'on peut noter une forte contribution du facteur 1 et un total plus élevé ; 06S, proche du point de prélèvement de la carotte, où les facteurs 1 et 3 contribuent de manière équivalente. Les trois prélèvements dans le dépôt de résidus de dragages à l'extrémité nord-est du plan d'eau les facteurs 1, 3 et 5 sont présents en proportions similaires.

Darse de Crépieux (CPX)

Comme indiqué précédemment (§ 3.1) la contamination par les PCB à ce site est déterminée par la crue de 1990, qui a déposé des particules associées principalement au facteur 5 (congénères légers plus représentés que dans les autres facteurs). Le facteur 3 (congénères fortement chlorés) est aussi bien représenté dans les strates de sédiment associées à cette crue, de même que dans la strate datée de 1993, qui peut être envisagée comme un dépôt après remobilisation de sédiments déposés plus en amont à l'occasion de la crue de 1990. A part la période 1990-92, le facteur 1 (congénères moyennement chlorés) est moins représenté. Après 1994 le facteur 3 est majoritaire, et explique l'essentiel du pic constaté en 2005 (graphe en Annexe 4). Le facteur 4 montre une tendance globale à la décroissance au cours du temps, avec des variations (pics en 1988, 1990, 1992, 1994, 1995) amples, en général non liées à celles des autres facteurs (graphe en Annexe 4).

Lône de la Table Ronde (TBR)

A part en 1999, la contribution dominante est due au facteur 3 (Figure 11). Les variations de concentration de ce facteur, ni des autres, ne semblent pas directement coïncider avec les chasses sédimentaires, mais peuvent cependant résulter de la reprise de dépôts consécutifs aux chasses lors de crues intervenant par la suite. Le pic observé en 2007 pour le facteur 3 n'est pas lié à une crue, puisque la granulométrie de cette partie de la carotte n'est pas modifiée (cf. 3.2.2) ; il pourrait donc s'agir de la trace d'un déversement accidentel plus à l'amont, peut-être dans l'agglomération lyonnaise¹⁹.

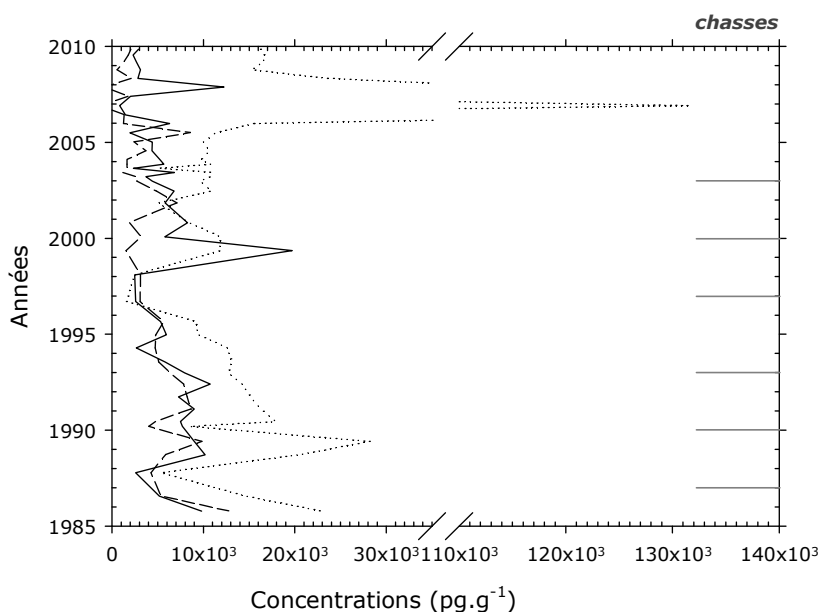


Figure 11 - Contributions des facteurs 1, 3 et 5 dans la carotte TBR

Les motifs des lignes correspondant aux facteurs sont identiques à ceux de la Figure 9.

Avec un maximum à $\sim 1.1 \mu\text{g.kg}^{-1}$ (ps) dans les couches les plus anciennes de cette carotte décroissant ensuite jusqu'à $0.2 \mu\text{g.kg}^{-1}$, la contribution du facteur 4 apparaît moindre que dans les carottes précédentes.

Etang de la Bricotte (BRC), Gier

La distribution des contributions des facteurs 1, 3 et 5 permet de distinguer 3 périodes dans cette carotte : avant 1990, ces 3 facteurs évoluent en parallèle, et décroissent rapidement, le facteur 3 montrant des variations (pics) sur la fin de la période. Un pic important est à noter autour de 1990 pour les facteurs 3 et 5. A partir de ~ 1993 le facteur 3 représente la principale contribution, et augmente après 2000, pour atteindre un niveau proche de $10 \mu\text{g.kg}^{-1}$ (ps) actuellement (graphe en Annexe 4).

Le facteur 4 contribue fortement dans la première période identifiée ci-dessus, avec un pic en 1978 suivi d'une décroissance rapide (graphe en Annexe 4).

Lône de l'île du Beurre (BRE)

Les facteurs 1, 3 et 5 varient tout au long de cette carotte, sans motif évident (graphe en Annexe 4). Le facteur 3 représente la contribution principale dans les couches les plus récentes. Compte tenu des difficultés de datation (cf. § 3.1), la contribution du facteur 4 n'est pas identifiable sur toute la période couverte par cette carotte. La période 1992-2010 est caractérisée pour ce facteur relativement basses et peu variables, tandis que la période avant 1990 présente des concentrations variables et parfois très élevées. L'augmentation de la somme des PCB (ΣPCBi) au sommet de la carotte, que nous avons

¹⁹ Pas de trace dans les carottes amont

précédemment expliquée par le COT (cf. 3.1.3), est associée principalement au facteur 3, et pourrait être rapprochée du pic observé en 2007 à TBR, d'autant plus que pendant cette période les concentrations dans la carotte BRC sont stables.

Sédiments de surface (hors GDL)

Les différents sites de prélèvements de cette série figurent sur la carte en Annexe 1. Ils sont présentés ci-après (Figure 12) de l'amont vers l'aval.

- Le point RH010 (Chanaz, 73) est situé légèrement en amont du point Lucey, sur le bras sud du Rhône qui est à cet endroit divisé en deux bras principaux, en amont de MTE. Les nombres associés à « Lucey » désignent les années de prélèvement.
- Le site Loyettes (Loyet) est localisé à quelques km en aval du rejet de l'usine TREDI à Saint-Vulbas²⁰ ; ce site est en amont de la confluence du Rhône avec la Bourbre, ainsi que de la confluence avec l'Ain. Les carottes CPX et GDL sont donc encore plus à l'aval, respectivement sur les bras (canal) « Miribel » et « Jonage » du Rhône. Les nombres associés à « Loyet » désignent les années de prélèvement.
- Le site RA9 est situé sur la Bourbre, à proximité de la confluence, en principe hors de l'influence du Rhône
- Les sites RL4 et RL5 sont sur le Rhône, après la confluence entre les bras « Miribel » et « Jonage ».
- Les points SA010 et SA020 sont situés sur la Saône, respectivement à Couzon, et Saint Cyr au Mont d'Or.
- Le site RH020 est sur le Rhône au niveau de Pierre-Bénite, à l'aval de la confluence avec la Saône et à l'amont, relativement proche, de TBR.

²⁰ Une source au moins historique de PCB au Rhône, cf. 57. Monod, G., A. Devaux, and J.L. Riviere, *Effects of chemical pollution on the activities of hepatic xenobiotic metabolizing enzymes in fish from the river Rhône*. Science of the Total Environment, 1988. **73**: p. 189-201.

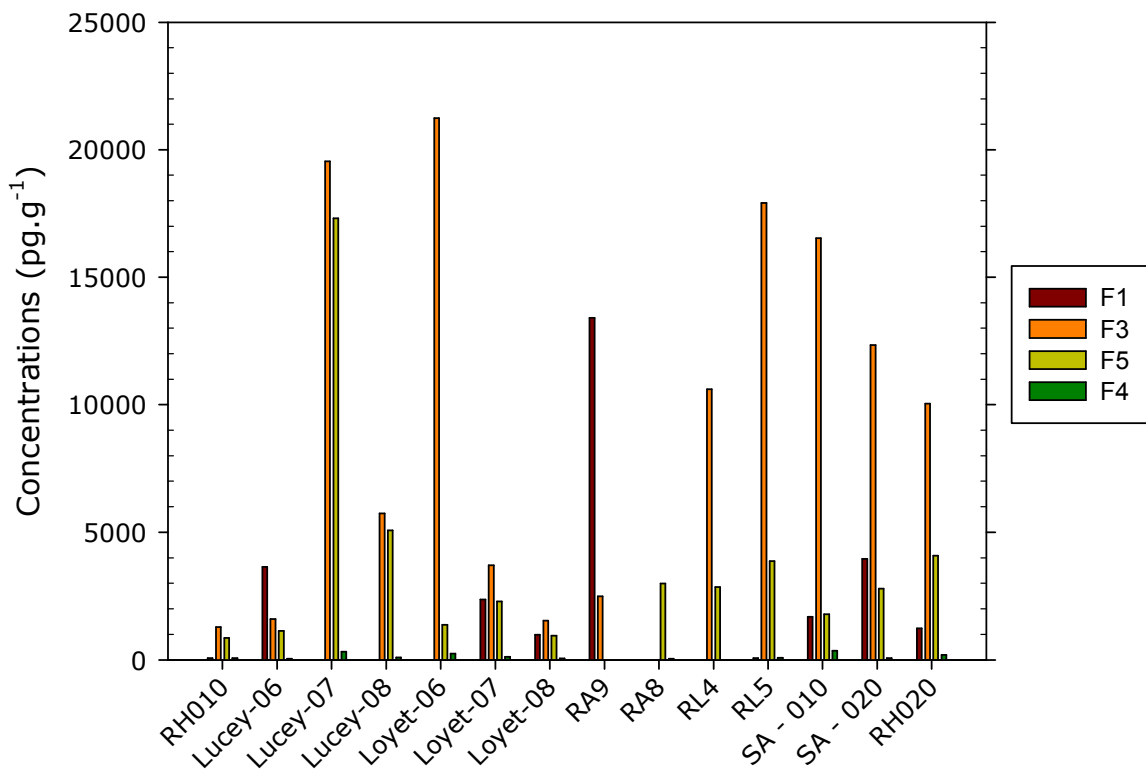


Figure 12 - Contributions des facteurs 1, 3, 4 et 5 dans les sédiments de surface (hors GDL)

Le facteur 3 domine dans la plupart des échantillons analysés ; le facteur 5 contribue à plusieurs sites en proportion voisine (notamment Lucey 07 et 08). L'échantillon RA9 présente une signature originale, avec prépondérance du facteur 1.

3.6.7 Comparaison des facteurs identifiés aux mélanges techniques

Les différents mélanges techniques utilisés constituent les sources originelles, mais ces mélanges ont évolué soit au cours de leurs usages « normaux », soit après rejet dans l'environnement. En toute hypothèse, les mélanges techniques les plus répandus à l'époque où les PCB étaient utilisés largement devraient donc correspondre partiellement aux facteurs identifiés à l'aide de PMF, et les écarts de composition entre mélanges techniques et facteurs pourraient s'expliquer notamment par la dégradation de certains congénères :

- si un congénère est plus concentré dans le mélange technique que dans le facteur PMF dont la composition est la plus proche dudit mélange technique, une dégradation a pu intervenir. Cela peut être discuté sur la base de la position des atomes de chlore sur le noyau²¹ et de la littérature disponible (par exemple [58-61]). Les congénères « manquants » peuvent aussi avoir fait l'objet d'un transport différentiel en cas de crue par exemple : le fractionnement de mélanges techniques de PCB ou de PBDE induisant une modification des signatures a été noté récemment [62].
- Inversement si la concentration d'un congénère dans le mélange technique est plus faible que dans le facteur PMF le plus proche, c'est qu'il y a eu enrichissement, potentiellement par dégradation d'un congénère plus chloré. Il peut y avoir des exceptions (transport différentiel en cas de crue ?)

²¹ Les positions méta et para sont plus susceptibles de déchloration 58. Wiegel, J. and Q.Z. Wu, *Microbial reductive dehalogenation of polychlorinated biphenyls*. Fems Microbiology Ecology, 2000. **32**(1): p. 1-15.

Les informations sur la composition des mélanges techniques sont malheureusement peu nombreuses et plus ou moins exhaustives et précises. Kannan et collaborateurs [63] ont ainsi publié la composition de différents mélanges techniques produits en Europe, notamment la gamme de Phénoclor (DPi) produit en France. Les mélanges techniques affichent des taux de chloration moyens comparables, par exemple le DP4 contient ~40% de Cl, similaire à l'Aroclor 1242, le DP5 ~50% de Cl est comparable à l'Aroclor 1254, etc. Cependant ces mélanges techniques diffèrent pour des congénères mineurs [63]. D'autre part, il n'est pas sûr que la proportion de chaque congénère dans les mélanges techniques ait été stable sur la durée de production. Le Tableau 8 présente les écarts entre Phénoclor et Aroclor dans 3 gammes de chloration pour les congénères que nous avons analysés.

Congénère	ca 40%	ca50%	ca60%
#28	-4.52	0.75	0.95
#52	2.96	-1.18	-0.06
#77	4.55	10.00	1.00
#81	0.00	0.00	0.00
#101	1.67	0.06	-2.52
#105	1.14	-3.83	-0.07
#114	0.00	0.00	0.00
#118	0.88	0.61	6.93
#123	0.00	3.69	0.00
#126	0.00	0.00	0.00
#138	-0.04	6.80	7.87
#153	-0.68	2.24	4.20
#156	0.50	0.50	2.36
#157	0.00	-0.77	-1.05
#167	0.00	-0.21	-0.26
#169	0.00	0.00	-0.05
#180	0.44	1.62	0.38
#189	0.00	0.00	0.89

Tableau 8 – Différences de proportion des 18 congénères de PCB dans les formules commerciales de Phénoclor et Aroclor

Les valeurs figurant dans les cellules sont obtenues par différence DP – Aroclor des proportions des congénères (% des formules commerciales).

Les facteurs identifiés par PMF ont été comparés avec les mélanges techniques Phénoclor (DP3, 4, 5 et 6) et Aroclor (1242, 1254 et 1260) au moyen de la somme des carrés des écarts. Les valeurs les plus basses indiquent donc les mélanges techniques dont les facteurs sont les plus proches (Tableau 9). Les facteurs 1 et 3, dont les sommes des carrés des écarts sont les plus basses, sont plus proches respectivement des Aroclor 1254 (~50% de chlore) et 1260 (~60% de chlore) que des DP5 et DP6. Le facteur 2, signalé plus haut comme un possible artéfact, est aussi le plus éloigné des formules commerciales testées. Le facteur 4 est caractérisé d'abord par la 1234678-CDD, en d'autres termes les concentrations de PCB dans ce facteur sont faibles, et assimilables à des résidus de la modélisation. Enfin le facteur 5 se rapprochent des formules à ~60% de chlore, mais moins que le facteur 3.

	DP		Aroclor	
Facteur 1	5	85.2	1254	17.2
Facteur 2	6	102.0	1254	104.6
Facteur 3	6	41.8	1260	18.4
Facteur 4	6	63.0	1260	63.3
Facteur 5	6	70.0	1260	60.7

Tableau 9 – Comparaison des facteurs issus de PMF avec différents mélanges techniques

Chacun des facteurs a été comparé avec plusieurs formules commerciales.

Ces résultats suscitent des interrogations, au moins en termes de paramétrage du modèle.

3.6.8 Discussion

Les résultats obtenus par cet essai de modélisation ne semblent donc pas complètement probants, principalement pour deux raisons principales : (a) l'incertitude sur la réalité du facteur 2, dont la composition semble peu plausible, et (b) le fait que deux facteurs distingués par PMF sont raccordables au même mélange technique, qu'il s'agisse de Phénoclor ou d'Aroclor. Les explications peuvent tenir à

- La matrice de données, notamment l'inclusion des dioxines et furanes.
- La manière de prendre en compte l'incertitude analytique, fixe dans cet essai, ce qui n'est pas réaliste ni n'exploite toute l'information disponible.
- La procédure de substitution utilisée, qui a produit dans une bonne partie des cas des valeurs supérieures aux LQ.

Il conviendrait de poursuivre les essais de modélisation, soit en limitant le nombre de variables aux PCB seuls, soit au contraire en élargissant aux 23 variables initiales, et en améliorant la procédure de substitution.

Bien que les facteurs identifiés pour l'instant ne soient peut-être pas les plus pertinents possibles, cette première analyse apporte quelques enseignements utiles à la compréhension du comportement des PCB dans le Rhône.

La distribution des facteurs dans les sédiments du Rhône est largement déterminée par les variations de débit ; cela vaut d'ailleurs pour les deux échantillons (BRE 36-37 cm et ARS 60-62 cm) écartés de l'analyse à cause de la proportion exceptionnelle de #52 qu'ils recèlent. Après vérification, aucun élément ne permet de considérer qu'il y aurait une erreur d'analyse ; par contre, comme ces valeurs exceptionnelles de #52 sont associées à une granulométrie particulière, on peut y voir le résultat d'un transport différentiel de ce congénère pendant une crue. L'influence des crues sur la distribution des facteurs est aussi visible pour CPX, et probable pour BRC.

De même les chasses sédimentaires programmées jouent très probablement un rôle sur la redistribution des sédiments et donc des PCB, au moins à l'amont de Lyon. En effet, plusieurs pics de concentration coïncident avec les dates de chasse à MTE (1972, 1975, 1978, 1981) ; bien que les chasses aient continué jusqu'en 2003 on ne trouve plus ensuite de coïncidence, et les concentrations des facteurs décroissent de manière relativement continue. D'autre part à GDL les pics des facteurs 1 et 5 sont datés de 1987, 1991 et 1997. S'il n'y a pas eu de chasse en 1991, il y en a eu une en 1990, et il paraît possible que des dépôts peu stables de sédiments se soient formés à l'amont et aient été remobilisés quelques mois plus tard. Le fait que l'influence des chasses soit discernable à MTE jusqu'en 1981 et plus ensuite, tandis qu'elle ne serait discernable à GDL qu'à partir de 1986 pourrait s'expliquer par une évolution des consignes de gestion de la chasse, intervenues après celle de 1978. L'influence des chasses n'est plus discernable dans les carottes plus aval.

Peut-on utiliser ces résultats pour retracer des sources particulières, c'est à dire des rejets localisés comme TREDI à Saint-Vulbas (ou d'autres) ? On peut formuler plusieurs remarques à ce sujet :

- Une combinaison spécifique par rapport aux autres échantillons du secteur a été obtenue dans l'échantillon de surface RA9 (Bourbre). En revanche il paraît difficile de trouver une signature spécifique dans la carotte BRC.
- Une éventuelle signature de TREDI ne sera vraisemblablement discernable que dans les carottes CPX et GDL. Plus à l'aval, le signal sera mélangé aux rejets de l'agglomération lyonnaise, et aux apports de la Saône et du Gier (cf. BRC).
- A contrario, cette signature éventuelle dépendra (i) des mélanges techniques, probablement variés, contenus dans les appareils traités par cette entreprise, et (ii) des procédés employés pour détruire les PCB et limiter les rejets. Ces deux éléments laissent présager une certaine variabilité de la signature.

Cette question sera éventuellement à reprendre après avoir refait la modélisation et obtenu des facteurs plus pertinents.

3.7 Synthèse sur la contamination des sédiments

La Figure 13 résume les tendances de la contamination sur les trente dernières années, depuis le point le plus amont de cette étude (La Morte, MTE) jusqu'au plus aval (Ile du Beurre, BRE)²². Les points représentent les médianes des concentrations pour les trois dernières décennies, les barres d'erreur correspondent aux quartiles. Cette présentation montre à la fois un gradient de concentration amont aval, et une tendance à la diminution, qui prolonge celle des décennies précédentes. Au plan spatial (amont - aval), il semble possible de distinguer une zone à l'amont de l'agglomération lyonnaise (MTE-CPX-GDL) et une zone aval, suggérant que le Grand Large a retenu une partie du flux de particules contaminées au cours du temps. Le Grand Large (GDL) s'inscrit bien dans ce schéma général, mais le caractère récent de la diminution des teneurs en PCB masque le fait qu'actuellement les concentrations en surface sont inférieures à celles de la Table Ronde (TBR). Sur ce site la variation en trente ans est d'ailleurs beaucoup plus faible que sur la plupart des autres, notamment à l'amont, ce qui suggère que des apports continus se poursuivent. En revanche la carotte de la Bricotte (BRC) est caractérisée par un palier plus élevé dans la décennie 2000-2010 que dans la précédente, indiquant des apports encore actifs de PCB au Gier. Cette contribution influe sur le niveau de contamination encore relativement important observé à l'île du Beurre.

²² Dans l'esprit, cette présentation est analogue à celle de la Figure 4, qui ne présente que les trois premières carottes

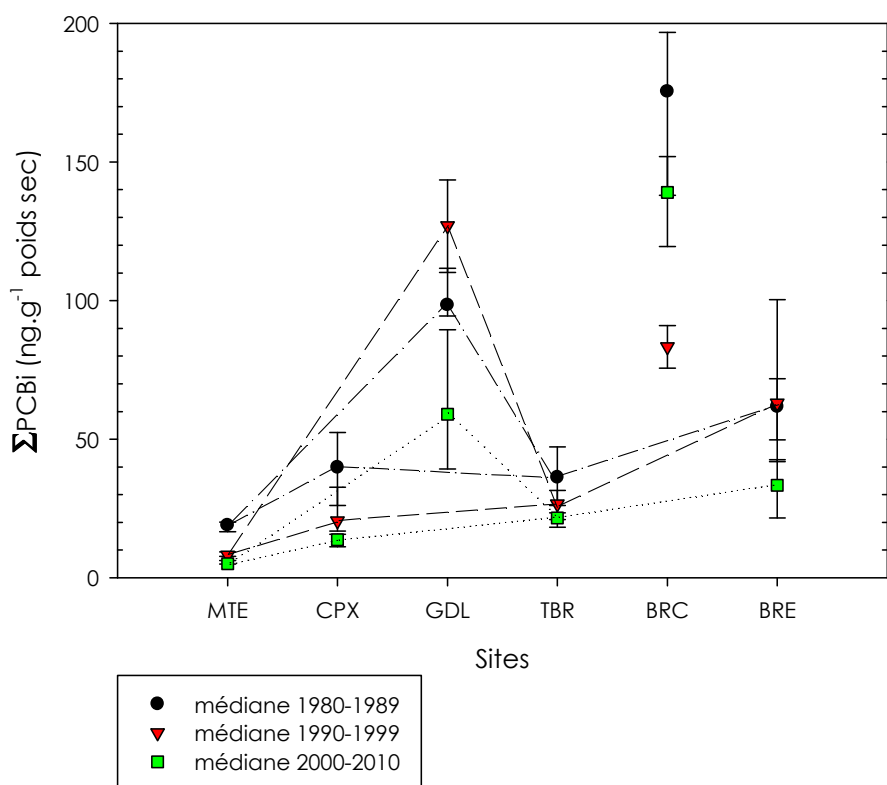


Figure 13 - Synthèse des tendances spatiales et temporelles de la contamination des sédiments par les PCB

A l'amont de l'agglomération lyonnaise, la décroissance des concentrations de PCB est de forme exponentielle, à l'exception de Crépieux (CPX) où un pic récent, possiblement lié à une (petite) crue, modifie la tendance générale. A l'aval de l'agglomération lyonnaise, les pics de concentration, dont certains récents, rendent l'évolution à moyen terme difficile à prédire, même si la tendance générale (moyenne) est à la baisse. Ces pics ne sont pas toujours liés à des crues, en d'autres termes on peut soupçonner des déversements « accidentels ». L'analyse des profils de contamination, qui reste à affiner, permettra peut-être de mieux comprendre l'origine des contaminations, leur tendance générale, et les relations entre les sites. Elle met dès maintenant en lumière le rôle des chasses sédimentaires dans le déplacement des PCB à l'amont de l'agglomération lyonnaise.

Enfin, on retrouve des PCDD et PCDF sur tous les sites, avec des pics marqués notamment à La Morte et La Bricotte, indiquant que des rejets localisés ont eu lieu. Les concentrations récentes de ces composés sont nettement plus basses, ce qui paraît cohérent avec la faible contribution des PCDD et PCDF dans la charge des poissons du Rhône en « équivalent dioxine » (TEQ).

4 RESEAUX TROPHIQUES DU BARBEAU, DE LA BREME COMMUNE ET DU CHEVAINE ; VOIES DE CONTAMINATION DES POISSONS ET FACTEURS DE CONTROLE

Les résultats et interprétations présentés dans cette section ont fait l'objet d'un article soumis à la revue *Chemosphere* (cf. Annexe 4, article 2 dans la liste des articles soumis à des revues).

4.1 Contamination du biote par les PCB et facteurs de contrôle

4.1.1 Données de contamination

Poissons

Les données de contamination des poissons sont présentées par espèce pour chaque site sur la Figure 14.

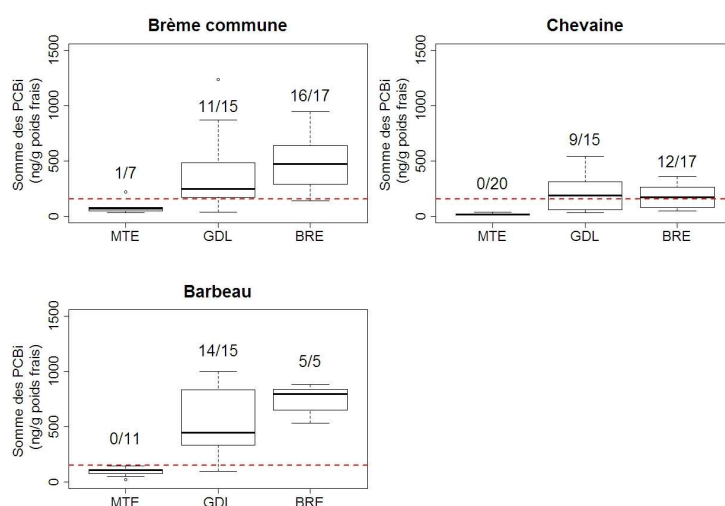


Figure 14 - Niveaux de contamination en PCB dans chaque espèce de poisson sur les 3 sites

MTE : La Morte ; GDL : Grand Large ; BRE : île du Beurre. Les PCB sont exprimés par la somme des 7 PCB indicateurs²³. Les ratios au-dessus de chaque boxplot représente le nombre d'individus au-dessus du seuil réglementaire sur le nombre total d'individus échantillonnés sur ce site. En pointillé rouge est représenté la concentration en PCBi équivalente au seuil réglementaire (153 ng.g⁻¹ PF de PCBi)

A La Morte (site amont), les poissons sont tous en dessous du seuil réglementaire de consommation (exceptée une brème), confirmant le choix de ce site comme site de « référence ». L'ANOVA suivie de tests post-hoc montre une différence de contamination entre sites et entre espèces. La contamination augmente d'amont en aval, tant en terme de niveau de contamination que de nombre d'individus au dessus du seuil réglementaire. Par ailleurs, il apparaît que le chevaîne est l'espèce la moins contaminée et que le barbeau est plus contaminé que la brème.

Aucune différence de contamination n'a été observée entre mâles et femelles.

Enfin, on peut observer une grande variabilité intra-spécifique des niveaux de contamination, notamment au Grand-Large.

²³ #28, #52, #101, #118, #138, #153 et #180

Les profils de contamination de chaque espèce en chaque site pour les 7 congénères de PCB indicateurs sont présentés Figure 15. Les profils de congénères sont similaires entre espèces et entre sites, avec une prédominance du congénère 153.

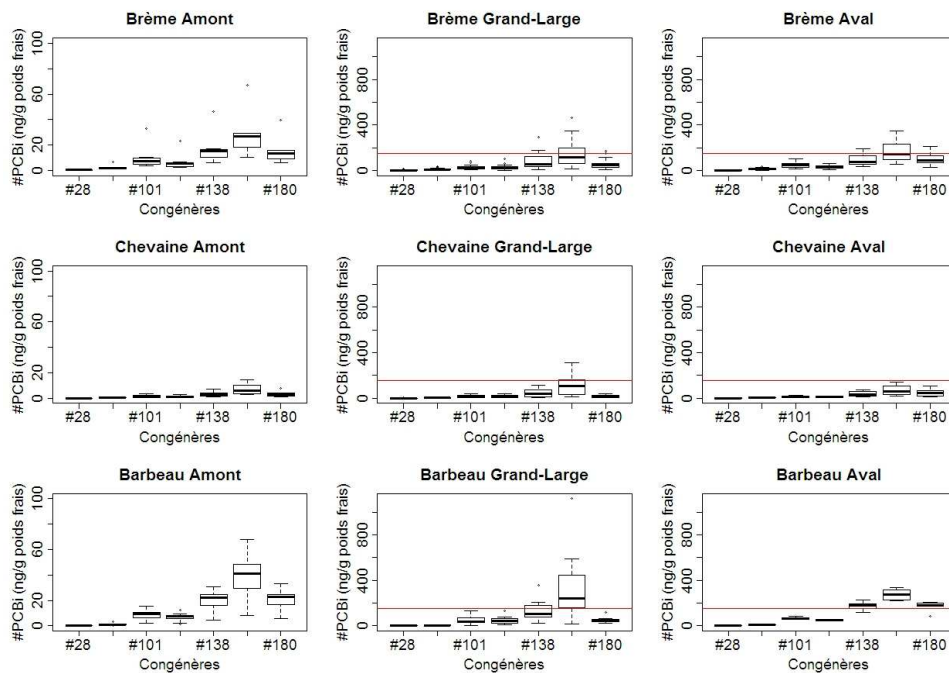


Figure 15 - Profils de contamination de chaque espèce en chaque site pour les 7 congénères de PCB indicateurs

Amont = La Morte ; Aval = île du Beurre. Congénères, de gauche à droite #28(3), #52(4), #101(5), #118(5), #138(6), #153(6) et #180(7). Entre parenthèses sont rappelés les nombre d'atomes de chlore par congénère. La ligne rouge correspond au seuil sanitaire sur le somme des 7 PCBi.

Invertébrés

Les données de contamination des invertébrés sont présentées par espèce pour chaque site dans la Figure 16.

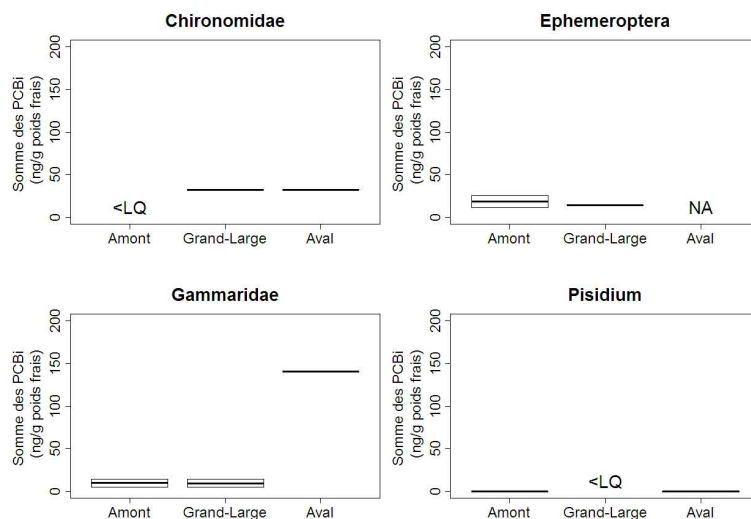


Figure 16 - Niveaux de contamination en PCB de chaque famille d'invertébrés sur les 3 sites

Niveaux de contamination en PCB exprimés par la somme des 7 PCB indicateurs. <LQ signifie « inférieur à la limite de quantification » et NA qu'aucun individu de l'espèce considérée n'a été échantillonné sur le site.

On peut observer une différence de contamination entre espèces et entre sites. Les chironomes et les gammares sont plus contaminés que les éphémères et les pisidium. Alors que les chironomes ont une contamination similaire au Grand-Large et à l'Île du Beurre, les gammares sont largement plus contaminés à l'Île du Beurre.

Les profils de congénères pour chaque famille ou espèce d'invertébré en chaque site sont présentés sur la Figure 17. Le congénère 153 apparaît à nouveau comme un des congénères les plus dominants, mais on observe quand même des différences de profils entre espèces et entre sites, avec des congénères « légers » qui peuvent être relativement abondants.

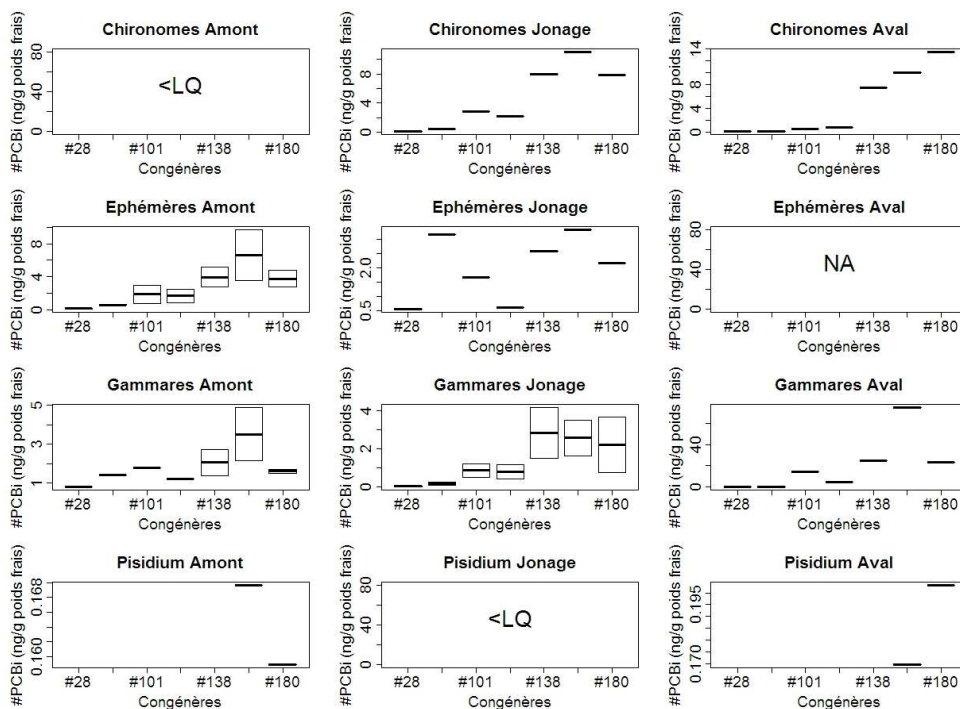


Figure 17 - Profils de contamination des familles d'invertébrés en chaque site pour les 7 congénères de PCB indicateurs

<LQ : congénères inférieurs à la limite de quantification ; NA : espèce non récoltée, donc pas de résultat disponible ... #28(3), #52(4), #101(5), #118(5), #138(6), #153(6) et #180(7). Entre parenthèses sont rappelés les nombre d'atomes de chlore par congénère. <LQ signifie que tous les congénères sont inférieurs à la limite de quantification et NA qu'aucun individu n'a été échantillonné sur le site.

4.1.2 Facteurs de contrôle

Afin d'avoir une vision générale des données de contamination des poissons et des facteurs susceptibles d'influencer la contamination des poissons aux PCB, une ACP a été réalisée sur toutes les données (espèces et sites confondus). Les résultats de la projection selon les 2 premiers axes sont présentés sur la Figure 18. Les 2 premiers axes expliquent à eux seuls 70% de la variabilité totale. Globalement, la somme des 7 PCBi est positivement corrélée à la taille, au poids, à l'âge et au pourcentage de matière grasse et est négativement corrélée à la signature isotopique en carbone ($\delta^{13}C$), caractérisant la (les) source(s) de carbone exploitées (plus de détails sur ces données dans la partie 4.2.4). On peut voir que le chevaîne se distingue des 2 autres espèces par le fait qu'il est plus petit, moins gros, moins gras, moins contaminé et qu'il a une signature isotopique en carbone différente.

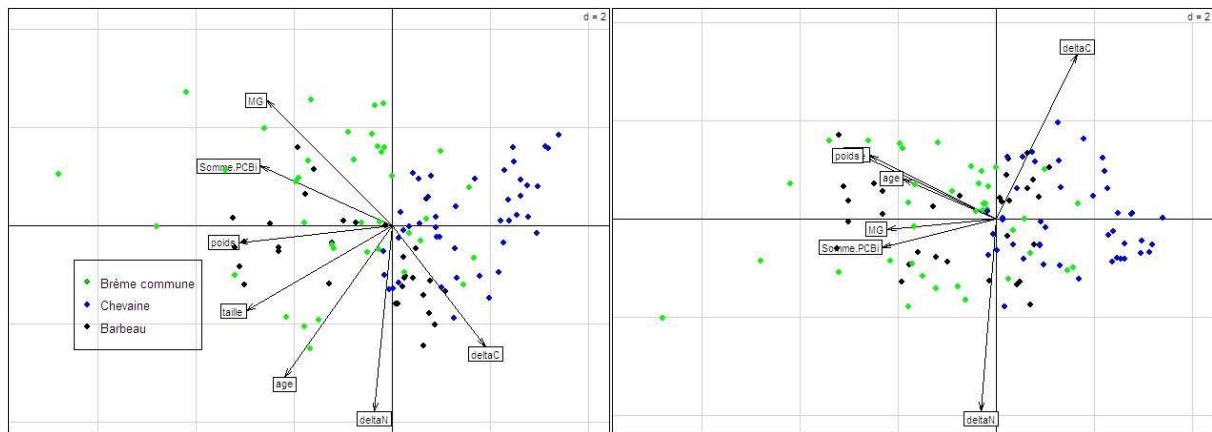


Figure 18 - Représentation de l'ACP réalisée sur toutes les données de contamination des poissons

ACP selon les axes 1 et 2 à gauche (expliquant 70% de la variabilité totale) et selon les axes 1 et 3 à droite (expliquant 62% de la variabilité totale). Les variables « deltaN » et « deltaC » représentent les données isotopiques de $\delta^{15}\text{N}$ et $\delta^{13}\text{C}$ respectivement.

Si on regarde la corrélation 2 à 2 de toutes les variables entre elles (Figure 19), il apparaît que les variables biométriques (taille/poids/âge) sont bien sûr toutes corrélées entre elles. Par ailleurs, on observe un effet significatif de ces variables, ainsi que du $\delta^{13}\text{C}$, du pourcentage de matière grasse, du site et de l'espèce sur le niveau de contamination (représenté par la somme des 7 PCBi). On n'observe pas d'effet du $\delta^{15}\text{N}$ (reflétant le niveau trophique des individus), ni du sexe. Par ailleurs, si on teste la corrélation entre ces mêmes variables mais en distinguant site et espèce, on n'observe plus de corrélation entre le niveau de contamination et la matière grasse, la brème étant beaucoup plus grasse que le barbeau mais le barbeau étant globalement plus contaminé (Figure 14).

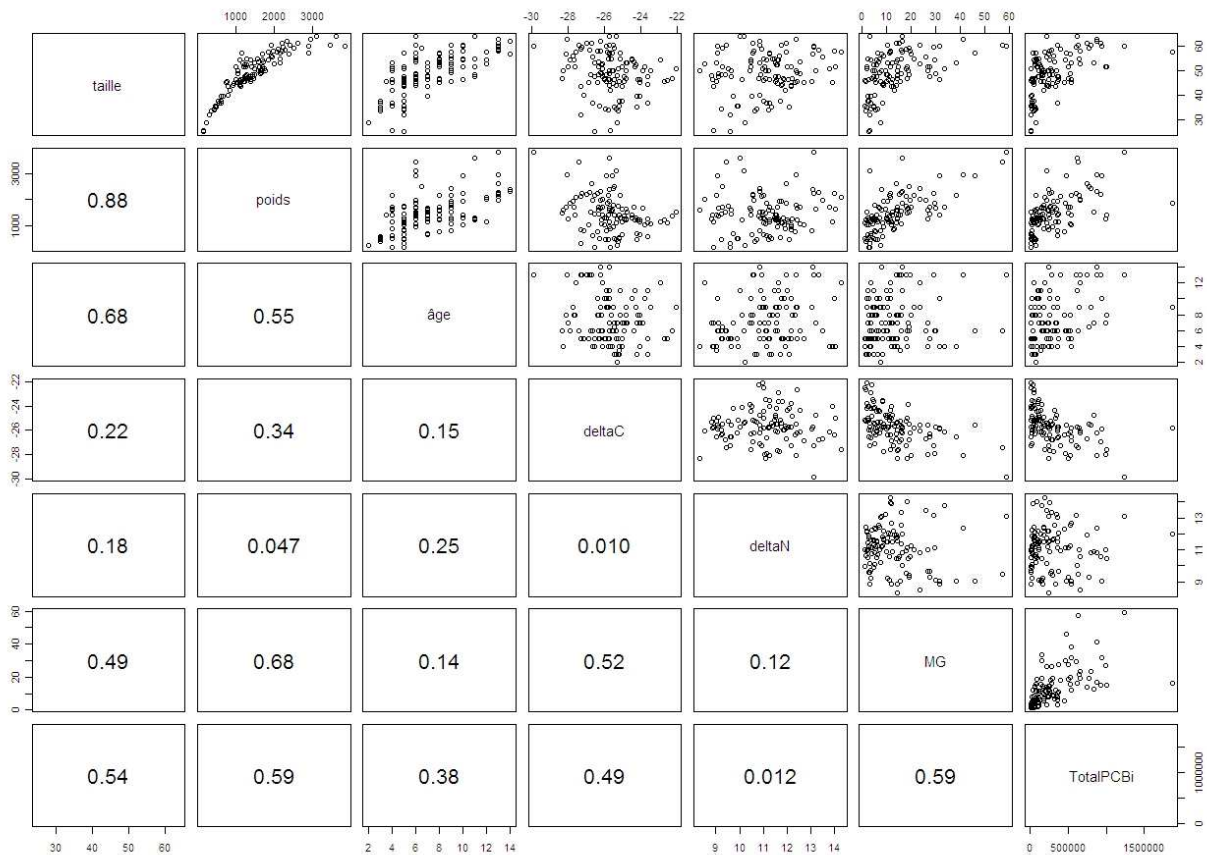


Figure 19 – Corrélation des variables 2 à 2 (en log).

Sur la sous-diagonale est indiqué le coefficient de corrélation. DeltaC et deltaN désignent $\delta^{13}\text{C}$ et $\delta^{15}\text{N}$, MG le taux de lipides.

4.2 Voies de contamination des poissons

De nombreux facteurs physiologiques et trophiques sont connus pour expliquer la variabilité interspécifique de contamination des poissons aux PCBs [64]. Nous avons tenté ici d'étudier la contribution de chaque type de facteur et ainsi expliquer non seulement la variabilité interspécifique de contamination que l'on peut observer, mais aussi la variabilité intra-spécifique (Figure 14).

Les facteurs trophiques pouvant expliquer la variabilité inter- et intra-spécifique de contamination sont divers. Nous étudierons ici l'impact des préférences alimentaires (par l'analyse des contenus stomacaux des poissons mis en relation avec l'inventaire faunistique effectué), de la position trophique et du type d'habitat exploité (par l'analyse des données isotopiques).

4.2.1 Inventaires faunistiques

Des substrats artificiels ont été déposés sur les 3 sites de manière à faire l'inventaire de la faune en place. A La Morte (amont), 1 seul substrat a été déposé, au Grand-Large on a 2 substrats, prélevés à une centaine de mètres de distance, dans des environnements relativement différents : l'un plutôt sablonneux et l'autre plutôt vaseux avec macrophytes, et à l'Île du Beurre (aval), 1 seul substrat a été déposé. Ce dernier substrat ne présentait que des gammarès donc les résultats n'ont pas été représentés.

Les espèces ainsi échantillonnées ont été regroupées en 15 catégories selon leur classement taxonomique, puis en 6 catégories de manière à avoir une vision plus restreinte de la faune en place en fonction des différents types de proies que l'on peut

s'attendre à trouver dans le contenu stomacaux de nos poissons. Les résultats sont présentés d'abord en nombre d'individus, puis en poids.

Analyse des résultats en nombre d'individus

La distribution des individus échantillonnés dans les 15 catégories répertoriées est présentée Figure 20.

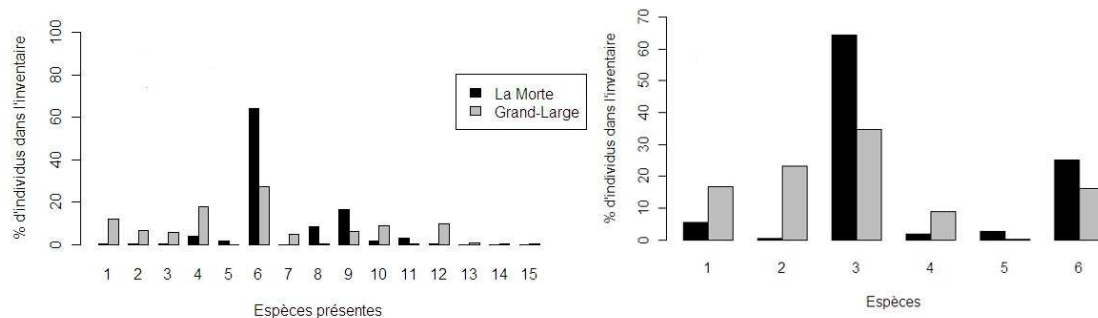


Figure 20 - Représentativité des espèces d'invertébrés présentes sur chaque site

(en % d'individus de chaque espèce dans l'inventaire). A gauche, espèces regroupées en 15 catégories : 1-Trichoptères ; 2-Ephéméroptères ; 3-Autres insectes aquatiques ; 4-Chironomes ; 5-Autres diptères ; 6-Gammarés ; 7-Aselles ; 8-Hydracariens ; 9-Vers ; 10-Gastéropodes ; 11-Bivalves ; 12-Planaires ; 13-Hydrozoaires ; 14-Nématodes ; 15-Némertiens. A droite, espèces regroupées en 6 catégories : 1-Diptères (principalement des chironomes) ; 2-Autres Insectes Aquatiques (principalement des Ephémères) ; 3-Crustacés (principalement des gammarés) ; 4-Gastéropodes (principalement des potamopyrgus) ; 5-Bivalves (principalement des corbicules et pisidium) ; 6-Autres (annélides, hydracariens, planaires). (en % d'individus de chaque espèce dans l'inventaire). A gauche, espèces regroupées en 15 catégories : 1-Trichoptères ; 2-Ephéméroptères ; 3-Autres insectes aquatiques ; 4-Chironomes ; 5-Autres diptères ; 6-Gammarés ; 7-Aselles ; 8-Hydracariens ; 9-Vers ; 10-Gastéropodes ; 11-Bivalves ; 12-Planaires ; 13-Hydrozoaires ; 14-Nématodes ; 15-Némertiens. A droite, espèces regroupées en 6 catégories : 1-Diptères (principalement des chironomes) ; 2-Autres Insectes Aquatiques (principalement des Ephémères) ; 3-Crustacés (principalement des gammarés) ; 4-Gastéropodes (principalement des potamopyrgus) ; 5-Bivalves (principalement des corbicules et pisidium) ; 6-Autres (annélides, hydracariens, planaires).

Globalement, la faune est plus diversifiée au Grand-Large qu'à La Morte. Certaines espèces, notamment les insectes aquatiques autres que les diptères, sont absentes à La Morte alors qu'elles sont présentes au Grand-Large. Qualitativement, les mêmes espèces sont présentes dans les 2 substrats du Grand-Large mais quantitativement, les patterns semblent différents.

La comparaison des distributions montre que la disponibilité des espèces est différente entre La Morte et le Grand-Large ($p < 2.2 * 10^{-16}$), et entre les 2 substrats du Grand-Large ($p < 2.2 * 10^{-16}$). Cependant, les 2 substrats du Grand-Large ont la même composition (qualitative) faunistique et ont été prélevés à une centaine de mètres de distance, dans des environnements relativement différents (l'un plutôt sablonneux et l'autre plutôt vaseux + macrophytes). Ils ne semblent donc pas incohérent de les regrouper.

Analyse des résultats en poids

La transformation en poids des données individuelles se fait grâce aux données moyennes de poids dont on dispose sur les Chironomes (Diptères), les Ephéméroptères (Insectes Aquatiques autres), les Gammarés (Crustacés), les petits Corbicules et les

pisidium (Bivalves), et les potamopyrgus (Gastéropodes). Les résultats de l'inventaire faunistique en poids frais sont présentés sur la Figure 21.

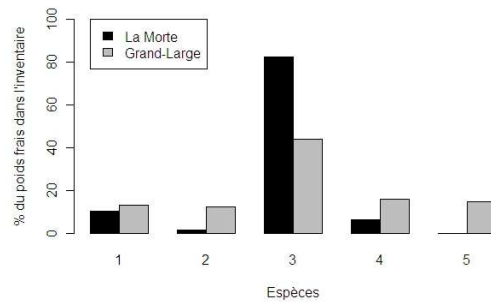


Figure 21 - Représentativité des espèces d'invertébrés présentes sur chaque site

(en % du poids frais de chaque espèce dans l'inventaire), regroupées en 5 catégories : 1-Diptères (principalement des chironomes) ; 2-Autres Insectes Aquatiques (principalement des Ephémères) ; 3-Crustacés (principalement des gammares) ; 4-Gastéropodes (principalement des potamopyrgus) ; 5-Bivalves (principalement des corbicules et pisidium). La catégorie « Autres » (constituée principalement de vers) est ici négligée.

A la Morte, la faune semble principalement composée de Crustacés (gammares, 60%), de mollusques bivalves (du genre *Pisidium*, 20%) et de diptères (chironomes, 15%). Au Grand-Large, on a des crustacés (gammares et aselles, 60%), des diptères (chironomes, 12%), des mollusques bivalves (des genres *Dreissena* et *Pisidium*, 9%), des insectes aquatiques autres que les diptères (trichoptères et Ephémères, 8%) et des mollusques gastéropodes (5%).

Les résultats en poids sec sont similaires à ceux en poids frais.

4.2.2 Contenus stomacaux

Les contenus stomacaux des poissons échantillonnés ont été analysés. Cette analyse s'est faite en plusieurs étapes : La première a consisté au recensement de toutes les espèces ingérées et à leur classement taxonomique (illustration du contenu stomacal d'un chevine de l'Ile du Beurre en Figure 22). Dans un second temps, nous avons regroupé les proies en 8 grands groupes et 17 sous-groupes :

- ▷ Insectes aquatiques :
 - Diptères
 - Chironomidae
 - Autres (Ceratopogonidae, Limoniidae, Tabanidae, Athricops)
 - Ephéméroptères (Ephemera, Baetidae, Heptagenia)
 - Coléoptères (Dystiscidae, Elmidae, Dryops, *P. maculatus*)
 - Trichoptères (Mystacidae, Hydropsyche, Hydroptila, Limnephilidae, Lype, *P. pusilla*)
 - Autres (Odonates, Sialis, Corixidae)
- ▷ Insectes terrestres ou aériens (Tipulidae, Coléoptères adultes, fourmis)
- ▷ Crustacés :
 - Gammaridae
 - Aselles
 - Ecrevisses
- ▷ Mollusques :

- Gastéropodes (Valvata, Potamopyrgus, P. acuta, Planorbidae , Theodoxus, Ancyclus, Radix)
- Bivalves (Corbicula, Pisidium, Dreissena)
- ▷ Vers (Oligochètes)
- ▷ Poisson
- ▷ Végétaux
- Algues
- Elodées
- ▷ Détritus



Figure 22 - Aperçu du contenu stomacal d'un chevine de l'Île duBeurre.

Les données de contenus stomacaux ainsi obtenues ont été d'abord analysées de manière qualitative puis de manière semi-quantitative.

Analyse qualitative des contenus stomacaux

Pour chaque espèce en chaque site, on calcule les pourcentages d'occurrence de chaque catégorie de proies (% d'individus ayant consommés chaque catégorie de proie). Les résultats sont présentés sur la Figure 23.

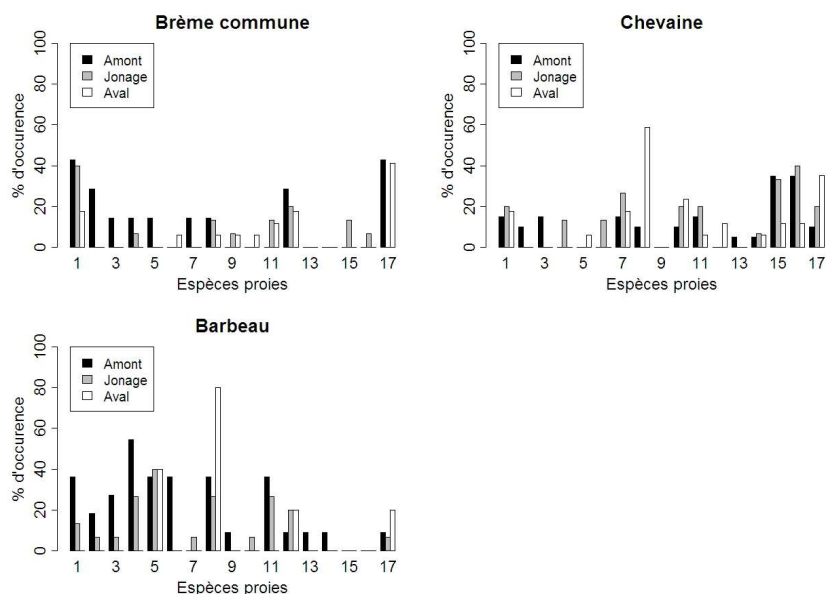


Figure 23 - Pourcentages d'occurrence de chacune des 17 catégories de proies recensées dans les contenus stomacaux pour chaque espèce en chaque site

1-Chironomes ; 2-Diptères autres ; 3-Coléoptères ; 4-Trichoptères ; 5-Ephéméroptères ; 6-Insectes aquatiques autres ; 7-Insectes terrestres ou aériens ; 8-Gammarès ; 9-Aselles ; 10-Ecrevisses ; 11-Gastéropodes ; 12-Bivalves ; 13-Vers (Oligochètes) ; 14-Poissons ; 15-Algues ; 16-Elodées ; 17-Détritus

Quelle que soit l'espèce de poissons, les occurrences de chaque catégorie de proies changent avec le lieu, reflétant ainsi la variabilité spatiale en terme de disponibilité. Les profils d'occurrence divergent également entre les espèces de poissons, reflétant des préférences alimentaires différentes. Pour la brème, on peut noter une préférence générale pour les chironomes, les mollusques et les détritus. Pour le chevaine, le régime alimentaire semble plus varié que pour les autres espèces et on observe une forte variabilité entre site. Ces résultats sont en accord avec le caractère opportuniste de cette espèce. On peut cependant noter une préférence générale pour les chironomes, les végétaux, les insectes terrestres, les écrevisses et les mollusques gastéropodes. Pour le barbeau, le régime alimentaire est beaucoup plus varié en amont (sites MTE et GDL) qu'en aval (site BRE).

Sur la Figure 24 les proies sont regroupées en 7 catégories.

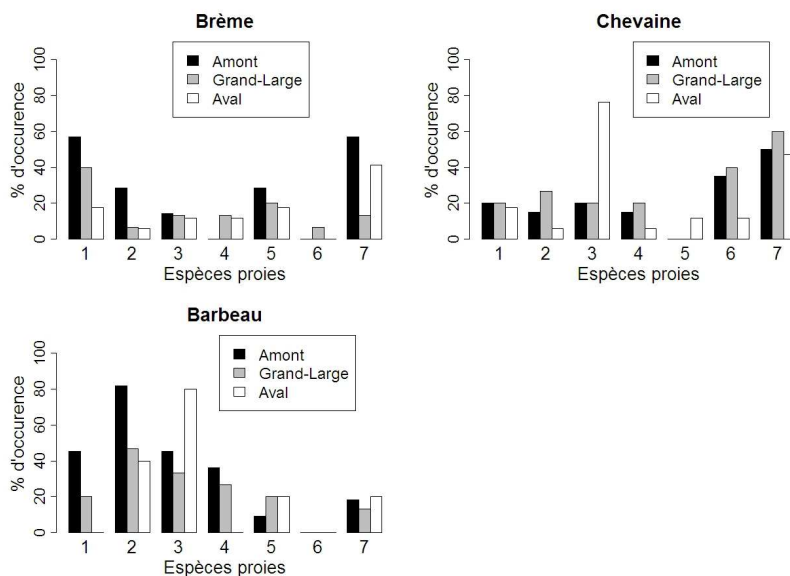


Figure 24 - Pourcentages d'occurrence de chacune des 7 catégories de proies recensées dans les contenus stomacaux pour chaque espèce en chaque site

1-Diptères ; 2-Autres Insectes Aquatiques ; 3-Crustacés ; 4-Gastéropodes ; 5-Bivalves ; 6-Macrophytes ; 7-Autres (algues, annélides...).

Pour une même espèce, on observe une différence de profils entre sites, reflétant l'hétérogénéité spatiale concernant la disponibilité des proies. De plus, on observe des différences de profils entre espèces, ce qui confirme des préférences alimentaires spécifiques.

Nous ne trouvons pas de relation particulière entre la disponibilité de nourriture et le régime alimentaire.

Analyse semi-quantitative des contenus stomacaux

Les données des contenus stomacaux ont ensuite fait l'objet d'une analyse semi-quantitative, d'abord en nombre d'individus, puis en poids. Les résultats présentés regroupent tous les individus pêchés, sans distinction d'âge, de poids, de taille et/ou de sexe. Par ailleurs, les végétaux (algues et élodées) ne sont pas pris en compte.

Pour chaque espèce de poisson en chaque site, nous avons calculé le pourcentage moyen d'individus de chaque catégorie de proies dans le régime alimentaire. Les résultats sont présentés Figure 25 si on considère les 17 catégories de proies, et Figure 26 si on considère seulement 7 grands groupes de proies.

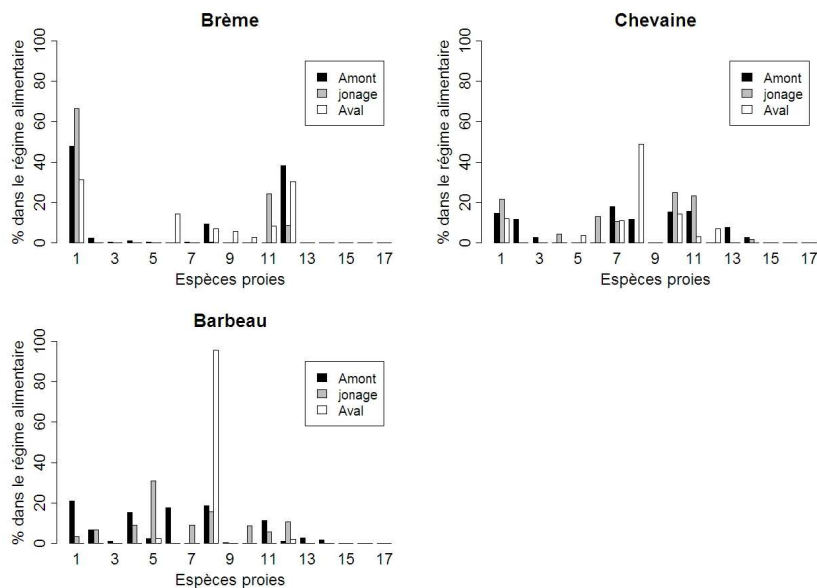


Figure 25 - Pourcentages moyens d'individus de chacune des 17 catégories de proies recensées dans les contenus stomacaux pour chaque espèce en chaque site

1-Chironomes ; 2-Diptères autres ; 3-Coléoptères ; 4-Trichoptères ; 5-Ephéméroptères ; 6-Insectes aquatiques autres ; 7-Insectes terrestres ou aériens ; 8-Gammarès ; 9-Aselles ; 10-Ecrevisses ; 11-Gastéropodes ; 12-Bivalves ; 13-Vers (Oligochètes) ; 14-Poissons ; 15-Algues ; 16-Elodées ; 17-Détritus

Le régime alimentaire varie non seulement entre espèce, mais également entre sites pour une même espèce.

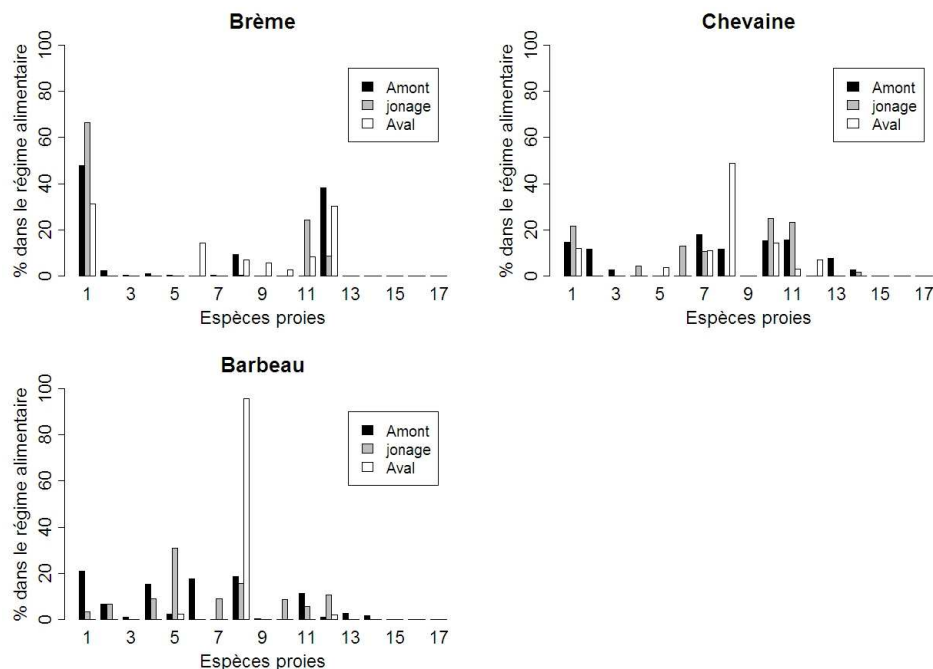


Figure 26 - Pourcentages moyen d'individus de chacune des 7 catégories de proies recensées dans les contenus stomacaux pour chaque espèce en chaque site

1-Diptères ; 2-Autres Insectes Aquatiques ; 3-Crustacés ; 4-Gastéropodes ; 5-Bivalves ; 6-Macrophytes ; 7-Autres (algues, annélides...).

On observe globalement une faible variabilité individuelle, malgré la non différenciation du sexe et de l'âge (taille/poids) des individus. Les préférences alimentaires spécifiques

et locales observées par les occurrences sont confirmées ici par l'analyse quantitative. Le régime alimentaire du chevaïne et du barbeau apparaît plus varié, reflétant le caractère plus opportuniste de ces espèces. Le problème de cette analyse est la négligence des macrophytes alors que quantité non négligeable était présente dans les contenus stomacaux.

Pour l'analyse en poids, les résultats présentés Figure 27 sont ceux en poids frais mais ceux en poids sec sont similaires. Ces résultats ne prennent en compte que les diptères (sur la base des chironomes), les insectes aquatiques autres (éphémères), les Crustacés (gammare), et les mollusques gastéropodes (potamo), les mollusques bivalves (gros = corbicules et petits = *Pisidium*) et les végétaux (Elodées). Sont donc négligés les Autres = insectes terrestres ou aériens (Tipulidae, Coléoptères et fourmis), les vers, les poissons, les algues, et les détritux.

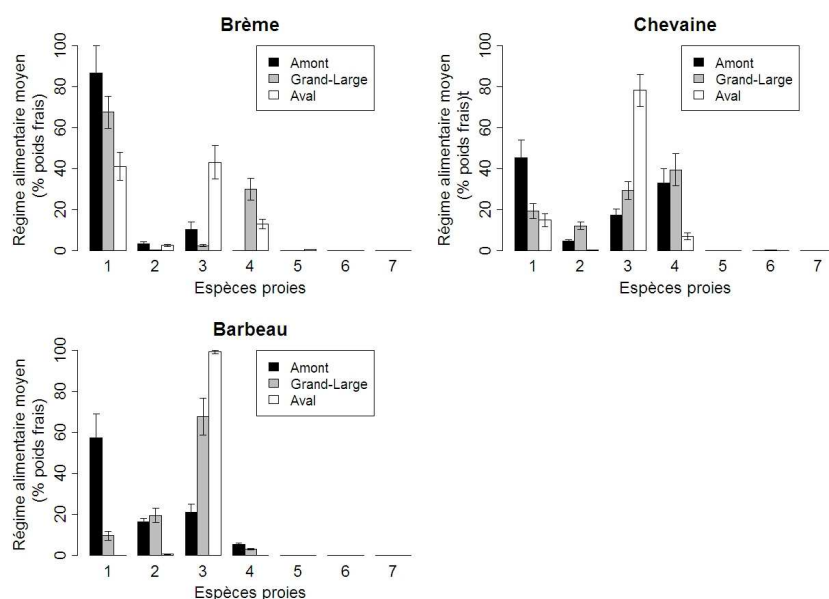


Figure 27 - Pourcentages moyens du poids frais de chacune des 7 catégories de proies recensées dans les contenus stomacaux pour chaque espèce en chaque site

1-Diptères ; 2-Autres Insectes Aquatiques ; 3-Crustacés ; 4-Gastéropodes ; 5-Bivalves ; 6-Macrophytes ; 7-Autres (algues, annélides...).

Les résultats sont qualitativement similaires à ceux obtenus en nombre d'individus excepté pour les bivalves (moins représentés en poids). On observe également relativement très peu de macrophytes, montrant ainsi que les résultats en nombre d'individus ne pas si biaisés en terme de représentativité de cette catégorie dans le régime alimentaire moyen.

Par ailleurs, le groupe « Autres » est négligé ici faute de pouvoir prendre un poids de référence pour cette catégorie variée, bien que les vers majoritaires dans cette classe sont relativement présents dans l'analyse en nombre d'individus (Figure 25), notamment chez le chevaïne.

Par conséquent, les résultats en nombre d'individus semblent mieux adapter pour estimer le bol alimentaire que les résultats en poids. La consommation des poissons, quelle que soit la catégorie de proie, ne dépend ni de son poids, ni de sa taille. Par ailleurs, on ne distingue pas de différence de profils alimentaires entre mâles et femelles, quelque soit les espèces et les sites.

4.2.3 Lien entre inventaires faunistiques et contenus stomacaux

L'inventaire faunistique montre une faune plus diversifiée au Grand-Large mais :

- Pas d'occurrences plus fortes (excepté peut-être pour le chevaine, opportuniste)
- Pas moins de variabilité individuelle
- Pas de profil alimentaire différent

Il n'apparaît donc pas de lien entre la diversité des proies (et donc leur plus forte disponibilité) et le régime alimentaire des 4 espèces : les poissons ont assez de choix de proies en chaque site pour manger ce qu'ils préfèrent.

4.2.4 Analyse des données isotopiques et lien avec la contamination

Généralités

Les atomes constitutifs des êtres vivants proviennent des atomes de leur nourriture : il existe par conséquent une relation entre la composition isotopique de la nourriture et celle du consommateur. Lors de l'incorporation de ces éléments dans les tissus, il se produit un enrichissement en isotopes lourds par rapport à la nourriture (= enrichissement trophique), qui est compensé par l'excrétion préférentielle des isotopes légers.

Les études montrent un enrichissement moyen en $\delta^{13}\text{C}$ de ~ 1 ‰ et en $\delta^{15}\text{N}$ de $\sim 3,4$ ‰ $\pm 1,1$ ‰ à chaque niveau trophique. Les rapports isotopiques stables du carbone ($^{13}\text{C}/^{12}\text{C}$, $\delta^{13}\text{C}$) et de l'azote ($^{15}\text{N}/^{14}\text{N}$, $\delta^{15}\text{N}$) reflètent donc la composition isotopique alimentaire [65]. Cependant, selon Post [66], l'enrichissement de 3,4 ‰ pour l'azote est une approximation valide quand elle est utilisée comme une moyenne, pour plusieurs niveaux trophiques. Pour un transfert trophique simple, cette valeur varie entre ~ 2 ‰ et 5 ‰.

$\delta^{15}\text{N}$ permet de suivre uniquement le devenir des protéines (contrairement au $\delta^{13}\text{C}$) de la proie au prédateur, puisqu'il s'agit des seuls constituants biochimiques comportant de l'azote.

Il y a un débat quant à l'utilisation du carbone pour estimer la position trophique. Il est généralement admis que le fractionnement de $\delta^{13}\text{C}$ par niveau trophique est proche de 0. Le ratio des isotopes stables d'azote peut donc être utilisé pour estimer la position trophique, car le $\delta^{15}\text{N}$ d'un consommateur est enrichi de 3-4 ‰ par rapport à sa diète. Par contre, le ratio des isotopes du carbone change peu quand le carbone bouge dans la chaîne alimentaire. Ce rapport peut typiquement être utilisé pour évaluer la dernière source de carbone d'un organisme, quand la signature isotopique des sources est différente.

A l'échelle d'un organisme dans un écosystème, l'analyse isotopique fournit une estimation de l'origine (benthique, pélagique, terrestre) du carbone qui parvient jusqu'à cet organisme et de la distance de cet organisme aux bases du réseau trophique. Cette estimation est intégrée dans le temps et dans l'espace. L'analyse des isotopes stables donne une image de la nourriture non pas ingérée mais réellement assimilée. L'analyse isotopique informe sur les flux de matière (C et N) mais ses capacités sont limitées en ce qui concerne l'étude du régime alimentaire et la reconstitution des réseaux trophiques. Elle ne fournit pas, à elle seule, des informations relative aux relations prédateurs-proies.

Estimation de la position trophique

La position trophique (TP) d'un individu peut être déterminée à partir de sa signature isotopique et de celle de(s) référence(s) utilisée(s) (appelées lignes de base). Pour 2 lignes de base, TP se calcule comme suit [66] :

$$TP = \lambda + \frac{\delta^{15}N_p - (\alpha \delta^{15}N_{b1} + (1-\alpha)\delta^{15}N_{b2})}{\Delta N} \text{ avec } \alpha = \frac{\delta^{13}C_p - \delta^{13}C_{b2}}{\delta^{13}C_{b1} - \delta^{13}C_{b2}}$$

Équation 6

où λ est la position des lignes de base (1 pour producteur primaire, 2 pour consommateur primaire), $\delta^{15}N_p$ et $\delta^{13}C_p$ sont les valeurs en $\delta^{15}N$ et $\delta^{13}C$ de l'individu considéré, α est la contribution de la première ligne de base à la signature isotopique de l'individu, $\delta^{15}N_{b1}$ et $\delta^{13}C_{b1}$ sont les valeurs en $\delta^{15}N$ et $\delta^{13}C$ de la 1^{ère} ligne de base et ΔN est l'enrichissement moyen en azote par niveau trophique.

Nous avons choisi les 2 espèces de bivalves échantillonnées comme lignes de base isotopiques. Elles ont été choisies car elles ont des positions trophiques connues dans le réseau (consommateurs primaires, $\lambda=2$) et sont caractéristiques de 2 sources distinctes de carbone (avec des signatures en $\delta^{13}C$ différentes) : les grosses corbicules se nourrissent profondément dans le sédiment et sont donc caractéristiques d'une source de carbone détritique alors que les pisidium se nourrissent à la surface du sédiment et caractériseraient une source de carbone plus autochtone.

Jusqu'à aujourd'hui, le calcul de TP s'est fait de manière déterministe selon l'Équation 6, en utilisant 3.4 ‰ comme valeur de ΔN [66]. Nous avons utilisé une méthode basée sur l'inférence bayésienne pour calculer TP à partir de l'Équation 6, de manière à considérer la variabilité des données en $\delta^{15}N$ et $\delta^{13}C$ et l'incertitude sur les paramètres. L'inférence bayésienne est une technique d'estimation des paramètres qui combine des connaissances a priori sur les paramètres et les données de manière à obtenir une bonne estimation de ces paramètres. Ainsi, on n'obtient pas une estimation ponctuelle des paramètres mais une distribution de probabilité a posteriori pour chaque paramètre et une distribution jointe des paramètres (permettant de contrôler une potentielle corrélation entre les paramètres). La variabilité des données de $\delta^{15}N$ et $\delta^{13}C$ a été prise en compte en considérant que ces variables suivent une loi normale de moyenne la valeur mesurée et d'écart-type σ_N et σ_C estimés par le modèle. L'incertitude sur les paramètres a été prise en compte en définissant des distributions a priori : 1) ΔN suit une loi normale de moyenne 3.4 ‰ et d'écart-type 1.1 ‰ [66] ; 2) TP suit une loi uniforme entre 2 et 5.

L'inférence bayésienne est appliquée via des MCMCs (Monte-Carlo Markov Chains), qui produisent des simulations de valeurs plausibles des paramètres en accord avec les données. Nous les avons implémentées dans le logiciel Winbugs [67]. Pour chaque espèce en chaque site, nous avons réalisé 6000 itérations (après une phase d'adaptation de 10000 itérations). Trois MCMCs indépendantes ont été réalisées, conduisant à 18000 itérations pour chaque jeu de paramètres. On obtient ainsi pour chaque paramètre une distribution de probabilité marginale basée sur ces 18000 itérations (Figure 28).

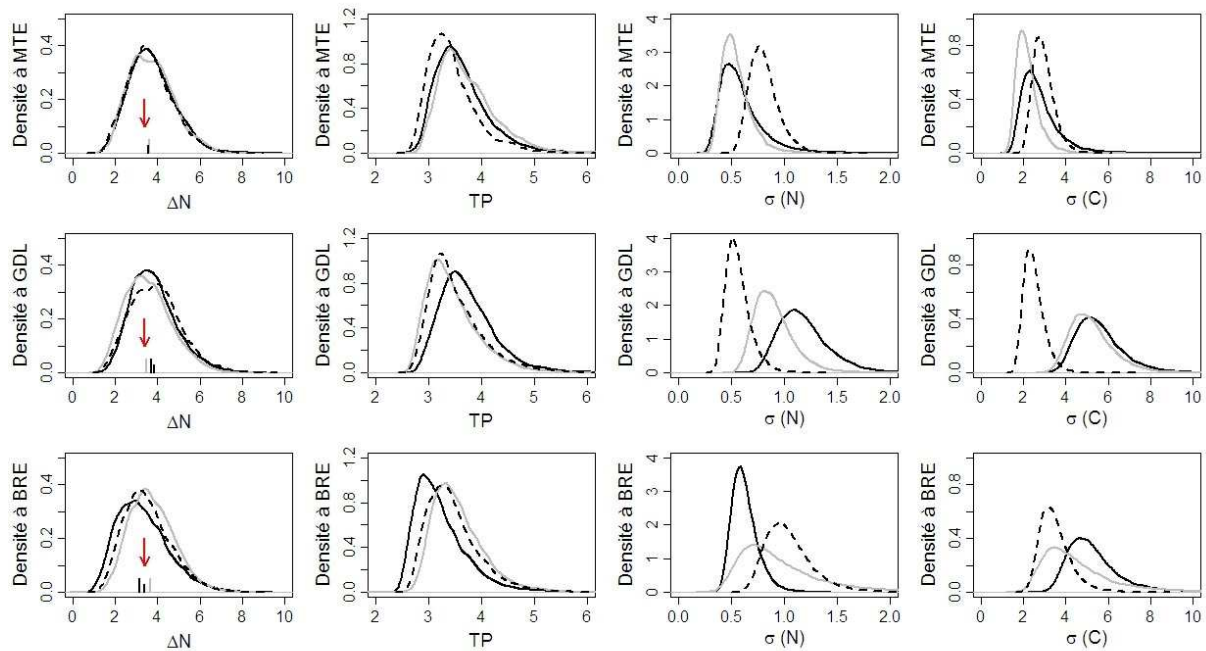


Figure 28 - Distribution a posteriori obtenue pour chaque paramètre de l'Équation 6

Figure établie à partir des jeux de données à La Morte (haut), au Grand-Large (milieu) et à l'Ile du Beurre (bas) pour la brème (noir), le barbeau (gris) et le chevaîne (pointillés).

Pour ΔN , les résultats obtenus montrent une bonne estimation des paramètres (distributions *a posteriori* relativement étroites), montrant ainsi que les jeux de données étaient suffisamment informatifs pour obtenir une bonne estimation de chaque paramètre.

La variabilité sur les données de $\delta^{15}\text{N}$ ($\sigma(N)$) apparaît plus faible que la variabilité en $\delta^{13}\text{C}$. Le chevaîne présente la plus forte variabilité en $\delta^{15}\text{N}$ à La Morte et à l'Ile du Beurre, alors que c'est la brème au Grand-Large. Concernant la variabilité autour des données en $\delta^{13}\text{C}$, le chevaîne a la plus faible variabilité au Grand-Large et à l'Ile du Beurre alors que c'est le barbeau à La Morte. Pour toutes les espèces (quel que soit le site), la valeur la plus plausible de ΔN (enrichissement moyen en azote par niveau trophique) est plus forte que la valeur moyenne de 3.4 ‰ habituellement utilisée, excepté pour la brème à l'Ile du Beurre. Finalement, les positions trophiques estimées à partir de chaque jeu de données (chaque espèce en chaque site) montrent plus ou moins des niveaux trophiques similaires entre sites et entre espèces. A La Morte, le chevaîne a le plus bas niveau trophique alors que c'est le barbeau au Grand-Large et la brème à l'Ile du Beurre.

Les valeurs moyennes de ΔN obtenues pour chaque espèce en chaque site ont été utilisées pour calculer la position trophique de chaque individu. Les données isotopiques peuvent alors être représentées dans un « dual graphe », qui représente la variation en position trophique en fonction des données en $\delta^{13}\text{C}$ (Figure 29). Les lignes de base isotopiques utilisées en consommateurs primaires (TP=2) ont des signatures en carbone très différentes et caractéristiques : les grosses corbicules présentent un $\delta^{13}\text{C}$ très faible (aux alentours de -30), caractéristique d'un carbone d'origine détritique, alors que les pisidium ont un $\delta^{13}\text{C}$ plus grand (aux alentours de -20), caractéristique d'un carbone d'origine plutôt autochtone. Cette représentation reporte les différences entre individus et entre espèces non seulement des niveaux trophiques (selon l'axe des ordonnées) mais aussi selon l'exploitation de la source de carbone (selon l'axe des abscisses) : plus les individus sont décalés vers la gauche du graphique, plus ils exploitent du carbone d'origine détritique.

A la Morte, aucune différence en $\delta^{13}\text{C}$ n'est observée entre espèces alors que TP est différente (ANOVA, $p=0.0005$), le barbeau ayant une TP supérieure au chevaîne (test

post-hoc de Tuckey, $p=0.0004$), confirmant ce qui a été observé plus haut dans l'estimation de TP par inférence bayésienne (Figure 28). Au Grand-Large et l'Île du Beurre, une différence entre espèce est observée pour $\delta^{13}\text{C}$ (Kruskall-Wallis, $p<0.0001$ et $p=0.022$ respectivement) et pour TP (Kruskall-Wallis, $p=0.0017$ et $p=0.0016$ respectivement). Aucun gradient de contamination ne peut être observé suivant TP, par contre on peut observer un gradient au Grand-Large selon $\delta^{13}\text{C}$, avec des individus d'autant plus contaminés qu'ils ont des signatures en carbone plus faibles.

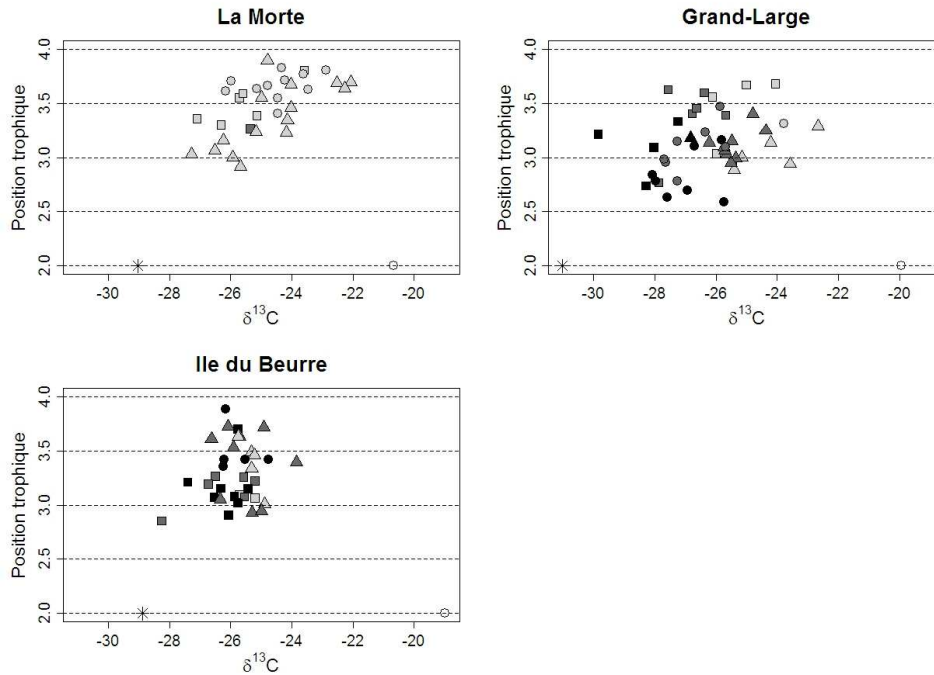


Figure 29 - Dual graphe de la position trophique en fonction de la signature isotopique en carbone sur chaque site, pour chaque espèce

Avec la brème (■), le barbeau (●) et le chevaîne (▲). Les lignes de base isotopiques utilisées en consommateurs primaires sont représentées en position 2 : grosses corbicules (*) et *pisidium* (O). Le gradient de couleur pour chaque individu représente son niveau de contamination (sur la somme des 7 PCB_i) : en gris clair les individus en dessous du seuil sanitaire ($<153 \text{ ng.g}^{-1} \text{ PF}$), en gris modéré les individus « moyennement » contaminés (entre 153 et $500 \text{ ng.g}^{-1} \text{ PF}$) et en noir les individus très contaminés ($>500 \text{ ng.g}^{-1} \text{ PF}$).

Stable isotope mixing models

De manière à affiner l'étude des réseaux trophiques de chaque espèce et d'étudier la contribution de chaque source de carbone (détritique et autochtone) à la signature isotopique de chaque espèce ou de chaque individu, nous avons utilisé des modèles de mélange. Ces modèles sont basés sur la décomposition de la signature isotopique en carbone et en azote en fonction des 2 sources possibles identifiées, ici corbicules et *pisidium* (Équation 7).

$$\begin{cases} \delta^{15}\text{N}_E = F_1 * \delta^{15}\text{N}_1 + F_2 * \delta^{15}\text{N}_2 + \varepsilon_N \\ \delta^{13}\text{C}_E = F_1 * \delta^{13}\text{C}_1 + F_2 * \delta^{13}\text{C}_2 + \varepsilon_C \\ F_1 + F_2 = 1 \end{cases}$$

Équation 7

où $\delta^{15}\text{N}_E$ et $\delta^{13}\text{C}_E$ sont les valeurs observées en $\delta^{15}\text{N}$ et $\delta^{13}\text{C}$ pour l'individu ou l'espèce considérés ; $\delta^{15}\text{N}_1$, $\delta^{15}\text{N}_2$, $\delta^{13}\text{C}_1$ et $\delta^{13}\text{C}_2$ sont les valeurs en $\delta^{15}\text{N}$ et $\delta^{13}\text{C}$ des 2 sources

utilisées ; F_1 et F_2 sont les contributions relatives de chaque source ; et ε_N et ε_C sont les erreurs résiduelles décrivant la variance entre les observations.

L'estimation des paramètres F_1 , F_2 , ε_N et ε_C s'est faite par inférence bayésienne grâce au package SIAR du logiciel R (Stable isotope Analysis in R), développé par Parnell [68] (<http://cran.r-project.org/web/packages/siar/index.html>). L'avantage de l'inférence bayésienne est de prendre en compte les sources d'incertitude sur les paramètres et la variabilité spatiale et temporelle sur les données isotopiques. On obtient ainsi une distribution de probabilité des contributions respectives de chaque source de carbone.

SIAR a d'abord été appliqué au niveau spécifique de manière à étudier la variabilité inter-spécifique d'exploitation de l'habitat. Les résultats montrent seulement 2 patterns de distributions différents parmi les 9 jeux de données testés (3 espèces sur 3 sites) (Figure 30). Le premier profil (Figure 30A), obtenu pour la brème et le barbeau à La Morte et à l'Île du Beurre, montre une exploitation similaire des 2 sources de carbone (et donc des 2 types d'habitats qu'elles représentent). Le second profil (Figure 30B), obtenu pour le chevaine sur les 3 sites et les 3 espèces au Grand-Large, montre une exploitation préférentielle du carbone d'origine autochtone. Ces résultats sont en accord avec le caractère opportuniste du chevaine, qui a donc tendance à manger les proies plus facilement accessibles que celles enfouies dans le sédiment. Pour ce qui est de la brème et du barbeau, les résultats obtenus au Grand-Large sont à mettre en parallèle avec les résultats de l'inventaire faunistique montrant une très forte disponibilité des proies sur ce site, ne contraignant donc pas ces espèces à « fouiller » le sédiment pour se nourrir.

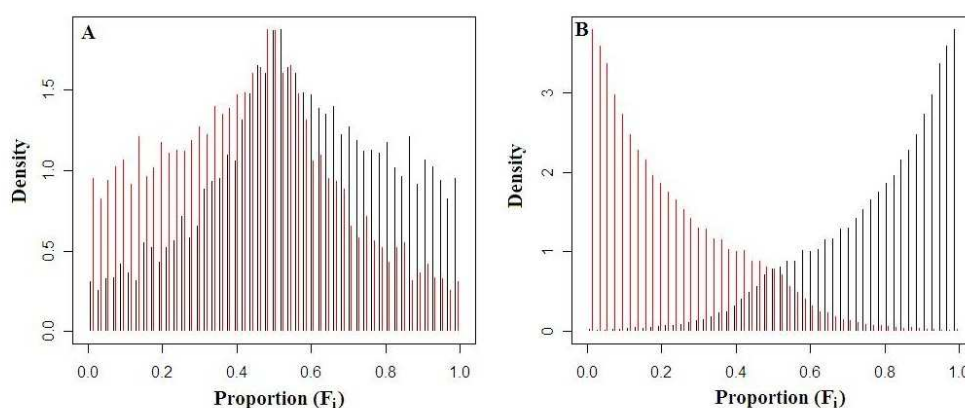


Figure 30 - Distributions de probabilité de la proportion de carbone d'origine détritique (en rouge) et autochtone (en noir) dans le profil isotopique de chaque espèce obtenues par les modèles de mélange

(A) Profil obtenu pour la brème et le barbeau à La morte (amont) et l'Île du Beurre (aval). (B) Profil obtenu pour le chevaine sur les 3 sites et pour les 3 espèces au Grand-Large.

Les modèles de mélange ont également été utilisés au niveau individuel de manière à étudier la variabilité intra-spécifique d'exploitation de l'habitat et à faire le lien avec les niveaux de contamination individuels observés. Les résultats montrent (Figure 31) que la concentration en PCB_i augmente avec l'exploitation du carbone d'origine détritique, surtout au Grand-Large. Ces résultats confirment que le compartiment sédimentaire joue un rôle important dans la contamination des poissons.

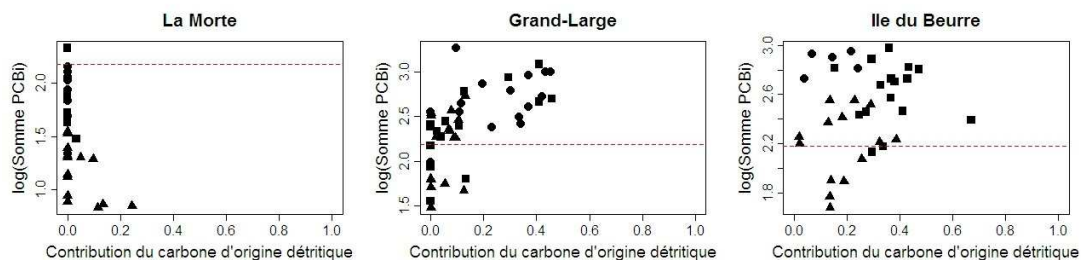


Figure 31 - Relation entre la proportion de carbone détritique exploité par chaque individu et son niveau de contamination

Concentrations exprimées en log à base 10 pour la brème (■), le barbeau (●) et le chevaine (▲).

4.2.5 Modèle statistique

L'un des objectifs du projet est d'étudier les facteurs de contrôle susceptibles d'expliquer tant la variabilité inter- que intra-spécifique de contamination. Pour cela, un modèle de régression log-linéaire et un modèle linéaire généralisé ont été développés (Équation 8 et Équation 9), visant à décrire respectivement la concentration en PCB dans les poissons (ΣPCB_i , abrégé PCB_p) et la probabilité p de dépasser le seuil sanitaire en fonction de toutes les variables explicatives disponibles :

- la taille (L en cm, corrélée au poids et à l'âge),
- la position trophique (TP),
- le pourcentage de matière grasse (MG),
- le sexe (S),
- le pourcentage de carbone détritique exploité (dC)
- et le site. L'effet site est représenté par la concentration maximale en PCB à laquelle les poissons ont été exposés durant leur vie (ΣPCB_i , abrégé PCB_{sed} en $ng.g^{-1}$ poids sec).

En amont de cette analyse, il a été vérifié que toutes ces variables ne sont pas corrélées entre elles.

$$\log_{10}(PCB_p) = \beta_0 + \beta_1 * L + \beta_2 * TP + \beta_3 * MG + \beta_4 * S + \beta_5 * dC + \beta_6 * \log_{10}(PCB_{sed}) + \varepsilon$$

Équation 8

$$\text{logit}(p) = \alpha_0 + \alpha_1 * L + \alpha_2 * TP + \alpha_3 * MG + \alpha_4 * S + \alpha_5 * dC + \alpha_6 * \log_{10}(PCB_{sed}) + \varepsilon$$

Équation 9

où ε correspond à l'erreur résiduelle des observations.

Une régression pas à pas descendante a été réalisée : à partir des modèles complets comportant toutes les variables explicatives (Équation 8 et Équation 9), l'effet de chaque variable est testé et la variable ayant l'effet non significatif le moins important est supprimée, jusqu'à obtenir seulement les variables ayant un effet significatif sur le niveau de contamination et la probabilité de dépasser le seuil réglementaire de consommation. Le critère d'information de Akaike (AIC) [69] a également été utilisé pour sélectionner les meilleurs modèles, à savoir les modèles expliquant le plus de variabilité avec le minimum de variables explicatives. De manière à garder un aspect « généralisé » de nos résultats, ces 2 modèles ont été testés toutes espèces et tous sites confondus.

Le « meilleur » modèle log-linéaire a été obtenu avec seulement 3 variables explicatives qui expliquent à elles seules 78% de la variabilité de contamination des poissons : la

taille (cm), le pourcentage de carbone détritique exploité et la concentration maximale dans les sédiments à laquelle les individus ont été exposés durant leur vie ($\text{ng}\cdot\text{g}^{-1}$ poids sec) :

$$\log_{10}(PCB_p) = -0.569(\pm 0.167) + 0.036(\pm 0.003) * L - 0.779(\pm 0.188) * dC + 0.591(\pm 0.065) * \log_{10}(PCB_{sed})$$

Équation 10

Les prédictions obtenues avec ce modèle statistique et la comparaison avec les observations sont représentées sur la Figure 32. Cette représentation permet de vérifier que le modèle est suffisamment calibré au jeu de données et de voir comment il peut être utilisé en évaluation du risque. En effet, les points dans le quadrant en haut à gauche reflètent une surestimation du niveau de contamination car le modèle prédit des concentrations au-dessus du seuil sanitaire alors qu'on les observe en-dessous. Par contre, dans une perspective d'évaluation du risque, le cas le plus problématique est pour les individus en bas à droite de la figure, car dans cette zone le risque est sous-estimé (on prédit le niveau de contamination en dessous du seuil alors qu'il est observé au-dessus). Cependant, seulement 3 individus (sur 113) sont concernés, et pour 2 d'entre eux, le seuil sanitaire est compris dans l'intervalle d'incertitude lié à la mesure.

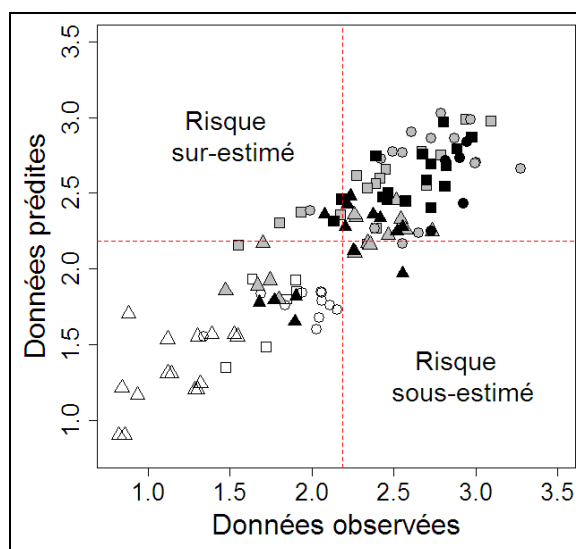


Figure 32 - Relation entre les concentrations en PCB prédites par le modèle log-linéaire (Équation 10) et les observations

Concentrations transformées en log (à base 10) pour la brème (■), le barbeau (●) et le chevaie (▲) à La Morte (blanc), au Grand-Large (gris) et à l'Ile du Beurre (noir). La ligne pointillée rouge représente le seuil sanitaire pour la consommation des poissons.

Pour ce qui est du modèle linéaire généralisé, ces mêmes 3 variables expliquent 70% de la variabilité observée sur la probabilité de dépasser le seuil sanitaire. Le « meilleur » modèle est présenté par l'Équation 11.

$$\text{logit}(p) = -20.8(\pm 4.65) + 0.253(\pm 0.067) * L - 6.80(\pm 3.21) * dC + 5.01(\pm 1.28) * \log_{10}(PCB_{sed})$$

Équation 11

Le modèle log-linéaire obtenu (Équation 10) peut être utilisé dans l'autre sens (Équation 12) pour dériver une concentration maximale en PCB_i dans les sédiments compatible avec le seuil réglementaire de consommation des poissons.

$$\log_{10}(PCB_p) = -0.569 + 0.036 * L + 0.779 * dC + 0.591 * \log_{10}(PCB_{sed})$$

⇕

$$\log_{10}(PCB_{sed}) = \frac{\log_{10}(PCB_p) + 0.569 - 0.036 * L - 0.779 * dC}{0.591}$$

Équation 12

Si on fixe PCB_p à la valeur de 153 ng.g⁻¹ poids frais, qui équivaut au seuil réglementaire de 8 pg TEQ.g⁻¹ [70], la concentration dans les sédiments à ne pas dépasser est calculée comme suit :

$$\log_{10}(PCB_{sed}) = \frac{\log_{10}(153) + 0.569 - 0.036 * L - 0.779 * dC}{0.591}$$

Équation 13

Cette valeur a été calculée pour chaque individu de chaque espèce (tous sites confondus). Les résultats sont présentés sur la Figure 33 et le Tableau 10, toutes espèces confondues (Figure 33A) et par espèce (Figure 33B). On observe une grande variabilité de concentration « tolérée » par les individus (en terme de consommation), notamment pour le chevaine, qui est faiblement contaminé et donc qui « tire » ce seuil sédiment vers les hautes valeurs.

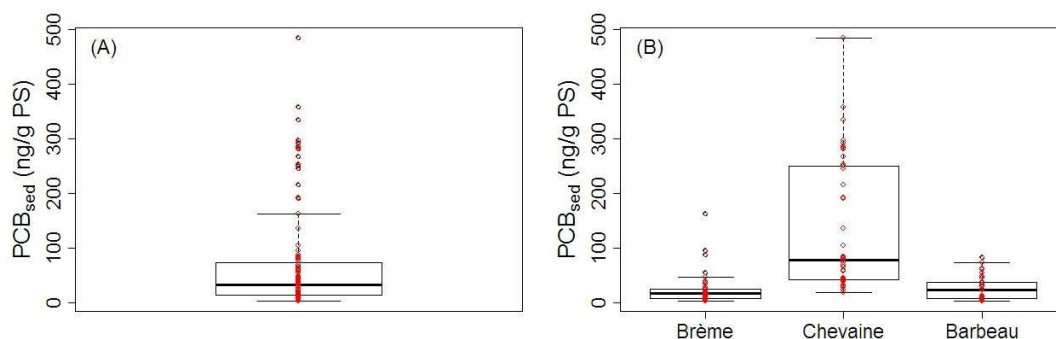


Figure 33 - Distribution du seuil sédiment rétro-calculé à partir du modèle log-linéaire (Équation 13)

	Moyenne	Médiane	1 ^{er} quartile	10 ^{ème} centile
Toutes espèces confondues (n=113)	67.7	31.7	12.7	5.9
Brème (n=39)	24.7	16.3	7.6	4.7
Chevaine (n=43)	137	78.1	42.6	29.8
Barbeau (n=31)	25.6	22.5	7.1	4.3

Tableau 10 - Distribution du seuil sédiment rétro-calculé à partir du modèle log-linéaire (Équation 13)

En d'autres termes, 75% des poissons sont prédits être conformes au seuil réglementaire si la concentration en PCB (exprimée en ΣPCBi) n'excède pas 12.7 ng.g⁻¹ (ps). Pour atteindre 90% des poissons conformes il faut que cette concentration soit inférieure ou égale à 5.9 ng.g⁻¹ (ps).

4.2.6 Tendances temporelles de la contamination des poissons

La compréhension des facteurs de contrôle de la contamination des poissons résumée par le modèle statistique permet d'envisager d'élucider la question des tendances temporelles de la contamination, qui n'a pu être déterminée à partir des mesures directes, pour diverses raisons : changement des protocoles d'échantillonnage, évolution des méthodes d'analyse, espèces analysées, rendant impossible la comparaison des mesures réalisées dans les années 1980 – 1990 avec la période récente [7].

Une conséquence directe de la modélisation ci-dessus est que la tendance générale de la contamination pour ces trois espèces est essentiellement déterminée par la tendance dans les sédiments. Le Tableau 11 résume les concentrations maximales dans les sédiments des trois sites d'études pour trois périodes successives de 14 années. Cette durée de 14 ans correspond à l'âge maximum estimé chez les poissons que nous avons étudiés, représentatifs de la contamination la plus forte²⁴ puisque la taille est liée à l'âge.

Périodes	La Morte	Grand Large	Ile du Beurre
1970-1984	78	98	170
1985-1999	19	160	281
1995-2009	9.4	149	63
actuelle	3.5	12.7	55

Tableau 11 – Concentrations maximum dans les sédiments en fonction du temps

Dans la mesure où les poissons de la Morte sont conformes au seuil réglementaire, à l'exception d'une brème, et où la décroissance des concentrations dans les sédiments de ce secteur a commencé dans la décennie 1970, la question des tendances est plus sensible pour les sites du Grand Large et de l'île du Beurre.

La diminution de la concentration en PCB ($\sum PCB_i$) est également amorcée au Grand Large (

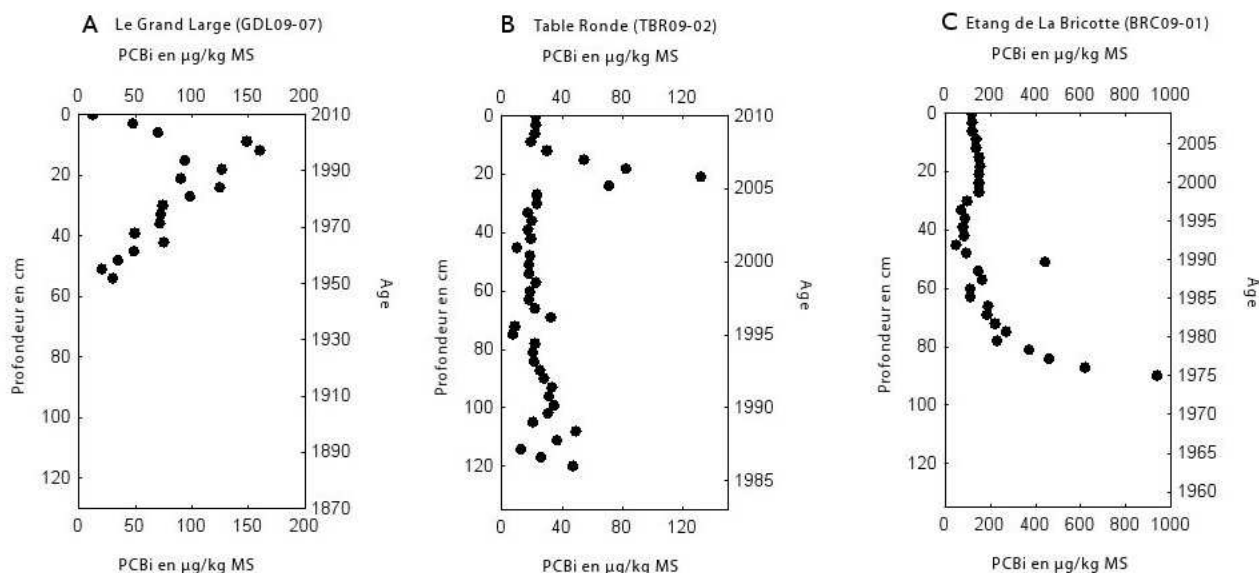


Figure 5) : entre le maximum des concentrations, daté de 1997, et la période actuelle, la décroissance suit approximativement une fonction exponentielle

$$\sum PCB_i(t) = \sum PCB_i(t_0) \cdot e^{-\lambda t} \quad (R^2=0.74, p=0.06)$$

Équation 14

²⁴ à la variabilité des sources de C près.

La puissance est faible, ce qui n'est pas très surprenant puisqu'on ne dispose que de 5 points de mesure sur lesquels bâtir cette régression.

On a $\lambda=0.229$, le temps nécessaire pour diminuer la concentration de 50% ($1/2$ vie) calculé selon l'Équation 15 correspond à 3 ans.

$$t_{1/2} = \frac{\ln 2}{\lambda}$$

Équation 15

La concentration actuelle en surface étant de 12.7 ng.g^{-1} (ps), il faudra entre 3 et 5 ans pour atteindre 6 ng.g^{-1} (ps), concentration à laquelle le modèle statistique prédit que 90% des poissons des 3 espèces étudiées seront conformes à la réglementation actuelle.

Cependant, les poissons nés entre temps auront été exposés à des concentrations intermédiaires, donc en fait il n'y aura pas immédiatement 90% des poissons conformes lorsque la concentration dans le sédiment de surface atteindra 5.9 ng.g^{-1} (ps)²⁵. Il faudrait donc combiner la tendance dans les sédiments (Équation 14) avec le modèle statistique (Équation 10) pour déterminer le temps théoriquement nécessaire pour que tous les poissons du Grand Large respectent le seuil réglementaire

Ce calcul, assez théorique et imprécis dans la mesure où le modèle de décroissance n'est pas très puissant, serait entaché d'une large incertitude : la concentration en surface de la carotte prélevée dans le Grand Large n'est pas représentative de la situation d'ensemble du plan d'eau (cf. § 3.5 p19). Il y a au moins un secteur nettement plus contaminé (Figure 7), et le taux de dépôt dans ce secteur n'est pas déterminé.

A l'île du Beurre, même si les concentrations ont diminué au cours du temps (Figure 4) il n'est pas possible de déterminer une véritable tendance dans les sédiments, d'autant plus que la concentration brute a ré-augmenté ces dernières années.

En conclusion, on peut estimer que le niveau de contamination a baissé de manière continue dans les poissons de la Morte au cours des périodes 1970-84, 1985-99 et 1995-2009. Il a probablement augmenté dans les poissons du Grand Large jusqu'à 1997-98, et serait actuellement en diminution, sans qu'il soit possible avec le modèle statistique de prédire à quel moment les poissons seront tous conformes au seuil réglementaire. Il a diminué dans la période la plus récente à l'île du Beurre par rapport aux périodes précédentes, mais les fluctuations des concentrations, influencées par l'hydrologie sur ce site et les apports du Gier, ne permettent pas de prédire une tendance à moyen terme pour les poissons.

4.2.7 Conclusion sur les voies de contamination et les facteurs de contrôle

Dans cette étude, ni le taux de lipides, ni le sexe, ni la position trophique ne sont déterminants dans la prédiction de la concentration en PCB_i, alors que ces facteurs sont souvent cités pour être des facteurs expliquant les niveaux de contamination des poissons [64]. Le fait de ne pas observer d'effet de la position trophique peut s'expliquer parce que les espèces étudiées ici présentent des positions trophiques voisines ; on ne peut observer au plus qu'un niveau trophique d'écart. On peut raisonnablement supposer que cette amplitude n'est pas assez grande pour pouvoir observer un effet de la position trophique sur les niveaux de contamination. L'intégration d'une espèce carnivore dans cette étude aurait peut-être pu améliorer les conclusions sur cet aspect. L'absence d'effet sexe pourrait s'expliquer par le fait que les poissons ont été pêchés entre août et janvier, alors que la ponte a lieu fin mai. Des études ont montré que les femelles de certaines espèces se « décontaminent » au moment de la ponte par libération de beaucoup de matière grasse, mais qu'elles récupèrent le niveau de contamination des mâles en un temps relativement court (1 mois et demi) [71]. Par conséquent, on peut supposer que l'effet sexe a été limité en effectuant les pêches plus de 3 mois après la ponte.

²⁵ De même qu'il y a plus de 25% de poissons non conformes actuellement dans le Grand Large, cf. Figure 14

Le modèle statistique obtenu a montré une précision satisfaisante lorsqu'utilisé de manière prédictive ; il serait intéressant de vérifier si sa capacité prédictive est aussi bonne sur des données indépendantes (autres espèces, autres sites). Ce modèle ne sera utilisable sur d'autres sites que si les signatures isotopiques (poissons et ligne de base) sont renseignées.

5 MODELE D'ACCUMULATION DANS LES CHAINES TROPHIQUES

Cette partie du rapport constitue le matériau d'un article en préparation pour *Environmental Pollution* ou *Ecotoxicology and Environmental Safety* ou *Environmental Toxicology and Chemistry*.

5.1 Principes généraux

5.1.1 Contamination des poissons

On considère divers processus physiologiques à l'origine de l'absorption et de l'élimination des PCB par les poissons (Figure 34). L'absorption se fait par 2 voies : la voie respiratoire par assimilation de particules dissoutes dans l'eau à travers les branchies ; et la voie trophique par ingestion de proies contaminées. L'élimination se fait par différentes voies, directes ou indirectes : les PCB peuvent être directement éliminés via les branchies, par élimination fécale et par les œufs lors de la reproduction pour les femelles. La concentration en PCB dans un organisme peut également varier en fonction de processus intrinsèques à l'organisme, comme la métabolisation de certains composés ou la croissance, qui va modifier le rapport masse/volume et donc procéder de manière naturelle à une dilution de la concentration.

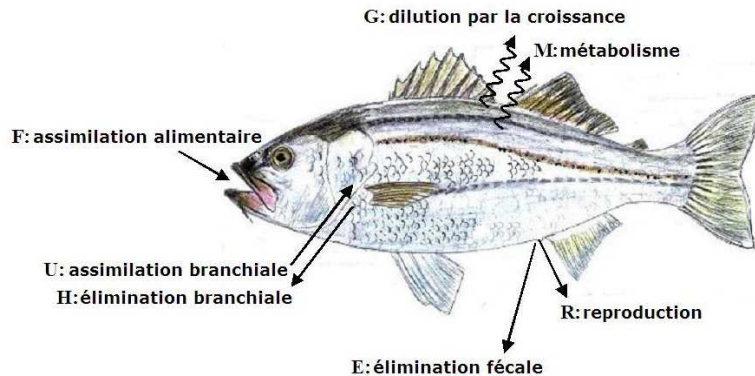


Figure 34 – Voies de contamination des poissons par les PCB

Un modèle de bioaccumulation à base physiologique a ainsi été développé [71-77], prenant en compte ces différentes voies pour décrire la cinétique de contamination d'un poisson par l'équation suivante :

$$\frac{dC(t)}{dt} = \underbrace{U(t) \alpha C_w(t) - H(t) C(t)}_{\text{Voies respiratoire}} + \underbrace{\beta F(t) \sum_j Q_j C_j(t)}_{\text{trophique}} - \underbrace{(E(t) + G(t) + M(t)) C(t)}_{\text{métabolique}} - \underbrace{R(t) C(t)}_{\text{reproductive}}$$

Équation 16

où $C(t)$ est la concentration en PCB au temps t dans un poisson (ng/g poids frais), $U(t)$ est le taux de filtration de l'eau d'un individu au temps t (en L/g/j), α_c est l'efficacité d'assimilation des particules dissoutes (sans dimension), $C_w(t)$ est la concentration en PCB

dans l'eau au temps t (ng/L), $H(t)$ est le taux d'élimination par les branchies au temps t (en j^{-1}), β_c est l'efficacité d'assimilation des particules de PCB ingérées (sans dimension), Q_j est la préférence de l'individu pour la proie j (sans dimension), $F(t)$ est le taux d'ingestion des proies au temps t (en j^{-1}), $C_j(t)$ est la concentration en PCB dans la proie j au temps t , $E(t)$ est le taux d'excrétion au temps t (en j^{-1}), $G(t)$ est le taux de croissance au temps t (en j^{-1}), $M(t)$ est le taux de métabolisation au temps t (en j^{-1}) et $R(t)$ est le taux de reproduction au temps t (en j^{-1}).

L'effet de la reproduction sur la concentration en PCB dans la chair des femelles est avéré. Cependant, cet effet est limité dans la mesure où les femelles retrouvent assez rapidement le niveau de contamination des mâles. Les processus sous-jacents restent assez mal connus. Certains auteurs montrent que pour restaurer leurs réserves énergétiques après la reproduction, les femelles augmentent considérablement leur consommation alimentaire et donc leur niveau de contamination en PCB [71]. D'autres montrent que les différences entre sexes ne sont pas nécessairement dues à un export des PCB au moment de la ponte [78]. Quoiqu'il en soit, nous avons décidé de négliger cette voie comme voie d'élimination dans le modèle.

Ces fonctions sont dépendantes de plusieurs types de paramètres :

- Paramètres physico-chimiques, comme le coefficient de partage octanol-eau (K_{ow}), spécifique de chaque congénère de PCB, les congénères étant d'autant plus hydrophobes qu'ils sont fortement chlorés [79].
- Paramètres environnementaux comme la température de l'eau, qui influence l'activité physiologique des poissons et agit donc sur les différentes fonctions modélisées.
- Paramètres physiologiques des poissons comme la croissance, la fraction lipidique ou le régime alimentaire, caractéristiques de chaque espèce de poisson considérée.

Le modèle présenté ci-dessus (Équation 16) doit donc être adapté à chaque espèce et développé pour un congénère de PCB donné.

5.1.2 Contamination des invertébrés (proies des poissons)

Pour les invertébrés, au cycle de vie beaucoup plus court, on considère un modèle de cinétique à l'équilibre :

$$C_j(t) = k_{u_j}(t) C_w(t) + k_{s_j}(t) C_s(t)$$

Équation 17

où $C_j(t)$ est la concentration en PCB au temps t dans la proie j (ng/g poids frais), $k_{u_j}(t)$ est le taux de filtration de l'eau d'un individu de l'espèce j au temps t (en L/g), $C_w(t)$ est la concentration en PCB dans l'eau au temps t (ng/L), $k_{s_j}(t)$ est le taux de « filtration » du sédiment d'un individu de l'espèce j au temps t (en g/g), $C_s(t)$ est la concentration en PCB dans le sédiment au temps t (ng/g poids sec).

Le principal facteur connu pour influencer les fonctions impliquées dans ce modèle est la température de l'eau.

Ce modèle sur les invertébrés fait le lien entre la contamination du sédiment et la contamination des poissons. Par ailleurs, il implique que le niveau de contamination dans les proies varie au cours du temps et donc que suivant l'âge des poissons, ils n'auront pas été exposés aux mêmes niveaux de contamination. Par conséquent, le modèle de cinétique de contamination des poissons présenté ci-dessus (Équation 16) doit être développé pour un congénère de PCB donné, un site donné, une espèce donnée, mais aussi pour un âge de poisson donné. Les individus pêchés ayant entre 2 et 15 ans, nous avons développé un modèle en classe d'âge de 1 an.

Le modèle général développé s'écrit donc :

$$\frac{dC_{c,i,n,k}(t)}{dt} = U_{i,n,k}(t) \alpha_c C_{w_c}(t) - H_{c,i,n}(t) C_{c,i,n,k}(t) + \beta_c F_{i,n,k}(t) \sum_j Q_{j,i,k} C_{c,j,k}(t) - (E_{c,i,n,k}(t) + G_{i,n}(t) + M_{c,i,n}(t)) C_{c,i,n,k}(t)$$

Équation 18

où c correspond au congénère de PCB modélisé, k le site, i l'espèce et n l'âge de l'individu considéré.

Pour les 3 sites, les 3 espèces et les 13 classes d'âge considérées, cela revient à simuler 117 modèles.

5.1.3 Hypothèses sous-jacentes

Ce modèle est basé sur trois hypothèses clés :

- On suppose que le congénère de PCB considéré est distribué de manière homogène à l'intérieur de l'organisme.
- L'organisme est décrit comme un compartiment unique en interaction avec son environnement. Ce genre de modèle à un compartiment est particulièrement bien adapté pour des situations où les variations de concentrations en PCB dans l'eau et le sédiment sont relativement lentes.
- Les individus sont sédentaires, c'est à dire que l'on suppose que les poissons pêchés sur un site y ont vécu toute leur vie et ont été soumis aux concentrations dans les sédiments quantifiées sur ce site.

5.2 Paramétrages

5.2.1 Choix du congénère

Le travail de modélisation s'est effectué sur le congénère 153, et ce pour plusieurs raisons :

- Les congénères de PCB ayant entre 5 et 7 atomes de chlore sont les plus susceptibles de se bioaccumuler dans les chaînes trophiques [80] : le congénère 153, avec ses 6 atomes de chlore, est donc un bon candidat.
- C'est le congénère prépondérant retrouvé dans les tissus des poissons (Figure 15), confirmant ce qui est observé dans la littérature (cf. par exemple [80]).
- Il est corrélé à la somme des 7 PCB indicateurs (Figure 35, Équation 19), et donne donc une bonne indication sur le niveau de contamination de l'individu par l'ensemble des congénères indicateurs.

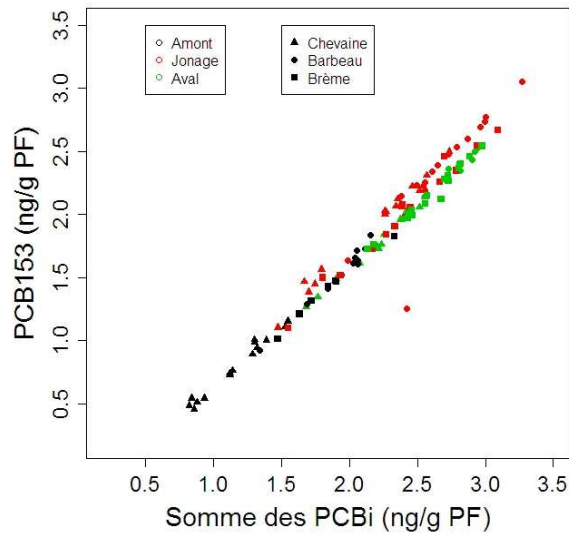


Figure 35 - Relation entre la somme des 7 PCB indicateurs et le congénère 153 (en log à base 10), pour chaque espèce sur chaque site

Tous sites confondus, on a une bonne corrélation ($R^2=0.97$; $p < 2.2 \cdot 10^{-16}$) :

$$\log(\text{PCB153}) = -0.39 (\pm 0.04) + 1.00 (\pm 0.02) * \log\left(\sum_{i=1}^7 \text{PCB}_i\right)$$

Équation 19

En se basant sur cette relation, on peut ramener le seuil sanitaire de consommation à une valeur relative pour le congénère 153 de 63 ng de PCB153 / g de poids frais.

Cependant, on peut noter une variabilité d'accumulation entre site et entre espèce, avec une plus forte accumulation du congénère 153 au Grand-Large par rapport à l'amont ou l'aval et une plus faible proportion du congénère 153 pour la brème.

La valeur de coefficient de partage Octanol-Eau pour le congénère 153 dépend de la méthode de détermination, les valeurs publiées variant de $\log(K_{ow})=6.58$ à $\log(K_{ow})=8.31$ [79]. La moyenne communément utilisée est de 6.92.

Etant donné le faible taux de métabolisation de ce congénère [80-82], nous avons décidé de négliger ce processus dans le modèle général, et donc d'éliminer la fonction $M_{c,i,n}(t)$.

5.2.2 Modélisation des variables dépendantes

Comme mentionné plus haut, les fonctions définies dans le modèle général (Équation 16) dépendent de variables qu'il convient d'estimer au préalable, à savoir la variation de la température de l'eau au cours du temps et la cinétique de croissance de chaque espèce.

Température de l'eau

On dispose des données de température de l'eau au Bugey (entre La Morte et le Grand-Large) sur 20 ans. Le plus vieux poisson pêché ayant 14 ans, nous avons gardé les températures de 1994 à 2008 (Figure 36).

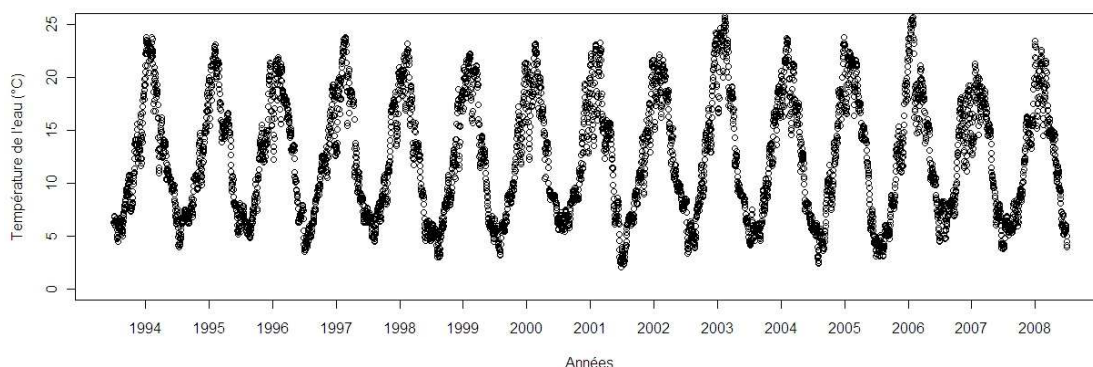


Figure 36 - Température journalière moyenne de l'eau du Rhône de 1994 à 2008 au Bugey.

Etant donné que nous ne disposons pas des données de température de l'eau spécifiquement sur chaque site, et de manière à avoir une idée de la variabilité de température que l'on peut avoir d'une année sur l'autre, on a regroupé toutes les données de 1994 à 2008 sur une année et on a ajusté un modèle « gaussien » décrivant la variation journalière de température de l'eau sur une année (Équation 20)

$$T(t) = d + a * \exp\left(-0.5 * \frac{(t - m)^2}{\sigma^2}\right)$$

Équation 20

où $T(t)$ est la température de l'eau au temps t ($t=0$ correspond au 1^{er} janvier et $t=365$ au 31 décembre), d à la température minimale, a au paramètre de courbure, m au temps pour lequel la température est maximale et σ^2 exprime la variabilité observée.

Ces paramètres ont été estimés par inférence bayésienne, ce qui permet d'obtenir une distribution de probabilités pour l'estimation de chaque paramètre. Les valeurs importantes de ces distributions sont résumées dans le Tableau 12.

Paramètres	moyenne	Écart-type	2.5%	médiane	97.5%
a	15.8	0.085	15.64	15.8	15.97
d	4.745	0.082	4.582	4.745	4.905
m	210.8	0.2748	210.3	210.8	211.3
σ^2	5167	75.02	5022	5166	5315

Tableau 12 - Valeurs des paramètres obtenues pour la cinétique de température

L'ajustement moyen obtenu à partir des valeurs moyennes des paramètres est représenté sur la Figure 37, ainsi que l'intervalle de crédibilité obtenu, à 95% et 99%.

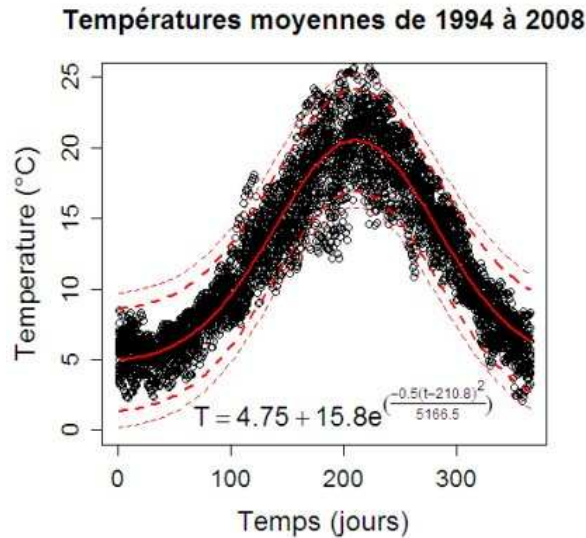


Figure 37 - Ajustement du modèle gaussien aux températures journalières moyennes de l'eau

Ajustement moyen (trait plein rouge), sur 15 ans, aux températures moyennes de l'eau, et intervalles de crédibilité à 95% (pointillés rouges) et 99% (pointillés verts)

Ainsi, la température journalière de l'eau utilisée dans le modèle sera estimée pour chaque jour par tirage aléatoire dans l'intervalle de crédibilité à 95%.

Cinétique de croissance de chaque espèce de poisson

La relation taille/poids pour chaque espèce a été étudiée par régression log-linéaire (Équation 21).

$$\log(W(t)) = a_1 * \log(L(t)) - b_1 \Leftrightarrow W(t) = L(t)^{a_1} * 10^{-b_1} \Leftrightarrow L(t) = \sqrt[a_1]{W(t) * 10^{b_1}}$$

Équation 21

où $W(t)$ et $L(t)$ sont le poids et la taille au temps t .

Les paramètres ont été estimés par inférence bayésienne pour chaque espèce, site par site dans un premier temps. Aucune différence significative n'ayant été observée entre sites, l'ajustement a ensuite été réalisé pour chaque espèce tous sites confondus. Les résultats sont résumés dans le Tableau 13.

espèce	Paramètre	moyenne	Ecart-type	2.5%	médiane	97.5%
Brème	a_1	2.593	0.2995	2.051	2.579	3.2
	b_1	1.192	0.5234	0.2467	1.168	2.254
Barbeau	a_1	4.286	0.3329	3.615	4.285	4.988
	b_1	4.27	0.5865	3.088	4.267	5.509
Chevaine	a_1	3.17	0.1529	2.863	3.169	3.474
	b_1	2.196	0.2557	1.684	2.195	2.705

Tableau 13 - Valeurs des paramètres estimés pour chaque espèce

Les ajustements obtenus avec les valeurs moyennes des paramètres, ainsi que l'intervalle de crédibilité autour des prédictions, sont présentés sur la Figure 38 pour chaque espèce.

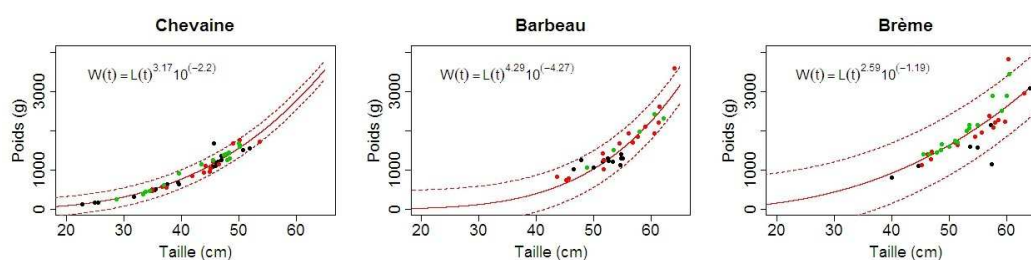


Figure 38 - Ajustement du modèle poids/taille pour chaque espèce et son intervalle de crédibilité à 95%

En noir les poissons de La Morte (Amont), en rouge les poissons du Grand-Large et en vert les poissons de l'île du Beurre (Aval).

Les données de croissance ont été modélisées pour chaque espèce par le modèle de von Bertalanffy (Équation 22).

$$L(t) = L_{\infty} - (L_{\infty} - L_0) \exp(-kt)$$

Équation 22

où L_0 est la taille à la naissance (cm), L_{∞} est la taille asymptotique (cm) et k le coefficient de croissance (j^{-1}). Les valeurs de L_0 ont été fixées selon les informations fournies par H. Persat.

L'estimation des paramètres obtenue est résumée dans le Tableau 14.

Espèce	L_0	L_{∞}	k (j^{-1})	k (an^{-1})
Chevaine	0.13	51.3 ± 2.4	$8.9 \cdot 10^{-4} \pm 1.2 \cdot 10^{-4}$	0.325
Barbeau	0.15	59.8 ± 2.5	$7.1 \cdot 10^{-4} \pm 1.2 \cdot 10^{-4}$	0.259
Brème	0.1	58.0 ± 1.4	$1.2 \cdot 10^{-3} \pm 1.3 \cdot 10^{-4}$	0.438

Tableau 14 - Estimation des paramètres du modèle de von Bertalanffy pour chaque espèce

Les ajustements obtenus avec les valeurs moyennes des paramètres, ainsi que l'intervalle de crédibilité autour des prédictions, sont présentés sur la Figure 39 pour chaque espèce.

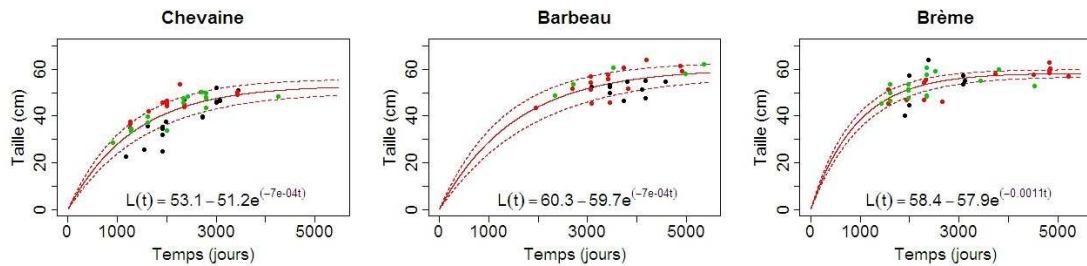


Figure 39 - Ajustement du modèle de croissance de von Bertalanffy pour chaque espèce et son intervalle de crédibilité à 95%.

En noir les poissons de La Morte (Amont), en rouge les poissons du Grand-Large et en vert les poissons de l'île du Beurre (Aval).

Ce modèle de croissance néglige l'effet de la température de l'eau et donc le fait que les poissons ne grandissent pas (ou très peu) en hiver (de novembre à avril) quand les températures deviennent trop basses. On peut prendre en compte l'effet de la température en ramenant le modèle de von Bertalanffy sur 5 mois de croissance par an et non plus 12. Par exemple, un individu de 10 ans aura grandi pendant 50 mois et non plus 120. Le taux de croissance journalier du modèle ramené sur 5 mois de croissance effective peut être approché par $k' = k * 365 / 155$. Ainsi, la dynamique globale reste similaire mais la cohérence avec la biologie des organismes est améliorée (Figure 40).

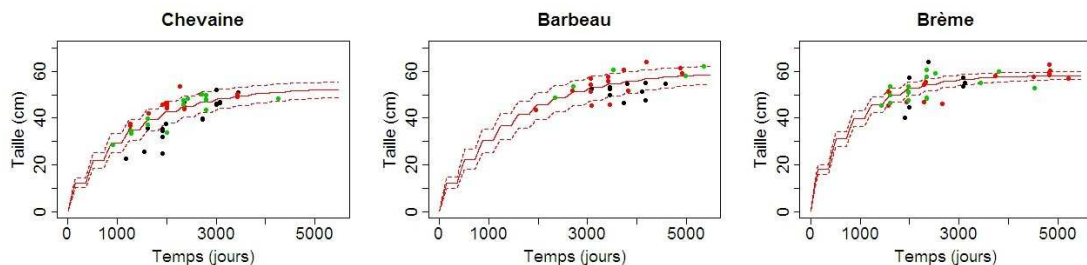


Figure 40 - Ajustement du modèle de croissance de von Bertalanffy en considérant l'effet de la température de l'eau

En pointillé, intervalle de crédibilité à 95%. En noir les poissons de La Morte (Amont), en rouge les poissons du Grand-Large et en vert les poissons de l'île du Beurre (Aval).

Par inversion de la relation entre $L(t)$ et $W(t)$ (Équation 21), on obtient la cinétique de $W(t)$ (Équation 23), représentée sur la Figure 41 pour chaque espèce.

$$W(t) = L(t)^{a_1} * 10^{-b_1} = [L_{\infty} - (L_{\infty} - L_0) \exp(-kt)]^{a_1} * 10^{-b_1}$$

Équation 23

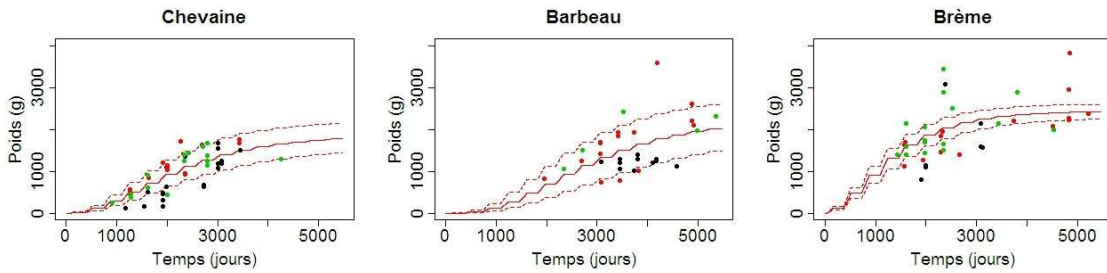


Figure 41 - Cinétique de croissance pondérale pour chaque espèce et son intervalle de crédibilité à 95%

En noir les poissons de La Morte (Amont), en rouge les poissons du Grand-Large et en vert les poissons de l'île du Beurre (Aval).

5.2.3 Modélisation des fonctions relatives à la contamination des poissons

Les différentes fonctions impliquées dans le modèle de cinétique de contamination des poissons (Équation 18) sont détaillées ici selon les différentes voies impliquées.

Voie respiratoire

- $U(t)$: taux de filtration de l'eau (en L/g/j)

Nous avons testé plusieurs fonctions de la littérature et avons choisi la fonction la plus « généraliste » développée par Arnot et Gobas [83] et reprise par Gobas et Arnot [74] :

$$U(t) = \left(1400 * (W(t)/1000)^{0.65} / C_{ox}(t) \right)$$

Équation 24

où $W(t)$ est le poids d'un individu au temps t (en g) (calculé grâce à la relation estimée ci-dessus, Équation 23) et $C_{ox}(t)$ la concentration en oxygène dans l'eau au temps t (en mg O₂/L). A 100% de saturation, la concentration en oxygène dissous varie avec la température de l'eau selon Norstrom et al. [84] :

$$C_{ox}(t) = \left(14.45 - 0.413 * T(t) + 0.00556 * T(t)^2 \right)$$

Équation 25

où $T(t)$ est la température de l'eau au temps t (en °C) (estimée grâce à l'Équation 20). Cette fonction dépend donc de l'espèce et du site considérés.

- α : efficacité d'assimilation des particules dissoutes (sans dimension)

Nous avons utilisé la fonction définie par [76] :

$$\begin{cases} \log(\alpha) = 2.9 - 0.5 \log(K_{ow}) & \text{si } 6.5 \leq \log(K_{ow}) \leq 10 \\ \alpha = 0.8 & \text{sinon} \end{cases}$$

Équation 26

Pour le congénère 153, on obtient une valeur de $\alpha = 0.28 (\pm 0.08)$.

- $H(t)$: taux d'élimination par les branchies de l'espèce i (en j⁻¹)

Nous avons utilisé la fonction définie par [72], qui suppose que l'élimination par les branchies d'un congénère de PCB dépend du taux de filtration de l'eau $U(t)$ et de l'efficacité d'assimilation α définis plus haut (Équation 24 et Équation 26), de la fraction

lipidique de l'organisme et du caractère hydrophobe du congénère considéré (K_{ow}), selon l'équation suivante :

$$H(t) = \frac{\alpha U(t)}{L(t) K_{ow}}$$

Équation 27

où $L(t)$ est la fraction lipidique de l'individu au temps t (en g lipides / g poids frais). La fraction lipidique varie au cours du temps. Elle dépend du poids des organismes et sa cinétique est donc spécifique. L'estimation de la relation entre poids et fraction lipidique est présenté sur la Figure 42 pour chaque espèce.

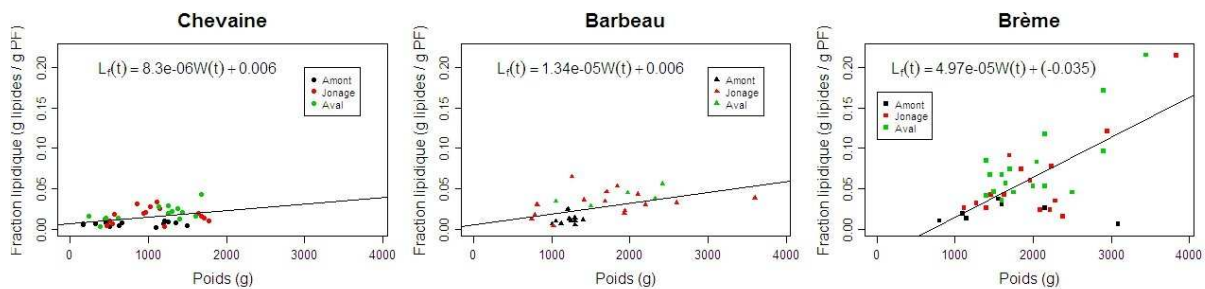


Figure 42 - Variation de la fraction lipidique en fonction du poids des organismes

Voie trophique

- β : efficacité d'assimilation des particules ingérées (sans dimension)

Nous avons utilisé la fonction définie par [83] (Équation 28) :

$$\beta = (3 * 10^{-7} * K_{ow} + 2)^{-1}$$

Équation 28

Ce paramètre dépend donc du congénère considéré. Pour le congénère 153, on obtient $\beta = 0.62 \pm 0.22$.

- $F(t)$: Taux d'ingestion des proies (en j^{-1})

Nous avons testé plusieurs fonctions de la littérature et avons utilisé la fonction définie par [73], à partir de données compilées pour différentes espèces (Équation 29) :

$$F(t) = (0.022 * (W(t))^{0.85} * \exp(0.06 * T(t)))$$

Équation 29

Cette fonction dépend donc de l'espèce ($W(t)$) et du site ($T(t)$) considérés.

- Q : Préférences alimentaires (sans dimension)

Les préférences alimentaires de chaque espèce envers chaque type de proie sur chaque site sont représentées par les contenus stomacaux analysés (Figure 24). Tous les individus échantillonnés sont des adultes, par conséquent nous n'avons aucune idée de la variation de régime alimentaire avec l'âge. Par souci de simplification, nous considérons que le régime alimentaire est fixe et donc indépendant de l'âge.

Voie métabolique

- $E(t)$: taux d'excrétion (en j^{-1})

Nous avons testé plusieurs fonctions de la littérature [85] et avons retenu celle de [72], reprise par [74] supposant que le taux d'excrétion dépend du taux d'ingestion des proies, de la capacité à digérer ces proies (dépendant de la composition de celles-ci) et du coefficient de partition du congénère considéré entre l'organisme et son tube digestif :

$$E(t) = \beta Z(t) K_{GB}$$

Équation 30

où β est l'efficacité d'assimilation des particules ingérées définie plus haut (Équation 28), $Z(t)$ le taux d'excrétion fécale et K_{GB} le coefficient de partition du congénère considéré entre l'organisme et le contenu de son tube digestif. La fonction $Z(t)$ dépend du taux d'ingestion des proies défini plus haut (Équation 29) et de la digestibilité des proies, qui dépend de leur composition selon :

$$Z(t) = ((1 - \varepsilon_L)V_{LD} + (1 - \varepsilon_N)V_{ND} + (1 - \varepsilon_W)V_{WD}) F(t)$$

Équation 31

où $F(t)$ est, le taux d'ingestion des proies (Équation 29) ; ε_L , ε_N et ε_W sont respectivement les efficacités d'absorption des lipides, de la matière organique non lipidique (MONL) et de l'eau des proies, et V_{LD} , V_{ND} et V_{WD} sont respectivement les contenus totaux en lipides, en MONL et en eau des proies ingérées. Chez les poissons, ε_L , ε_N et ε_W sont estimés à 0.9, 0.5 et 0.55 respectivement [74, 86-87]. V_{LD} , V_{ND} et V_{WD} sont calculés en fonction du contenu moyen en lipides et en eau de chaque type de proie échantillonnée dans notre étude et de la proportion de chaque type de proie ingérée par chaque espèce.

Le coefficient K_{GB} exprime le changement des propriétés de partitionnement de phase qui apparaît comme un résultat de la digestion des proies après ingestion. Il est estimé par :

$$K_{GB} = (V_{LG} K_{ow} + V_{NG} \eta K_{ow} + V_{WG}) / ((V_{LB} K_{ow} + V_{NB} \eta K_{ow} + V_{WB}))$$

Équation 32

où η est une constante de proportionnalité exprimant les capacités de sorption des MONL par rapport à l'octanol. Basé sur des travaux antérieurs [86], [74] utilisent une valeur de $\eta = 0.035 \pm 0.004$. V_{LB} , V_{NB} et V_{WB} sont les fractions en lipides, en MONL et en eau de l'organisme et V_{LG} , V_{NG} et V_{WG} sont les contenus en lipides, en MONL et en eau du tube digestif. La somme de ces dernières fractions approche 1 et sont dépendantes de l'efficacité d'absorption de chaque composant du régime alimentaire :

$$\begin{cases} V_{LG} = (1 - \varepsilon_L)V_{LD} / ((1 - \varepsilon_L)V_{LD} + (1 - \varepsilon_N)V_{ND} + (1 - \varepsilon_W)V_{WD}) \\ V_{NG} = (1 - \varepsilon_N)V_{ND} / ((1 - \varepsilon_L)V_{LD} + (1 - \varepsilon_N)V_{ND} + (1 - \varepsilon_W)V_{WD}) \\ V_{WG} = (1 - \varepsilon_W)V_{WD} / ((1 - \varepsilon_L)V_{LD} + (1 - \varepsilon_N)V_{ND} + (1 - \varepsilon_W)V_{WD}) \end{cases}$$

Équation 33

- $G(t)$: taux de croissance (en $g \cdot j^{-1}$)

Le taux de croissance de chaque espèce est calculé à partir des cinétiques pondérales définies sur nos données (Équation 23) selon l'Équation 34 :

$$G(t) = \exp(g(t)) - 1 \text{ avec } g(t) = \ln\left(\frac{W(t+1)}{W(t)}\right)$$

Équation 34

La représentation des taux de croissance obtenus pour chaque espèce est donnée sur la Figure 43. La courbe obtenue est discontinue car on considère que les poissons ne grandissent pas en hiver et donc que $G(t)=0$ pendant cette période (et $\log(G(t))$ n'est pas défini).

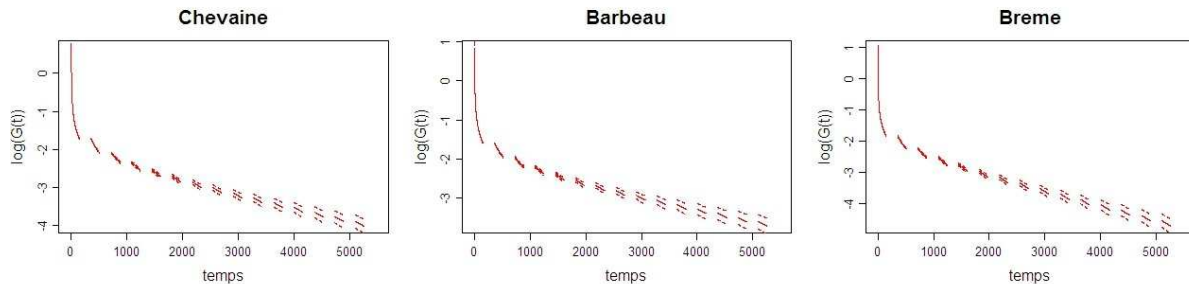


Figure 43 - Variation du taux de croissance de chaque espèce (en log) au cours du temps.

5.2.4 Modélisation des fonctions relatives à la contamination des invertébrés

Les différentes fonctions impliquées dans le modèle de cinétique de contamination des invertébrés (Équation 17) sont détaillées ici.

- $k_u(t)$: taux de filtration de l'eau (en L/g)

Nous nous sommes basés sur des valeurs de $k_u(t)$ mesurées par Landrum *et al.* [88] sur des amphipodes du genre *Diporeia*, à différentes températures et de la relation linéaire qui en découle entre le taux de filtration de l'eau et la température :

$$k_u(t) = 3.54 + 0.166 * T(t)$$

Équation 35

Aucune donnée semblable n'est disponible sur les types de proies considérées ici. Le gammare étant également un amphipode, nous avons considéré que l'approximation réalisée par cette fonction était réaliste. Par mesure de simplification, nous avons utilisés cette même fonction pour les autres types de proies considérées, bien que ce ne soit pas vérifié. Ainsi, nous considérons que l'eau contribue à la même proportion dans la contamination des invertébrés pris en compte. La différence entre espèces se fera donc principalement sur la contamination par le sédiment.

- $k_s(t)$: taux de « filtration » du sédiment (en g/g)

Dans cette même étude, Landrum *et al.* [88] mesurent également la variable k_s sur ces mêmes espèces et obtiennent une fonction dépendant à la température, de la forme :

$$k_s(t) = 0.142 + 0.037 * T(t)$$

Équation 36

Cette relation a été utilisé pour estimer le k_s du gammare.

Pour les autres espèces, nous nous sommes servis de la contribution du carbone d'origine détritique à la signature isotopique de chaque espèce calculée précédemment (Équation 7 p 51) pour ajuster la valeur de k_s (en prenant comme référence la valeur de k_s calculée avec l'Équation 36 ci-dessus qui correspond à la contribution du carbone d'origine détritique pour le gammare).

5.2.5 Variables de forçage

Dans le modèle, il y a 3 variables de forçage : la concentration initiale en PCB dans les poissons, $C(0)$, la concentration dans l'eau, $C_w(t)$ et la concentration dans les sédiments, $C_s(t)$.

Nous considérons que les juvéniles ne naissent pas contaminés, ce qui suppose qu'il n'y a pas de transfert maternel du congénère considéré : $C(0)=0$.

Pour la concentration dans l'eau, nous nous sommes appuyés sur la récente étude d'impact du rejet au Rhône de l'usine TREDI à Saint Vulbas [46], où les auteurs discutent des valeurs mesurées selon différentes sources dans le Haut-Rhône. Les mesures citées dans ce rapport sont systématiquement inférieures à la limite de quantification. Il propose une valeur moyenne de ΣPCBi dans l'eau pour le Haut-Rhône de $C_w(t)=0.2$ ng/L. C'est cette valeur qui a été utilisée dans les simulations.

Pour la concentration dans les sédiments, nous avons utilisé les mesures réalisées dans les carottes de sédiment décrites ci-dessus (§ 3.1 p9). Nous avons utilisé une valeur de concentration par an (constante sur l'année) avec une extrapolation linéaire entre 2 dates de mesure.

5.2.6 Méthode de simulation

Le modèle a été implémenté dans le logiciel R. Le code est disponible en Annexe 4.

Nous avons considéré que tous les individus naissent le même jour fin mai, et avons ainsi calé le démarrage du modèle ($t=0$) sur cette date.

Des tirages aléatoires (1000 itérations) ont été effectués dans l'intervalle de crédibilité de chacune des fonctions impliquées de manière à avoir une estimation de la variabilité moyenne autour des prédictions du modèle.

5.3 Application du modèle de chaîne trophique, simulations

5.3.1 Résultats de simulations

La simulation des 117 modèles donne les cinétiques de contamination des 3 espèces sur les 3 sites pour les différentes classes d'âge. On obtient ainsi la cinétique de contamination d'un individu d'un âge donné, d'une espèce donnée sur un site donné. Un exemple d'une telle cinétique est présenté Figure 44 pour des individus ayant entre 6 et 7 ans au moment de la pêche. On peut voir une grande amplitude saisonnière de variation de la contamination, liée à l'effet de la température, avec des concentrations très fortes en été. De telles variations sont souvent mentionnées dans la littérature [75] mais leur réalisme n'est pas vérifié.

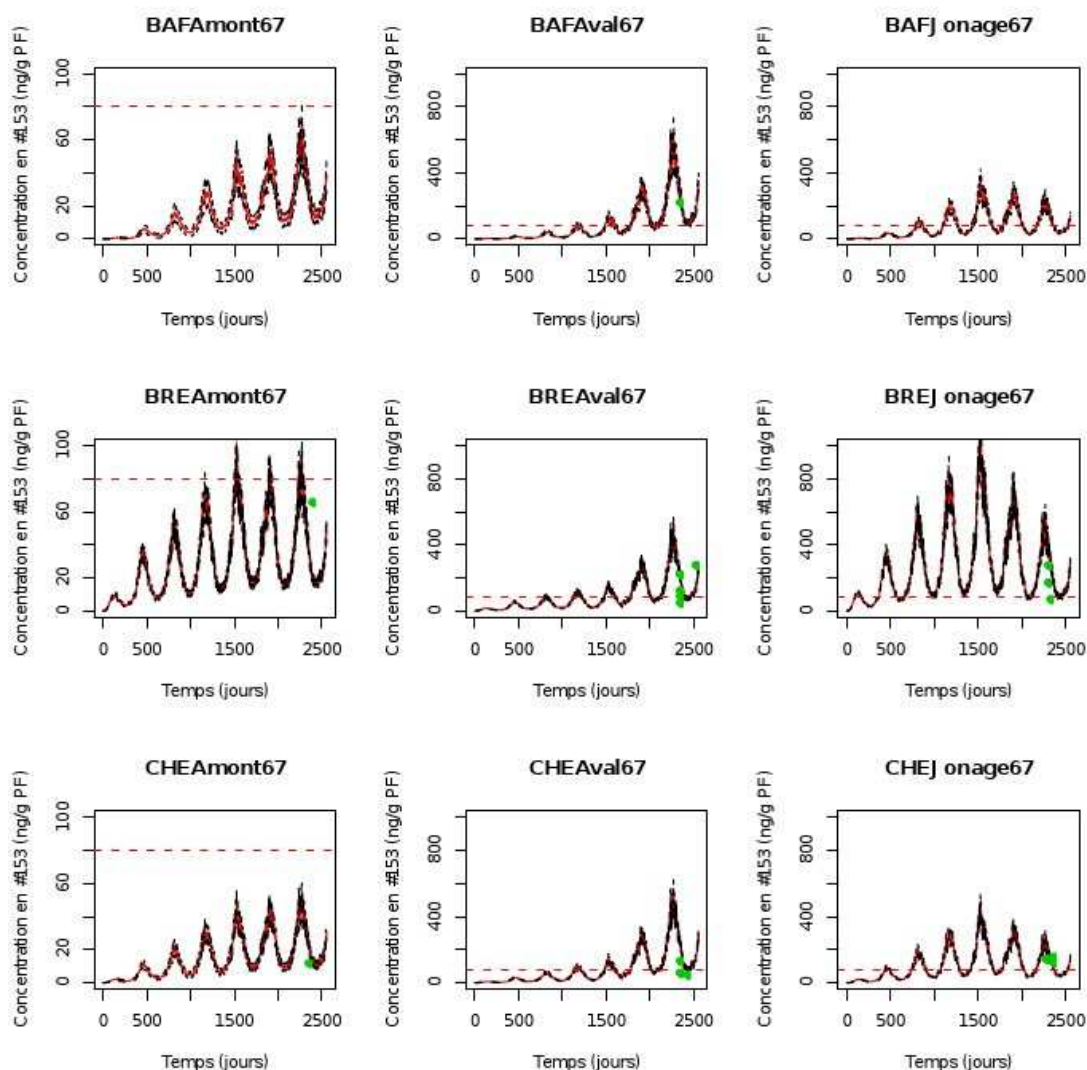


Figure 44 - Cinétiques moyennes de contamination et leurs intervalles de crédibilité pour des individus ayant 6-7 ans en 2008

Cinétiques prédites : rouge ; intervalles de crédibilité : noir. Barbeau en haut, brème au milieu, et chevaine en bas sur les 3 sites, la Morte à gauche, l'île du Beurre au milieu et le Grand-Large à droite. La ligne pointillée rouge correspond au seuil sanitaire de consommation des poissons et les points verts aux observations.

De manière à vérifier la pertinence des prédictions du modèle, la Figure 45 montre pour chaque individu la concentration mesurée et la concentration prédite par le modèle, décomposée selon la contribution de chaque voie de contamination, la voie trophique étant elle-même décomposée en fonction des proies.

Les prédictions sont relativement bonnes, excepté peut être pour le chevaine pour lequel le modèle surestime fréquemment les niveaux de contamination. Ceci peut s'expliquer par le fait que cette espèce est très opportuniste, alors que nous considérons ici un régime alimentaire fixe.

On peut voir que l'eau ne contribue qu'à une proportion limitée des niveaux de contamination prédits, confirmant des études antérieures sur la prédominance de la contamination des poissons par les PCB essentiellement par voie trophique [76, 89].

Par ailleurs, ce modèle n'a pas été développé dans un but descriptif, c'est-à-dire qu'on ne cherche pas forcément à affiner les prédictions de manière à ce qu'elles s'ajustent parfaitement aux observations. On veut utiliser les prédictions dans une perspective d'évaluation du risque, et voir dans quelle mesure les prédictions et les observations sont

concordantes dans cette optique. On cherche donc en priorité à limiter les cas où le modèle prédit une concentration en dessous du seuil sanitaire de consommation alors que la concentration observée est au-dessus (faux négatif). A contrario, un faux positif correspondrait à un échantillon prédit comme dépassant le seuil alors que dans la réalité il ne dépasse pas. Cette situation, qui intervient notamment pour le chevaine, est moins pénalisante dans la mesure où elle ne surestime pas le risque pour le prédateur. Dans cette perspective, le modèle développé ici est particulièrement efficace dans la mesure où un seul individu sur 113 est un faux négatif, *i.e* la brème à l'amont qui dépasse le seuil sanitaire.

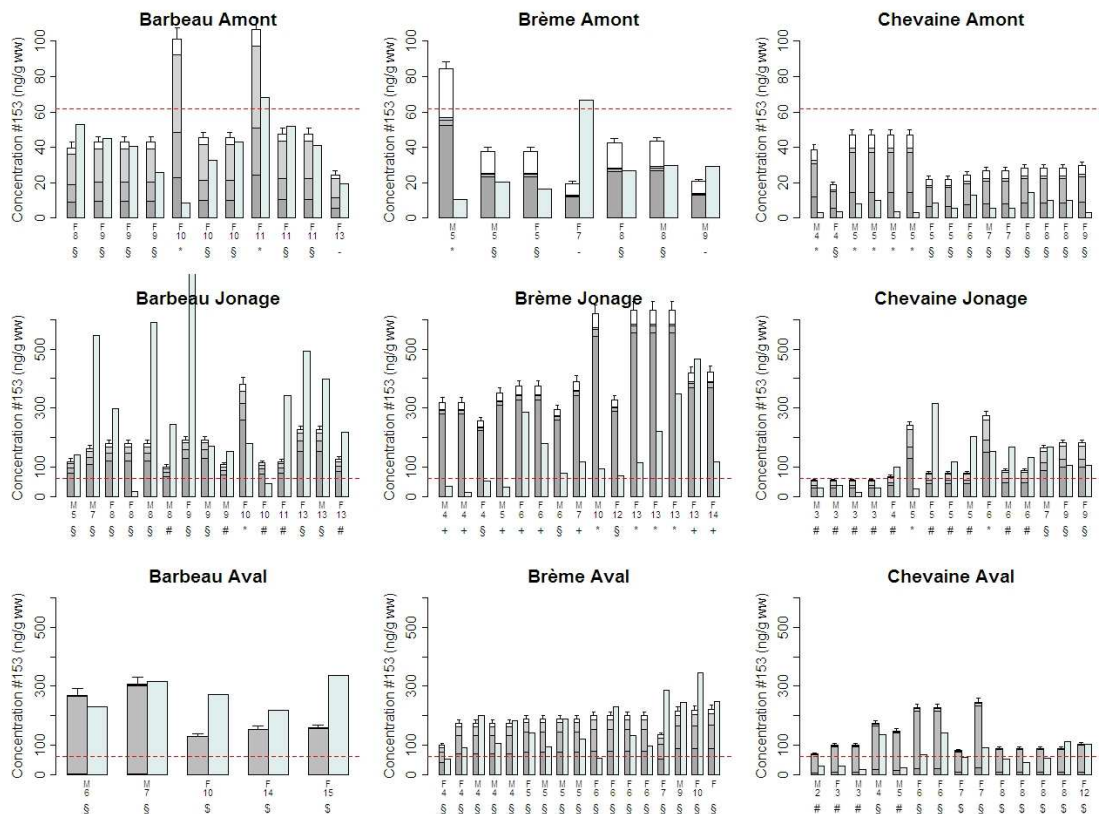


Figure 45 - Comparaison des concentrations mesurées et prédites

Les concentrations prédites (en bleu clair) sont présentées en décomposant la contribution des différentes sources de contamination : ■ Eau ; ■ Chironomes ; ■ Gammare ; ■ Ephémères ; □ Corbicules) pour chaque individu de chaque espèce en chaque site. Pour chaque individu est reporté en dessous le sexe (M pour mâle et F pour femelle), l'âge et la date de pêche (* Août 2008 ; + Septembre 2008 ; § Octobre 2008 ; # Novembre 2008 ; - Décembre 2008 et \$ Janvier 2009). La ligne pointillée rouge représente la valeur du seuil sanitaire de consommation des poissons ramenée au congénère 153.

5.3.2 Analyse de sensibilité

Afin de déterminer quels paramètres (ou fonctions) influencent le plus les prédictions du modèle, une analyse de sensibilité a été effectuée, en faisant varier chaque paramètre et fonction impliqués dans l'équation de cinétique (Équation 18) de $\pm 10\%$ ainsi que le $\log K_{ow}$ et la concentration dans les sédiments. L'influence des variables dépendantes (température de l'eau et cinétique pondérale) n'a pas été testée puisque c'est clairement leur variabilité qui apparaît dans l'intervalle de crédibilité obtenu autour des prédictions (Figure 44).

L'analyse de sensibilité a été réalisée sur 2 critères de sortie du modèle : le nombre de faux négatifs (nombre d'individus dont la prédiction autorise la consommation alors que l'observation non) et la somme des carrés des écarts entre prédictions et observations :

$$\sum_{i=1}^{113} (C_{pred} - C_{obs})^2$$

Ainsi, on a testé en quoi une variation de $\pm 10\%$ des paramètres ou fonctions modifie les 2 indices définis à partir de ces 2 critères :

$$I_1 = FN_{moy} - FN_{modif}$$

Équation 37

où FN_{moy} est le nombre de faux négatifs de référence, soit 1 (obtenu avec la moyenne des paramètres, cf. Figure 45) et FN_{modif} est le nombre de faux négatifs obtenu après modification du paramètre.

$$I_2 = 100 * \left(\frac{\sum_{i=1}^{113} (C_{modif_i} - C_{obs_i})^2}{\sum_{i=1}^{113} (C_{moy_i} - C_{obs_i})^2} - 1 \right)$$

Équation 38

où C_{obs_i} correspond à la concentration observée pour l'individu i , C_{moy_i} à la concentration moyenne prédite pour l'individu i et C_{modif_i} à la concentration prédite pour l'individu i après variation du paramètre. Ainsi, une valeur négative de I_2 signifie une diminution de I_2 % de la somme des carrés des écarts et donc un meilleur ajustement global.

La variation de ces 2 indices permet donc de tester la robustesse du modèle tant en terme d'évaluation de risque (I_1), qu'en terme de qualité d'ajustement (I_2).

Pour le premier indice (I_1), il apparaît qu'aucun paramètre n'influence le nombre de faux négatifs, I_1 restant égal à 0. Par conséquent, le modèle apparaît très robuste en terme d'évaluation de risque.

Pour ce qui est du second indicateur, les résultats sont présentés sur la Figure 46. On peut voir que certains paramètres n'ont pas (ou très peu) d'influence sur les prédictions : le taux de filtration de l'eau ($U(t)$), l'efficacité d'assimilation des particules dissoutes (α), la concentration dans l'eau (C_w), les préférences alimentaires envers les éphémères (Q3) et les corbicules (Q4) les concentrations dans ces mêmes invertébrés (C_{eph} et C_{corb}), le taux de croissance ($G(t)$) et l'élimination par les branchies ($H(t)$). Par contre, les autres paramètres peuvent modifier les prédictions jusqu'à plus de 8%. On peut observer une meilleure prédiction (jusqu'à 5%) pour une diminution du taux d'alimentation ($F(t)$), de l'efficacité d'assimilation des particules ingérées (β), des préférences alimentaires envers les chironomes et les gammars (Q1 et Q2), des concentrations dans ces mêmes espèces (C_{chiro} et C_{gam}) et de la concentration dans les sédiments (C_{sed}) et une augmentation du taux d'excrétion ($E(t)$). Pour finir, on peut observer qu'une diminution de 10% du $\log(K_{ow})$ a très peu d'effet sur la qualité des prédictions alors qu'une augmentation de 10% diminue de plus de 2% la qualité des prédictions.

Cette analyse de sensibilité pointe donc les paramètres (et donc les processus sous-jacents) importants dans le modèle de bioaccumulation développé dans ce projet, et qui influent le plus la robustesse des prédictions.

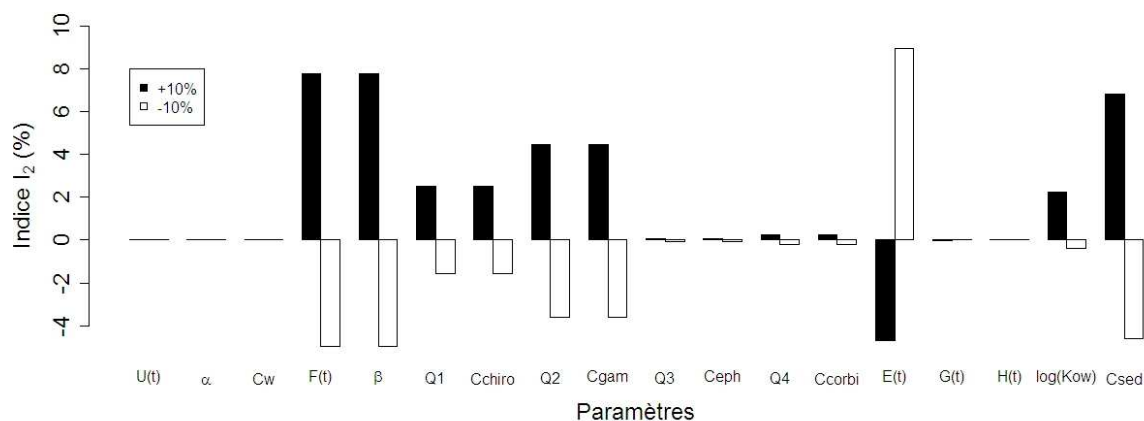


Figure 46 - variation de l'indice I2 (Équation 38) pour une modification de ± 10% de la valeur des paramètres impliqués

Les paramètres les plus sensibles sont les paramètres décrivant l'alimentation des poissons (taux d'ingestion des proies au cours du temps $F(t)$, efficacité d'assimilation β , préférences alimentaires Q_i , concentrations dans les proies, ici chironomes $Cchiro$ et gammares $Cgam$), ainsi que le taux d'élimination, et le niveau de contamination des sédiments. La sensibilité au $\log K_{OW}$ est moindre que celle des paramètres précédents.

5.3.3 Utilisation prédictive : définition de seuils de concentration dans le sédiment compatible avec la réglementation

Un tel modèle de bioaccumulation peut être utilisé dans un but prédictif pour estimer une valeur maximale dans les sédiments à ne pas dépasser de manière à ce que la concentration de chaque individu de chaque espèce n'excède jamais le seuil sanitaire de consommation. Cette valeur a été estimée pas à pas, pour chaque individu de chaque espèce en chaque site en utilisant le modèle général avec une concentration constante de #153 dans les sédiments au cours du temps. Cette concentration de #153 dans les sédiments est convertie en ΣPCB à l'aide de l'Équation 3. Les résultats obtenus sont résumés dans le Tableau 15.

#153	Barbeau	Brème	Chevaine
La Morte	1	2	2.5
Grand Large	1.5	1	1.8
Ile du Beurre	1	5.3	2
ΣPCB_i	Barbeau	Brème	Chevaine
La Morte	2.6	5.2	6.6
Grand Large	3.9	2.6	4.7
Ile du Beurre	2.6	14	5.2

Tableau 15 - Concentration dans les sédiments (en $ng \cdot g^{-1}$ poids sec) à ne pas dépasser

On retrouve dans ce tableau les conclusions de l'analyse de sensibilité (5.3.2), qui souligne la plus grande influence des paramètres décrivant le comportement trophique sur la contamination. C'est ainsi que s'explique les différences entre ces trois espèces

pour un même site, mais aussi les différences entre sites pour une même espèce. En particulier le seuil relativement plus élevé pour la brème à l'île du Beurre se justifie par la consommation plus importante de gammarels à ce site. De même, le seuil pour le barbeau est plus élevé au Grand Large parce que les ressources trophiques y sont plus diversifiées.

Le barbeau étant l'espèce la plus sensible à la contamination, le ou les seuils à préconiser pour les sédiments devraient être ceux qui s'appliquent à cette espèce : soit un seuil unique, $\Sigma\text{PCBi} = 2.6 \text{ ng.g}^{-1}$ (ps), qui protège toutes les espèces sur les 3 sites, soit un seuil par site variant entre 2.6 à 3.9 ng.g^{-1} ps.

Ces variations sont faibles, et ne justifient sans doute pas que des seuils différents soient éventuellement préconisés ; en tout état de cause, 3 éléments peuvent induire des variations : (a) les paramètres décrivant le comportement trophique, tel que discuté dans l'analyse de sensibilité, (b) la cinétique de croissance, qui dans cette étude a du être calée globalement sur l'ensemble des sites, faute d'un nombre suffisant de données, et (c) la température de l'eau, qui là aussi a été considérée identique sur les trois sites à chaque pas de temps. Pour peu que ces éléments varient d'un site à l'autre, on peut donc escompter des différences sur le seuil résultant dans les sédiments.

Le ou les seuils obtenus de cette façon sont légèrement plus bas que celui obtenu à l'aide du modèle statistique (cf. 4.2.5), sans être très différent : cela s'explique essentiellement par la contrainte plus forte appliquée dans le cas de la détermination du seuil sédiment avec le modèle à base physiologique, puisqu'on a posé que tous les individus devaient constamment respecter le seuil de consommation (8 pg TEQ.g^{-1}), alors que le seuil obtenu à l'aide du modèle statistique protège « seulement » 90% des poissons des 3 espèces, et que la contrainte temporelle n'est pas aussi forte puisque ce modèle est établi sur la base de concentrations mesurées à un moment donné.

5.3.4 Discussion et perspectives - modèles et concentration seuil dans les sédiments

La modélisation statistique fait apparaître trois variables significatives, à savoir la taille des poissons, la proportion de carbone détritique (origine sédimentaire) dans leur alimentation et la concentration maximale dans le sédiment à laquelle ils ont été exposés. Dans le cas de la modélisation de la bioaccumulation sur une base physiologique, ce sont les paramètres décrivant l'alimentation des poissons et le niveau de contamination qui sont les plus sensibles, avec le taux d'excrétion. Il y a donc une assez bonne convergence entre les deux approches, ce qui tient en partie au fait que certaines variables – celles pour lesquelles ce projet a apporté des données originales et spécifiques du Rhône amont – sont communes.

Les deux approches de modélisation convergent également en ce qui concerne le seuil de concentration dans le sédiment, au-delà duquel les poissons pourraient dépasser le seuil réglementaire. La modélisation de la bioaccumulation sur une base physiologique aboutit à des seuils plus bas parce que la contrainte imposée pour ce calcul est plus forte : les poissons ne doivent pas dépasser le seuil réglementaire durant toute la période modélisée, alors que dans le modèle statistique cette contrainte ne concerne qu'un point dans le temps (on ne se préoccupe pas de savoir si le poisson a dépassé le seuil réglementaire transitoirement avant le moment où il est analysé).

Le modèle de bioaccumulation sur une base physiologique prédit de fortes variations annuelles, même pour le congénère #153 dont l'élimination est faible d'après la littérature ; c'est là une incertitude importante, qui ne pourrait être levée que par une approche expérimentale au long cours.

D'autres sources d'incertitude, dont l'importance est plus difficile à estimer, tiennent à ce que certaines sources de nourriture ont été ignorées, telles que les végétaux ou les oligochètes, ou à la variabilité du comportement alimentaire des poissons avec l'âge, qui n'a pas été intégrée dans le modèle.

Cependant, l'objectif poursuivi visait moins l'exactitude des prédictions du modèle, qui supposerait effectivement de résoudre ces incertitudes, que la robustesse dans une perspective d'évaluation du risque de dépassement du seuil réglementaire. Dans cette perspective justement, le modèle s'avère assez satisfaisant, très peu sensible en particulier au coefficient de partage octanol-eau (K_{ow}). Aucun paramètre n'influence le nombre de faux négatifs (I_1 , Équation 37).

Ainsi, il nous paraîtrait utile de tester ce modèle dans d'autres situations (sites, espèces de poissons). L'amélioration du modèle concernant la fonction $E(t)$ (élimination) serait aussi utile dans la perspective d'utiliser ce modèle pour des substances moins récalcitrantes à la métabolisation et l'élimination que le congénère PCB#153.

6 SYNTHÈSE ET CONCLUSIONS

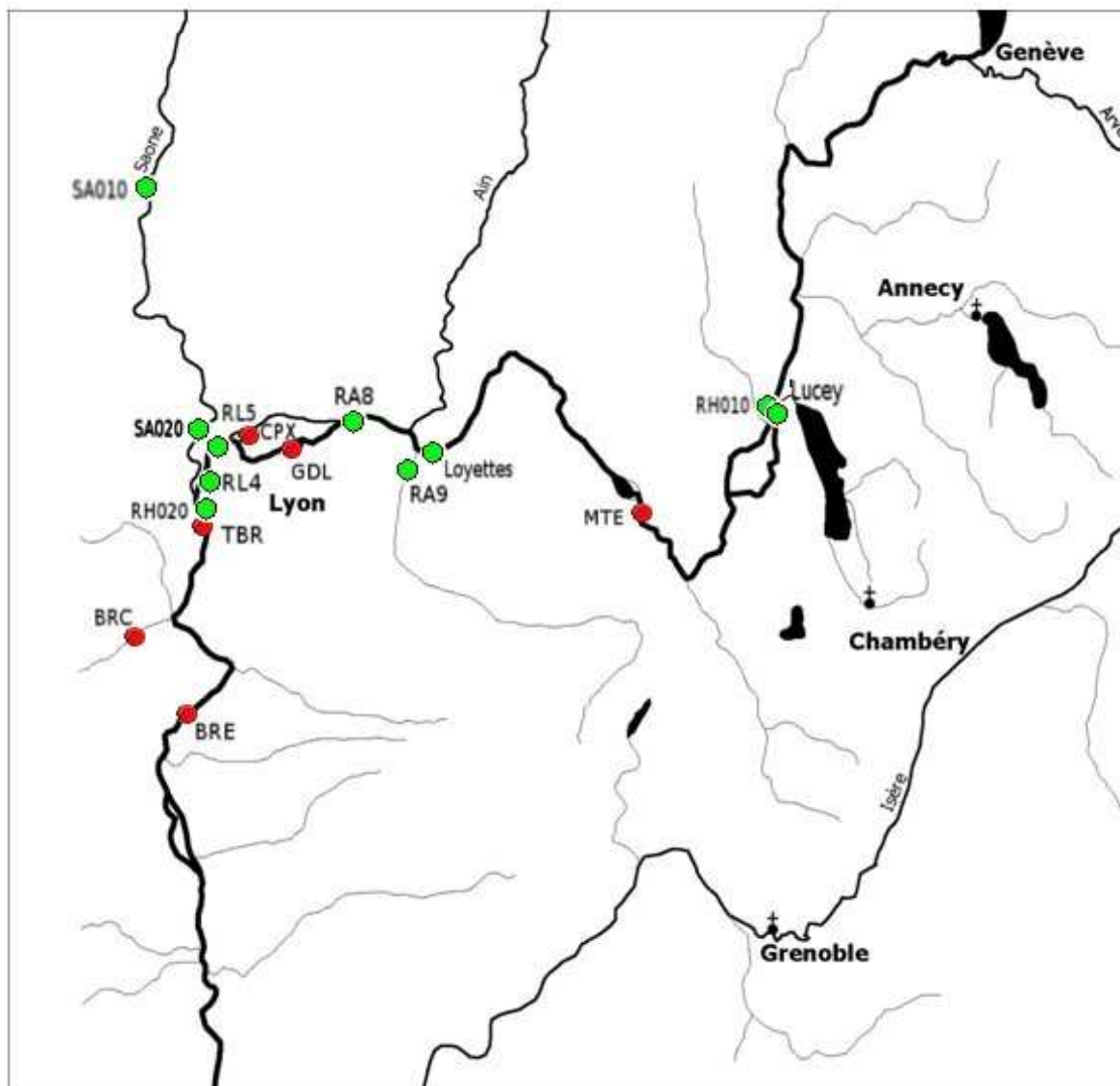
Cette étude poursuivait quatre objectifs complémentaires : (1) identifier les voies de contamination par les PCB pour plusieurs espèces cible, (2) identifier des zones impactées par la contamination par ces substances et les tendances temporelles de celle-ci, (3) identifier un niveau PCB dans les sédiments en-dessous duquel les poissons seraient conformes au seuil réglementaire de consommation, et, (4) au moins partiellement, estimer un temps de retour de la contamination des poissons à un niveau inférieur à ce seuil réglementaire.

A partir de données expérimentales collectées sur 6 sites différents, dont 3 uniquement sur les sédiments, et 3 sur sédiments et biote, nous avons pu montrer :

- un gradient de contamination amont – aval, dans les sédiments, les invertébrés et les poissons ;
- une tendance à la diminution des concentrations de PCB dans les sédiments, plus marquée à l'amont de l'agglomération lyonnaise qu'à son aval, du fait notamment de concentrations encore élevées dans les sédiments du Gier.
- La modélisation statistique des données de contamination des poissons et des autres données expérimentales recueillies dans cette étude confirme le rôle prépondérant du sédiment dans le processus de contamination des poissons.
- Le modèle de bioaccumulation à base physiologique qui a été développé, quoique surestimant généralement les concentrations prédites pour l'une des trois espèces de poissons étudiée (le chevaine, *Squalius cephalus*), s'avère assez robuste du point de vue de l'évaluation du risque, puisque la comparaison des prédictions et des observations ne révèle qu'un seul faux négatif sur 114 cas.
- Les modèles statistique et à base physiologique permettent de calculer des concentrations seuils dans le sédiment au-dessous desquelles les poissons seraient conformes au seuil réglementaire qui convergent en-dessous de 10 ng.g^{-1} (poids sec) pour la somme des PCB indicateurs dans le sédiment : dans le cas du modèle statistique, 90% des poissons seront conformes pour des concentrations dans le sédiment inférieures ou égales à 5.9 ng.g^{-1} (poids sec). En contraignant le modèle à base physiologique de façon à ce que les poissons ne dépassent jamais le seuil réglementaire, les concentrations seuil obtenues varient entre 2.6 et 14 ng.g^{-1} (poids sec) selon l'espèce et le site.
- On peut enfin estimer que le niveau de contamination a baissé de manière continue dans les poissons du site de la Morte depuis les années 1970. Il a probablement augmenté dans les poissons du Grand Large jusqu'à 1997-98, et serait actuellement en diminution, sans qu'il soit possible avec le modèle statistique de prédire à quel moment les poissons seront tous conformes au seuil réglementaire. Il a diminué dans la période la plus récente à l'île du Beurre par rapport aux périodes précédentes, mais les fluctuations des concentrations dans les sédiments, influencées par l'hydrologie sur ce site et les apports du Gier, ne permettent pas de prédire une tendance à moyen terme pour les poissons de ce secteur.

L'approche expérimentale suivie nous paraît donc avoir été pertinente par rapport aux objectifs poursuivis ; les modèles développés sont pour l'instant valides pour les sites étudiés, représentatifs d'une partie seulement du Rhône. Leur utilisation sur d'autres jeux de données (pour les modèles statistiques) ou d'autres cas (sites et espèces) permettrait de les valider plus largement, voire de les améliorer dans le cas du modèle de bioaccumulation à base physiologique.

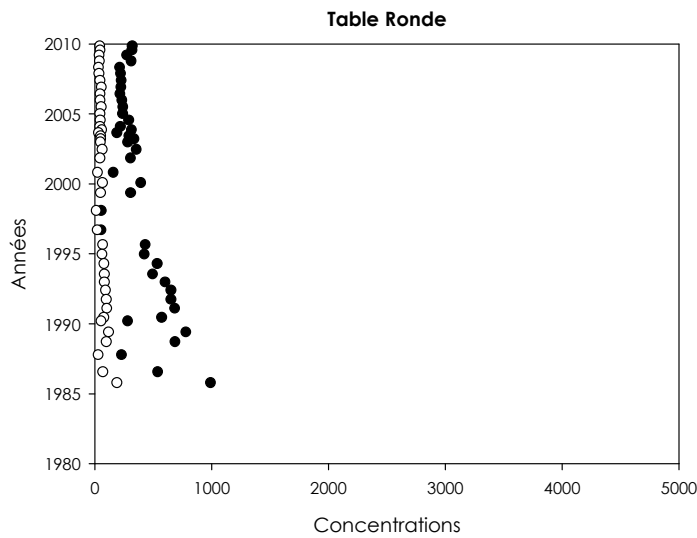
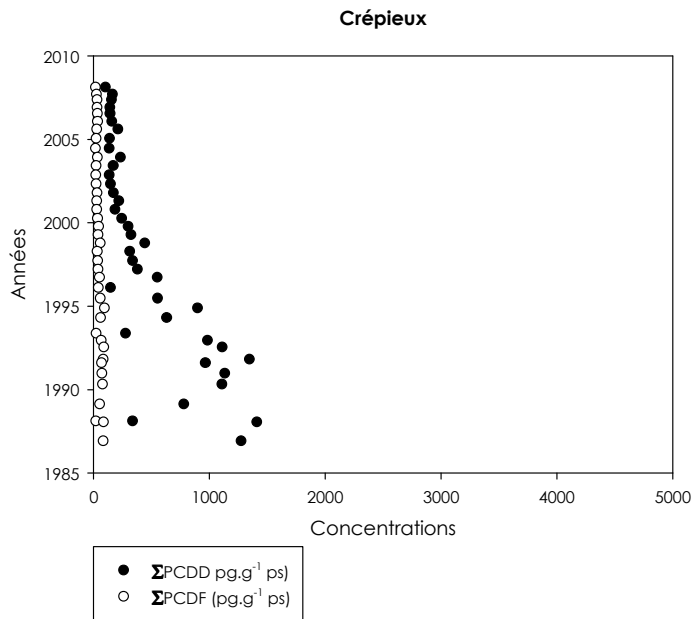
Annexe 1 Carte de la zone d'étude

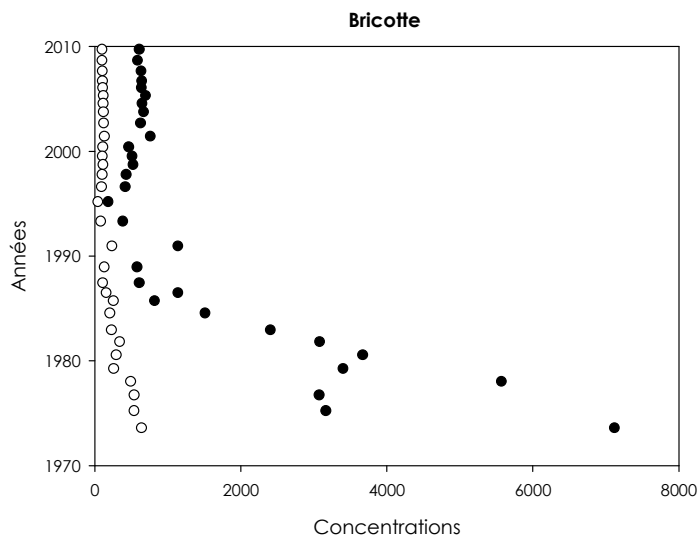
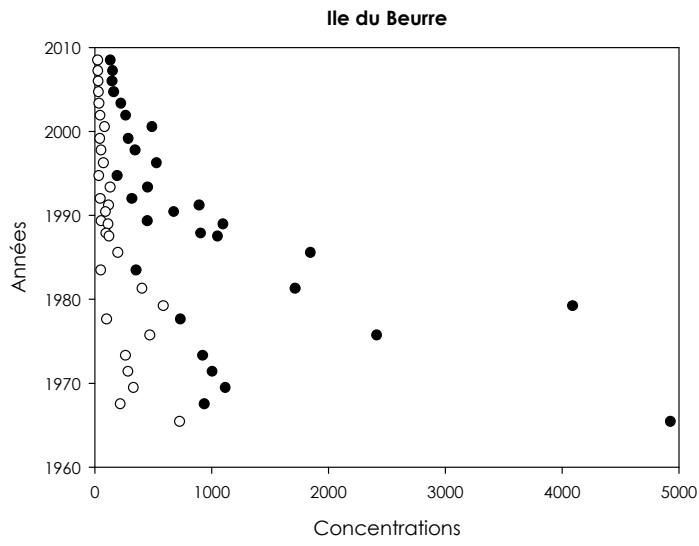


Points rouges : sites de carottage de cette étude ; points verts : sites échantillonnés par TREDI ou DREAL entre 2006 et 2008 dont les résultats ont été utilisés pour la modélisation PMF.

Annexe 2 Dioxines et furannes – profils des carottes de Crépieux, Table ronde, île du Beurre et Bricotte

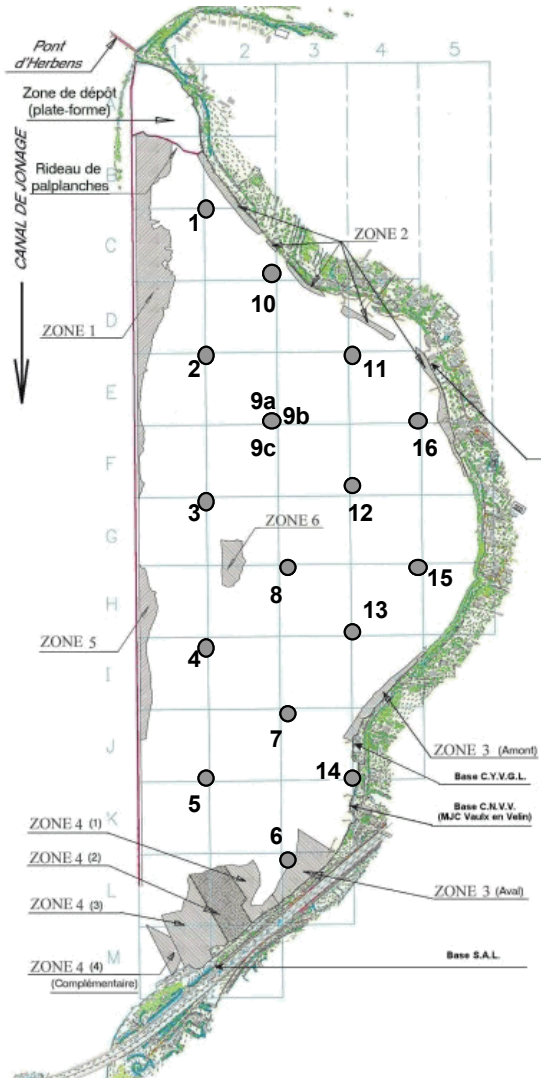
Il n'a pas toujours été possible de garder les mêmes échelles en abscisses et en ordonnées que dans la Figure 6 p18.





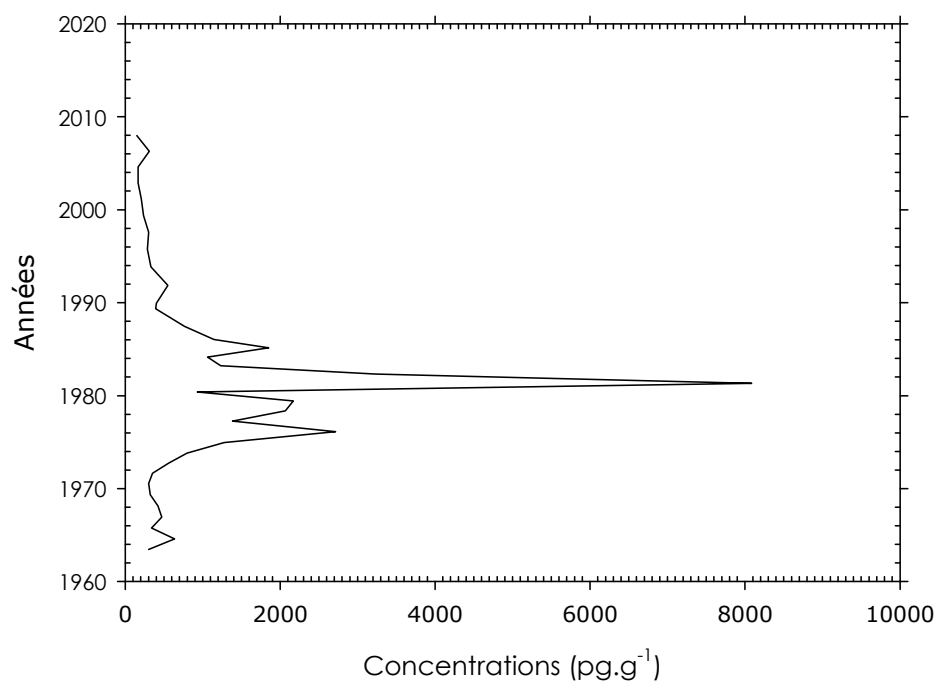
Annexe 3 Prélèvements de sédiments superficiels dans le Grand Large

Fond de carte : EDF, positionnement des zones dragées en 2005. Les points de prélèvements de 2008 sont numérotés de 1 à 16.

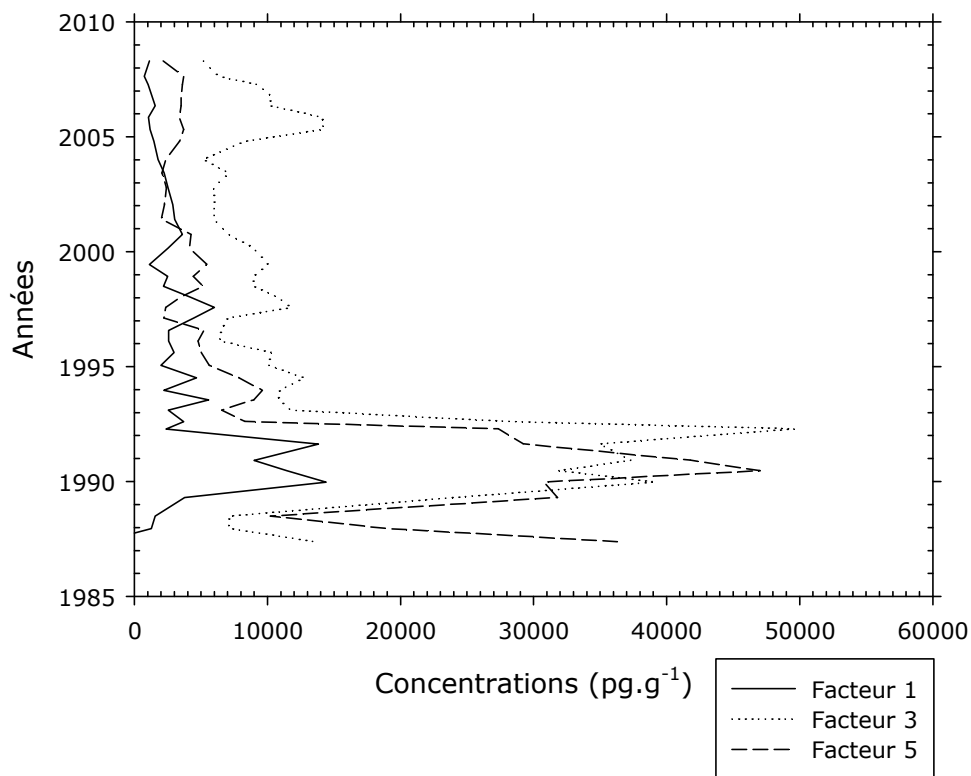


Annexe 4 Modélisation PMF – Graphiques additionnels

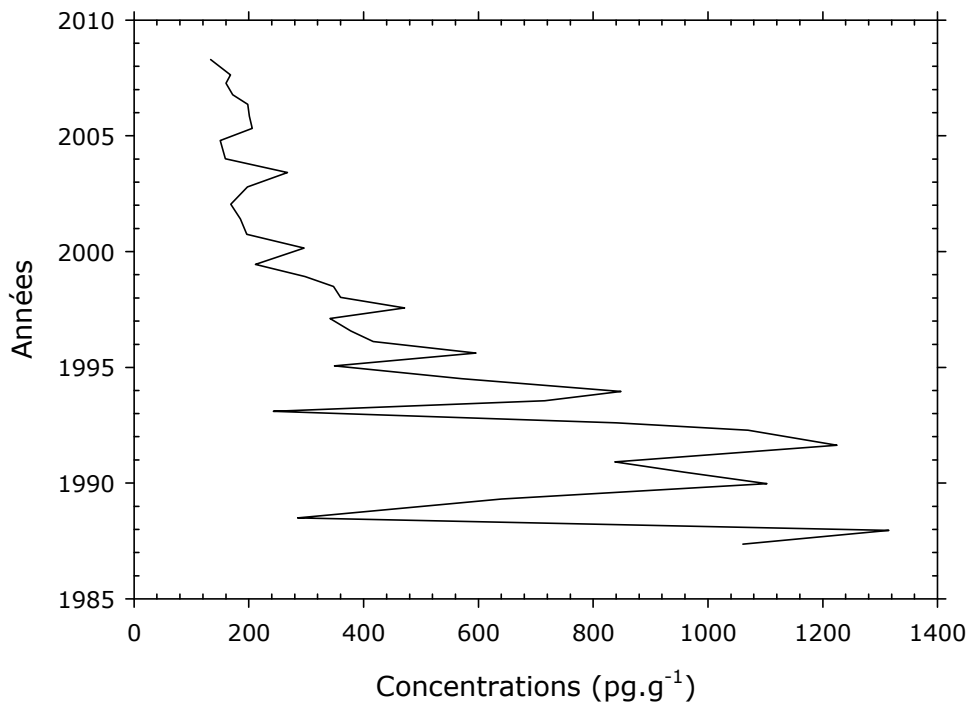
MTE - facteur 4



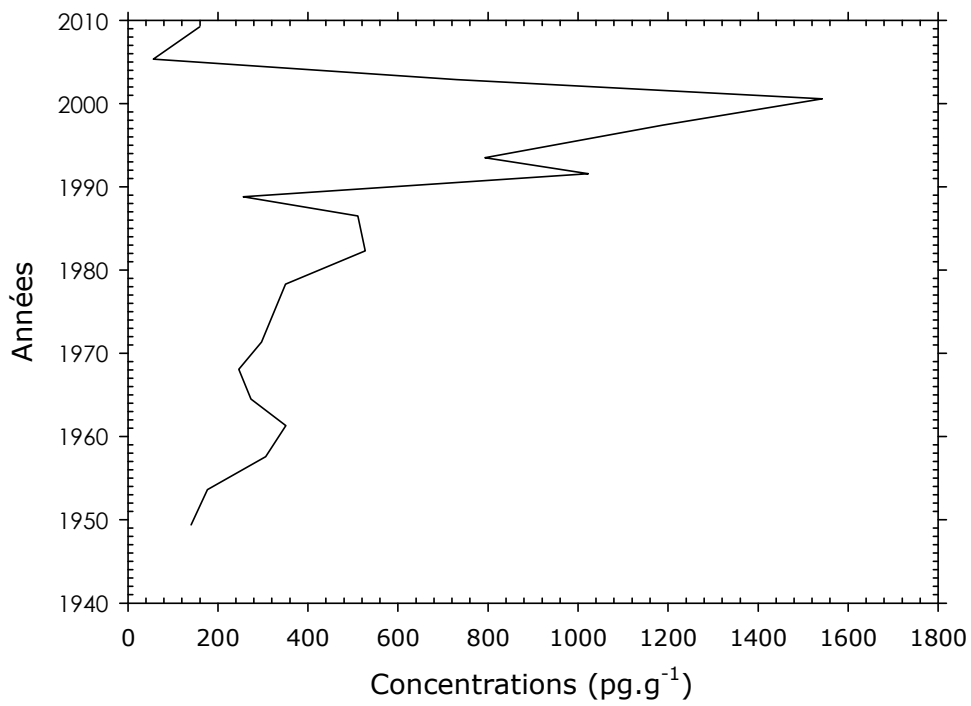
CPX



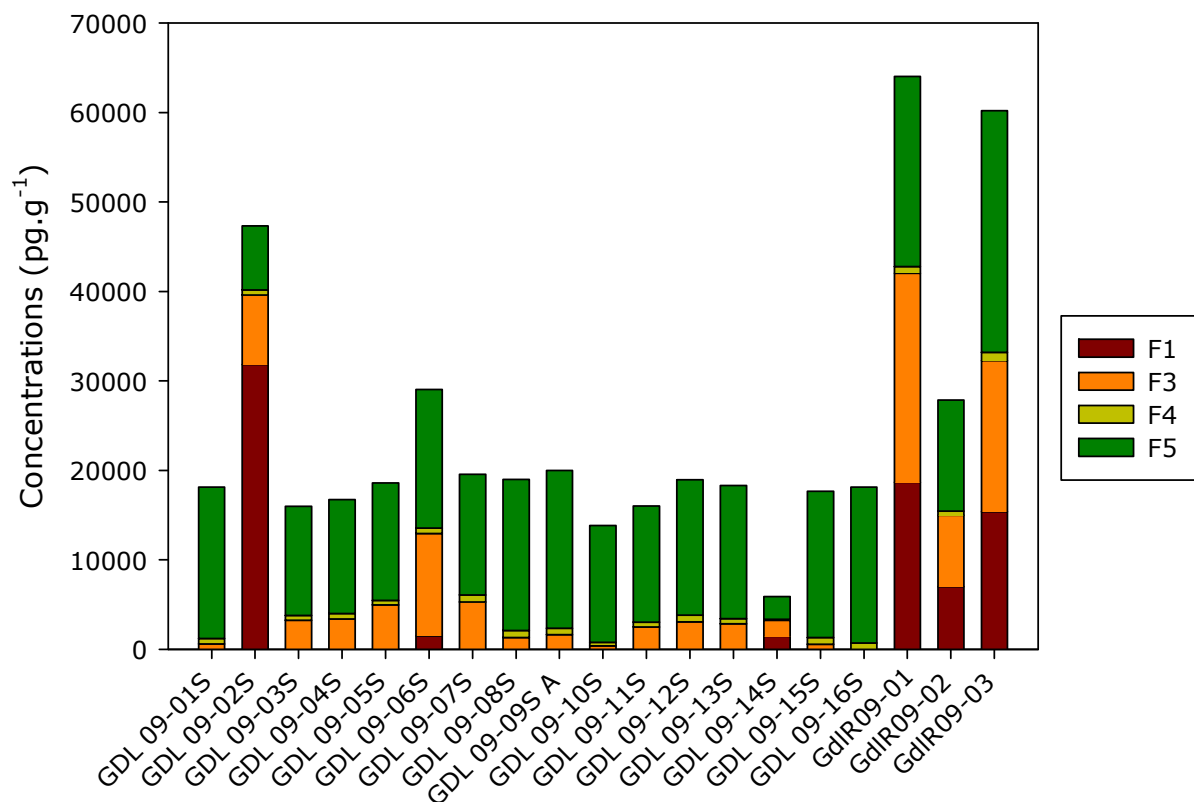
CPX - facteur 4



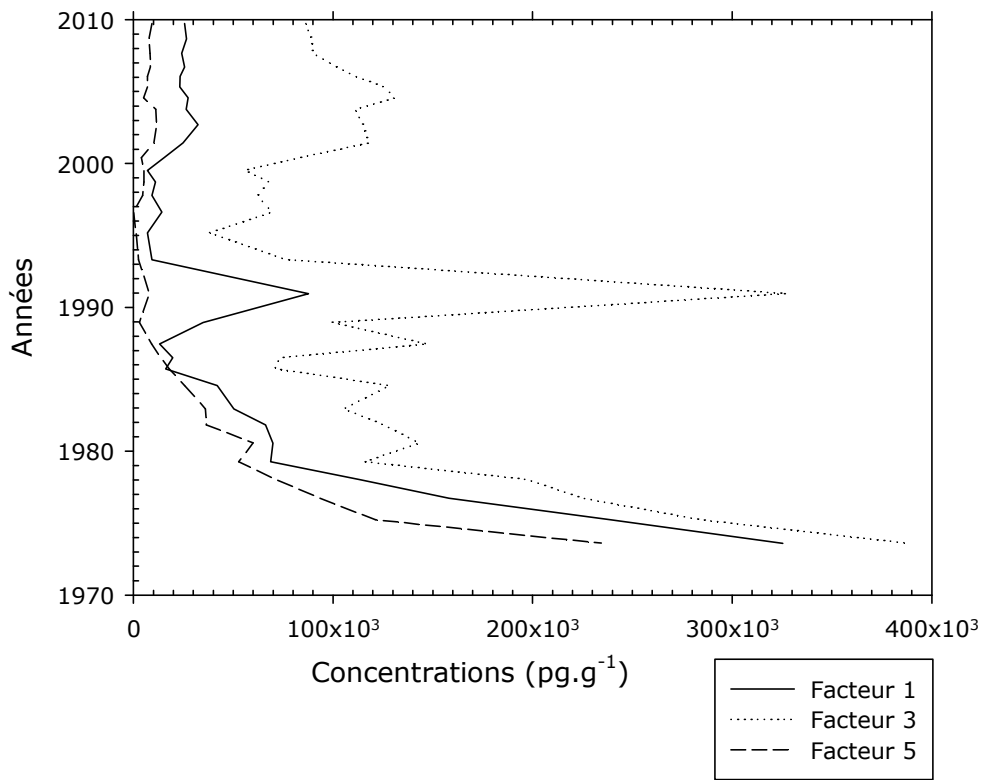
GDL - facteur 4



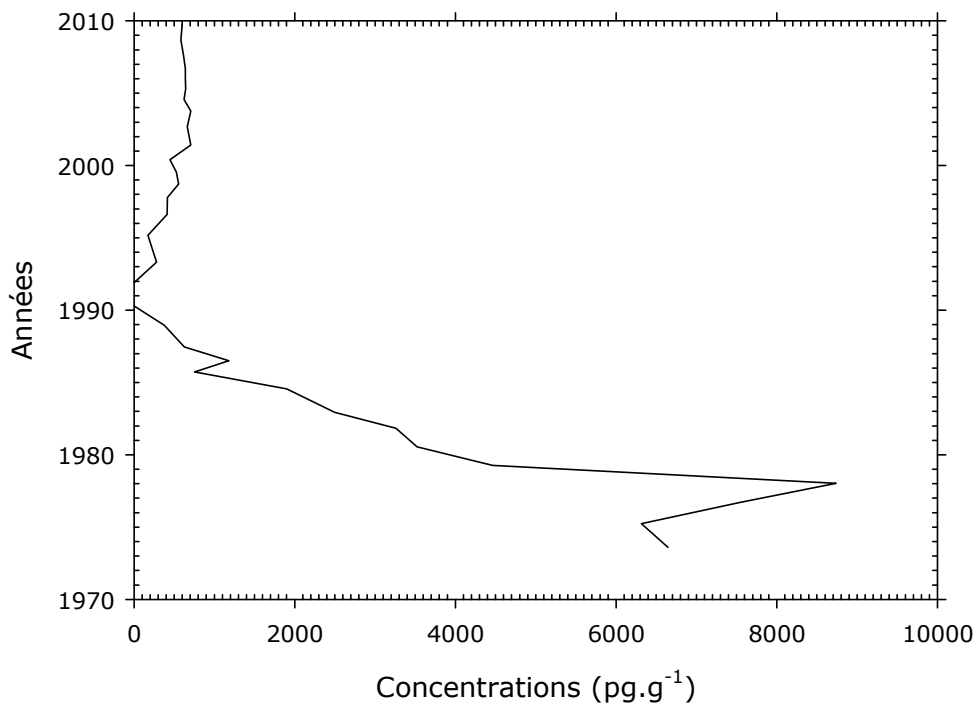
GDL - sédiments de surface



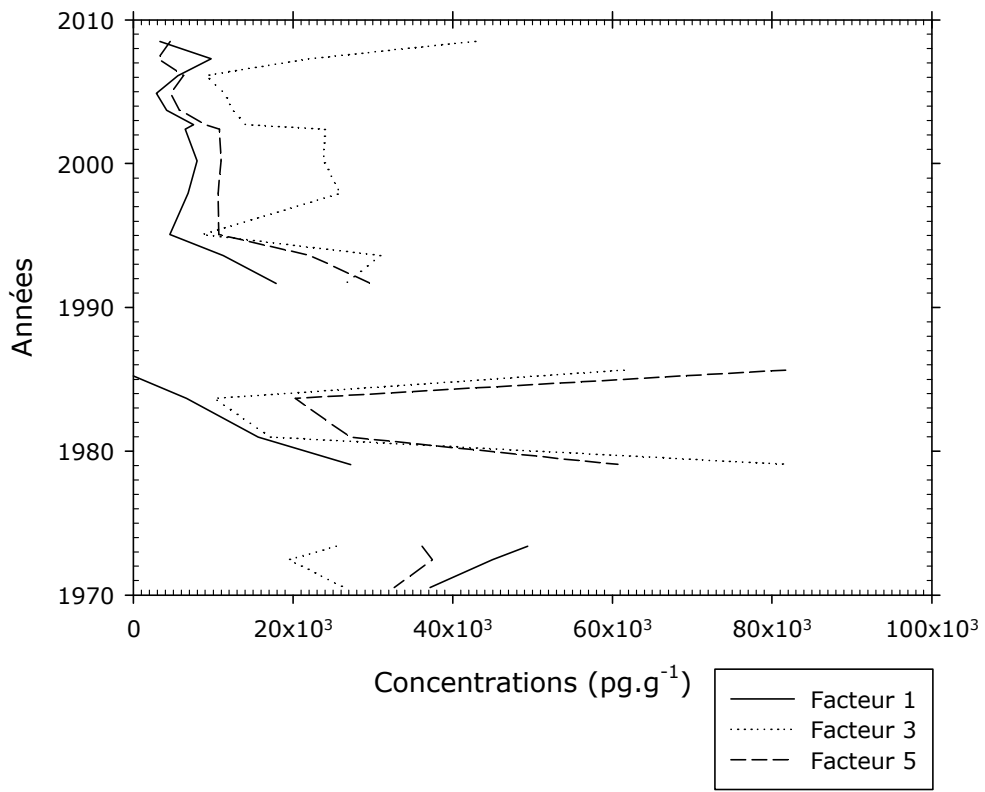
BRC



BRC - facteur 4



BRE



Annexe 5 Code du modèle à base physiologique

Le modèle a été implémenté dans le logiciel R. Il est divisé en 5 fichiers à lancer successivement :

- 1- Temperature.r récupère les données de température, ajuste le modèle annuel gaussien et effectue les tirages aléatoires pour les 14 années de simulations ;
- 2- Taille-poids-age.r ajuste le modèle de croissance pour chaque espèce
- 3- Taux.r : calcule les différentes fonctions impliquées dans le modèle de bio-accumulation
- 4- invertébrés.r correspond au modèle de cinétique pour les proies
- 5- modele-bayésien.r correspond au modèle cinétique pour les poissons

1-Temperature.r

```
#Fichier1: Variation journalière de la temperature
rm(list=ls())

#Definition des parametres temporels
pasintegr=1
an1=seq(1,365,by=1)
an=seq(1,365,by=pasintegr)
Nan=length(an)
duree=15*365
temps=seq(1,duree,by=pasintegr) #Attention, le vecteur temps commence
à la naissance, c'est-à-dire fin mai, à
#j=142
Ntemps=length(temps)

#Donées de température au Bugey entre 1994 et 2008
#Pour données globales
coda1tot=read.table("C:/Documents and
Settings/lopes/Bureau/PCB/modele/Temperature-bayésien/indextot.txt")
coda1tot=read.table("C:/Documents and
Settings/lopes/Bureau/PCB/modele/Temperature-bayésien/chain1tot.txt")
coda2tot=read.table("C:/Documents and
Settings/lopes/Bureau/PCB/modele/Temperature-bayésien/chain2tot.txt")
coda3tot=read.table("C:/Documents and
Settings/lopes/Bureau/PCB/modele/Temperature-bayésien/chain3tot.txt")
codaatot=append(coda1tot[1:20000,2],coda2tot[1:20000,2])
codaatot=append(codaatot,coda3tot[1:20000,2])
print(length(codaatot))
codadtot=append(coda1tot[20001:40000,2],coda2tot[20001:40000,2])
codadtot=append(codadtot,coda3tot[20001:40000,2])
print(length(codadtot))
```

```

codamtot=append(coda1tot[40001:60000,2],coda2tot[40001:60000,2])
codamtot=append(codamtot,coda3tot[40001:60000,2])
print(length(codamtot))
codasigma2tot=append(coda1tot[60001:80000,2],coda2tot[60001:80000,2])
codasigma2tot=append(codasigma2tot,coda3tot[60001:80000,2])
print(length(codasigma2tot))
codasigmattot=append(coda1tot[80001:100000,2],coda2tot[80001:100000,2])
codasigmattot=append(codasigmattot,coda3tot[80001:100000,2])
print(length(codasigmattot))

atot=mean(codaatot)
dtot=mean(codadtot)
mtot=mean(codamtot)
sigma2tot=mean(codasigma2tot)
sigmattot=mean(codasigmattot)

#temperature journaliere moyenne sur une annee
temp2=read.table("C:/Documents
Settings/lopes/Bureau/PCB/modele/temperature94-08.txt",h=T)

plot(temp2[,1],temp2[,2],col=1,xlim=c(0,5475),xlab="Years",ylab="Water
temperature (°C)",cex=0.5,pch=19,cex.lab=1.3,cex.axis=1.5,xaxt="n")
axis(1,at=0,label="1994")
for (i in 3:16)
{
points(seq(365*(i-2)+1,365*(i-1)),temp2[,i],cex=0.5,pch=19,xaxt="n")
j=1994+i-2
k=365*(i-2)
axis(1,at=k,labels=j)
}
axis(1,at=5475,labels="2009")

par(mar=c(5.1,5.1,4.1,2.1))
plot(temp2[,1],temp2[,2],ylim=c(0,25),xlab="Time (days)", ylab="Water
temperature (°C)",cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,cex.main=1.5,pch=19,cex=0.5,col="grey")
for (i in 3:16) points(temp2[,1],temp2[,i],pch=19,cex=0.5,col="grey")
curve(dtot+atot*exp(-0.5*(x-mtot))*(x-
mtot)/(sigma2tot),add=T,col=1,lwd=2)
curve((dtot+atot*exp(-0.5*(x-mtot))*(x-
mtot)/(sigma2tot))+1.96*sigmattot,add=T,col=1,lwd=2,lty=2)

```

```

curve((dtot+atot*exp(-0.5*(x-mtot)*(x-mtot)/(sigma2tot)))-
1.96*sigmattot,add=T,col=1,lwd=2,lty=2)
curve((dtot+atot*exp(-0.5*(x-mtot)*(x-
mtot)/(sigma2tot)))+2.576*sigmattot,add=T,col=1,lwd=1,lty=2)
curve((dtot+atot*exp(-0.5*(x-mtot)*(x-mtot)/(sigma2tot)))-
2.576*sigmattot,add=T,col=1,lwd=1,lty=2)
#text(200,2,as.expression(substitute(T==dtot+atot*e^(over(-0.5*(t-
mtot)^2,sigma2tot)),list(dtot=round(dtot,2),atot=round(atot,2),mtot=round(mtot,2
),sigma2tot=round(sigma2tot,2))))),cex=1.5)

```

#Si on prend les températures réelles mesurées chaque année, le vecteur temperaturereel donne les valeurs sur #chaque jour sur le ans considérés (la première année débute fin mai au moment de la naissance)

```

temperaturereel=matrix(0,1,Ntemps)
temperaturereel[1:224]=temp2[142:365,2]
for(i in 2:15)
{
q=(224/pasintegr)+365*(i-2)/pasintegr
for(p in 1:365)
{
j=round(q+(p-1+pasintegr)/pasintegr,0)
k=round(q+p/pasintegr,0)
temperaturereel[j:k]=temp2[p,i+1]
}
}
temperaturereel[5335:Ntemps]=temp2[1:141,16]
(1:length(temperaturereel))[temperaturereel==0]
temperaturereel=temperaturereel[1:Ntemps]
plot(temps,temperaturereel,col=2)

```

```

#si on poole toutes données et qu'on tire au hasard
Tmean=dtot+atot*exp(-0.5*(an-mtot)*(an-mtot)/(sigma2tot))
Tmeanplus=Tmean+1.96*sigmattot
Tmeanmoins=Tmean-1.96*sigmattot
deltat=1000 #nb de données de T pour chaque jour = intervalle entre Tplus et
Tmoins

```

#Definition de l'intervalle de credibilite autour des predictions du modele pour chaque jour

```

intTemptot=matrix(0,deltat,Nan) #pour une année, deltat valeurs possibles
de températures par jour
for (i in 1:Nan)

```

```

{
ecart=(Tmeanplus[i]-Tmeanmoins[i])/(deltat-1)
intTemptot[,i]=seq(Tmeanmoins[i],Tmeanplus[i],by=ecart)
}

#pour generer 14 ans de temperature, on tire au hasard dans cet echantillon
nbiter=5
sampleTtot=matrix(0,15,Nan)
temperaturetot=matrix(0,1,Ntemps) #Vecteurs contenant les tirages aleatoire
de temperature pour 14 ans de simulation
for (i in 1:224)
{
sampleTtot[1,i]=mean(sample(intTemptot[,i+141],nbiter,replace=T))
temperaturetot[i]=sampleTtot[1,i]
}

for (j in 2:15)
{
q=(224/pasintegr)+365*(j-2)/pasintegr
for (i in 1:Nan)
{
p=round(q+(i-1+pasintegr)/pasintegr,0)
k=round(q+i/pasintegr,0)
sampleTtot[j,i]=mean(sample(intTemptot[,i],nbiter,replace=T))
temperaturetot[p:k]=sampleTtot[j,i]
}
}

for (i in 5335:5475)
{
p=i-(14*365+224)
sampleTtot[1,p]=mean(sample(intTemptot[,p],nbiter,replace=T))
temperaturetot[i]=sampleTtot[1,p]
}

plot(temps,temperaturetot)

```

2-Taille-poids-age.r


```

#Fichier2: relations taille/poids/age par espece

#Telechargement des donnees de contamination poisson
poisson=read.table("C:/Documents and
Settings/lopes/Bureau/PCB/données/Poissoncomplet.txt", h=T, na.strings = "NA")
poisson2=poisson[-135,] # on enleve CHE5 et CHE6 a BRE car contamination
suspecte...
poisson2=poisson2[-135,]
poisson2$age=365*poisson2$age

date=c("12/8/08","30/10/08","31/10/08","30/10/08","30/10/08","9/12/08","9/
12/08","12/8/08","12/8/08","12/8/08","12/8/08","12/8/08","12/8/08","12/
8/08","12/8/08","12/8/08","30/10/08","30/10/08","30/10/08","30/10/08","30/10/
08","30/10/08","30/10/08","30/10/08","30/10/08","30/10/08","12/8/08","12/8/08","
30/10/08","30/10/08","30/10/08","30/10/08","30/10/08","30/10/08","30/10/08","3
0/10/08","9/12/08","13/8/08","13/8/08","13/8/08","13/8/08","12/9/08","12/9/08","
12/9/08","12/9/08","12/9/08","12/9/08","12/9/08","12/9/08","6/10/08","6/10/08","
6/10/08","12/9/08","12/9/08","12/9/08","12/9/08","12/9/08","12/9/08","12/9/08","
12/9/08","12/9/08","12/9/08","12/9/08","12/9/08","12/9/08","12/9/08","12/9/08","
13/8/08","13/8/08","6/10/08","6/10/08","6/10/08","6/10/08","6/11/08","6/11/08","6/11/08","
6/11/08","6/11/08","6/11/08","6/11/08","6/11/08","6/11/08","13/8/08","
6/10/08","6/10/08","6/10/08","6/10/08","6/10/08","6/10/08","6/10/08","6/10/08","
6/10/08","8/11/08","8/11/08","8/11/08","8/11/08","8/11/08","8/11/08","23/10/08","23/10/08
","23/10/08","23/10/08","23/10/08","23/10/08","23/10/08","23/10/08","23/10/08","
23/10/08","23/10/08","23/10/08","23/10/08","23/10/08","23/10/08","23/10/08","23
/10/08","23/10/08","23/10/08","23/10/08","23/10/08","23/10/08","23/10/08","23/10/
08","23/10/08","17/11/08","17/11/08","17/11/08","17/11/08","16/1/09","16/1/09",
"16/1/09","16/1/09","16/1/09","16/1/09","23/10/08","23/10/08","16/1/09","16/1/0
9","16/1/09" )
date=date[-135]
date=date[-135]
date=as.Date(date, "%d/%m/%y")
poisson2[,42]=date
names(poisson2)[42]="date"
daterepro=c("2008-05-22")
ecart=as.numeric(round(difftime(poisson2$date,daterepro)))
poisson2[,43]=round(poisson2$age+ecart)
names(poisson2)[43]="age2"
poisson2=subset(poisson2,select=esp!="BRB") #on enlève les BRB
Nesp=levels(poisson2$esp)[-2]

xL=seq(0,65,by=0.001)

#####

```

```

#Relation taille/poids: log(W)=a1*log(L)-b1#
#####

#Estimation des paramètres par Inference bayesienne pour chaque espece: 3
MCMC de 60000 iterations, d'ou #180000 jeux de parametres

#Chevaine
codaICHE=read.table("C:/Documents                               and
Settings/lopes/Bureau/PCB/modele/Taille-poids-age-bayesien/indexCHE.txt")
coda1CHE=read.table("C:/Documents                               and
Settings/lopes/Bureau/PCB/modele/Taille-poids-age-bayesien/chain1CHE.txt")
coda2CHE=read.table("C:/Documents                               and
Settings/lopes/Bureau/PCB/modele/Taille-poids-age-bayesien/chain2CHE.txt")
coda3CHE=read.table("C:/Documents                               and
Settings/lopes/Bureau/PCB/modele/Taille-poids-age-bayesien/chain3CHE.txt")

codaCHEa1=append(coda1CHE[1:60000,2],coda2CHE[1:60000,2])
codaCHEa1=append(codaCHEa1,coda3CHE[1:60000,2])
print(length(codaCHEa1))
codaCHEb1=append(coda1CHE[60001:120000,2],coda2CHE[60001:120000,2])
codaCHEb1=append(codaCHEb1,coda3CHE[60001:120000,2])
print(length(codaCHEb1))
codaCHESigmapoids=append(coda1CHE[120001:180000,2],coda2CHE[120001:
180000,2])
codaCHESigmapoids=append(codaCHESigmapoids,coda3CHE[120001:180000,2
])
print(length(codaCHESigmapoids))
codaCHESigmat=append(coda1CHE[180001:240000,2],coda2CHE[180001:240
000,2])
codaCHESigmat=append(codaCHESigmat,coda3CHE[180001:240000,2])
print(length(codaCHESigmat))

#Barbeau
codaIBAF=read.table("C:/Documents                               and
Settings/lopes/Bureau/PCB/modele/Taille-poids-age-bayesien/indexBAF.txt")
coda1BAF=read.table("C:/Documents                               and
Settings/lopes/Bureau/PCB/modele/Taille-poids-age-bayesien/chain1BAF.txt")
coda2BAF=read.table("C:/Documents                               and
Settings/lopes/Bureau/PCB/modele/Taille-poids-age-bayesien/chain2BAF.txt")
coda3BAF=read.table("C:/Documents                               and
Settings/lopes/Bureau/PCB/modele/Taille-poids-age-bayesien/chain3BAF.txt")

codaBAFa1=append(coda1BAF[1:60000,2],coda2BAF[1:60000,2])
codaBAFa1=append(codaBAFa1,coda3BAF[1:60000,2])

```

```

print(length(codaBAFa1))
codaBAFb1=append(coda1BAF[60001:120000,2],coda2BAF[60001:120000,2])
codaBAFb1=append(codaBAFb1,coda3BAF[60001:120000,2])
print(length(codaBAFb1))
codaBAFsigmapoids=append(coda1BAF[120001:180000,2],coda2BAF[120001:
180000,2])
codaBAFsigmapoids=append(codaBAFsigmapoids,coda3BAF[120001:180000,2]
)
print(length(codaBAFsigmapoids))
codaBAFsigmat=append(coda1BAF[180001:240000,2],coda2BAF[180001:2400
00,2])
codaBAFsigmat=append(codaBAFsigmat,coda3BAF[180001:240000,2])
print(length(codaBAFsigmat))

#Breme
codaIBRE=read.table("C:/Documents and
Settings/lopes/Bureau/PCB/modele/Taille-poids-age-bayesien/indexBRE.txt")
coda1BRE=read.table("C:/Documents and
Settings/lopes/Bureau/PCB/modele/Taille-poids-age-bayesien/chain1BRE.txt")
coda2BRE=read.table("C:/Documents and
Settings/lopes/Bureau/PCB/modele/Taille-poids-age-bayesien/chain2BRE.txt")
coda3BRE=read.table("C:/Documents and
Settings/lopes/Bureau/PCB/modele/Taille-poids-age-bayesien/chain3BRE.txt")

codaBREa1=append(coda1BRE[1:60000,2],coda2BRE[1:60000,2])
codaBREa1=append(codaBREa1,coda3BRE[1:60000,2])
print(length(codaBREa1))
codaBREb1=append(coda1BRE[60001:120000,2],coda2BRE[60001:120000,2])
codaBREb1=append(codaBREb1,coda3BRE[60001:120000,2])
print(length(codaBREb1))
codaBREsigmapoids=append(coda1BRE[120001:180000,2],coda2BRE[120001:
180000,2])
codaBREsigmapoids=append(codaBREsigmapoids,coda3BRE[120001:180000,2]
)
print(length(codaBREsigmapoids))
codaBREsigmat=append(coda1BRE[180001:240000,2],coda2BRE[180001:2400
00,2])
codaBREsigmat=append(codaBREsigmat,coda3BRE[180001:240000,2])
print(length(codaBREsigmat))

CHEa1=mean(codaCHEa1)

```

```

CHEb1=mean(codaCHEb1)
CHESigmaW=mean(codaCHESigmaW)
CHESigmat=mean(codaCHESigmat)

BAFa1=mean(codaBAFa1)
BAFb1=mean(codaBAFb1)
BAFsigmaW=mean(codaBAFsigmaW)
BAFsigmat=mean(codaBAFsigmat)

BREa1=mean(codaBREa1)
BREb1=mean(codaBREb1)
BRESigmaW=mean(codaBRESigmaW)
BRESigmat=mean(codaBRESigmat)

#####
#Relation poids/taille #
#####

WCHE=(xL^CHEa1)*10^(-CHEb1)
WCHE1=WCHE-1.96*CHESigmaW
WCHE2=WCHE+1.96*CHESigmaW

WBAF=(xL^BAFa1)*10^(-BAFb1)
WBAF1=WBAF-1.96*BAFsigmaW
WBAF2=WBAF+1.96*BAFsigmaW

WBRE=(xL^BREa1)*10^(-BREb1)
WBRE1=WBRE-1.96*BRESigmaW
WBRE2=WBRE+1.96*BRESigmaW

x11()
par(mfrow=c(3,3))
plot(xL,WCHE,xlim=c(20,65),ylim=c(0,4000),xlab="Taille (cm)",ylab="Poids (g)",cex.lab=1.8,cex.axis=1.8,main="Chevaine",cex.main=2,type="l",col=2,lwd=1.5)

points(xL,WCHE1,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(xL,WCHE2,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)

```

```

    points(poisson2[poisson2$esp=="CHE"
poisson2$site=="Amont",]$taille,poisson2[poisson2$esp=="CHE"
poisson2$site=="Amont",]$poids,pch=19)
    points(poisson2[poisson2$esp=="CHE"
poisson2$site=="Jonage",]$taille,poisson2[poisson2$esp=="CHE"
poisson2$site=="Jonage",]$poids,col=2,pch=19)
    points(poisson2[poisson2$esp=="CHE"
poisson2$site=="Aval",]$taille,poisson2[poisson2$esp=="CHE"
poisson2$site=="Aval",]$poids,col=3,pch=19)
    text(35,3500,as.expression(substitute(W(t)==L(t)^a*10^(-
b),list(a=round(CHEa1,2),b=round(CHEb1,2))))),cex=1.8)
    plot(xL,WBAF,xlim=c(20,65),ylim=c(0,4000),xlab="Taille (cm)",ylab="Poids
(g)",cex.lab=1.8,cex.axis=1.8,main="Barbeau",cex.main=2,type="l",col=2,lwd=1.5)
    points(xL,WBAF1,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
    points(xL,WBAF2,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
    points(poisson2[poisson2$esp=="BAF"
poisson2$site=="Amont",]$taille,poisson2[poisson2$esp=="BAF"
poisson2$site=="Amont",]$poids,pch=19)
    points(poisson2[poisson2$esp=="BAF"
poisson2$site=="Jonage",]$taille,poisson2[poisson2$esp=="BAF"
poisson2$site=="Jonage",]$poids,col=2,pch=19)
    points(poisson2[poisson2$esp=="BAF"
poisson2$site=="Aval",]$taille,poisson2[poisson2$esp=="BAF"
poisson2$site=="Aval",]$poids,col=3,pch=19)
    text(35,3500,as.expression(substitute(W(t)==L(t)^a*10^(-
b),list(a=round(BAFa1,2),b=round(BAFb1,2))))),cex=1.8)
    plot(xL,WBRE,xlim=c(20,65),ylim=c(0,4000),xlab="Taille (cm)",ylab="Poids
(g)",cex.lab=1.8,cex.axis=1.8,main="Brème",cex.main=2,type="l",col=2,lwd=1.5)
    points(xL,WBRE1,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
    points(xL,WBRE2,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
    points(poisson2[poisson2$esp=="BRE"
poisson2$site=="Amont",]$taille,poisson2[poisson2$esp=="BRE"
poisson2$site=="Amont",]$poids,pch=19)
    points(poisson2[poisson2$esp=="BRE"
poisson2$site=="Jonage",]$taille,poisson2[poisson2$esp=="BRE"
poisson2$site=="Jonage",]$poids,col=2,pch=19)
    points(poisson2[poisson2$esp=="BRE"
poisson2$site=="Aval",]$taille,poisson2[poisson2$esp=="BRE"
poisson2$site=="Aval",]$poids,col=3,pch=19)
    text(35,3500,as.expression(substitute(W(t)==L(t)^a*10^(-
b),list(a=round(BREa1,2),b=round(BREb1,2))))),cex=1.8)

```

```

#####
#####

```

```

#Relation taille/age: Modele de croissance de Von Bertalanffy:  $L(t)=L_{inf}-(L_{inf}-L(0))*\exp(-k*t)$ #
#####
#####

#Ajustement frequentiste: moindres carres
#définition de la fonction a minimiser dans la procedure nlm
sce <- fonction(param, x, yobs,L0) {
ytheo=param[1]-(param[1]-L0)*exp(-param[2]*x)
return(sum((yobs - ytheo)^2))
}

BertCHE=nlm(sce,p=c(80,0.001),x=poisson2[poisson2$esp=="CHE",]$age,yobs=poisson2[poisson2$esp=="CHE",]$taille,L0=0.13)

BertBAF=nlm(sce,p=c(80,0.001),x=poisson2[poisson2$esp=="BAF",]$age,yobs=poisson2[poisson2$esp=="BAF",]$taille,L0=0.15)

BertBRE=nlm(sce,p=c(80,0.001),x=poisson2[poisson2$esp=="BRE",]$age,yobs=poisson2[poisson2$esp=="BRE",]$taille,L0=0.1)

#Ajustement par la procédure nls
nlsCHE=nls(taille~Linf-(Linf-0.13)*exp(-k*age2),data=poisson2[poisson2$esp=="CHE",],start=list(Linf=100,k=0.0001))
nlsBAF=nls(taille~Linf-(Linf-0.15)*exp(-k*age2),data=poisson2[poisson2$esp=="BAF",],start=list(Linf=100,k=0.0001))
nlsBRE=nls(taille~Linf-(Linf-0.1)*exp(-k*age2),data=poisson2[poisson2$esp=="BRE",],start=list(Linf=100,k=0.0001))

#Conditions initiales = tailles à la naissance pour chaque espece (cf H. Persat)
LOCHE=0.13
LOBAF=0.15
LOBRE=0.1

#Valeurs des parametres selon la procedure nlm
#aCHE=BertCHE$estimate[1]
#bCHE=BertCHE$estimate[2]
#cCHE=(-(1/BertCHE$estimate[2])*log(1-LOCHE/BertCHE$estimate[1]))
#aBAF=BertBAF$estimate[1]
#bBAF=BertBAF$estimate[2]
#cBAF=(-(1/BertBAF$estimate[2])*log(1-LOBAF/BertBAF$estimate[1]))
#aBRE=BertBRE$estimate[1]
#bBRE=BertBRE$estimate[2]
#cBRE=(-(1/BertBRE$estimate[2])*log(1-LOBRE/BertBRE$estimate[1]))

```

```

#Valeur des parametres selon la procedure nls
aCHE=coef(summary(nlsCHE))[1,1]
aCHEsd=coef(summary(nlsCHE))[1,2]
bCHE=coef(summary(nlsCHE))[2,1]
bCHEsd=coef(summary(nlsCHE))[2,2]
cCHE=(-(1/coef(summary(nlsCHE))[2,1])*log(1-
LOCHE/coef(summary(nlsCHE))[1,1]))
aBAF=coef(summary(nlsBAF))[1,1]
aBAFsd=coef(summary(nlsBAF))[1,2]
bBAF=coef(summary(nlsBAF))[2,1]
bBAFsd=coef(summary(nlsBAF))[2,2]
cBAF=(-(1/coef(summary(nlsBAF))[2,1])*log(1-
LOBAF/coef(summary(nlsBAF))[1,1]))
aBRE=coef(summary(nlsBRE))[1,1]
aBREsd=coef(summary(nlsBRE))[1,2]
bBRE=coef(summary(nlsBRE))[2,1]
bBREsd=coef(summary(nlsBRE))[2,2]
cBRE=(-(1/coef(summary(nlsBRE))[2,1])*log(1-
LOBRE/coef(summary(nlsBRE))[1,1]))

```

```

#Gamme de variation de chaque paramètre

```

```

gammeaCHE=seq(aCHE-1.96*aCHEsd,aCHE+1.96*aCHEsd,by=0.0001)
gammebCHE=seq(bCHE-1.96*bCHEsd,bCHE+1.96*bCHEsd,by=0.0001)
gammecCHE=seq(cCHE-1.96*cCHEsd,cCHE+1.96*cCHEsd,by=0.0001)
gammeaBRE=seq(aBRE-1.96*aBREsd,aBRE+1.96*aBREsd,by=0.0001)
gammebBRE=seq(bBRE-1.96*bBREsd,bBRE+1.96*bBREsd,by=0.0001)
gammecBRE=seq(cBRE-1.96*cBREsd,cBRE+1.96*cBREsd,by=0.0001)
gammeaBAF=seq(aBAF-1.96*aBAFsd,aBAF+1.96*aBAFsd,by=0.0001)
gammebBAF=seq(bBAF-1.96*bBAFsd,bBAF+1.96*bBAFsd,by=0.0001)
gammecBAF=seq(cBAF-1.96*cBAFsd,cBAF+1.96*cBAFsd,by=0.0001)

```

```

#Calcul des "performances de croissance" selon Pauly (1991): phi=log(k)-
2*log(Linf)

```

```

#phiCHE=log10(coef(nlsCHE)[2])+2*log10(coef(nlsCHE)[1])
#phiBAF=log10(coef(nlsBAF)[2])+2*log10(coef(nlsBAF)[1])
#phiBRE=log10(coef(nlsBRE)[2])+2*log10(coef(nlsBRE)[1])

```

```

#pour chaque espece, calcul des droite moyenne et intervalle de credibilite

```

```

#Relation taille/age

```

```

LCHE=aCHE*(1-exp(-bCHE*(temps+cCHE)))
LCHEmoins=(aCHE-aCHEsd)*(1-exp(-(bCHE-bCHEsd)*(temps+(cCHE))))
LCHEplus=(aCHE+aCHEsd)*(1-exp(-(bCHE+bCHEsd)*(temps+(cCHE))))

#Prédictions poids au cours du temps
WCHEpred=(LCHE^CHEa1)*10^(-CHEb1)
WCHEpredmoins=(LCHEmoins^CHEa1)*10^(-CHEb1)
WCHEpredplus=(LCHEplus^CHEa1)*10^(-CHEb1)

LBAF=aBAF*(1-exp(-bBAF*(temps+cBAF)))
LBAFmoins=(aBAF-aBAFsd)*(1-exp(-(bBAF-bBAFsd)*(temps+(cBAF))))
LBAFplus=(aBAF+aBAFsd)*(1-exp(-(bBAF+bBAFsd)*(temps+(cBAF))))
WBAFpred=(LBAF^BAFa1)*10^(-BAFb1)
WBAFpredmoins=(LBAFmoins^BAFa1)*10^(-BAFb1)
WBAFpredplus=(LBAFplus^BAFa1)*10^(-BAFb1)

LBRE=aBRE*(1-exp(-bBRE*(temps+cBRE)))
LBREmoins=(aBRE-aBREsd)*(1-exp(-(bBRE-bBREsd)*(temps+(cBRE))))
LBREplus=(aBRE+aBREsd)*(1-exp(-(bBRE+bBREsd)*(temps+(cBRE))))
WBREpred=(LBRE^BREa1)*10^(-BREb1)
WBREpredmoins=(LBREmoins^BREa1)*10^(-BREb1)
WBREpredplus=(LBREplus^BREa1)*10^(-BREb1)

par(mar=c(5.1,5.1,4.1,2.1))
par(mfrow=c(3,3))
plot(temps,LCHE,xlab="Temps (jours)",ylim=c(0,70),ylab="Taille (cm)",cex.lab=1.8,cex.axis=1.8,main="Chevaine",cex.main=2,type="l",col=2,lwd=1.5)
points(temps,LCHEmoins,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,LCHEplus,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(poisson2[poisson2$esp=="CHE"
poisson2$site=="Amont",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="CHE"
poisson2$site=="Amont",]$taille,pch=19)
points(poisson2[poisson2$esp=="CHE"
poisson2$site=="Jonage",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="CHE"
poisson2$site=="Jonage",]$taille,col=2,pch=19)
points(poisson2[poisson2$esp=="CHE"
poisson2$site=="Aval",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="CHE"
poisson2$site=="Aval",]$taille,col=3,pch=19)
text(3000,5,as.expression(substitute(L(t)==a-51.2*e^(-
k*t),list(a=round(aCHE,1),k=round(bCHE,4))))),cex=1.8)

```



```
plot(temps,LBAF,xlab="Temps (jours)",ylim=c(0,70),ylab="Taille (cm)",cex.lab=1.8,cex.axis=1.8,main="Barbeau",cex.main=2,type="l",col=2,lwd=1.5)
```

```
points(temps,LBAFmoins,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
```

```
points(temps,LBAFplus,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
```

```
points(poisson2[poisson2$esp=="BAF" &
poisson2$site=="Amont",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BAF" &
poisson2$site=="Amont",]$taille,pch=19)
```

```
points(poisson2[poisson2$esp=="BAF" &
poisson2$site=="Jonage",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BAF" &
poisson2$site=="Jonage",]$taille,col=2,pch=19)
```

```
points(poisson2[poisson2$esp=="BAF" &
poisson2$site=="Aval",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BAF" &
poisson2$site=="Aval",]$taille,col=3,pch=19)
```

```
text(3000,5,as.expression(substitute(L(t)==a-59.7*e^(-
k*t),list(a=round(aBAF,1),k=round(bBAF,4))))),cex=1.8)
```

```
plot(temps,LBRE,xlab="Temps (jours)",ylim=c(0,70),ylab="Taille (cm)",cex.lab=1.8,cex.axis=1.8,main="Brème",cex.main=2,type="l",col=2,lwd=1.5)
```

```
points(temps,LBREmoins,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
```

```
points(temps,LBREplus,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
```

```
points(poisson2[poisson2$esp=="BRE" &
poisson2$site=="Amont",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BRE" &
poisson2$site=="Amont",]$taille,pch=19)
```

```
points(poisson2[poisson2$esp=="BRE" &
poisson2$site=="Jonage",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BRE" &
poisson2$site=="Jonage",]$taille,col=2,pch=19)
```

```
points(poisson2[poisson2$esp=="BRE" &
poisson2$site=="Aval",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BRE" &
poisson2$site=="Aval",]$taille,col=3,pch=19)
```

```
text(3000,5,as.expression(substitute(L(t)==a-57.9*e^(-
k*t),list(a=round(aBRE,1),k=round(bBRE,4))))),cex=1.8)
```

```
plot(temps,WCHEpred,xlab="Temps (jours)",ylim=c(0,4000),ylab="Poids (g)",cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,main="Chevaine",cex.main=2,type="l",col=2,lwd=1.5)
```

```
points(temps,WCHEpredmoins,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
```

```
points(temps,WCHEpredplus,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
```

```
points(poisson2[poisson2$esp=="CHE" &
poisson2$site=="Amont",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="CHE" &
poisson2$site=="Amont",]$poids,pch=19)
```

```
points(poisson2[poisson2$esp=="CHE" &
poisson2$site=="Jonage",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="CHE" &
poisson2$site=="Jonage",]$poids,col=2,pch=19)
```

```
points(poisson2[poisson2$esp=="CHE" &
poisson2$site=="Aval",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="CHE" &
poisson2$site=="Aval",]$poids,col=3,pch=19)
```

```
text(2500,3500,as.expression(substitute(W(t)==(a-57.9*e^(-k*t))^a1*10^(-
b1)),list(a=round(aCHE,1),k=round(bCHE,4),a1=round(CHEa1,2),b1=round(CHEb1,2
))),cex=1.3)
```

```
plot(temps,WBAFpred,xlab="Temps      (jours)",ylim=c(0,4000),ylab="Poids
(g)",main="Barbeau",cex.main=2,cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,type="l",col=2,lwd=1.5)
```

```
points(temps,WBAFpredmoins,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
```

```
points(temps,WBAFpredplus,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
```

```
points(poisson2[poisson2$esp=="BAF"                                &
poisson2$site=="Amont",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BAF"      &
poisson2$site=="Amont",]$poids,pch=19)
```

```
points(poisson2[poisson2$esp=="BAF"                                &
poisson2$site=="Jonage",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BAF"    &
poisson2$site=="Jonage",]$poids,col=2,pch=19)
```

```
points(poisson2[poisson2$esp=="BAF"                                &
poisson2$site=="Aval",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BAF"      &
poisson2$site=="Aval",]$poids,col=3,pch=19)
```

```
text(2500,3500,as.expression(substitute(W(t)==(a-57.9*e^(-k*t))^a1*10^(-
b1)),list(a=round(aBAF,1),k=round(bBAF,4),a1=round(BAFa1,2),b1=round(BAFb1,2
))),cex=1.3)
```

```
plot(temps,WBREpred,xlab="Temps      (jours)",ylim=c(0,4000),ylab="Poids
(g)",main="Brème",cex.main=2,cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,type="l",col=2,lwd=1.5)
```

```
points(temps,WBREpredmoins,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
```

```
points(temps,WBREpredplus,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
```

```
points(poisson2[poisson2$esp=="BRE"                                &
poisson2$site=="Amont",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BRE"      &
poisson2$site=="Amont",]$poids,pch=19)
```

```
points(poisson2[poisson2$esp=="BRE"                                &
poisson2$site=="Jonage",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BRE"    &
poisson2$site=="Jonage",]$poids,col=2,pch=19)
```

```
points(poisson2[poisson2$esp=="BRE"                                &
poisson2$site=="Aval",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BRE"      &
poisson2$site=="Aval",]$poids,col=3,pch=19)
```

```
text(2500,3500,as.expression(substitute(W(t)==(a-57.9*e^(-k*t))^a1*10^(-
b1)),list(a=round(aBRE,1),k=round(bBRE,4),a1=round(BREa1,2),b1=round(BREb1,2
))),cex=1.3)
```

```
#Rétrocalcul de l'âge en fonction de la taille
```

```
ageBREpred2=matrix(0,length((poisson2[poisson2$esp=="BRE",]$taille)),1)
```

```
ageCHEpred2=matrix(0,length((poisson2[poisson2$esp=="CHE",]$taille)),1)
```

```
ageBAFpred2=matrix(0,length((poisson2[poisson2$esp=="BAF",]$taille)),1)
```

```
for (i in 1:length((poisson2[poisson2$esp=="BRE",]$taille)))
```

```
{
```

```
  if ((poisson2[poisson2$esp=="BRE",]$taille)[i]<aBRE) ageBREpred2[i]=
(1/bBRE)*log(1-(((poisson2[poisson2$esp=="BRE",]$taille)[i])/aBRE))-cBRE
```

```

else ageBREpred2[i]=max(temps)
}
for (i in 1:length((poisson2[poisson2$esp=="CHE",]$taille)))
{
if ((poisson2[poisson2$esp=="CHE",]$taille)[i]<aCHE) ageCHEpred2[i]=-
(1/bCHE)*log(1-(((poisson2[poisson2$esp=="CHE",]$taille)[i])/aCHE))-cCHE
else ageCHEpred2[i]=max(temps)
}
for (i in 1:length((poisson2[poisson2$esp=="BAF",]$taille)))
{
if ((poisson2[poisson2$esp=="BAF",]$taille)[i]<aBAF) ageBAFpred2[i]=-
(1/bBAF)*log(1-(((poisson2[poisson2$esp=="BAF",]$taille)[i])/aBAF))-cBAF
else ageBAFpred2[i]=max(temps)
}

par(mfrow=c(3,3))
plot(temps,WCHEpred,xlab="Temps (jours)",ylab="Poids (g)",ylim=c(0,3000),cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,main="Chevaine",cex.main=2,type="l",col=2,lwd=1.5)
points(temps,WCHEpredmoins,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,WCHEpredplus,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(ageCHEpred2,poisson2[poisson2$esp=="CHE",]$poids)
plot(temps,WBAFpred,xlab="Temps (jours)",ylab="Poids (g)",ylim=c(0,3000),main="Barbeau",cex.main=2,cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,type="l",col=2,lwd=1.5)
points(temps,WBAFpredmoins,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,WBAFpredplus,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(ageBAFpred2,poisson2[poisson2$esp=="BAF",]$poids)
plot(temps,WBREpred,xlab="Temps (jours)",ylab="Poids (g)",ylim=c(0,3000),main="Brème",cex.main=2,cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,type="l",col=2,lwd=1.5)
points(ageBREpred2,poisson2[poisson2$esp=="BRE",]$poids)
points(temps,WBREpredmoins,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,WBREpredplus,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)

#taux de croissance
gCHE=matrix(0,length(temps),1)
GCHE=matrix(0,length(temps),1)
gCHEmoins=matrix(0,length(temps),1)
GCHEmoins=matrix(0,length(temps),1)
gCHEplus=matrix(0,length(temps),1)

```

```

GCHEplus=matrix(0,length(temps),1)

for (i in 1:length(temps))
{
gCHE[i]=(log(WCHEpred[i+1])-log(WCHEpred[i]))
GCHE[i]=exp(gCHE[i])-1
gCHEmoins[i]=(log(WCHEpredmoins[i+1])-log(WCHEpredmoins[i]))
GCHEmoins[i]=exp(gCHEmoins[i])-1
gCHEplus[i]=(log(WCHEpredplus[i+1])-log(WCHEpredplus[i]))
GCHEplus[i]=exp(gCHEplus[i])-1
}

gBAF=matrix(0,length(temps),1)
GBAF=matrix(0,length(temps),1)
gBAFmoins=matrix(0,length(temps),1)
GBAFmoins=matrix(0,length(temps),1)
gBAFplus=matrix(0,length(temps),1)
GBAFplus=matrix(0,length(temps),1)

for (i in 1:length(temps))
{
gBAF[i]=(log(WBAFpred[i+1])-log(WBAFpred[i]))
GBAF[i]=exp(gBAF[i])-1
gBAFmoins[i]=(log(WBAFpredmoins[i+1])-log(WBAFpredmoins[i]))
GBAFmoins[i]=exp(gBAFmoins[i])-1
gBAFplus[i]=(log(WBAFpredplus[i+1])-log(WBAFpredplus[i]))
GBAFplus[i]=exp(gBAFplus[i])-1
}

gBRE=matrix(0,length(temps),1)
GBRE=matrix(0,length(temps),1)
gBREmoins=matrix(0,length(temps),1)
GBREmoins=matrix(0,length(temps),1)
gBREplus=matrix(0,length(temps),1)
GBREplus=matrix(0,length(temps),1)

for (i in 1:length(temps))
{
gBRE[i]=(log(WBREpred[i+1])-log(WBREpred[i]))

```

```

GBRE[i]=exp(gBRE[i])-1
gBREmoins[i]=(log(WBREpredmoins[i+1])-log(WBREpredmoins[i]))
GBREmoins[i]=exp(gBREmoins[i])-1
gBREplus[i]=(log(WBREpredplus[i+1])-log(WBREpredplus[i]))
GBREplus[i]=exp(gBREplus[i])-1
}

#Représentation du taux de croissance (en cm/j)
par(mfrow=c(3,3))
plot(temps,GCHE,type="l",ylab="G(t)",cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,cex.main=2,col=2,lwd=1.5,main="Chevaine")
points(temps,GCHEmoins,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,GCHEplus,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
plot(temps,GBAF,type="l",ylab="G(t)",cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,cex.main=2,col=2,lwd=1.5,main="Barbeau")
plot(temps,GBRE,type="l",ylab="G(t)",cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,cex.main=2,col=2,lwd=1.5,main="Breme")

plot(temps,log10(GCHE),type="l",ylab="log(G(t))",cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,cex.main=2,col=2,lwd=1.5,main="Chevaine")
points(temps,log10(GCHEmoins),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,log10(GCHEplus),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
plot(temps,log10(GBAF),type="l",ylab="log(G(t))",cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,cex.main=2,col=2,lwd=1.5,main="Barbeau")
points(temps,log10(GBAFmoins),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,log10(GBAFplus),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
plot(temps,log10(GBRE),type="l",ylab="log(G(t))",cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,cex.main=2,col=2,lwd=1.5,main="Breme")
points(temps,log10(GBREmoins),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,log10(GBREplus),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)

#Représentation du taux de croissance (en mm/j)
par(mfrow=c(3,3))
plot(temps,GCHE*1000,type="l",ylab="G(t)",cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,cex.main=2,col=2,lwd=1.5,main="Chevaine")
points(temps,GCHEmoins*1000,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,GCHEplus*1000,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
plot(temps,GBAF*1000,type="l",ylab="G(t)",cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,cex.main=2,col=2,lwd=1.5,main="Barbeau")
plot(temps,GBRE*1000,type="l",ylab="G(t)",cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,cex.main=2,col=2,lwd=1.5,main="Breme")

```

```

plot(temps,log10(GCHE*1000),type="l",ylab="log(G(t))",cex.lab=1.5,cex.axis=
1.3,cex.main=2,col=2,lwd=1.5,main="Chevaine")
points(temps,log10(GCHEmoins*1000),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,log10(GCHEplus*1000),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
plot(temps,log10(GBAF*1000),type="l",ylab="log(G(t))",cex.lab=1.5,cex.axis=
1.3,cex.main=2,col=2,lwd=1.5,main="Barbeau")
points(temps,log10(GBAFmoins*1000),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,log10(GBAFplus*1000),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
plot(temps,log10(GBRE*1000),type="l",ylab="log(G(t))",cex.lab=1.5,cex.axis=
1.3,cex.main=2,col=2,lwd=1.5,main="Breme")
points(temps,log10(GBREmoins*1000),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,log10(GBREplus*1000),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)

```

#Croissance sur 5 mois seulement (mi-mai à mi-octobre), les autres mois croissance nulle

```

LCHET=matrix(0,1,Ntemps)
LBAFT=matrix(0,1,Ntemps)
LBRET=matrix(0,1,Ntemps)
LCHETmoins=matrix(0,1,Ntemps)
LBAFTmoins=matrix(0,1,Ntemps)
LBRETmoins=matrix(0,1,Ntemps)
LCHETplus=matrix(0,1,Ntemps)
LBAFTplus=matrix(0,1,Ntemps)
LBRETplus=matrix(0,1,Ntemps)

```

```

LCHET[1]=LOCHE #Condition initiale
LBAFT[1]=LOBAF #Condition initiale
LBRET[1]=LOBRE #Condition initiale
LCHETmoins[1]=LOCHE #Condition initiale
LBAFTmoins[1]=LOBAF #Condition initiale
LBRETmoins[1]=LOBRE #Condition initiale
LCHETplus[1]=LOCHE #Condition initiale
LBAFTplus[1]=LOBAF #Condition initiale
LBRETplus[1]=LOBRE #Condition initiale

```

#Première année: naissance fin mai à j=142 et croissance pendant 148j jusqu'à j=290, puis aucune croissance jusqu'à mi-mai l'année d'après, soit j=358

```

k1=148/pasintegr
q1=k1+1

```

```

z1=358
for(a in 2:k1)
{
b=a-1
LCHET[a]=exp(-bCHE*365/155)*LCHET[b]-(exp(-bCHE*365/155)-1)*aCHE
LBAFT[a]=exp(-bBAF*365/155)*LBAFT[b]-(exp(-bBAF*365/155)-1)*aBAF
LBRET[a]=exp(-bBRE*365/155)*LBRET[b]-(exp(-bBRE*365/155)-1)*aBRE
LCHETmoins[a]=exp(-(bCHE-bCHEsd)*365/155)*LCHETmoins[b]-(exp(-(bCHE-
bCHEsd)*365/155)-1)*(aCHE-aCHEsd)
LBAFTmoins[a]=exp(-(bBAF-bBAFsd)*365/155)*LBAFTmoins[b]-(exp(-(bBAF-
bBAFsd)*365/155)-1)*(aBAF-aBAFsd)
LBRETmoins[a]=exp(-(bBRE-bBREsd)*365/155)*LBRETmoins[b]-(exp(-(bBRE-
bBREsd)*365/155)-1)*(aBRE-aBREsd)
LCHETplus[a]=exp(-(bCHE+bCHEsd)*365/155)*LCHETplus[b]-(exp(-
(bCHE+bCHEsd)*365/155)-1)*(aCHE+aCHEsd)
LBAFTplus[a]=exp(-(bBAF+bBAFsd)*365/155)*LBAFTplus[b]-(exp(-
(bBAF+bBAFsd)*365/155)-1)*(aBAF+aBAFsd)
LBRETplus[a]=exp(-(bBRE+bBREsd)*365/155)*LBRETplus[b]-(exp(-
(bBRE+bBREsd)*365/155)-1)*(aBRE+aBREsd)
}
for(n in q1:z1)
{
LCHET[n]=LCHET[k1]
LBAFT[n]=LBAFT[k1]
LBRET[n]=LBRET[k1]
LCHETmoins[n]=LCHETmoins[k1]
LBAFTmoins[n]=LBAFTmoins[k1]
LBRETmoins[n]=LBRETmoins[k1]
LCHETplus[n]=LCHETplus[k1]
LBAFTplus[n]=LBAFTplus[k1]
LBRETplus[n]=LBRETplus[k1]
}
#pour les année 2 à 14: croissance pendant 155j
for(i in 2:15)
{
j=z1+1
k=j+154
q=k+1
z1=358+(i-1)*365
for(a in j:k)
{

```

```

s=a-1
LCHET[a]=exp(-bCHE*365/155)*LCHET[s]-(exp(-bCHE*365/155)-1)*aCHE
LBRET[a]=exp(-bBRE*365/155)*LBRET[s]-(exp(-bBRE*365/155)-1)*aBRE
LBAFT[a]=exp(-bBAF*365/155)*LBAFT[s]-(exp(-bBAF*365/155)-1)*aBAF
LCHETmoins[a]=exp(-(bCHE-bCHEsd)*365/155)*LCHETmoins[s]-(exp(-(bCHE-
bCHEsd)*365/155)-1)*(aCHE-aCHEsd)
LBRETmoins[a]=exp(-(bBRE-bBREsd)*365/155)*LBRETmoins[s]-(exp(-(bBRE-
bBREsd)*365/155)-1)*(aBRE-aBREsd)
LBAFTmoins[a]=exp(-(bBAF-bBAFsd)*365/155)*LBAFTmoins[s]-(exp(-(bBAF-
bBAFsd)*365/155)-1)*(aBAF-aBAFsd)
LCHETplus[a]=exp(-(bCHE+bCHEsd)*365/155)*LCHETplus[s]-(exp(-
(bCHE+bCHEsd)*365/155)-1)*(aCHE+aCHEsd)
LBRETplus[a]=exp(-(bBRE+bBREsd)*365/155)*LBRETplus[s]-(exp(-
(bBRE+bBREsd)*365/155)-1)*(aBRE+aBREsd)
LBAFTplus[a]=exp(-(bBAF+bBAFsd)*365/155)*LBAFTplus[s]-(exp(-
(bBAF+bBAFsd)*365/155)-1)*(aBAF+aBAFsd)
}

if(i==15)
{
for(n in q:Ntemps)
{
LCHET[n]=LCHET[k]
LBAFT[n]=LBAFT[k]
LBRET[n]=LBRET[k]
LCHETmoins[n]=LCHETmoins[k]
LBAFTmoins[n]=LBAFTmoins[k]
LBRETmoins[n]=LBRETmoins[k]
LCHETplus[n]=LCHETplus[k]
LBAFTplus[n]=LBAFTplus[k]
LBRETplus[n]=LBRETplus[k]
}
}
else
{
for(n in q:z1)
{
LCHET[n]=LCHET[k]
LBRET[n]=LBRET[k]
LBAFT[n]=LBAFT[k]
LCHETmoins[n]=LCHETmoins[k]
}
}

```



```

LBRETmoins[n]=LBRETmoins[k]
LBAFTmoins[n]=LBAFTmoins[k]
LCHETplus[n]=LCHETplus[k]
LBRETplus[n]=LBRETplus[k]
LBAFTplus[n]=LBAFTplus[k]
}
}
}

WCHEpredT=(LCHET^CHEa1)*10^(-CHEb1)
WCHEpredTmoins=(LCHETmoins^CHEa1)*10^(-CHEb1)
WCHEpredTplus=(LCHETplus^CHEa1)*10^(-CHEb1)

WBAFpredT=(LBAFT^BAFa1)*10^(-BAFb1)
WBAFpredTmoins=(LBAFTmoins^BAFa1)*10^(-BAFb1)
WBAFpredTplus=(LBAFTplus^BAFa1)*10^(-BAFb1)

WBREpredT=(LBRET^BREa1)*10^(-BREb1)
WBREpredTmoins=(LBRETmoins^BREa1)*10^(-BREb1)
WBREpredTplus=(LBRETplus^BREa1)*10^(-BREb1)

#Retrocalcul de l'âge
ageBREpredT2=matrix(0,length((poisson2[poisson2$esp=="BRE",]$taille)),1)
ageCHEpredT2=matrix(0,length((poisson2[poisson2$esp=="CHE",]$taille)),1)
ageBAFpredT2=matrix(0,length((poisson2[poisson2$esp=="BAF",]$taille)),1)
for (i in 1:length((poisson2[poisson2$esp=="BRE",]$taille)))
{
  if ((poisson2[poisson2$esp=="BRE",]$taille)[i]<aBRE) ageBREpredT2[i]=-
(1/bBRE)*log(1-(((poisson2[poisson2$esp=="BRE",]$taille)[i])/aBRE))-cBRE
  else ageBREpredT2[i]=max(temps)
}
for (i in 1:length((poisson2[poisson2$esp=="CHE",]$taille)))
{
  if ((poisson2[poisson2$esp=="CHE",]$taille)[i]<aCHE) ageCHEpredT2[i]=-
(1/bCHE)*log(1-(((poisson2[poisson2$esp=="CHE",]$taille)[i])/aCHE))-cCHE
  else ageCHEpredT2[i]=max(temps)
}
for (i in 1:length((poisson2[poisson2$esp=="BAF",]$taille)))
{

```

```

    if ((poisson2[poisson2$esp=="BAF",]$taille)[i]<aBAF) ageBAFpredT2[i]=
(1/bBAF)*log(1-(((poisson2[poisson2$esp=="BAF",]$taille)[i])/aBAF))-cBAF
    else ageBAFpredT2[i]=max(temps)
  }

poisson2[poisson2$esp=="BRE",44]=ageBREpredT2
poisson2[poisson2$esp=="BAF",44]=ageBAFpredT2
poisson2[poisson2$esp=="CHE",44]=ageCHEpredT2
names(poisson2)[44]="retroage"
poisson2[,45]=round(poisson2$retroage+ecart)
names(poisson2)[45]="retroage2"

par(mar=c(5.1,5.1,4.1,2.1))
par(mfrow=c(3,3))
plot(temps,LCHET,xlab="Temps (jours)",ylim=c(0,70),ylab="Taille
(cm)",cex.lab=1.8,cex.axis=1.8,main="Chevaine",cex.main=2,type="l",col=2,lwd=1
.5)
points(temps,LCHETmoins,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,LCHETplus,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(poisson2[poisson2$esp=="CHE" &
poisson2$site=="Amont",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="CHE" &
poisson2$site=="Amont",]$taille,pch=19)
points(poisson2[poisson2$esp=="CHE" &
poisson2$site=="Jonage",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="CHE" &
poisson2$site=="Jonage",]$taille,col=2,pch=19)
points(poisson2[poisson2$esp=="CHE" &
poisson2$site=="Aval",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="CHE" &
poisson2$site=="Aval",]$taille,col=3,pch=19)
#text(3000,5,as.expression(substitute(L(t)==a-51.2*e^(-
k*t)),list(a=round(aCHE,1),k=round(bCHE*365/155,4))))),cex=1.5)

plot(temps,LBAFT,xlab="Temps (jours)",ylim=c(0,70),ylab="Taille
(cm)",cex.lab=1.8,cex.axis=1.8,main="Barbeau",cex.main=2,type="l",col=2,lwd=1
.5)
points(temps,LBAFTmoins,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,LBAFTplus,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(poisson2[poisson2$esp=="BAF" &
poisson2$site=="Amont",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BAF" &
poisson2$site=="Amont",]$taille,pch=19)
points(poisson2[poisson2$esp=="BAF" &
poisson2$site=="Jonage",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BAF" &
poisson2$site=="Jonage",]$taille,col=2,pch=19)
points(poisson2[poisson2$esp=="BAF" &
poisson2$site=="Aval",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BAF" &
poisson2$site=="Aval",]$taille,col=3,pch=19)

```

```

#text(3000,5,as.expression(substitute(L(t)==a-51.2*e^(-
k*t),list(a=round(aBAF,1),k=round(bBAF*365/155,4))))),cex=1.5)

plot(temps,LBRET,xlab="Temps      (jours)",ylim=c(0,70),ylab="Taille
(cm)",cex.lab=1.8,cex.axis=1.8,main="Brème",cex.main=2,type="l",col=2,lwd=1.5)
points(temps,LBRETmoins,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,LBRETplus,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(poisson2[poisson2$esp=="BRE"                                &
poisson2$site=="Amont",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BRE"      &
poisson2$site=="Amont",]$taille,pch=19)
points(poisson2[poisson2$esp=="BRE"                                &
poisson2$site=="Jonage",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BRE"     &
poisson2$site=="Jonage",]$taille,col=2,pch=19)
points(poisson2[poisson2$esp=="BRE"                                &
poisson2$site=="Aval",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BRE"      &
poisson2$site=="Aval",]$taille,col=3,pch=19)
#text(3000,5,as.expression(substitute(L(t)==a-51.2*e^(-
k*t),list(a=round(aBRE,1),k=round(bBRE*365/155,4))))),cex=1.5)

plot(temps,WCHEpredT,xlab="Temps      (jours)",ylim=c(0,4000),ylab="Poids
(g)",cex.lab=1.8,cex.axis=1.8,main="Chevaine",cex.main=2,type="l",col=2,lwd=1.5
)
points(temps,WCHEpredTmoins,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,WCHEpredTplus,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(poisson2[poisson2$esp=="CHE"                                &
poisson2$site=="Amont",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="CHE"      &
poisson2$site=="Amont",]$poids,pch=19)
points(poisson2[poisson2$esp=="CHE"                                &
poisson2$site=="Jonage",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="CHE"     &
poisson2$site=="Jonage",]$poids,col=2,pch=19)
points(poisson2[poisson2$esp=="CHE"                                &
poisson2$site=="Aval",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="CHE"      &
poisson2$site=="Aval",]$poids,col=3,pch=19)
#text(2500,3500,as.expression(substitute(W(t)==(a-57.9*e^(-
k*t))^a1*10^(-
b1),list(a=round(aCHE,1),k=round(bCHE,4),a1=round(CHEa1,2),b1=round(CHEb1,2
))))),cex=1.3)

plot(temps,WBAFpredT,xlab="Temps      (jours)",ylim=c(0,4000),ylab="Poids
(g)",main="Barbeau",cex.main=2,cex.lab=1.8,cex.axis=1.8,type="l",col=2,lwd=1.5)
points(temps,WBAFpredTmoins,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,WBAFpredTplus,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(poisson2[poisson2$esp=="BAF"                                &
poisson2$site=="Amont",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BAF"      &
poisson2$site=="Amont",]$poids,pch=19)

```

```

points(poisson2[poisson2$esp=="BAF"                                &
poisson2$site=="Jonage",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BAF"      &
poisson2$site=="Jonage",]$poids,col=2,pch=19)

points(poisson2[poisson2$esp=="BAF"                                &
poisson2$site=="Aval",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BAF"      &
poisson2$site=="Aval",]$poids,col=3,pch=19)

#text(2500,3500,as.expression(substitute(W(t)==(a-57.9*e^(-
k*t))^a1*10^(-
b1)),list(a=round(aBAF,1),k=round(bBAF,4),a1=round(BAFa1,2),b1=round(BAFb1,2)
))),cex=1.3)

plot(temps,WBREpredT,xlab="Temps      (jours)",ylim=c(0,4000),ylab="Poids
(g)",main="Brème",cex.main=2,cex.lab=1.8,cex.axis=1.8,type="l",col=2,lwd=1.5)
points(temps,WBREpredTmoins,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,WBREpredTplus,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)

points(poisson2[poisson2$esp=="BRE"                                &
poisson2$site=="Amont",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BRE"      &
poisson2$site=="Amont",]$poids,pch=19)

points(poisson2[poisson2$esp=="BRE"                                &
poisson2$site=="Jonage",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BRE"      &
poisson2$site=="Jonage",]$poids,col=2,pch=19)

points(poisson2[poisson2$esp=="BRE"                                &
poisson2$site=="Aval",]$age2,poisson2[poisson2$esp=="BRE"      &
poisson2$site=="Aval",]$poids,col=3,pch=19)

#text(2500,3500,as.expression(substitute(W(t)==(a-57.9*e^(-
k*t))^a1*10^(-
b1)),list(a=round(aBRE,1),k=round(bBRE,4),a1=round(BREa1,2),b1=round(BREb1,2)
))),cex=1.3)

```

```
#taux de croissance
```

```
gCHET=matrix(0,length(temps),1)
```

```
GCHET=matrix(0,length(temps),1)
```

```
gCHETmoins=matrix(0,length(temps),1)
```

```
GCHETmoins=matrix(0,length(temps),1)
```

```
gCHETplus=matrix(0,length(temps),1)
```

```
GCHETplus=matrix(0,length(temps),1)
```

```
for (i in 1:length(temps))
```

```
{
```

```
gCHET[i]=(log(WCHEpredT[i+1])-log(WCHEpredT[i]))
```

```
GCHET[i]=exp(gCHET[i])-1
```

```
gCHETmoins[i]=(log(WCHEpredTmoins[i+1])-log(WCHEpredTmoins[i]))
```

```
GCHETmoins[i]=exp(gCHETmoins[i])-1
```

```

gCHETplus[i]=(log(WCHEpredTplus[i+1])-log(WCHEpredTplus[i]))
GCHETplus[i]=exp(gCHETplus[i])-1
}

```

```

gBAFT=matrix(0,length(temps),1)
GBAFT=matrix(0,length(temps),1)
gBAFTmoins=matrix(0,length(temps),1)
GBAFTmoins=matrix(0,length(temps),1)
gBAFTplus=matrix(0,length(temps),1)
GBAFTplus=matrix(0,length(temps),1)

```

```

for (i in 1:length(temps))
{
gBAFT[i]=(log(WBAFpredT[i+1])-log(WBAFpredT[i]))
GBAFT[i]=exp(gBAFT[i])-1
gBAFTmoins[i]=(log(WBAFpredTmoins[i+1])-log(WBAFpredTmoins[i]))
GBAFTmoins[i]=exp(gBAFTmoins[i])-1
gBAFTplus[i]=(log(WBAFpredTplus[i+1])-log(WBAFpredTplus[i]))
GBAFTplus[i]=exp(gBAFTplus[i])-1
}

```

```

gBRET=matrix(0,length(temps),1)
GBRET=matrix(0,length(temps),1)
gBRETmoins=matrix(0,length(temps),1)
GBRETmoins=matrix(0,length(temps),1)
gBRETplus=matrix(0,length(temps),1)
GBRETplus=matrix(0,length(temps),1)

```

```

for (i in 1:length(temps))
{
gBRET[i]=(log(WBREpredT[i+1])-log(WBREpredT[i]))
GBRET[i]=exp(gBRET[i])-1
gBRETmoins[i]=(log(WBREpredTmoins[i+1])-log(WBREpredTmoins[i]))
GBRETmoins[i]=exp(gBRETmoins[i])-1
gBRETplus[i]=(log(WBREpredTplus[i+1])-log(WBREpredTplus[i]))
GBRETplus[i]=exp(gBRETplus[i])-1
}

```

```

#Représentation du taux de croissance (en cm/j)

```

```

par(mfrow=c(3,3))
plot(temps,GCHET,type="l",ylab="G(t)",cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,cex.main=2,
col=2,lwd=1.5,main="Chevaine")
points(temps,GCHETmoins,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,GCHETplus,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
plot(temps,GBAFT,type="l",ylab="G(t)",cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,cex.main=2,
col=2,lwd=1.5,main="Barbeau")
plot(temps,GBRET,type="l",ylab="G(t)",cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,cex.main=2,
col=2,lwd=1.5,main="Breme")

plot(temps,log10(GCHET),type="l",ylab="log(G(t))",cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,c
ex.main=2,col=2,lwd=1.5,main="Chevaine")
points(temps,log10(GCHETmoins),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,log10(GCHETplus),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
plot(temps,log10(GBAFT),type="l",ylab="log(G(t))",cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,c
ex.main=2,col=2,lwd=1.5,main="Barbeau")
points(temps,log10(GBAFTmoins),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,log10(GBAFTplus),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
plot(temps,log10(GBRET),type="l",ylab="log(G(t))",cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,c
ex.main=2,col=2,lwd=1.5,main="Breme")
points(temps,log10(GBRETmoins),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,log10(GBRETplus),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)

#Représentation du taux de croissance (en mm/j)
par(mfrow=c(3,3))
plot(temps,GCHET*1000,type="l",ylab="G(t)",cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,cex.m
ain=2,col=2,lwd=1.5,main="Chevaine")
points(temps,GCHETmoins*1000,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,GCHETplus*1000,type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
plot(temps,GBAFT*1000,type="l",ylab="G(t)",cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,cex.ma
in=2,col=2,lwd=1.5,main="Barbeau")
plot(temps,GBRET*1000,type="l",ylab="G(t)",cex.lab=1.5,cex.axis=1.3,cex.m
ain=2,col=2,lwd=1.5,main="Breme")

plot(temps,log10(GCHET*1000),type="l",ylab="log(G(t))",cex.lab=1.5,cex.axis
=1.3,cex.main=2,col=2,lwd=1.5,main="Chevaine")
points(temps,log10(GCHETmoins*1000),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,log10(GCHETplus*1000),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
plot(temps,log10(GBAFT*1000),type="l",ylab="log(G(t))",cex.lab=1.5,cex.axis
=1.3,cex.main=2,col=2,lwd=1.5,main="Barbeau")
points(temps,log10(GBAFTmoins*1000),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,log10(GBAFTplus*1000),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)

```

```

plot(temps,log10(GBRET*1000),type="l",ylab="log(G(t))",cex.lab=1.5,cex.axis
=1.3,cex.main=2,col=2,lwd=1.5,main="Breme")
points(temps,log10(GBRETmoins*1000),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)
points(temps,log10(GBRETplus*1000),type="l",col=2,lwd=1.5,lty=2)

```

3-Taux.r

```

#Fichier 3: calcul des différents taux impliqués

#concentration en oxygène dissous dans l'eau
#Nostrom et al. (1976): Å 100% de saturation
#Co2=(14.45-
0.413*temperaturereel+0.00556*temperaturereel*temperaturereel)
Co2=(14.45-0.413*temperaturetot+0.00556*temperaturetot*temperaturetot)
Eo2=0.65
logKow=6.92
Kow=10^logKow #pour PCB153

#Efficacite d'assimilation des PCB dissous depend de Kow (donc du congener)
logalphaw=2.9-0.5*log10(Kow) #pour congener fortement chlores, i.e. 118,
138, 153, 180
alphaw=10^logalphaw
for(i in 1:length(alphaw))
{
if(alphaw[i]>0.8) alphaw[i]=0.8 #pour congener faiblement chlores
}

#Efficacite d'assimilation des PCB assimilés (particulaires) depend de Kow
(donc du congener)
betac=(0.0000003*Kow+2)^(-1) #selon Arnot et Gobas, 2004
for(i in 1:length(betac))
{
if(betac[i]>0.8) betac[i]=0.8 #pour congener faiblement chlores
}

#Taux d'élimination par les branchies
#calcul de la fraction lipidique (g lipides / g poids frais)
poisson2[,46]=poisson2$MG*poisson2$poidssec/(100*poisson2$poidsfrais)
names(poisson2)[46]="FL"
#Relation poids/FL

```

```
FLpoiBRE=lm(poisson2[poisson2$esp=="BRE",]$FL~poisson2[poisson2$esp=="BRE",]$poids)
```

```
FLpoiCHE=lm(poisson2[poisson2$esp=="CHE",]$FL~poisson2[poisson2$esp=="CHE",]$poids)
```

```
FLpoiBAF=lm(poisson2[poisson2$esp=="BAF",]$FL~poisson2[poisson2$esp=="BAF",]$poids)
```

```
#Taux moyen d'excretion
```

```
#Ballestrazzi et Lanari (1996)
```

```
lnEBAFmean=(-1.92)+0.221*log(WBAFpredT)
```

```
EBAFmean=exp(lnEBAFmean)
```

```
lnEBREmean=(-1.92)+0.221*log(WBREpredT)
```

```
EBREmean=exp(lnEBREmean)
```

```
lnECHEmean=(-1.92)+0.221*log(WCHEpredT)
```

```
ECHEmean=exp(lnECHEmean)
```

```
#Gobas et al, 2004 et 2010
```

```
VLDChiroAmont=0.0047 #VLD = contenu lipidique des proies
```

```
VNDChiroAmont=0.0003 #VND = contenu non lipidique des proies
```

```
VWDChiroAmont=0.034 #VWD = contenu en eau des proies
```

```
VLDChiroJonage=0.0025
```

```
VNDChiroJonage=0.0015
```

```
VWDChiroJonage=0.015
```

```
VLDChiroAval=0.0006
```

```
VNDChiroAval=0.0004
```

```
VWDChiroAval=0.008
```

```
VLDgammareAmont=0.001
```

```
VNDgammareAmont=0.0025
```

```
VWDgammareAmont=0.0125
```

```
VLDgammareJonage=0.0038
```

```
VNDgammareJonage=0.0102
```

```
VWDgammareJonage=0.043
```

```
VLDgammareAval=0.003
```

```
VNDgammareAval=0.006
```

```
VWDgammareAval=0.03
```

```
VLDdephAmont=0.011
```

```
VNDdephAmont=0.0015
```

```
VWDdephAmont=0.025
```

```
VLDdephJonage=0.0016
```

```
VNDdephJonage=0.0004
```


VWDephJonage=0.007
VLDephAval=0.0063
VNDephAval=0.001
VWDephAval=0.016
VLDcorbiAmont=0.003
VNDcorbiAmont=0.017
VWDcorbiAmont=0.023
VLDcorbiJonage=0.001
VNDcorbiJonage=0.003
VWDcorbiJonage=0.006
VLDcorbiAval=0.0023
VNDcorbiAval=0.0247
VWDcorbiAval=0.033

#Préférences alimentaires envers chaque type de proie

#A GDL:

Q1BAFJonage=0.4 #chiro
Q2BAFJonage=0.3 #gammares
Q3BAFJonage=0.1 #ephemere
Q4BAFJonage=0.2 #pisidum
Q1BREJonage=0.66 #cf GCA brÃ"me jonage
Q2BREJonage=0.1
Q3BREJonage=0.01
Q4BREJonage=0.32
Q1CHEJonage=0.3 #cf GCA chevaine jonage
Q2CHEJonage=0.3
Q3CHEJonage=0.2
Q4CHEJonage=0.2

#A MTE:

Q1BAFAmont=0.28 #cf GCA barbeau jonage
Q2BAFAmont=0.2
Q3BAFAmont=0.36
Q4BAFAmont=0.13
Q1BREAmont=0.6 #cf GCA brÃ"me jonage
Q2BREAmont=0.02
Q3BREAmont=0.01
Q4BREAmont=0.38
Q1CHEAmont=0.26 #cf GCA chevaine jonage
Q2CHEAmont=0.27

Q3CHEAmont=0.03
 Q4CHEAmont=0.16
 #A BRE:
 Q1BAFAval=0.01 #chiro
 Q2BAFAval=0.96 #gammares
 Q3BAFAval=0.02 #ephemere
 Q4BAFAval=0.02 #pisidum
 Q1BREAmont=0.32 #cf GCA brÃme jonage
 Q2BREAmont=0.16
 Q3BREAmont=0.15
 Q4BREAmont=0.38
 Q1CHEAval=0.12 #cf GCA chevaine jonage
 Q2CHEAval=0.63
 Q3CHEAval=0.05
 Q4CHEAval=0.1

$$VLDBAFAmont=(Q1BAFAmont*VLDChiroAmont+Q2BAFAmont*VLDgammareAmont+Q3BAFAmont*VLDephAmont+Q4BAFAmont*VLDcorbiAmont)$$

$$VNDBAFAmont=(Q1BAFAmont*VNDChiroAmont+Q2BAFAmont*VNDgammareAmont+Q3BAFAmont*VNDephAmont+Q4BAFAmont*VNDcorbiAmont)$$

$$VWDBAFAmont=(Q1BAFAmont*VWDChiroAmont+Q2BAFAmont*VWDgammareAmont+Q3BAFAmont*VWDephAmont+Q4BAFAmont*VWDcorbiAmont)$$

$$VLDBAFJonage=(Q1BAFJonage*VLDChiroJonage+Q2BAFJonage*VLDgammareJonage+Q3BAFJonage*VLDephJonage+Q4BAFJonage*VLDcorbiJonage)$$

$$VNDBAFJonage=(Q1BAFJonage*VNDChiroJonage+Q2BAFJonage*VNDgammareJonage+Q3BAFJonage*VNDephJonage+Q4BAFJonage*VNDcorbiJonage)$$

$$VWDBAFJonage=(Q1BAFJonage*VWDChiroJonage+Q2BAFJonage*VWDgammareJonage+Q3BAFJonage*VWDephJonage+Q4BAFJonage*VWDcorbiJonage)$$

$$VLDBAFAval=(Q1BAFAval*VLDChiroAval+Q2BAFAval*VLDgammareAval+Q3BAFAval*VLDephAval+Q4BAFAval*VLDcorbiAval)$$

$$VNDBAFAval=(Q1BAFAval*VNDChiroAval+Q2BAFAval*VNDgammareAval+Q3BAFAval*VNDephAval+Q4BAFAval*VNDcorbiAval)$$

$$VWDBAFAval=(Q1BAFAval*VWDChiroAval+Q2BAFAval*VWDgammareAval+Q3BAFAval*VWDephAval+Q4BAFAval*VWDcorbiAval)$$

$$VLDBREAmont=(Q1BREAmont*VLDChiroAmont+Q2BREAmont*VLDgammareAmont+Q3BREAmont*VLDephAmont+Q4BREAmont*VLDcorbiAmont)$$

$$VNDBREAmont=(Q1BREAmont*VNDChiroAmont+Q2BREAmont*VNDgammareAmont+Q3BREAmont*VNDephAmont+Q4BREAmont*VNDcorbiAmont)$$

$$VWDBREAmont=(Q1BREAmont*VWDChiroAmont+Q2BREAmont*VWDgammareAmont+Q3BREAmont*VWDephAmont+Q4BREAmont*VWDcorbiAmont)$$

$$VLDBREJonage=(Q1BREJonage*VLDChiroJonage+Q2BREJonage*VLDgammareJonage+Q3BREJonage*VLDephJonage+Q4BREJonage*VLDcorbiJonage)$$

$$\text{VNDBREJonage}=(\text{Q1BREJonage}*\text{VNDChiroJonage}+\text{Q2BREJonage}*\text{VNDgammareJonage}+\text{Q3BREJonage}*\text{VNDephJonage}+\text{Q4BREJonage}*\text{VNDcorbiJonage})$$

$$\text{VWDBREJonage}=(\text{Q1BREJonage}*\text{VWDChiroJonage}+\text{Q2BREJonage}*\text{VWDgammareJonage}+\text{Q3BREJonage}*\text{VWDephJonage}+\text{Q4BREJonage}*\text{VWDcorbiJonage})$$

$$\text{VLDBREAval}=(\text{Q1BREAval}*\text{VLDChiroAval}+\text{Q2BREAval}*\text{VLDgammareAval}+\text{Q3BREAval}*\text{VLDephAval}+\text{Q4BREAval}*\text{VLDcorbiAval})$$

$$\text{VNDBREAval}=(\text{Q1BREAval}*\text{VNDChiroAval}+\text{Q2BREAval}*\text{VNDgammareAval}+\text{Q3BREAval}*\text{VNDephAval}+\text{Q4BREAval}*\text{VNDcorbiAval})$$

$$\text{VWDBREAval}=(\text{Q1BREAval}*\text{VWDChiroAval}+\text{Q2BREAval}*\text{VWDgammareAval}+\text{Q3BREAval}*\text{VWDephAval}+\text{Q4BREAval}*\text{VWDcorbiAval})$$

$$\text{VLDCHEAmont}=(\text{Q1CHEAmont}*\text{VLDChiroAmont}+\text{Q2CHEAmont}*\text{VLDgammareAmont}+\text{Q3CHEAmont}*\text{VLDephAmont}+\text{Q4CHEAmont}*\text{VLDcorbiAmont})$$

$$\text{VNDCHEAmont}=(\text{Q1CHEAmont}*\text{VNDChiroAmont}+\text{Q2CHEAmont}*\text{VNDgammareAmont}+\text{Q3CHEAmont}*\text{VNDephAmont}+\text{Q4CHEAmont}*\text{VNDcorbiAmont})$$

$$\text{VWDCHEAmont}=(\text{Q1CHEAmont}*\text{VWDChiroAmont}+\text{Q2CHEAmont}*\text{VWDgammareAmont}+\text{Q3CHEAmont}*\text{VWDephAmont}+\text{Q4CHEAmont}*\text{VWDcorbiAmont})$$

$$\text{VLDCHEJonage}=(\text{Q1CHEJonage}*\text{VLDChiroJonage}+\text{Q2CHEJonage}*\text{VLDgammareJonage}+\text{Q3CHEJonage}*\text{VLDephJonage}+\text{Q4CHEJonage}*\text{VLDcorbiJonage})$$

$$\text{VNDCHEJonage}=(\text{Q1CHEJonage}*\text{VNDChiroJonage}+\text{Q2CHEJonage}*\text{VNDgammareJonage}+\text{Q3CHEJonage}*\text{VNDephJonage}+\text{Q4CHEJonage}*\text{VNDcorbiJonage})$$

$$\text{VWDCHEJonage}=(\text{Q1CHEJonage}*\text{VWDChiroJonage}+\text{Q2CHEJonage}*\text{VWDgammareJonage}+\text{Q3CHEJonage}*\text{VWDephJonage}+\text{Q4CHEJonage}*\text{VWDcorbiJonage})$$

$$\text{VLDCHEAval}=(\text{Q1CHEAval}*\text{VLDChiroAval}+\text{Q2CHEAval}*\text{VLDgammareAval}+\text{Q3CHEAval}*\text{VLDephAval}+\text{Q4CHEAval}*\text{VLDcorbiAval})$$

$$\text{VNDCHEAval}=(\text{Q1CHEAval}*\text{VNDChiroAval}+\text{Q2CHEAval}*\text{VNDgammareAval}+\text{Q3CHEAval}*\text{VNDephAval}+\text{Q4CHEAval}*\text{VNDcorbiAval})$$

$$\text{VWDCHEAval}=(\text{Q1CHEAval}*\text{VWDChiroAval}+\text{Q2CHEAval}*\text{VWDgammareAval}+\text{Q3CHEAval}*\text{VWDephAval}+\text{Q4CHEAval}*\text{VWDcorbiAval})$$

$$\text{nanouBAFamont}=(1-0.9)*\text{VLDBAFamont}+(1-0.5)*\text{VNDBAFamont}+(1-0.55)*\text{VWDBAFamont}$$

$$\text{nanouBAFJonage}=(1-0.9)*\text{VLDBAFJonage}+(1-0.5)*\text{VNDBAFJonage}+(1-0.55)*\text{VWDBAFJonage}$$

$$\text{nanouBAFAval}=(1-0.9)*\text{VLDBAFAval}+(1-0.5)*\text{VNDBAFAval}+(1-0.55)*\text{VWDBAFAval}$$

$$\text{nanouBREAmont}=(1-0.9)*\text{VLDBREAmont}+(1-0.5)*\text{VNDBREAmont}+(1-0.55)*\text{VWDBREAmont}$$

$$\text{nanouBREJonage}=(1-0.9)*\text{VLDBREJonage}+(1-0.5)*\text{VNDBREJonage}+(1-0.55)*\text{VWDBREJonage}$$

$$\text{nanouBREAval}=(1-0.9)*\text{VLDBREAval}+(1-0.5)*\text{VNDBREAval}+(1-0.55)*\text{VWDBREAval}$$

$$\text{nanouCHEAmont}=(1-0.9)*\text{VLDCHEAmont}+(1-0.5)*\text{VNDCHEAmont}+(1-0.55)*\text{VWDCHEAmont}$$

$$\text{nanouCHEJonage}=(1-0.9)*\text{VLDCHEJonage}+(1-0.5)*\text{VNDCHEJonage}+(1-0.55)*\text{VWDCHEJonage}$$

$$\text{nanouCHEAval}=(1-0.9)*\text{VLDCHEAval}+(1-0.5)*\text{VNDCHEAval}+(1-0.55)*\text{VWDCHEAval}$$

$$\text{VLGBAFAmont}=(1-0.9)*\text{VLDBAFAmont}/\text{nanouBAFAmont}$$

$$\text{VNGBAFAmont}=(1-0.5)*\text{VNDBAFAmont}/\text{nanouBAFAmont}$$

$$\text{VWGBAFAmont}=(1-0.55)*\text{VWDBAFAmont}/\text{nanouBAFAmont}$$

$$\text{VLGBAFJonage}=(1-0.9)*\text{VLDBAFJonage}/\text{nanouBAFJonage}$$

$$\text{VNGBAFJonage}=(1-0.5)*\text{VNDBAFJonage}/\text{nanouBAFJonage}$$

$$\text{VWGBAFJonage}=(1-0.55)*\text{VWDBAFJonage}/\text{nanouBAFJonage}$$

$$\text{VLGBAFaVal}=(1-0.9)*\text{VLDBAFaVal}/\text{nanouBAFAval}$$

$$\text{VNGBAFAval}=(1-0.5)*\text{VNDBAFaVal}/\text{nanouBAFAval}$$

$$\text{VWGBAFaVal}=(1-0.55)*\text{VWDBAFaVal}/\text{nanouBAFAval}$$

$$\text{VLGBREAmont}=(1-0.9)*\text{VLDBREAmont}/\text{nanouBREAmont}$$

$$\text{VNGBREAmont}=(1-0.5)*\text{VNDBREAmont}/\text{nanouBREAmont}$$

$$\text{VWGBREAmont}=(1-0.55)*\text{VWDBREAmont}/\text{nanouBREAmont}$$

$$\text{VLGBREJonage}=(1-0.9)*\text{VLDBREJonage}/\text{nanouBREJonage}$$

$$\text{VNGBREJonage}=(1-0.5)*\text{VNDBREJonage}/\text{nanouBREJonage}$$

$$\text{VWGBREJonage}=(1-0.55)*\text{VWDBREJonage}/\text{nanouBREJonage}$$

$$\text{VLGBREaVal}=(1-0.9)*\text{VLDBREaVal}/\text{nanouBREaVal}$$

$$\text{VNGBREaVal}=(1-0.5)*\text{VNDBREaVal}/\text{nanouBREaVal}$$

$$\text{VWGBREaVal}=(1-0.55)*\text{VWDBREaVal}/\text{nanouBREaVal}$$

$$\text{VLGCHEAmont}=(1-0.9)*\text{VLDCHEAmont}/\text{nanouCHEAmont}$$

$$\text{VNGCHEAmont}=(1-0.5)*\text{VNDCHEAmont}/\text{nanouCHEAmont}$$

$$\text{VWGCHEAmont}=(1-0.55)*\text{VWDCHEAmont}/\text{nanouCHEAmont}$$

$$\text{VLGCHEJonage}=(1-0.9)*\text{VLDCHEJonage}/\text{nanouCHEJonage}$$

$$\text{VNGCHEJonage}=(1-0.5)*\text{VNDCHEJonage}/\text{nanouCHEJonage}$$

$$\text{VWGCHEJonage}=(1-0.55)*\text{VWDCHEJonage}/\text{nanouCHEJonage}$$

$$\text{VLGCHEaVal}=(1-0.9)*\text{VLDCHEaVal}/\text{nanouCHEaVal}$$

$$\text{VNGCHEaVal}=(1-0.5)*\text{VNDCHEaVal}/\text{nanouCHEaVal}$$

$$\text{VWGCHEaVal}=(1-0.55)*\text{VWDCHEaVal}/\text{nanouCHEaVal}$$

$$\text{KGBCHEAmont}=(\text{VLGCHEAmont}*\text{Kow}+\text{VNGCHEAmont}*0.035*\text{Kow}+\text{VWGCHEAmont})/(\text{VLDCHEAmont}*\text{Kow}+\text{VNDCHEAmont}*0.035*\text{Kow}+\text{VWDCHEAmont})$$

$$\text{KGBCHEJonage}=(\text{VLGCHEJonage}*\text{Kow}+\text{VNGCHEJonage}*0.035*\text{Kow}+\text{VWGCHEJonage})/(\text{VLDCHEJonage}*\text{Kow}+\text{VNDCHEJonage}*0.035*\text{Kow}+\text{VWDCHEJonage})$$

$$\text{KGBCHEaVal}=(\text{VLGCHEaVal}*\text{Kow}+\text{VNGCHEaVal}*0.035*\text{Kow}+\text{VWGCHEaVal})/(\text{VLDCHEaVal}*\text{Kow}+\text{VNDCHEaVal}*0.035*\text{Kow}+\text{VWDCHEaVal})$$

$$\text{KGBBAFAmont}=(\text{VLGBAFAmont}*\text{Kow}+\text{VNGBAFAmont}*0.035*\text{Kow}+\text{VWGBAFAmont})/(\text{VLDBAFAmont}*\text{Kow}+\text{VNDBAFAmont}*0.035*\text{Kow}+\text{VWDBAFAmont})$$

$$\text{KGBBAFJonage}=(\text{VLGBAFJonage}*\text{Kow}+\text{VNGBAFJonage}*0.035*\text{Kow}+\text{VWGBAFJonage})/(\text{VLDBAFJonage}*\text{Kow}+\text{VNDBAFJonage}*0.035*\text{Kow}+\text{VWDBAFJonage})$$

$KGBBAFAval = (VLGBAFAval * Kow + VNGBAFAval * 0.035 * Kow + VWGBAFAval) / (VLDBAFAval * Kow + VNDBAFAval * 0.035 * Kow + VWDBAFAval)$

$KGBBREAmont = (VLGBREAmont * Kow + VNGBREAmont * 0.035 * Kow + VWGBREAmont) / (VLDBREAmont * Kow + VNDBREAmont * 0.035 * Kow + VWDBREAmont)$

$KGBBREJonage = (VLGBREJonage * Kow + VNGBREJonage * 0.035 * Kow + VWGBREJonage) / (VLDBREJonage * Kow + VNDBREJonage * 0.035 * Kow + VWDBREJonage)$

$KGBBREAval = (VLGBREAval * Kow + VNGBREAval * 0.035 * Kow + VWGBREAval) / (VLDBREAval * Kow + VNDBREAval * 0.035 * Kow + VWDBREAval)$

poisson2[,47] = (poisson2\$poidsfrais - poisson2\$poidssec) / poisson2\$poidsfrais
names(poisson2)[47] = "VWB"

VWBBAFAMont = mean(poisson2[poisson2\$esp == "BAF" poisson2\$site == "Amont",]\$VWB, na.rm=T) &

VWBBAFJonage = mean(poisson2[poisson2\$esp == "BAF" poisson2\$site == "Jonage",]\$VWB, na.rm=T) &

VWBBAFAval = mean(poisson2[poisson2\$esp == "BAF" poisson2\$site == "Aval",]\$VWB, na.rm=T) &

VWBBREAmont = mean(poisson2[poisson2\$esp == "BRE" poisson2\$site == "Amont",]\$VWB, na.rm=T) &

VWBBREJonage = mean(poisson2[poisson2\$esp == "BRE" poisson2\$site == "Jonage",]\$VWB, na.rm=T) &

VWBBREAval = mean(poisson2[poisson2\$esp == "BRE" poisson2\$site == "Aval",]\$VWB, na.rm=T) &

VWBCHEAmont = mean(poisson2[poisson2\$esp == "CHE" poisson2\$site == "Amont",]\$VWB, na.rm=T) &

VWBCHEJonage = mean(poisson2[poisson2\$esp == "CHE" poisson2\$site == "Jonage",]\$VWB, na.rm=T) &

VWBCHEAval = mean(poisson2[poisson2\$esp == "CHE" poisson2\$site == "Aval",]\$VWB, na.rm=T) &

par(mfrow=c(3,3))

plot(poisson2[poisson2\$esp == "BAF" poisson2\$site == "Amont",]\$VWB, poisson2[poisson2\$esp == "BAF" poisson2\$site == "Amont",]\$poids, ylim=c(100,4000), xlim=c(0.6,0.96), main="Barbeau") &

abline(v=VWBBAFAMont)

points(poisson2[poisson2\$esp == "BAF" poisson2\$site == "Jonage",]\$VWB, poisson2[poisson2\$esp == "BAF" poisson2\$site == "Jonage",]\$poids, col=2) &

abline(v=VWBBAFJonage, col=2)

points(poisson2[poisson2\$esp == "BAF" poisson2\$site == "Aval",]\$VWB, poisson2[poisson2\$esp == "BAF" poisson2\$site == "Aval",]\$poids, col=3) &

abline(v=VWBBAFAval, col=3)

```

plot(poisson2[poisson2$esp=="CHE"                                &
poisson2$site=="Amont",]$VWB,poisson2[poisson2$esp=="CHE"      &
poisson2$site=="Amont",]$poids,ylim=c(100,4000),xlim=c(0.6,0.96),main="Chevai
ne")
abline(v=VWBCHEAmont)
points(poisson2[poisson2$esp=="CHE"                                &
poisson2$site=="Jonage",]$VWB,poisson2[poisson2$esp=="CHE"      &
poisson2$site=="Jonage",]$poids,col=2)
abline(v=VWBCHEJonage,col=2)
points(poisson2[poisson2$esp=="CHE"                                &
poisson2$site=="Aval",]$VWB,poisson2[poisson2$esp=="CHE"        &
poisson2$site=="Aval",]$poids,col=3)
abline(v=VWBCHEAval,col=3)
plot(poisson2[poisson2$esp=="BRE"                                &
poisson2$site=="Amont",]$VWB,poisson2[poisson2$esp=="BRE"      &
poisson2$site=="Amont",]$poids,ylim=c(100,4000),xlim=c(0.6,0.96),main="Brème"
)
abline(v=VWBBREAmont)
points(poisson2[poisson2$esp=="BRE"                                &
poisson2$site=="Jonage",]$VWB,poisson2[poisson2$esp=="BRE"      &
poisson2$site=="Jonage",]$poids,col=2)
abline(v=VWBBREJonage,col=2)
points(poisson2[poisson2$esp=="BRE"                                &
poisson2$site=="Aval",]$VWB,poisson2[poisson2$esp=="BRE"        &
poisson2$site=="Aval",]$poids,col=3)
abline(v=VWBBREAval,col=3)

#calcul des différents taux pour chaque classe d'âge(indépendant du site)
for(i in 2:14) #gamme de classe d'âge: ici première classe = 2-3 ans et
dernière = 14-15 ans
{
m=i+1 #borne supérieure de la classe d'âge
p=(i+1)*365 #borne supérieure de l'indice dans vecteur poids
q=Ntemps-p+1 #borne inférieure de l'indice dans vecteur température, Co2
for(j in 1:length(Nesp)) # Nombre d'espèces
{
w=get(paste(paste("W",Nesp[j],sep=""),"predT",sep=""))[1:p] #vecteur poids
pour chaque espèce vet chaque classe d'âge
co=Co2[q:Ntemps] #vecteur Co2
t=temperaturetot[q:Ntemps] #Vecteur température
u=((1400*((w/1000)^0.65)/co)/1000) #taux de filtration par les branchies
f=(0.022*((w)^0.85)*exp(0.06*t)) #taux d'alimentation selon Gobas
#f=0.0583*w*exp(0.04*t-2.17) #taux d'alimentation selon Ramos

```

```

    fl=(get(paste("FLpoi",Nesp[j],sep=""))$coefficients[2])*w+(get(paste("FLpoi",
Nesp[j],sep=""))$coefficients[1])      #fraction lipidique
    if(j==2)
    {
    for(ih in 1:length(fl)) if (fl[ih]<=0.035) fl[ih]=0.035
    }
    H=alphaw*u/(fl*Kow)      #taux d'élimitaion par les branchies
    assign(paste(paste("Lf",Nesp[j],sep=""),paste("mean",paste(i,m,sep=""),sep="
"),sep=""),fl)
    assign(paste(paste("U",Nesp[j],sep=""),paste("mean",paste(i,m,sep=""),sep="
"),sep=""),u)
    assign(paste(paste("F",Nesp[j],sep=""),paste("mean",paste(i,m,sep=""),sep="
"),sep=""),f)
    assign(paste(paste("H",Nesp[j],sep=""),paste("mean",paste(i,m,sep=""),sep="
"),sep=""),H)
    for(k in 1:length(levels(poisson2$site)))
    {
    #vlb=fl
    #vwb=get(paste(paste("VWB",Nesp[j],sep=""),levels(poisson2$site)[k],sep="
"))
    #vnb=1-vlb-vwb
    #vlg=get(paste(paste("VLG",Nesp[j],sep=""),levels(poisson2$site)[k],sep="
"))
    #vng=get(paste(paste("VNG",Nesp[j],sep=""),levels(poisson2$site)[k],sep="
"))
    #vwg=get(paste(paste("VWG",Nesp[j],sep=""),levels(poisson2$site)[k],sep="
"))
    #KGB=(vlg*Kow+vng*0.035*Kow+vwg)/(vlb*Kow+vnb*0.035*Kow+vwb)
    #assign(paste(paste("KGB",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],past
e(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),KGB)
    KGB=get(paste(paste("KGB",Nesp[j],sep=""),levels(poisson2$site)[k],sep="
"))
    Gf=get(paste(paste("nanou",Nesp[j],sep=""),levels(poisson2$site)[k],sep="
"))
    ke=betac*Gf*f*KGB
    assign(paste(paste("ke",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],paste(i,
m,sep=""),sep=""),sep=""),ke)
    }
    }
    }

    #gamme de variation des paramètres d'ajustement de la frction lipidique en
fonction du poids, pour chaque espèce
    gammeBREcoef1=seq(summary(FLpoiBRE)$coefficients[1,1]-
1.96*summary(FLpoiBRE)$coefficients[1,2],summary(FLpoiBRE)$coefficients[1,1]+1.
96+summary(FLpoiBRE)$coefficients[1,2],by=0.0001)

```

```
gammeBREcoef2=seq(summary(FLpoiBRE)$coefficients[2,1]-
1.96*summary(FLpoiBRE)$coefficients[2,2],summary(FLpoiBRE)$coefficients[2,1]+1.
96+summary(FLpoiBRE)$coefficients[2,2],by=0.0001)
```

```
gammeBAFcoef1=seq(summary(FLpoiBAF)$coefficients[1,1]-
1.96*summary(FLpoiBAF)$coefficients[1,2],summary(FLpoiBAF)$coefficients[1,1]+1.
96+summary(FLpoiBAF)$coefficients[1,2],by=0.0001)
```

```
gammeBAFcoef2=seq(summary(FLpoiBAF)$coefficients[2,1]-
1.96*summary(FLpoiBAF)$coefficients[2,2],summary(FLpoiBAF)$coefficients[2,1]+1.
96+summary(FLpoiBAF)$coefficients[2,2],by=0.0001)
```

```
gammeCHEcoef1=seq(summary(FLpoiCHE)$coefficients[1,1]-
1.96*summary(FLpoiCHE)$coefficients[1,2],summary(FLpoiCHE)$coefficients[1,1]+1.
96+summary(FLpoiCHE)$coefficients[1,2],by=0.0001)
```

```
gammeCHEcoef2=seq(summary(FLpoiCHE)$coefficients[2,1]-
1.96*summary(FLpoiCHE)$coefficients[2,2],summary(FLpoiCHE)$coefficients[2,1]+1.
96+summary(FLpoiCHE)$coefficients[2,2],by=0.0001)
```

4-invertes.r

```
inv=read.table("C:/Documents and Settings/lopes/Bureau/PCB/données/Invertebrecomplet.txt", h=T, strip.white=T, sep="\t", na.strings = "NA")
```

```
amontI=inv[inv$site=="MTE",]
```

```
jonageI=inv[inv$site=="GDLI",]
```

```
avalI=inv[inv$site=="BREI",]
```

```
sed=read.table("C:/Documents and Settings/lopes/Bureau/PCB/modele/sediment.txt", h=T)
```

```
sed[,5]=sed$cot/1000000
```

```
names(sed)[5]="Fsoc"
```

```
#Concentration dans l'eau
```

```
Cw=0.2 #ng/L
```

```
#Concentration dans les sédiments
```

```
sedamont153=sed[sed$site=="MTE",]$PCB153
```

```
sedjonage153=sed[sed$site=="GDL",]$PCB153
```

```
sedaval153=sed[sed$site=="BRE",]$PCB153
```

```
#Concentration en congénère 153 en pg/g PF
```

```
chiroAmont153=amontI[amontI$esp=="chiro",]$PCB153
```

```
gammareAmont153=amontI[amontI$esp=="gammare",]$PCB153
```

```
ephemereAmont153=amontI[amontI$esp=="ephemeres",]$PCB153
```

```
corbiAmont153=amontI[amontI$esp=="CorbiculesPetits",]$PCB153
```



```

chiroJonage153=jonageI[jonageI$esp=="chiro",]$PCB153
gammareJonage153=jonageI[jonageI$esp=="gammare",]$PCB153
ephemereJonage153=jonageI[jonageI$esp=="ephemeres",]$PCB153
corbiJonage153=jonageI[jonageI$esp=="CorbiculesPetits",]$PCB153
chiroAval153=avalI[avalI$esp=="chiro",]$PCB153
gammareAval153=avalI[avalI$esp=="gammare",]$PCB153
corbiAval153=avalI[avalI$esp=="CorbiculesPetits",]$PCB153

chiroAval153/sedaval153[1]
gammareAval153/sedaval153[1]
corbiAval153/sedaval153[1]
chiroAmont153/sedamont153[1]
gammareAmont153/sedamont153[1]
corbiAmont153/sedamont153[1]
ephemereAmont153/sedamont153[1]
chiroJonage153/(sedjonage153[2]-2*(sedjonage153[2]-sedjonage153[1])/3)
gammareJonage153/(sedjonage153[2]-2*(sedjonage153[2]-
sedjonage153[1])/3)
corbiJonage153/(sedjonage153[2]-2*(sedjonage153[2]-sedjonage153[1])/3)
ephemereJonage153/(sedjonage153[2]-2*(sedjonage153[2]-
sedjonage153[1])/3)

amont153=c(chiroAmont153,gammareAmont153,corbiAmont153,ephemereAm
ont153)
jonage153=c(chiroJonage153,gammareJonage153,corbiJonage153,ephemereJo
nage153)
aval153=c(chiroAval153,gammareAval153,corbiAval153)

Cdetamont=c(0.91,0.53,0.64,0.49)
Cdetjonage=c(0.41,0.1,0,0.27)
Cdetaval=c(0.45,0.57,0)

amont153pred=c(Cdetamont[1]*sedamont153[1],Cdetamont[1]*sedamont153
[1],Cdetamont[2]*sedamont153[2],Cdetamont[2]*sedamont153[2],Cdetamont[3]*s
edamont153[3],Cdetamont[4]*sedamont153[4],Cdetamont[4]*sedamont153[4])

#Concentration en congénère 153 en ng/g MG
chiroAmont153MG=amontI[amontI$esp=="chiro",]$PCB153MG/1000
gammareAmont153MG=amontI[amontI$esp=="gammare",]$PCB153MG/1000
ephemereAmont153MG=amontI[amontI$esp=="ephemeres",]$PCB153MG/100

```

0

corbiAmont153MG=amontI[amontI\$esp=="CorbiculesPetits",]\$PCB153MG/100
 0
 chiroJonage153MG=jonageI[jonageI\$esp=="chiro",]\$PCB153MG/1000
 gammareJonage153MG=jonageI[jonageI\$esp=="gammare",]\$PCB153MG/100
 0
 ephemereJonage153MG=jonageI[jonageI\$esp=="ephemeres",]\$PCB153MG/10
 00
 corbiJonage153MG=jonageI[jonageI\$esp=="CorbiculesPetits",]\$PCB153MG/10
 00
 chiroAval153MG=avalI[avalI\$esp=="chiro",]\$PCB153MG/1000
 gammareAval153MG=avalI[avalI\$esp=="gammare",]\$PCB153MG/1000
 corbiAval153MG=avalI[avalI\$esp=="CorbiculesPetits",]\$PCB153MG/1000

chiroAval153MG/sedaval153[1]
 gammareAval153MG/sedaval153[1]
 corbiAval153MG/sedaval153[1]
 chiroAmont153MG/sedamont153[1]
 gammareAmont153MG/sedamont153[1]
 corbiAmont153MG/sedamont153[1]
 ephemereAmont153MG/sedamont153[1]
 chiroJonage153MG/(sedjonage153[2]-2*(sedjonage153[2]-
 sedjonage153[1])/3)
 gammareJonage153MG/(sedjonage153[2]-2*(sedjonage153[2]-
 sedjonage153[1])/3)
 corbiJonage153MG/(sedjonage153[2]-2*(sedjonage153[2]-
 sedjonage153[1])/3)
 ephemereJonage153MG/(sedjonage153[2]-2*(sedjonage153[2]-
 sedjonage153[1])/3)

#Amphipodes (cf gammare) Landrum et al. 1998

ku4=c(216.65,203.47,160.04,289.7,181.05,137.88,190.38,144.05,248.97,141.
 31,116.11,170.62,156.06,123.65,210.59,159.75,194.02,104.37,155.98,138.86,123.
 31,102.76,108.81,74.41,102.1,60.14,153.92,153.21,207.29,106.65,158.16,93.41,9
 6.13,84.42,170.46,240.29,66.11,184.94)

ku8=c(245.56,311.59,239.66,313.1,322.32,392.02,325.88,367.05,229.5,179.9
 4,349.24,370.06,193.92,237.57,338.37,379.63,226.32,273.62,211.17,202.68,307.8
 4,228.4,352.28,189.24,173.26,117.65,138,362.39,139.52,189.31,306.02,185.94,19
 6.12,125.68,121.05,441)

ku12=c(296.84,233.55,285.78,212.1,169.68,245.09,222.41,284.71,145.72,28
 4.08,293.84,195.78,147.41,124.39,196.13,185.31,141.13,160.7,252.63,206.94,302
 .4,219.43,127.57,188.58,156.61,128.44,139.14,181.52,109.66,195.48,130.51,119.
 43,192.37,219.71)

ku16=c(164.07,433.11,265.17,209.67,261.64,351.04,241.69,274.91,309.4,25
 5.55,417.5,285.88,249.96,258.09,360.22,327.46,267.69,338.51,300.74,392.18,357
 .18,209.89,218.57,411.7,281.43,293.41,284.31,369.43,253.81,229.67,309.15,281.

75,219.32,182.46,300.07,280.38,106.13,125.24,124.89,117.46,123.01,118.11,193.52,123.22)

```
xku4=rep(4,length(ku4))
xku8=rep(8,length(ku8))
xku12=rep(12,length(ku12))
xku16=rep(16,length(ku16))

mku4=mean(ku4)
mku8=mean(ku8)
mku12=mean(ku12)
mku16=mean(ku16)
mku=c(mku4,mku8,mku12,mku16)
mxku=c(1,2,3,4)

xku=c(xku4,xku8,xku12,xku16)
yku=c(ku4,ku8,ku12,ku16)
ku=matrix(0,length(xku),2)
ku[,1]=xku
ku[,2]=yku

ke4=c(0.00058,0.00061,0.00017)
ke8=c(0.00032,0.00014,0.00054)
ke12=c(0.00047,0.0012,0.00037)
ke16=c(0.00051,0.00013,0.000026)
mke4=mean(ke4)
mke8=mean(ke8)
mke12=mean(ke12)
mke16=mean(ke16)
mke=c(mke4,mke8,mke12,mke16)
xke4=rep(4,length(ke4))
xke8=rep(8,length(ke8))
xke12=rep(12,length(ke12))
xke16=rep(16,length(ke16))

yke=c(ke4,ke8,ke12,ke16)
xke=c(xke4,xke8,xke12,xke16)
ke=matrix(0,length(xke),2)
ke[,1]=xke
```

```
ke[,2]=yke
```

```
ks4=c(0.019,0.0072,0.0057,0.019)
```

```
ks8=c(0.031,0.017,0.0093,0.017)
```

```
ks12=c(0.031,0.014,0.008,0.039,0.022)
```

```
ks16=c(0.059,0.02,0.019)
```

```
mks4=mean(ks4)
```

```
mks8=mean(ks8)
```

```
mks12=mean(ks12)
```

```
mks16=mean(ks16)
```

```
mks=c(mks4,mks8,mks12,mks16)
```

```
xks4=rep(4,length(ks4))
```

```
xks8=rep(8,length(ks8))
```

```
xks12=rep(12,length(ks12))
```

```
xks16=rep(16,length(ks16))
```

```
yks=c(ks4,ks8,ks12,ks16)
```

```
xks=c(xks4,xks8,xks12,xks16)
```

```
ks=matrix(0,length(xks),2)
```

```
ks[,1]=xks
```

```
ks[,2]=yks
```

```
par(mfrow=c(2,2))
```

```
boxplot(24*ku[,2]/1000~ku[,1],ylab="ku (L/g/j)",xlab="Température (°C)")
```

```
points(mxku,24*mku/1000,col=2,pch=8)
```

```
xku2=c(xku4,xku12,xku16)
```

```
yku2=c(ku4,ku12,ku16)
```

```
mxku2=c(4,12,16)
```

```
lmku=lm(24*yku/1000~xku)
```

```
lmku2=lm(24*yku2/1000~xku2)
```

```
mx=c(0,1,2,3,4,5)
```

```
points(mx,lmku$coefficients[1]+lmku$coefficients[2]*mx*4,type="l",col=2)
```

```
points(mx,lmku2$coefficients[1]+lmku2$coefficients[2]*mx*4,type="l",col=3)
```

```
boxplot(24*ke[,2]~ke[,1],ylab="ke (/j)",xlab="Température (°C)")
```

```
points(mxku,24*mke,col=2,pch=8)
```

```
boxplot(24*ks[,2]~ks[,1],ylab="ks (g/g/j)",xlab="Température (°C)")
```

```
points(mxku,24*mks,col=2,pch=8)
```

```

mxks=c(4,8,12,16)
lmks=lm(24*yks~xks)
points(mx,lmks$coefficients[1]+lmks$coefficients[2]*mx*4,type="l",col=2)

```

```

par(mfrow=c(2,2))
plot(ku[,1],24*ku[,2]/1000,ylab="ku (L/g/j)",xlab="Température (°C)")
points(mxks,24*mku/1000,col=2,pch=8)
plot(ke[,1],24*ke[,2],ylab="ke (/j)",xlab="Température (°C)")
points(mxks,24*mke,col=2,pch=8)
plot(ks[,1],24*ks[,2],ylab="ks (g/g/j)",xlab="Température (°C)")
points(mxks,24*mks,col=2,pch=8)

```

```

ksgammare=0.142+0.037*temperaturereel
kschiroMTE=0.91*ksgammare/0.53
ksephMTE=0.49*ksgammare/0.53
kscorbiMTE=0.64*ksgammare/0.53
kschiroGDL=0.41*ksgammare/0.1
ksephGDL=0.27*ksgammare/0.1
kscorbiGDL=0.05*ksgammare/0.1
kschiroBRE=0.57*ksgammare/0.5
ksephBRE=ksgammare
kscorbiBRE=0.05*ksgammare/0.5

```

```

ku=3.54+0.166*temperaturereel

```

```

#Cinétique de contamination des sédiments à MTE (en ng/g PS)

```

```

sed153MTE=seq(1,duree)
sed153MTE[1:224]=2510/1000 #année 1994
sed153MTE[225:589]=2260/1000 #95
sed153MTE[590:954]=2280/1000 #96
sed153MTE[955:1319]=2300/1000 #97
sed153MTE[1320:1684]=2145/1000 #98
sed153MTE[1685:2049]=1990/1000 #99
sed153MTE[2050:2414]=1930/1000 #2000
sed153MTE[2415:2779]=1870/1000 #2001
sed153MTE[2780:3144]=1820/1000 #2002
sed153MTE[3145:3509]=1770/1000 #2003
sed153MTE[3510:3874]=1460/1000 #2004
sed153MTE[3875:4239]=1460/1000 #2005

```

sed153MTE[4240:4604]=1460/1000 #2006
sed153MTE[4605:4969]=1275/1000 #2007
sed153MTE[4970:Ntemps]=1090/1000 #2008
#Fichier4: cinétique de contamination des invertébrés

#Cinétique de contamination des sédiments à GDL

sed153GDL=seq(1,duree)
sed153GDL[1:224]=24240/1000 #année 1994
sed153GDL[225:589]=25560/1000 #95
sed153GDL[590:954]=26680/1000 #96
sed153GDL[955:1319]=28200/1000 #97
sed153GDL[1320:1684]=27200/1000 #98
sed153GDL[1685:2049]=26200/1000 #99
sed153GDL[2050:2414]=25300/1000 #2000
sed153GDL[2415:2779]=21300/1000 #2001
sed153GDL[2780:3144]=17300/1000 #2002
sed153GDL[3145:3509]=13200/1000 #2003
sed153GDL[3510:3874]=13500/1000 #2004
sed153GDL[3875:4239]=13800/1000 #2005
sed153GDL[4240:4604]=14100/1000 #2006
sed153GDL[4605:4969]=10173/1000 #2007
sed153GDL[4970:Ntemps]=6250/1000 #2008

#Cinétique de contamination des sédiments à BRE

sed153BRE=seq(1,duree)
sed153BRE[1:224]=6090/1000 #année 1994
sed153BRE[225:589]=12800/1000 #95
sed153BRE[590:954]=19500/1000 #96
sed153BRE[955:1319]=11800/1000 #97
sed153BRE[1320:1684]=15000/1000 #98
sed153BRE[1685:2049]=18300/1000 #99
sed153BRE[2050:2414]=11800/1000 #2000
sed153BRE[2415:2779]=7390/1000 #2001
sed153BRE[2780:3144]=6480/1000 #2002
sed153BRE[3145:3509]=5580/1000 #2003
sed153BRE[3510:3874]=5310/1000 #2004
sed153BRE[3875:4239]=5460/1000 #2005
sed153BRE[4240:4604]=5620/1000 #2006
sed153BRE[4605:4969]=12800/1000 #2007

```

sed153BRE[4970:Ntemps]=18400/1000 #2008

sed153MTE=sed153MTE*1.1
sed153GDL=sed153GDL*1.1
sed153BRE=sed153BRE*1.1

CgammareAmont=2*(ksgammare*sed153MTE+ku*Cw)
CgammareJonage=ksgammare*sed153GDL+ku*Cw
CgammareAval=2*(ksgammare*sed153BRE+ku*Cw)
CchiroAmont=kschiroMTE*sed153MTE+ku*Cw
CchiroJonage=kschiroGDL*sed153GDL+ku*Cw
CchiroAval=kschiroBRE*sed153BRE+ku*Cw
CcorbiAmont=kscorbiMTE*sed153MTE+ku*Cw
CcorbiJonage=kscorbiGDL*sed153GDL+ku*Cw
CcorbiAval=kscorbiBRE*sed153BRE+ku*Cw

CephAmont=2*(ksephMTE*sed153MTE+ku*Cw)
CephJonage=ksephGDL*sed153GDL+ku*Cw
CephAval=ksephBRE*sed153BRE+ku*Cw

par(mfrow=c(2,2))
plot(temps,CgammareAmont,xlab="temps(jours)",ylab="Concentration en #153 (ng/g PF)",ylim=c(0,100),main="gammare",type="l")
points(temps,CgammareJonage,col=2,type="l")
points(temps,CgammareAval,col=3,type="l")
points(c(5130,5130),gammareAmont153/1000,pch=8)
points(c(5172,5208),gammareJonage153/1000,pch=8,col=2)
points(5139,gammareAval153/1000,pch=8,col=3)

plot(temps,CchiroAmont,xlab="temps(jours)",ylab="Concentration en #153 (ng/g PF)",ylim=c(0,100),main="chiros",type="l")
points(temps,CchiroJonage,col=2,type="l")
points(temps,CchiroAval,col=3,type="l")
points(c(5130,5066),c(0.5,3),pch=8)
points(5172,chiroJonage153/1000,pch=8,col=2)
points(5139,chiroAval153/1000,pch=8,col=3)

plot(temps,CephAmont,xlab="temps(jours)",ylab="Concentration en #153 (ng/g PF)",ylim=c(0,100),main="ephs",type="l")
points(temps,CephJonage,col=2,type="l")

```

```

points(temps,CephAval,col=3,type="l")
points(c(5130,5181),ephemereAmont153/1000,pch=8)
points(5063,ephemereJonage153/1000,pch=8,col=2)

plot(temps,CcorbiAmont,xlab="temps(jours)",ylab="Concentration en #153
(ng/g PF)",ylim=c(0,100),main="corbicules",type="l")
points(temps,CcorbiJonage,col=2,type="l")
points(temps,CcorbiAval,col=3,type="l")
points(c(5130,5181),corbiAmont153/1000,pch=8)
points(5063,corbiJonage153/1000,pch=8,col=2)

amontsed153=c(1090,1460,1460,1770,1870,1990,2300,2260,2510)
jonagesed153=c(2320,14100,13200,25300,28200,21600)
avalsed153=c(18400,12800,5620,5310,5580,7390,11800,18300,11800,19500,
6090)
amontsedtot=c(3550,4950,5040,6260,6940,7280,7740,8180,9370)
jonagesedtot=c(12300,48200,69700,149000,160000,127000)
avalsedtot=c(55100,37700,21000,19500,21700,29100,40400,9730,41900,258
000,22700)

sed153=c(amontsed153,jonagesed153,avalsed153)
sedtot=c(amontsedtot,jonagesedtot,avalsedtot)

plot(log10(amontsed153),log10(amontsedtot),xlim=c(3,5),ylim=c(3,5),ylab="
Somme des 7 PCBi (ng/g PF)",xlab="#153 (ng/g PF)")
points(log10(jonagesed153),log10(jonagesedtot),col=2)
points(log10(avalsed153),log10(avalsedtot),col=3)

lmsed=lm(log10(sedtot)~log10(sed153))
abline(lmsed)

```

5-modele-bayesien.r

```

#Fichier 5: modèle
library(gplots)

#Concentration dans l'eau
Cw=0.2 #ng/L

```



```

#Initialisation des Courbes moyennes
gBAFmean=matrix(0,length(temps),1)
GBAFmean=matrix(0,length(temps),1)
gBREmean=matrix(0,length(temps),1)
GBREmean=matrix(0,length(temps),1)
gCHEmean=matrix(0,length(temps),1)
GCHEmean=matrix(0,length(temps),1)
CBAFmean=matrix(0,1,length(temps))

#Définition des vecteurs de concentration pour chaque classe d'âge, chaque
espèce et chaque site
for(i in 2:14)
{
m=i+1
for(j in 1:length(Nesp))
{
for(k in 1:length(levels(poisson2$site)))
{
assign(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("mean",levels(poisson2$site)
[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),c(0))
assign(paste(paste("eau",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],paste(
i,m,sep=""),sep=""),sep=""),c(0))
assign(paste(paste("proie1",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],pas
te(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),c(0))
assign(paste(paste("proie2",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],pas
te(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),c(0))
assign(paste(paste("proie3",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],pas
te(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),c(0))
assign(paste(paste("proie4",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],pas
te(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),c(0))
}
}
}

jour=length(temps)-1
for (i in 1:jour)
{
gBAFmean[i]=(log(WBAFpredT[i+1])-log(WBAFpredT[i]))
GBAFmean[i]=exp(gBAFmean[i])-1
gBREmean[i]=(log(WBREpredT[i+1])-log(WBREpredT[i]))
GBREmean[i]=exp(gBREmean[i])-1

```

```

gCHEmean[i]=(log(WCHEpredT[i+1])-log(WCHEpredT[i]))
GCHEmean[i]=exp(gCHEmean[i])-1
}
GBAFmean[jour+1]=GBAFmean[jour]
GBREmean[jour+1]=GBREmean[jour]
GCHEmean[jour+1]=GCHEmean[jour]

for(i in 2:14)
{
m=i+1
p=(i+1)*365
q=p-1
for(j in 1:length(Nesp))
{
for(k in 1:length(levels(poisson2$site)))
{
for(b in 1:q)
{
z=Ntemps-p+b
d=b+1
a=get(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("mean",levels(poisson2$site)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""))[b]
u=get(paste(paste("U",Nesp[j],sep=""),paste("mean",paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""))[b]
f=get(paste(paste("F",Nesp[j],sep=""),paste("mean",paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""))[b]
H=get(paste(paste("H",Nesp[j],sep=""),paste("mean",paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""))[b]
#e=get(paste(paste("E",Nesp[j],sep=""),"mean",sep=""))[b]
e=get(paste(paste("ke",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""))[b]
g=get(paste(paste("G",Nesp[j],sep=""),"mean",sep=""))[b]
Q1=get(paste(paste("Q1",Nesp[j],sep=""),levels(poisson2$site)[k],sep=""))
Q2=get(paste(paste("Q2",Nesp[j],sep=""),levels(poisson2$site)[k],sep=""))
Q3=get(paste(paste("Q3",Nesp[j],sep=""),levels(poisson2$site)[k],sep=""))
Q4=get(paste(paste("Q4",Nesp[j],sep=""),levels(poisson2$site)[k],sep=""))
Cchiro=get(paste("Cchiro",levels(poisson2$site)[k],sep=""))[z]
Cgammare=get(paste("Cgammare",levels(poisson2$site)[k],sep=""))[z]
Ceph=get(paste("Ceph",levels(poisson2$site)[k],sep=""))[z]
Ccorbi=get(paste("Ccorbi",levels(poisson2$site)[k],sep=""))[z]

```

```

c=a+pasintegr*(u*alphaw*Cw+f*betac*(Q1*Cchiro+Q2*Cgammare+Q3*Ceph
+Q4*Ccorbi)-(e/2+g+H)*a)
eau=100*(u*alphaw*Cw)/c
proie1=100*(f*betac*Q1*Cchiro)/c
proie2=100*(f*betac*Q2*Cgammare)/c
proie3=100*(f*betac*Q3*Ceph)/c
proie4=100*(f*betac*Q4*Ccorbi)/c

assign(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("mean",levels(poisson2$site
e)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),cbind(get(paste(paste("C",Nesp[j],
sep=""),paste(paste("mean",levels(poisson2$site)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep
=""),sep="")),c))

assign(paste(paste("eau",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],paste(
i,m,sep=""),sep=""),sep=""),cbind(get(paste(paste("eau",Nesp[j],sep=""),paste(leve
ls(poisson2$site)[k],paste(i,m,sep=""),sep=""),sep="")),eau))

assign(paste(paste("proie1",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],pas
te(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),cbind(get(paste(paste("proie1",Nesp[j],sep=""),past
e(levels(poisson2$site)[k],paste(i,m,sep=""),sep=""),sep="")),proie1))

assign(paste(paste("proie2",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],pas
te(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),cbind(get(paste(paste("proie2",Nesp[j],sep=""),past
e(levels(poisson2$site)[k],paste(i,m,sep=""),sep=""),sep="")),proie2))

assign(paste(paste("proie3",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],pas
te(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),cbind(get(paste(paste("proie3",Nesp[j],sep=""),past
e(levels(poisson2$site)[k],paste(i,m,sep=""),sep=""),sep="")),proie3))

assign(paste(paste("proie4",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],pas
te(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),cbind(get(paste(paste("proie4",Nesp[j],sep=""),past
e(levels(poisson2$site)[k],paste(i,m,sep=""),sep=""),sep="")),proie4))

}
}
}
}

```

```

#courbe moyenne pour chaque classe d'age
for(i in 2:14)
{
m=i+1
p=(i+1)*365
#x11()
#pdf(file=paste(paste("C",paste(i,m,sep=""),sep=""),".pdf",sep=""))
#par(mfrow=c(3,3))
for(j in 1:length(Nesp))
{
for(k in 1:length(levels(poisson2$site)))
{

```

```

Cmean=get(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("mean",levels(poisson2$site)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""))
if(k==1) maxx=100
else maxx=1000

#plot(temps[1:length(Cmean)],Cmean,type="l",main=paste(paste(Nesp[j],levels(poisson2$site)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),col=2,xlab="Temps (jours)",ylab="Concentration en #153 (ng/g PF)",ylim=c(0,maxx))

#abline(h=80,col=2,lty=2)

#points(poisson2[poisson2$age2<length(Cmean) &
poisson2$age2>(length(Cmean)-365) & poisson2$esp==Nesp[j] &
poisson2$site==levels(poisson2$site)[k,]$age2,poisson2[poisson2$age2<length(Cmean) &
poisson2$age2>(length(Cmean)-365) & poisson2$esp==Nesp[j] &
poisson2$site==levels(poisson2$site)[k,]$PCB153/1000,lwd=2,pch=19,col=3)
}
}
#dev.off()
}

#calcul BSAF
sed153Amont=sed153MTE
sed153Jonage=sed153GDL
sed153Aval=sed153BRE
for(i in 2:14)
{
for(j in 1:length(Nesp))
{
for(k in 1:length(levels(poisson2$site)))
{
assign(paste(paste("BSAFpred",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),c(0))
}
}
}

for(i in 2:14)
{
m=i+1
p=(i+1)*365
for(j in 1:length(Nesp))
{
for(k in 1:length(levels(poisson2$site)))

```

```

{
  Cmoy=get(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("mean",levels(poisson
2$site)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""))
  sed=get(paste("sed153",levels(poisson2$site)[k],sep=""))
  lsed=5475-length(Cmoy)+1
  sedi=sed[lsed:5475]
  assign(paste(paste("BSAFpred",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],
paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),cbind(paste(paste("BSAFpred",Nesp[j],sep=""),pa
ste(levels(poisson2$site)[k],paste(i,m,sep=""),sep=""),Cmoy/sedi))
}
}
}

```

```

#Comparaison Obs / Pred
PredObs=matrix(0,length(poisson2$age2),23)
PredObs=as.data.frame(PredObs)
names(PredObs)[1]="site"
names(PredObs)[2]="espece"
names(PredObs)[3]="age"
names(PredObs)[4]="sexe"
names(PredObs)[5]="Cobs"
names(PredObs)[6]="Cpred"
names(PredObs)[7]="Eau"
names(PredObs)[8]="Proie1"
names(PredObs)[9]="Proie2"
names(PredObs)[10]="Proie3"
names(PredObs)[11]="Proie4"
names(PredObs)[12]="ContribEau"
names(PredObs)[13]="ContribProie1"
names(PredObs)[14]="ContribProie2"
names(PredObs)[15]="ContribProie3"
names(PredObs)[16]="ContribProie4"
names(PredObs)[17]="date"
names(PredObs)[18]="sdpred"
names(PredObs)[19]="sdobs"
names(PredObs)[20]="Csed"
names(PredObs)[21]="BSAFpred"
names(PredObs)[22]="BSAFobs"
PredObs[,19]=0
PredObs[,18]=0

```

```

PredObs[,1]=poisson2$site
PredObs[,2]=poisson2$esp
#PredObs[,3]=poisson2$retroage2
PredObs[,3]=poisson2$age2
PredObs[,4]=poisson2$sexe
PredObs[,17]=as.character(poisson2$date)
PredObs[,5]=poisson2$PCB153/1000
PredObs=subset(PredObs,espece!="BRB")
PredObs=subset(PredObs,age/365<=15)
for(i in 1:length(PredObs$sexe))
{
if (PredObs$sexe[i]==1) PredObs$sexe[i]="M"
if (PredObs$sexe[i]==2) PredObs$sexe[i]="F"
}
for(i in 1:length(PredObs$date))
{
if (PredObs$date[i]=="2008-08-12" | PredObs$date[i]=="2008-08-13")
PredObs$date[i]="*"
if (PredObs$date[i]=="2008-09-12") PredObs$date[i]="+"
if (PredObs$date[i]=="2008-10-30" | PredObs$date[i]=="2008-10-23" |
PredObs$date[i]=="2008-10-06" | PredObs$date[i]=="2008-10-31")
PredObs$date[i]="§"
if (PredObs$date[i]=="2008-11-06" | PredObs$date[i]=="2008-11-08" |
PredObs$date[i]=="2008-11-17") PredObs$date[i]="#"
if (PredObs$date[i]=="2008-12-09") PredObs$date[i]="-"
if (PredObs$date[i]=="2009-01-16") PredObs$date[i]="$"
}

PredObs=as.data.frame(PredObs)
PredObs=na.omit(PredObs)

for(i in 1: length(PredObs$age))
{
j=trunc(PredObs[i,]$age/365,0)
if(j==15) j=14
k=j+1
PredObs[i,6]=get(paste(paste("C",PredObs[i,]$espece,sep=""),paste(paste("me
an",PredObs[i,]$site,sep=""),paste(j,k,sep=""),sep=""),sep=""))[PredObs[i,]$age]
PredObs[i,7]=get(paste(paste("eau",PredObs[i,]$espece,sep=""),paste(PredObs[i,]$site,paste(j,k,sep=""),sep=""),sep=""))[PredObs[i,]$age]

```

```

PredObs[i,8]=get(paste(paste("proie1",PredObs[i,]$espece,sep=""),paste(Pred
Obs[i,]$site,paste(j,k,sep=""),sep=""),sep=""))[PredObs[i,]$age]
PredObs[i,9]=get(paste(paste("proie2",PredObs[i,]$espece,sep=""),paste(Pred
Obs[i,]$site,paste(j,k,sep=""),sep=""),sep=""))[PredObs[i,]$age]
PredObs[i,10]=get(paste(paste("proie3",PredObs[i,]$espece,sep=""),paste(Pred
Obs[i,]$site,paste(j,k,sep=""),sep=""),sep=""))[PredObs[i,]$age]
PredObs[i,11]=get(paste(paste("proie4",PredObs[i,]$espece,sep=""),paste(Pred
Obs[i,]$site,paste(j,k,sep=""),sep=""),sep=""))[PredObs[i,]$age]
PredObs[i,12]=((PredObs[i,7])/(PredObs[i,7]+PredObs[i,8]+PredObs[i,9]+Pred
Obs[i,10]+PredObs[i,11]))*PredObs[i,6]
PredObs[i,13]=((PredObs[i,8])/(PredObs[i,7]+PredObs[i,8]+PredObs[i,9]+Pred
Obs[i,10]+PredObs[i,11]))*PredObs[i,6]
PredObs[i,14]=((PredObs[i,9])/(PredObs[i,7]+PredObs[i,8]+PredObs[i,9]+Pred
Obs[i,10]+PredObs[i,11]))*PredObs[i,6]
PredObs[i,15]=((PredObs[i,10])/(PredObs[i,7]+PredObs[i,8]+PredObs[i,9]+Pre
dObs[i,10]+PredObs[i,11]))*PredObs[i,6]
PredObs[i,16]=((PredObs[i,11])/(PredObs[i,7]+PredObs[i,8]+PredObs[i,9]+Pre
dObs[i,10]+PredObs[i,11]))*PredObs[i,6]
PredObs[i,20]=get(paste("sed153",PredObs[i,]$site,sep=""))[5475]
PredObs[i,21]=get(paste(paste("BSAFpred",PredObs[i,]$espece,sep=""),paste(
PredObs[i,]$site,paste(j,k,sep=""),sep=""),sep=""))[PredObs[i,]$age]
if(PredObs[i,]$Cpred<62 & PredObs[i,]$Cobs>62) PredObs[i,23]=1
else PredObs[i,23]=0
}
PredObs$BSAFpred=as.numeric(PredObs$BSAFpred)
PredObs[,22]=PredObs$Cobs/PredObs$Csed
names(PredObs)[22]="BSAFobs"

```

```

BAFAMont2=PredObs[PredObs$espece=="BAF"                                &
PredObs$site=="Amont",][order(PredObs[PredObs$espece=="BAF"
PredObs$site=="Amont",]$age),]                                       &
BAFJonage2=PredObs[PredObs$espece=="BAF"                                &
PredObs$site=="Jonage",][order(PredObs[PredObs$espece=="BAF"
PredObs$site=="Jonage",]$age),]                                       &
BAFAval2=PredObs[PredObs$espece=="BAF"                                &
PredObs$site=="Aval",][order(PredObs[PredObs$espece=="BAF"
PredObs$site=="Aval",]$age),]                                       &
BREAMont2=PredObs[PredObs$espece=="BRE"                                &
PredObs$site=="Amont",][order(PredObs[PredObs$espece=="BRE"
PredObs$site=="Amont",]$age),]                                       &
BREJonage2=PredObs[PredObs$espece=="BRE"                                &
PredObs$site=="Jonage",][order(PredObs[PredObs$espece=="BRE"
PredObs$site=="Jonage",]$age),]                                       &
BREAval2=PredObs[PredObs$espece=="BRE"                                &
PredObs$site=="Aval",][order(PredObs[PredObs$espece=="BRE"
PredObs$site=="Aval",]$age),]                                       &

```

```

CHEAmont2=PredObs[PredObs$espece=="CHE" &
PredObs$site=="Amont",][order(PredObs[PredObs$espece=="CHE" &
PredObs$site=="Amont",]$age),]

CHEJonage2=PredObs[PredObs$espece=="CHE" &
PredObs$site=="Jonage",][order(PredObs[PredObs$espece=="CHE" &
PredObs$site=="Jonage",]$age),]

CHEAval2=PredObs[PredObs$espece=="CHE" &
PredObs$site=="Aval",][order(PredObs[PredObs$espece=="CHE" &
PredObs$site=="Aval",]$age),]

Indice=sum(PredObs[,23])

x11()
par(mfrow=c(3,3))

#barplot2(t(cbind(BAFAmont2$Cpred,BAFAmont2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,1
00),ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Barbeau
Amont",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=ro
und(t(BAFAmont2$age/365),0),plot.ci=T,ci.l=t(cbind(BAFAmont2$Cpred-
BAFAmont2$sdpred,BAFAmont2$Cobs-
BAFAmont2$sdobs)),ci.u=t(cbind(BAFAmont2$Cpred+BAFAmont2$sdpred,BAFAmont
2$Cobs+BAFAmont2$sdobs)))

barplot2(t(cbind(BAFAmont2$Cpred,BAFAmont2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,10
0),ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Barbeau
Amont",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=ro
und(t(BAFAmont2$age/365),0))

for(i in 1:length(BAFAmont2$Cpred))
{
j=3*i-2

barplot2(t(BAFAmont2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","ligh
tgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,100),names.arg="")
mtext(t(BAFAmont2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(BAFAmont2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}

abline(h=62,col=2,lty=2)

#barplot2(t(cbind(BREAmont2$Cpred,BREAmont2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,1
00),ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Brème
Amont",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=ro
und(t(BREAmont2$age/365),0),plot.ci=T,ci.l=t(cbind(BREAmont2$Cpred-
BREAmont2$sdpred,BREAmont2$Cobs-
BREAmont2$sdobs)),ci.u=t(cbind(BREAmont2$Cpred+BREAmont2$sdpred,BREAmont
2$Cobs+BREAmont2$sdobs)))

barplot2(t(cbind(BREAmont2$Cpred,BREAmont2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,10
0),ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Brème
Amont",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=ro
und(t(BREAmont2$age/365),0))

for(i in 1:length(BREAmont2$Cpred))
{

```



```

j=3*i-2
barplot2(t(BREAmont2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","lightgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,100),names.arg="")
mtext(t(BREAmont2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(BREAmont2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=62,col=2,lty=2)
#barplot2(t(cbind(CHEAmont2$Cpred,CHEAmont2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,100),ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Chevaine
Amont",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=round(t(CHEAmont2$age/365),0),plot.ci=T,ci.l=t(cbind(CHEAmont2$Cpred-
CHEAmont2$sdpred,CHEAmont2$Cobs-
CHEAmont2$sdobs)),ci.u=t(cbind(CHEAmont2$Cpred+CHEAmont2$sdpred,CHEAmont2$Cobs+CHEAmont2$sdobs)))
barplot2(t(cbind(CHEAmont2$Cpred,CHEAmont2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,100),ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Chevaine
Amont",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=round(t(CHEAmont2$age/365),0))
for(i in 1:length(CHEAmont2$Cpred))
{
j=3*i-2
barplot2(t(CHEAmont2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","lightgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,100),names.arg="")
mtext(t(CHEAmont2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(CHEAmont2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=62,col=2,lty=2)

#barplot2(t(cbind(BAFJonage2$Cpred,BAFJonage2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,600),ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Barbeau
Jonage",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=round(t(BAFJonage2$age/365),0),plot.ci=T,ci.l=t(cbind(BAFJonage2$Cpred-
BAFJonage2$sdpred,BAFJonage2$Cobs-
BAFJonage2$sdobs)),ci.u=t(cbind(BAFJonage2$Cpred+BAFJonage2$sdpred,BAFJonage2$Cobs+BAFJonage2$sdobs)))
barplot2(t(cbind(BAFJonage2$Cpred,BAFJonage2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,600),ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Barbeau
Jonage",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=round(t(BAFJonage2$age/365),0))
for(i in 1:length(BAFJonage2$Cpred))
{
j=3*i-2
barplot2(t(BAFJonage2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","lightgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
mtext(t(BAFJonage2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)

```

```

mtext(t(BAFJonage2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=62,col=2,lty=2)
#barplot2(t(cbind(BREJonage2$Cpred,BREJonage2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,
600),ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Brème
Jonage",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=r
ound(t(BREJonage2$age/365),0),plot.ci=T,ci.l=t(cbind(BREJonage2$Cpred-
BREJonage2$sdpred,BREJonage2$Cobs-
BREJonage2$sdobs)),ci.u=t(cbind(BREJonage2$Cpred+BREJonage2$sdpred,BREJona
ge2$Cobs+BREJonage2$sdobs)))
barplot2(t(cbind(BREJonage2$Cpred,BREJonage2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,6
00),ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Brème
Jonage",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=r
ound(t(BREJonage2$age/365),0))
for(i in 1:length(BREJonage2$Cpred))
{
j=3*i-2
barplot2(t(BREJonage2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","lig
htgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
mtext(t(BREJonage2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(BREJonage2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=62,col=2,lty=2)
#legend(1,600,c("Août 2008","Sept. 2008","Oct. 2008","Nov. 2008","Dec.
2008","Jan. 2009"),pch=c("*","+","§","#","-","$"))
#legend(20,600,c("Eau","Chiro","Gammares","Ephémères","Corbicules"),pch=c
(15,15,15,15,22),col=c("black","darkgrey","grey","lightgrey","black"))
#barplot2(t(cbind(CHEJonage2$Cpred,CHEJonage2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,
600),ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Chevaine
Jonage",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=r
ound(t(CHEJonage2$age/365),0),plot.ci=T,ci.l=t(cbind(CHEJonage2$Cpred-
CHEJonage2$sdpred,CHEJonage2$Cobs-
CHEJonage2$sdobs)),ci.u=t(cbind(CHEJonage2$Cpred+CHEJonage2$sdpred,CHEJona
ge2$Cobs+CHEJonage2$sdobs)))
barplot2(t(cbind(CHEJonage2$Cpred,CHEJonage2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,6
00),ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Chevaine
Jonage",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=r
ound(t(CHEJonage2$age/365),0))

for(i in 1:length(CHEJonage2$Cpred))
{
j=3*i-2
barplot2(t(CHEJonage2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","lig
htgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
mtext(t(CHEJonage2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(CHEJonage2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}

```

```

}
abline(h=62,col=2,lty=2)

#barplot2(t(cbind(BAFAval2$Cpred,BAFAval2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,600),
ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Barbeau
Aval",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=roun
d(t(BAFAval2$age/365),0),plot.ci=T,ci.l=t(cbind(BAFAval2$Cpred-
BAFAval2$sdpred,BAFAval2$Cobs-
BAFAval2$sdobs)),ci.u=t(cbind(BAFAval2$Cpred+BAFAval2$sdpred,BAFAval2$Cobs+
BAFAval2$sdobs)))

barplot2(t(cbind(BAFAval2$Cpred,BAFAval2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,600),yl
ab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Barbeau
Aval",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=roun
d(t(BAFAval2$age/365),0))

for(i in 1:length(BAFAval2$Cpred))
{
j=3*i-2
barplot2(t(BAFAval2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","lightg
rey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
mtext(t(BAFAval2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(BAFAval2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=62,col=2,lty=2)

#barplot2(t(cbind(BREAval2$Cpred,BREAval2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,600),
ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Brème
Aval",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=roun
d(t(BREAval2$age/365),0),plot.ci=T,ci.l=t(cbind(BREAval2$Cpred-
BREAval2$sdpred,BREAval2$Cobs-
BREAval2$sdobs)),ci.u=t(cbind(BREAval2$Cpred+BREAval2$sdpred,BREAval2$Cobs
+BREAval2$sdobs)))

barplot2(t(cbind(BREAval2$Cpred,BREAval2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,600),yl
ab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Brème
Aval",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=roun
d(t(BREAval2$age/365),0))

for(i in 1:length(BREAval2$Cpred))
{
j=3*i-2
barplot2(t(BREAval2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","lightg
rey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
mtext(t(BREAval2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(BREAval2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=62,col=2,lty=2)

#barplot2(t(cbind(CHEAval2$Cpred,CHEAval2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,600),
ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Chevaïne
Aval",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=roun

```

```

d(t(CHEAval2$age/365),0),plot.ci=T,ci.l=t(cbind(CHEAval2$Cpred-
CHEAval2$sdpred,CHEAval2$Cobs-
CHEAval2$sdobs)),ci.u=t(cbind(CHEAval2$Cpred+CHEAval2$sdpred,CHEAval2$Cobs
+CHEAval2$sdobs)))

  barplot2(t(cbind(CHEAval2$Cpred,CHEAval2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,600),yl
ab="Concentration      #153      (ng/g      ww)",main="Chevaine
Aval",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=roun
d(t(CHEAval2$age/365),0))

  for(i in 1:length(CHEAval2$Cpred))
  {
    j=3*i-2

    barplot2(t(CHEAval2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","lightg
rey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
    mtext(t(CHEAval2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
    mtext(t(CHEAval2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
  }
  abline(h=62,col=2,lty=2)

x11()
par(mfrow=c(3,3))
  barplot2(t(cbind(BAFAmont2$BSAFpred,BAFAmont2$BSAFobs)),beside=T,ylim
=c(0,150),ylab="BSAF",main="Barbeau
Amont",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=ro
und(t(BAFAmont2$age/365),0))

  for(i in 1:length(BAFAmont2$Cpred))
  {
    j=3*i-2

    #barplot2(t(BAFAmont2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","li
ghtgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,100),names.arg="")
    mtext(t(BAFAmont2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
    mtext(t(BAFAmont2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
  }
  abline(h=153/BAFAmont2$Csed,col=2,lty=2)

  barplot2(t(cbind(BREAmont2$BSAFpred,BREAmont2$BSAFobs)),beside=T,ylim
=c(0,150),ylab="BSAF",main="Brème
Amont",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=ro
und(t(BREAmont2$age/365),0))

  for(i in 1:length(BREAmont2$Cpred))
  {
    j=3*i-2

    #barplot2(t(BREAmont2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","li
ghtgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,100),names.arg="")
    mtext(t(BREAmont2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
    mtext(t(BREAmont2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
  }

```

```

}
abline(h=153/BAFAMont2$Csed,col=2,lty=2)

barplot2(t(cbind(CHEAMont2$BSAFpred,CHEAMont2$BSAFobs)),beside=T,ylim
=c(0,150),ylab="BSAF",main="Chevaine
Mont",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=ro
und(t(CHEAMont2$age/365),0))

for(i in 1:length(CHEAMont2$Cpred))
{
j=3*i-2
#barplot2(t(CHEAMont2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","li
ghtgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,100),names.arg="")
mtext(t(CHEAMont2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(CHEAMont2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=153/BAFAMont2$Csed,col=2,lty=2)

barplot2(t(cbind(BAFJonage2$BSAFpred,BAFJonage2$BSAFobs)),beside=T,ylim
=c(0,100),ylab="BSAF",main="Barbeau
Jonage",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=r
ound(t(BAFJonage2$age/365),0))

for(i in 1:length(BAFJonage2$Cpred))
{
j=3*i-2
#barplot2(t(BAFJonage2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","li
ghtgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
mtext(t(BAFJonage2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(BAFJonage2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=153/BAFJonage2$Csed,col=2,lty=2)

barplot2(t(cbind(BREJonage2$BSAFpred,BREJonage2$BSAFobs)),beside=T,ylim
=c(0,100),ylab="BSAF",main="Brème
Jonage",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=r
ound(t(BREJonage2$age/365),0))

for(i in 1:length(BREJonage2$Cpred))
{
j=3*i-2
#barplot2(t(BREJonage2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","li
ghtgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
mtext(t(BREJonage2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(BREJonage2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=153/BAFJonage2$Csed,col=2,lty=2)

```

```

#legend(1,600,c("Août 2008","Sept. 2008","Oct. 2008","Nov. 2008","Dec.
2008","Jan. 2009"),pch=c("*","+","§","#","-","$"))

#legend(20,600,c("Eau","Chiro","Gammare","Ephémères","Corbicules"),pch=c
(15,15,15,15,22),col=c("black","darkgrey","grey","lightgrey","black"))

barplot2(t(cbind(CHEJonage2$BSAFpred,CHEJonage2$BSAFobs)),beside=T,ylim
=c(0,100),ylab="BSAF",main="Chevaine
Jonage",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=r
ound(t(CHEJonage2$age/365),0))

for(i in 1:length(CHEJonage2$Cpred))
{
j=3*i-2

#barplot2(t(CHEJonage2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","li
ghtgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
mtext(t(CHEJonage2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(CHEJonage2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=153/BAFJonage2$Csed,col=2,lty=2)

barplot2(t(cbind(BAFAval2$BSAFpred,BAFAval2$BSAFobs)),beside=T,ylim=c(0,
100),ylab="BSAF",main="Barbeau
Aval",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=roun
d(t(BAFAval2$age/365),0))

for(i in 1:length(BAFAval2$Cpred))
{
j=3*i-2

#barplot2(t(BAFAval2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","ligh
tgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
mtext(t(BAFAval2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(BAFAval2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=153/BAFAval2$Csed,col=2,lty=2)

barplot2(t(cbind(BREAval2$BSAFpred,BREAval2$BSAFobs)),beside=T,ylim=c(0,
100),ylab="BSAF",main="Brème
Aval",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=roun
d(t(BREAval2$age/365),0))

for(i in 1:length(BREAval2$Cpred))
{
j=3*i-2

#barplot2(t(BREAval2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","ligh
tgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
mtext(t(BREAval2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)

```

```

mtext(t(BREAval2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=153/BAFAval2$Csed,col=2,lty=2)

barplot2(t(cbind(CHEAval2$BSAFpred,CHEAval2$BSAFobs)),beside=T,ylim=c(0
,100),ylab="BSAF",main="Chevaine
Aval",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=roun
d(t(CHEAval2$age/365),0))
for(i in 1:length(CHEAval2$Cpred))
{
j=3*i-2
#barplot2(t(CHEAval2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","ligh
tgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
mtext(t(CHEAval2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(CHEAval2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=153/BAFAval2$Csed,col=2,lty=2)

```

#Monte-Carlo

```

nbiter=100
#Création à chaque pas de temps d'un vecteur contenant les prédictions
obtenues pour chaque itération

for(n in 1:nbiter)
{
print(paste("nbiter=",n)) #affiche au fur et à mesure l'iteration calculée,
pour voir la progression de l'exécution du programme

#Croissance sur 5 mois seulement (mi-mai à mi-octobre), les autres mois
croissance nulle
LCHET=matrix(0,1,Ntemps)
LBAFT=matrix(0,1,Ntemps)
LBRET=matrix(0,1,Ntemps)
LCHETmoins=matrix(0,1,Ntemps)
LBAFTmoins=matrix(0,1,Ntemps)
LBRETmoins=matrix(0,1,Ntemps)
LCHETplus=matrix(0,1,Ntemps)
LBAFTplus=matrix(0,1,Ntemps)
LBRETplus=matrix(0,1,Ntemps)

```

```

LCHET[1]=L0CHE    #Condition initiale
LBAFT[1]=L0BAF    #Condition initiale
LBRET[1]=L0BRE    #Condition initiale
LCHETmoins[1]=L0CHE    #Condition initiale
LBAFTmoins[1]=L0BAF    #Condition initiale
LBRETmoins[1]=L0BRE    #Condition initiale
LCHETplus[1]=L0CHE    #Condition initiale
LBAFTplus[1]=L0BAF    #Condition initiale
LBRETplus[1]=L0BRE    #Condition initiale

LinfBAF=sample(gammeaBAF,1) #tirage aléatoire dans intervalle de
crédibilité de Linfini (défini dans fichier taille-poids-age.R
kBAF=sample(gammebBAF,1) #tirage aléatoire dans intervalle de
crédibilité de k (défini dans fichier taille-poids-age.R
LinfBRE=sample(gammeaBRE,1) #tirage aléatoire dans intervalle de
crédibilité de Linfini (défini dans fichier taille-poids-age.R
kBRE=sample(gammebBRE,1) #tirage aléatoire dans intervalle de
crédibilité de k (défini dans fichier taille-poids-age.R
LinfCHE=sample(gammeaCHE,1) #tirage aléatoire dans intervalle de
crédibilité de Linfini (défini dans fichier taille-poids-age.R
kCHE=sample(gammebCHE,1) #tirage aléatoire dans intervalle de
crédibilité de k (défini dans fichier taille-poids-age.R

#Première année: naissance fin mai à j=142 et croissance pendant 148j
jusqu'à j=290, puis aucune croissance jusqu'à mi-mai l'année d'après, soit j=358
k1=148/pasintegr
q1=k1+1
z1=358/pasintegr
for(a in 2:k1)
{
b=a-1
LCHET[a]=exp(-kCHE*365/155)*LCHET[b]-(exp(-kCHE*365/155)-1)*LinfCHE
LBAFT[a]=exp(-kBAF*365/155)*LBAFT[b]-(exp(-kBAF*365/155)-1)*LinfBAF
LBRET[a]=exp(-kBRE*365/155)*LBRET[b]-(exp(-kBRE*365/155)-1)*LinfBRE
}
for(l in q1:z1)
{
LCHET[l]=LCHET[k1]
LBAFT[l]=LBAFT[k1]
LBRET[l]=LBRET[k1]
}

```



```

}
#pour les année 2 à 14: croissance pendant 155j
for(i in 2:15)
{
j=z1+1
k=j+154
q=k+1
z1=358+(i-1)*365
for(a in j:k)
{
s=a-1
LCHET[a]=exp(-kCHE*365/155)*LCHET[s]-(exp(-kCHE*365/155)-1)*LinfCHE
LBRET[a]=exp(-kBRE*365/155)*LBRET[s]-(exp(-kBRE*365/155)-1)*LinfBRE
LBAFT[a]=exp(-kBAF*365/155)*LBAFT[s]-(exp(-kBAF*365/155)-1)*LinfBAF
}

if(i==15)
{
for(l in q:Ntemps)
{
LCHET[l]=LCHET[k]
LBAFT[l]=LBAFT[k]
LBRET[l]=LBRET[k]
}
}
else
{
for(l in q:z1)
{
LCHET[l]=LCHET[k]
LBRET[l]=LBRET[k]
LBAFT[l]=LBAFT[k]
}
}
}

WBAFT=(LBAFT^BAFa1)*10^(-BAFb1) #Valeur de poids prédites
WBAFmean=WBAFpredT #valeurs de poids moyennes prédites à partir de
la moyenne de chaque paramètre

```

```

WBRET=(LBRET^BREa1)*10^(-BREb1)    #Valeur de poids prédites
WBREmean=WBREpredT    #valeurs de poids moyennes prédites à partir de
la moyenne de chaque paramètre

WCHET=(LCHET^CHEa1)*10^(-CHEb1)    #Valeur de poids prédites
WCHEmean=WCHEpredT    #valeurs de poids moyennes prédites à partir de
la moyenne de chaque paramètre

#Calcul du taux de croissance journalier à partir des 10000 iterations GBAF et à
partir de la moyenne GBAFmean
for (i in 1:jour)
{
gBAF[i]=(log(WBAFT[i+1])-log(WBAFT[i]))
GBAF[i]=exp(gBAF[i])-1
gBRE[i]=(log(WBRET[i+1])-log(WBRET[i]))
GBRE[i]=exp(gBRE[i])-1
gCHE[i]=(log(WCHET[i+1])-log(WCHET[i]))
GCHE[i]=exp(gCHE[i])-1
}

GBAF[jour+1]=GBAF[jour]
GBRE[jour+1]=GBRE[jour]
GCHE[jour+1]=GCHE[jour]

#print(paste("W5000=",WBAF[5000]))    #affiche à chaque iteration le poids
prédits à t=5000, pour s'assurer que c'est correct

#Si température disponible, on utilise les vraies valeurs mesurées: cf
"temperaturereel" défini dans fichier temperature.R
#Si températures non disponibles, on fait un tirage aléatoire dans l'intervalle
de crédibilité
for (i in 1:224)
{
temperatureretot[i]=sample(intTemptot[,i+141],1)
}

for (j in 2:15)
{
q=(224/pasintegr)+365*(j-2)/pasintegr
for (i in 1:Nan)

```

```

{
p=round(q+(i-1+pasintegr)/pasintegr,0)
k=round(q+i/pasintegr,0)
temperaturetot[p:k]=sample(intTemptot[,i],1)
}
}

for (i in 5335:5475)
{
p=i-(14*365+224)
temperaturetot[i]=sample(intTemptot[,p],1)
}

#Taux élimination par branchies
coef1BRE=sample(gammeBREcoef1,1)
coef2BRE=sample(gammeBREcoef2,1)
coef1BAF=sample(gammeBAFcoef1,1)
coef2BAF=sample(gammeBAFcoef2,1)
coef1CHE=sample(gammeCHEcoef1,1)
coef2CHE=sample(gammeCHEcoef2,1)

#Taux d'élimination pour chaque iteration
lnEBAF=(-1.92)+0.221*log(WBAFT)
EBAF=exp(lnEBAF) #Taux d'excretion pour chaque iteration
lnEBRE=(-1.92)+0.221*log(WBRET)
EBRE=exp(lnEBRE) #Taux d'excretion pour chaque iteration
lnECHE=(-1.92)+0.221*log(WCHET)
ECHE=exp(lnECHE) #Taux d'excretion pour chaque iteration

for(i in 2:14) #gamme de classe d'âge: ici première classe = 2-3 ans et dernière = 14-15 ans
{
m=i+1 #borne supérieure de la classe d'âge
p=(i+1)*365 #borne supérieure de l'indice dans vecteur poids
q2=Ntemps-p+1 #borne inférieure de l'indice dans vecteur température,
Co2
q=p-1

```

```

for(j in 1:length(Nesp)) # Nombre d'espèces
{
w=get(paste(paste("W",Nesp[j],sep=""),"predT",sep=""))[1:p] #vecteur poids
pour chaque espèce vet chaque classe d'âge
co=Co2[q2:Ntemps] #vecteur Co2
t=temperaturetot[q2:Ntemps] #Vecteur température
U=(1400*((w/1000)^0.65)/co) #taux de filtration par les branchies
Fn=(0.022*((w)^0.85)*exp(0.06*t)) #taux d'alimentation
fl=get(paste("coef2",Nesp[j],sep="))*w+get(paste("coef1",Nesp[j],sep=""))
#fraction lipidique
if(j==2)
{
for(ih in 1:length(fl)) if (fl[ih]<=0.035) fl[ih]=0.035
}
Hb=alphaw*U/(fl*Kow) #taux d'élimitaion par les branchies
for(k in 1:length(levels(poisson2$site)))
{
KGB=get(paste(paste("KGB",Nesp[j],sep=""),levels(poisson2$site)[k],sep=""))
Gf=get(paste(paste("nanou",Nesp[j],sep=""),levels(poisson2$site)[k],sep=""))
ke=betac*Gf*Fn*KGB
assign(paste(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],pa
ste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),n,sep=""),c(0))
for(b in 1:q)
{
z=Ntemps-p+b
a=get(paste(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],pa
ste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),n,sep=""))[b]
u=U[b]
f=Fn[b]
H=Hb[b]
#e=get(paste("E",Nesp[j],sep=""))[b]
e=ke[b]
g=get(paste("G",Nesp[j],sep=""))[b]
Q1=get(paste(paste("Q1",Nesp[j],sep=""),levels(poisson2$site)[k],sep=""))
Q2=get(paste(paste("Q2",Nesp[j],sep=""),levels(poisson2$site)[k],sep=""))
Q3=get(paste(paste("Q3",Nesp[j],sep=""),levels(poisson2$site)[k],sep=""))
Q4=get(paste(paste("Q4",Nesp[j],sep=""),levels(poisson2$site)[k],sep=""))
Cchiro=get(paste("Cchiro",levels(poisson2$site)[k],sep=""))[z]
Cgammare=get(paste("Cgammare",levels(poisson2$site)[k],sep=""))[z]
Ceph=get(paste("Ceph",levels(poisson2$site)[k],sep=""))[z]

```

```

Ccorbi=get(paste("Ccorbi",levels(poisson2$site)[k],sep=""))[z]
c=a+pasintegr*(u*alphaw*Cw+f*betac*(Q1*Cchiro+Q2*Cgammare+Q3*Ceph
+Q4*Ccorbi)-(e/2+g+H)*a)
assign(paste(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],pa
ste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),n,sep=""),cbind(get(paste(paste(paste("C",Nesp[j],
sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),n,sep="")
),c))
}
}
}
}
}

#Calcul des courbes moyennes et de l'écart type autour de cette courbe
for(i in 2:14)
{
print(i)
m=i+1
p=(i+1)*365
for(j in 1:length(Nesp))
{
for(k in 1:length(levels(poisson2$site)))
{
assign(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("moy",levels(poisson2$site
)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),c())
assign(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("sd",levels(poisson2$site)[
k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),c())

for(t in 1:p)
{
Cj=c()
for(n in 1:nbiter)
Cj=cbind(Cj,get(paste(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k
],paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),n,sep=""))[t])
Cj=as.vector(Cj)
assign(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("moy",levels(poisson2$site
)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),cbind(get(paste(paste("C",Nesp[j],s
ep=""),paste(paste("moy",levels(poisson2$site)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep="")
),sep=""),mean(Cj)))
assign(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("sd",levels(poisson2$site)[
k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),cbind(get(paste(paste("C",Nesp[j],sep
=""),paste(paste("sd",levels(poisson2$site)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),se
p=""),sqrt(var(Cj))))

```

```

}
#Sauvegarde des fichiers de sortie
write(get(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("moy",levels(poisson2$site)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep="")),file=paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("moy",levels(poisson2$site)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""))
write(get(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("sd",levels(poisson2$site)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep="")),file=paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("sd",levels(poisson2$site)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""))
}
}
}

#pour lire les fichiers suavegardés
for(i in 2:14)
{
print(i)
m=i+1
p=(i+1)*365
for(j in 1:length(Nesp))
{
for(k in 1:length(levels(poisson2$site)))
{
aa=read.table(as.character(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("moy",levels(poisson2$site)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep="")))
aa2=read.table(as.character(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("sd",levels(poisson2$site)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep="")))
bb=aa[1,]
bb2=aa2[1,]
for(ii in 2:length(aa[,1]))
{
bb=cbind(bb,aa[ii,])
bb2=cbind(bb2,aa2[ii,])
}
assign(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("moy",levels(poisson2$site)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),bb)
assign(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("sd",levels(poisson2$site)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),bb2)
}
}
}

```

```

x11()
#Comparaison des prédictions sur la moyenne des iterations et sur la celle
obtnue par la moyenne des parametres
par(mfrow=c(3,3))
plot(temps[1:length(CBAFmeanAmont23)],CBAFmeanAmont23,type="l")
points(temps[1:length(CBAFmeanAmont23)],CBAFmoyAmont23,col=2,type="l"
)
points(temps[1:length(CBAFmeanAmont23)],CBAFmoyAmont23-
CBAFsdAmont23,col=2,type="l",lty=2)
points(temps[1:length(CBAFmeanAmont23)],CBAFmoyAmont23+CBAFsdAmont
23,col=2,type="l",lty=2)

#courbe moyenne et écart-type pour chaque classe d'age
for(i in 2:14)
{
m=i+1
p=(i+1)*365
x11()
#pdf(file=paste(paste("C",paste(i,m,sep=""),sep=""),".pdf",sep=""))
par(mfrow=c(3,3))
for(j in 1:length(Nesp))
{
for(k in 1:length(levels(poisson2$site)))
{
Cmoy=get(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("moy",levels(poisson2
$site)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""))
Csd=get(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("sd",levels(poisson2$site
)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""))
sed=get(paste("sed153",levels(poisson2$site)[k],sep=""))
if(k==1) maxx=100
else maxx=1000
plot(temps[1:length(Cmoy)],Cmoy,type="l",main=paste(paste(Nesp[j],levels(p
oisson2$site)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),col=2,xlab="Temps
(jours)",ylab="Concentration en #153 (ng/g PF)",ylim=c(0,maxx))
points(temps[1:length(Cmoy)],Cmoy-1.96*Csd,type="l",lty=2)
points(temps[1:length(Cmoy)],Cmoy+1.96*Csd,type="l",lty=2)
abline(h=80,col=2,lty=2)
points(poisson2[poisson2$age2<length(Cmoy) &
poisson2$age2>(length(Cmoy)-365) & poisson2$esp==Nesp[j] &
poisson2$site==levels(poisson2$site)[k,]$age2,poisson2[poisson2$age2<length(C
moy) & poisson2$age2>(length(Cmoy)-365) & poisson2$esp==Nesp[j] &
poisson2$site==levels(poisson2$site)[k,]$PCB153/1000,lwd=2,pch=19,col=3)

```

```

}
}
#dev.off()
}

#calcul BSAF
sed153Amont=sed153MTE
sed153Jonage=sed153GDL
sed153Aval=sed153BRE
for(i in 2:14)
{
for(j in 1:length(Nesp))
{
for(k in 1:length(levels(poisson2$site)))
{
assign(paste(paste("BSAFpred",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],
paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),c(0))
}
}
}

for(i in 2:14)
{
m=i+1
p=(i+1)*365
for(j in 1:length(Nesp))
{
for(k in 1:length(levels(poisson2$site)))
{
Cmoy=get(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("moy",levels(poisson2
$site)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""))
Csd=get(paste(paste("C",Nesp[j],sep=""),paste(paste("sd",levels(poisson2$site
)[k],sep=""),paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""))
sed=get(paste("sed153",levels(poisson2$site)[k],sep=""))
lsed=5475-length(Cmoy)+1
sedi=sed[lsed:5475]
assign(paste(paste("BSAFpred",Nesp[j],sep=""),paste(levels(poisson2$site)[k],
paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),cbind(paste(paste("BSAFpred",Nesp[j],sep=""),pa
ste(levels(poisson2$site)[k],paste(i,m,sep=""),sep=""),sep=""),Cmoy/sedi))
}
}
}

```



```

}
}

#Comparaison Obs / Pred
PredObs2=matrix(0,length(poisson2$age2),22)
PredObs2=as.data.frame(PredObs2)
names(PredObs2)[1]="site"
names(PredObs2)[2]="espece"
names(PredObs2)[3]="age"
names(PredObs2)[4]="sexe"
names(PredObs2)[5]="Cobs"
names(PredObs2)[6]="Cpred"
names(PredObs2)[7]="Eau"
names(PredObs2)[8]="Proie1"
names(PredObs2)[9]="Proie2"
names(PredObs2)[10]="Proie3"
names(PredObs2)[11]="Proie4"
names(PredObs2)[12]="ContribEau"
names(PredObs2)[13]="ContribProie1"
names(PredObs2)[14]="ContribProie2"
names(PredObs2)[15]="ContribProie3"
names(PredObs2)[16]="ContribProie4"
names(PredObs2)[17]="date"
names(PredObs2)[18]="sdpred"
names(PredObs2)[19]="sdobs"
names(PredObs2)[20]="Csed"
names(PredObs2)[21]="BSAFpred"
names(PredObs2)[22]="BSAFobs"
PredObs2[,19]=0

PredObs2[,1]=poisson2$site
PredObs2[,2]=poisson2$esp
#PredObs2[,3]=poisson2$retroage2
PredObs2[,3]=poisson2$age2
PredObs2[,4]=poisson2$sexe
PredObs2[,17]=as.character(poisson2$date)
PredObs2[,5]=poisson2$PCB153/1000
PredObs2=subset(PredObs2,espece!="BRB")
PredObs2=subset(PredObs2,age/365<=15)

```

```

for(i in 1:length(PredObs2$sexe))
{
if (PredObs2$sexe[i]==1) PredObs2$sexe[i]="M"
if (PredObs2$sexe[i]==2) PredObs2$sexe[i]="F"
}
for(i in 1:length(PredObs2$date))
{
if (PredObs2$date[i]=="2008-08-12" | PredObs2$date[i]=="2008-08-13")
PredObs2$date[i]="*"
if (PredObs2$date[i]=="2008-09-12") PredObs2$date[i]="+"
if (PredObs2$date[i]=="2008-10-30" | PredObs2$date[i]=="2008-10-23" |
PredObs2$date[i]=="2008-10-06" | PredObs2$date[i]=="2008-10-31")
PredObs2$date[i]="§"
if (PredObs2$date[i]=="2008-11-06" | PredObs2$date[i]=="2008-11-08" |
PredObs2$date[i]=="2008-11-17") PredObs2$date[i]="#"
if (PredObs2$date[i]=="2008-12-09") PredObs2$date[i]="-"
if (PredObs2$date[i]=="2009-01-16") PredObs2$date[i]="$"
}

PredObs2=as.data.frame(PredObs2)
PredObs2=na.omit(PredObs2)

for(i in 1: length(PredObs2$age))
{
j=trunc(PredObs2[i,$age]/365,0)
if(j==15) j=14
k=j+1
PredObs2[i,6]=get(paste(paste("C",PredObs2[i,$espece,sep=""]),paste(paste("
moy",PredObs2[i,$site,sep=""]),paste(j,k,sep=""),sep=""),sep=""))[PredObs2[i,$ag
e]
PredObs2[i,18]=get(paste(paste("C",PredObs2[i,$espece,sep=""]),paste(paste(
"sd",PredObs2[i,$site,sep=""]),paste(j,k,sep=""),sep=""),sep=""))[PredObs2[i,$age
]
PredObs2[i,7]=get(paste(paste("eau",PredObs2[i,$espece,sep=""]),paste(Pred
Obs2[i,$site,paste(j,k,sep=""),sep=""),sep=""))[PredObs2[i,$age]
PredObs2[i,8]=get(paste(paste("proie1",PredObs2[i,$espece,sep=""]),paste(Pr
edObs2[i,$site,paste(j,k,sep=""),sep=""),sep=""))[PredObs2[i,$age]
PredObs2[i,9]=get(paste(paste("proie2",PredObs2[i,$espece,sep=""]),paste(Pr
edObs2[i,$site,paste(j,k,sep=""),sep=""),sep=""))[PredObs2[i,$age]
PredObs2[i,10]=get(paste(paste("proie3",PredObs2[i,$espece,sep=""]),paste(P
redObs2[i,$site,paste(j,k,sep=""),sep=""),sep=""))[PredObs2[i,$age]
PredObs2[i,11]=get(paste(paste("proie4",PredObs2[i,$espece,sep=""]),paste(P
redObs2[i,$site,paste(j,k,sep=""),sep=""),sep=""))[PredObs2[i,$age]

```

```

PredObs2[i,12]=((PredObs2[i,7])/(PredObs2[i,7]+PredObs2[i,8]+PredObs2[i,9]
+PredObs2[i,10]+PredObs2[i,11]))*PredObs2[i,6]
PredObs2[i,13]=((PredObs2[i,8])/(PredObs2[i,7]+PredObs2[i,8]+PredObs2[i,9]
+PredObs2[i,10]+PredObs2[i,11]))*PredObs2[i,6]
PredObs2[i,14]=((PredObs2[i,9])/(PredObs2[i,7]+PredObs2[i,8]+PredObs2[i,9]
+PredObs2[i,10]+PredObs2[i,11]))*PredObs2[i,6]
PredObs2[i,15]=((PredObs2[i,10])/(PredObs2[i,7]+PredObs2[i,8]+PredObs2[i,9]
+PredObs2[i,10]+PredObs2[i,11]))*PredObs2[i,6]
PredObs2[i,16]=((PredObs2[i,11])/(PredObs2[i,7]+PredObs2[i,8]+PredObs2[i,9]
+PredObs2[i,10]+PredObs2[i,11]))*PredObs2[i,6]
PredObs2[i,20]=get(paste("sed153",PredObs2[i,]$site,sep=""))[5475]
PredObs2[i,21]=get(paste(paste("BSAFpred",PredObs2[i,]$espece,sep=""),paste
e(PredObs2[i,]$site,paste(j,k,sep=""),sep=""),sep=""))[PredObs2[i,]$age]
}
PredObs2[,22]=PredObs2$Cobs/PredObs2$Csed
names(PredObs2)[22]="BSAFobs"

```

```

BAFAmont2=PredObs2[PredObs2$espece=="BAF" &
PredObs2$site=="Amont",][order(PredObs2[PredObs2$espece=="BAF" &
PredObs2$site=="Amont",]$age),]
BAFJonage2=PredObs2[PredObs2$espece=="BAF" &
PredObs2$site=="Jonage",][order(PredObs2[PredObs2$espece=="BAF" &
PredObs2$site=="Jonage",]$age),]
BAFAval2=PredObs2[PredObs2$espece=="BAF" &
PredObs2$site=="Aval",][order(PredObs2[PredObs2$espece=="BAF" &
PredObs2$site=="Aval",]$age),]
BREAmont2=PredObs2[PredObs2$espece=="BRE" &
PredObs2$site=="Amont",][order(PredObs2[PredObs2$espece=="BRE" &
PredObs2$site=="Amont",]$age),]
BREJonage2=PredObs2[PredObs2$espece=="BRE" &
PredObs2$site=="Jonage",][order(PredObs2[PredObs2$espece=="BRE" &
PredObs2$site=="Jonage",]$age),]
BREAval2=PredObs2[PredObs2$espece=="BRE" &
PredObs2$site=="Aval",][order(PredObs2[PredObs2$espece=="BRE" &
PredObs2$site=="Aval",]$age),]
CHEAmont2=PredObs2[PredObs2$espece=="CHE" &
PredObs2$site=="Amont",][order(PredObs2[PredObs2$espece=="CHE" &
PredObs2$site=="Amont",]$age),]
CHEJonage2=PredObs2[PredObs2$espece=="CHE" &
PredObs2$site=="Jonage",][order(PredObs2[PredObs2$espece=="CHE" &
PredObs2$site=="Jonage",]$age),]
CHEAval2=PredObs2[PredObs2$espece=="CHE" &
PredObs2$site=="Aval",][order(PredObs2[PredObs2$espece=="CHE" &
PredObs2$site=="Aval",]$age),]

```

```

par(mfrow=c(3,3))

```

```

    barplot2(t(cbind(BAFAmont2$Cpred,BAFAmont2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,10
0),ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Barbeau
Amont",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=ro
und(t(BAFAmont2$age/365),0))
    for(i in 1:length(BAFAmont2$Cpred))
    {
    j=3*i-2
    barplot2(t(BAFAmont2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","ligh
tgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,100),names.arg="")
    mtext(t(BAFAmont2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
    mtext(t(BAFAmont2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
    }
    abline(h=62,col=2,lty=2)
    barplot2(t(cbind(BREAmont2$Cpred,BREAmont2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,10
0),ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Brème
Amont",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=ro
und(t(BREAmont2$age/365),0))
    for(i in 1:length(BREAmont2$Cpred))
    {
    j=3*i-2
    barplot2(t(BREAmont2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","ligh
tgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,100),names.arg="")
    mtext(t(BREAmont2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
    mtext(t(BREAmont2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
    }
    abline(h=62,col=2,lty=2)
    barplot2(t(cbind(CHEAmont2$Cpred,CHEAmont2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,10
0),ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Chevaine
Amont",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=ro
und(t(CHEAmont2$age/365),0))
    for(i in 1:length(CHEAmont2$Cpred))
    {
    j=3*i-2
    barplot2(t(CHEAmont2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","lig
htgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,100),names.arg="")
    mtext(t(CHEAmont2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
    mtext(t(CHEAmont2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)

    }
    abline(h=62,col=2,lty=2)

    barplot2(t(cbind(BAFJonage2$Cpred,BAFJonage2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,60
0),ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Barbeau

```

```

Jonage",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=r
ound(t(BAFJonage2$age/365),0))
  for(i in 1:length(BAFJonage2$Cpred))
  {
  j=3*i-2
  barplot2(t(BAFJonage2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","lig
htgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
  mtext(t(BAFJonage2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
  mtext(t(BAFJonage2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
  }
  abline(h=62,col=2,lty=2)
  barplot2(t(cbind(BREJonage2$Cpred,BREJonage2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,6
00),ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Brème
Jonage",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=r
ound(t(BREJonage2$age/365),0))
  for(i in 1:length(BREJonage2$Cpred))
  {
  j=3*i-2
  barplot2(t(BREJonage2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","lig
htgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
  mtext(t(BREJonage2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
  mtext(t(BREJonage2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
  }
  abline(h=62,col=2,lty=2)
  #legend(1,600,c("Août 2008","Sept. 2008","Oct. 2008","Nov. 2008","Dec.
2008","Jan. 2009"),pch=c("*","+","$","#","-","$"))
  #legend(20,600,c("Eau","Chiro","Gammares","Ephémères","Corbicules"),pch=c
(15,15,15,15,22),col=c("black","darkgrey","grey","lightgrey","black"))
  barplot2(t(cbind(CHEJonage2$Cpred,CHEJonage2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,6
00),ylab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Chevaine
Jonage",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=r
ound(t(CHEJonage2$age/365),0))
  for(i in 1:length(CHEJonage2$Cpred))
  {
  j=3*i-2
  barplot2(t(CHEJonage2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","lig
htgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
  mtext(t(CHEJonage2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
  mtext(t(CHEJonage2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
  }
  abline(h=62,col=2,lty=2)

```

```

barplot2(t(cbind(BAFAval2$Cpred,BAFAval2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,600),yl
ab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Barbeau
Aval",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=roun
d(t(BAFAval2$age/365),0))

```

```

for(i in 1:length(BAFAval2$Cpred))
{
j=3*i-2
barplot2(t(BAFAval2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","lightg
rey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
mtext(t(BAFAval2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(BAFAval2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=62,col=2,lty=2)

```

```

barplot2(t(cbind(BREAval2$Cpred,BREAval2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,600),yl
ab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Brème
Aval",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=roun
d(t(BREAval2$age/365),0))

```

```

for(i in 1:length(BREAval2$Cpred))
{
j=3*i-2
barplot2(t(BREAval2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","lightg
rey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
mtext(t(BREAval2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(BREAval2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=62,col=2,lty=2)

```

```

barplot2(t(cbind(CHEAval2$Cpred,CHEAval2$Cobs)),beside=T,ylim=c(0,600),yl
ab="Concentration #153 (ng/g ww)",main="Chevaine
Aval",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=roun
d(t(CHEAval2$age/365),0))

```

```

for(i in 1:length(CHEAval2$Cpred))
{
j=3*i-2
barplot2(t(CHEAval2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","lightg
rey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
mtext(t(CHEAval2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(CHEAval2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=62,col=2,lty=2)

```

```

x11()
par(mfrow=c(3,3))
barplot2(t(cbind(BAFAmont2$BSAFpred,BAFAmont2$BSAFobs)),beside=T,ylim
=c(0,100),ylab="BSAF",main="Barbeau
Amont",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=ro
und(t(BAFAmont2$age/365),0))
  for(i in 1:length(BAFAmont2$Cpred))
  {
  j=3*i-2
  #barplot2(t(BAFAmont2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","li
ghtgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,100),names.arg="")
  mtext(t(BAFAmont2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
  mtext(t(BAFAmont2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
  }
  abline(h=62,col=2,lty=2)
  barplot2(t(cbind(BREAmont2$BSAFpred,BREAmont2$BSAFobs)),beside=T,ylim
=c(0,100),ylab="BSAF",main="Brème
Amont",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=ro
und(t(BREAmont2$age/365),0))
  for(i in 1:length(BREAmont2$Cpred))
  {
  j=3*i-2
  #barplot2(t(BREAmont2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","li
ghtgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,100),names.arg="")
  mtext(t(BREAmont2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
  mtext(t(BREAmont2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
  }
  abline(h=62,col=2,lty=2)
  barplot2(t(cbind(CHEAmont2$BSAFpred,CHEAmont2$BSAFobs)),beside=T,ylim
=c(0,100),ylab="BSAF",main="Chevaine
Amont",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=ro
und(t(CHEAmont2$age/365),0))
  for(i in 1:length(CHEAmont2$Cpred))
  {
  j=3*i-2
  #barplot2(t(CHEAmont2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","li
ghtgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,100),names.arg="")
  mtext(t(CHEAmont2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
  mtext(t(CHEAmont2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)

  }
  abline(h=62,col=2,lty=2)

```

```

barplot2(t(cbind(BAFJonage2$BSAFpred,BAFJonage2$BSAFobs)),beside=T,ylim
=c(0,600),ylab="BSAF",main="Barbeau
Jonage",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=r
ound(t(BAFJonage2$age/365),0))
for(i in 1:length(BAFJonage2$Cpred))
{
j=3*i-2
#barplot2(t(BAFJonage2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","li
ghtgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
mtext(t(BAFJonage2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(BAFJonage2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=62,col=2,lty=2)
barplot2(t(cbind(BREJonage2$BSAFpred,BREJonage2$BSAFobs)),beside=T,ylim
=c(0,600),ylab="BSAF",main="Brème
Jonage",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=r
ound(t(BREJonage2$age/365),0))
for(i in 1:length(BREJonage2$Cpred))
{
j=3*i-2
#barplot2(t(BREJonage2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","li
ghtgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
mtext(t(BREJonage2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(BREJonage2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=62,col=2,lty=2)
#legend(1,600,c("Août 2008","Sept. 2008","Oct. 2008","Nov. 2008","Dec.
2008","Jan. 2009"),pch=c("*","+","§","#","-","$"))
#legend(20,600,c("Eau","Chiro","Gammare","Ephémères","Corbicules"),pch=c
(15,15,15,15,22),col=c("black","darkgrey","grey","lightgrey","black"))
barplot2(t(cbind(CHEJonage2$BSAFpred,CHEJonage2$BSAFobs)),beside=T,ylim
=c(0,600),ylab="BSAF",main="Chevaine
Jonage",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=r
ound(t(CHEJonage2$age/365),0))
for(i in 1:length(CHEJonage2$Cpred))
{
j=3*i-2
#barplot2(t(CHEJonage2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","li
ghtgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
mtext(t(CHEJonage2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(CHEJonage2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=62,col=2,lty=2)

```



```

barplot2(t(cbind(BAFAval2$BSAFpred,BAFAval2$BSAFobs)),beside=T,ylim=c(0,
600),ylab="BSAF",main="Barbeau
Aval",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=roun
d(t(BAFAval2$age/365),0))

```

```

for(i in 1:length(BAFAval2$Cpred))
{
j=3*i-2
#barplot2(t(BAFAval2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","ligh
tgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
mtext(t(BAFAval2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(BAFAval2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=62,col=2,lty=2)

```

```

barplot2(t(cbind(BREAval2$BSAFpred,BREAval2$BSAFobs)),beside=T,ylim=c(0,
600),ylab="BSAF",main="Brème
Aval",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=roun
d(t(BREAval2$age/365),0))

```

```

for(i in 1:length(BREAval2$Cpred))
{
j=3*i-2
#barplot2(t(BREAval2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","ligh
tgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
mtext(t(BREAval2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(BREAval2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=62,col=2,lty=2)

```

```

barplot2(t(cbind(CHEAval2$BSAFpred,CHEAval2$BSAFobs)),beside=T,ylim=c(0
,600),ylab="BSAF",main="Chevaine
Aval",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,col=c("black","azure2"),names.arg=roun
d(t(CHEAval2$age/365),0))

```

```

for(i in 1:length(CHEAval2$Cpred))
{
j=3*i-2
#barplot2(t(CHEAval2[i,12:16]),beside=F,col=c("black","darkgrey","grey","ligh
tgrey","white"),add=T,axes=F,space=j,ylim=c(0,600),names.arg="")
mtext(t(CHEAval2$sexe[i]),side=1,line=0.2,at=j+1,cex=0.7)
mtext(t(CHEAval2$date[i]),side=1,at=j+1,cex=0.8,line=2.5)
}
abline(h=62,col=2,lty=2)

```

```

par(mfrow=c(3,3))

barplot2(CpredCobsBAFamont,beside=T,ylim=c(0,100),ylab="Concentration
#153 (ng/g ww)",main="Barbeau
Amont",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,plot.ci=T,ci.l=CBAFinfamont,ci.u=CBA
Fsupamont,col=c("black","lightgrey"))

abline(h=75,col=2,lty=2)

barplot2(CpredCobsBREamont,beside=T,ylim=c(0,100),ylab="Concentration
#153 (ng/g ww)",main="Brème
Amont",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,plot.ci=T,ci.l=CBREinfamont,ci.u=CBR
Esupamont,col=c("black","lightgrey"))

abline(h=75,col=2,lty=2)

barplot2(CpredCobsCHEamont,beside=T,ylim=c(0,100),ylab="Concentration
#153 (ng/g ww)",main="Chevaine
Amont",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,plot.ci=T,ci.l=CCHEinfamont,ci.u=CCH
Esupamont,col=c("black","lightgrey"))

abline(h=75,col=2,lty=2)

barplot2(CpredCobsBAF,beside=T,ylim=c(0,1000),ylab="Concentration #153
(ng/g ww)",main="Barbeau
GDL",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,plot.ci=T,ci.l=CBAFinf,ci.u=CBAFsup,col
=c("black","lightgrey"))

abline(h=75,col=2,lty=2)

barplot2(CpredCobsBRE,beside=T,ylim=c(0,1000),ylab="Concentration #153
(ng/g ww)",main="Brème
GDL",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,plot.ci=T,ci.l=CBREinf,ci.u=CBREsup,col
=c("black","lightgrey"))

abline(h=75,col=2,lty=2)

barplot2(CpredCobsCHE,beside=T,ylim=c(0,1000),ylab="Concentration #153
(ng/g ww)",main="Chevaine
GDL",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,plot.ci=T,ci.l=CCHEinf,ci.u=CCHEsup,col
=c("black","lightgrey"))

abline(h=75,col=2,lty=2)

barplot2(CpredCobsBAFaval,beside=T,ylim=c(0,1000),ylab="Concentration
#153 (ng/g ww)",main="Barbeau
Aval",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,plot.ci=T,ci.l=CBAFinfaval,ci.u=CBAFsup
aval,col=c("black","lightgrey"))

abline(h=75,col=2,lty=2)

barplot2(CpredCobsBREaval,beside=T,ylim=c(0,1000),ylab="Concentration
#153 (ng/g ww)",main="Brème
Aval",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,plot.ci=T,ci.l=CBREinfaval,ci.u=CBREsup
aval,col=c("black","lightgrey"))

abline(h=75,col=2,lty=2)

barplot2(CpredCobsCHEaval,beside=T,ylim=c(0,1000),ylab="Concentration
#153 (ng/g ww)",main="Chevaine
Aval",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2,plot.ci=T,ci.l=CCHEinfaval,ci.u=CCHesu
paval,col=c("black","lightgrey"))

abline(h=75,col=2,lty=2)

```

```

plot(CobsCHEamont,CpredCHEamont,ylim=c(0,100),xlim=c(0,100),xlab="Conc
entrations observées",ylab="Concentrations
prédites",cex.lab=1.5,cex.axis=1.5,cex.main=2)
points(CobsBREamont,CpredBREamont,pch=15,col=2)
points(CobsBAFamont,CpredBAFamont-20,pch=17,col=3)
curve(1*x,add=T)
abline(h=153,col=2,lty=2)
abline(v=153,col=2,lty=2)

par(mfrow=c(2,2))
plot(CobsCHE,CpredCHE,ylim=c(0,1000),main="GDL",xlim=c(0,1000),xlab="C
oncentrations observées",ylab="Concentrations prédites",cex.lab=1.2,cex.axis=1.2)
points(CobsBRE,CpredBRE,pch=15,col=2)
points(CobsBAF,CpredBAF,pch=17,col=3)
curve(1*x,add=T)
abline(h=75,col=2,lty=2)
abline(v=75,col=2,lty=2)

plot(CobsCHEaval,CpredCHEaval,ylim=c(0,1000),main="Aval",xlim=c(0,1000),
xlab="Concentrations observées",ylab="Concentrations
prédites",cex.lab=1.2,cex.axis=1.2)
points(CobsBREaval,CpredBREaval,pch=15,col=2)
points(CobsBAFaval,CpredBAFaval,pch=17,col=3)
curve(1*x,add=T)
abline(h=75,col=2,lty=2)
abline(v=75,col=2,lty=2)

save(CCHEmoyamont,file="CHEamont.RData")
write(CCHEmoyamont,file="CHEamont.txt")

boxplot(10^(0.4+1.05*log10(62/PredObs$BSAFpred)),ylab="iPCB sediment
concentration (ng/g dw)")
points(rep(1,length(PredObs$BSAFpred)),10^(0.4+1.05*log10(62/PredObs$BS
AFpred)),col=2)
summary(10^(0.4+1.05*log10(62/PredObs$BSAFpred)))

```

Annexe 6 Actions de valorisation

Communication, diffusion des informations

- Mise en place d'un site Web (<https://tsip-pcb.cemagref.fr/>), comportant deux parties : une partie publique et une partie à accès protégé pour les membres de l'équipe de projet. Ce site collaboratif permet d'une part l'échange d'informations et le partage des données entre partenaires du projet, et contribue d'autre part à la diffusion des acquis. La partie publique a vocation à supporter des textes et illustrations accessibles à un public assez large, dont la conception et la réalisation devra mobiliser l'ensemble des partenaires (scientifiques et institutionnels) du projet.
- Une série de séminaires ouverts a été organisée pour présenter les méthodes, les résultats et les discuter :
 - 12/02/2009 (Lyon, ENS) : méthodes d'interprétation des données relatives à la datation des couches dans les carottes de sédiments ; études sédimentologiques et contamination par les PCB, approches pratiquées par l'US Geological Survey. Participants : une trentaine, scientifiques (Région Rhône Alpes, collectivités, industriels, administrations).
 - 14/12/2009 (Villeurbanne, CNRS) : présentation des résultats et esquisse d'interprétation ; présentation de la situation dans d'autres fleuves (Seine aval, Moselle). Participants : une cinquantaine, scientifiques (principalement Région Rhône Alpes, collectivités, industriels, administrations).
 - 06/01/2011 (Lyon, Agence de l'Eau) : rappel des résultats et interprétations ; construction du modèle de bioaccumulation ; ouvertures sur la Seine (sédimentologie), inventaire national de la contamination des poissons. Participants : plus de cinquante, scientifiques (Région Rhône Alpes, et autres, collectivités, industriels, administrations).
- Co-organisation avec l'INRA (Thonon les Bains) d'un séminaire sur les PCBs dans les lacs alpins : historique, données générales sur la contamination biologique, les sédiments et perspectives et présentation de l'avancement du projet TSIP (12/06/2009).

Communication scientifique – participation à des conférences scientifiques

Affiches

- 5ème conférence internationale sur la remédiation des sédiments contaminés (Battelle, Jacksonville, FL, USA – 02-05 février 2009) : PCB congeners pattern analysis in sediment : attempting to link sources to observations (Babut M., Villeneuve B., Miège C.)
- 14ème conférence ISTA (International Symposium on Toxicity Assessment, Metz, septembre 2009) : Identification of food webs for freshwater river fishes for food-web modelling purposes (Lopes C., Roy A., Roger M.-C., Babut M., Persat H.)
- 20th SETAC Europe (Seville, Espagne, 23-27 Mai 2010) : Transfer of PCBs from sediment to biota in the Rhône River: effects of foraging behaviours
- **SEDNET (Gwen)**

Ces affiches sont disponibles sur le site collaboratif en format pdf après l'évènement où elles ont été présentées.

Communications orales

- 36ème Aquatic Toxicity Workshop (La Malbaie, Québec, septembre 2009) : Temporal and spatial variations in PCB contamination of sediments and source apportionment in a section of the Rhone River, France (G. Roux, C. Miège, A. Roy, B. Mahler, I. Lefèvre, P. Bonte, M. Desmet, H. Persat, P. van Metre, M. Babut)
- colloque de l'Association des Sédimentologues de France (Rennes, 27-29 octobre 2009) : Dynamique fluviale, flux sédimentaires et impact anthropique sur le

Rhône : histoire des aménagements et des contaminants métalliques/organiques (M. Desmet, G. Roux, H. Persat, I. Lefèvre, P. Bonte, J-P. Bravard, P. van Metre, B. Mahler, A. Roy, M. Babut)

- National Monitoring Conference (Denver (CO, USA), 25-29 avril 2010) : Application of paleolimnology to a large river to reconstruct metals and organic contaminants inputs
- 23ème Réunion des Sciences de la Terre (Bordeaux, 25-29 octobre 2010) : Histoire des métalliques et organiques dans les sédiments du Rhône
- 3^{ème} conférence Eau & Santé (Lyon, 20/01/2011) : Comment les poissons se contaminent par les PCB , Eléments de réponse pour quelques espèces d'eau douce.
- (SETAC Milan)

Articles dans des revues scientifiques à comité de lecture

1. Desmet M., Roux G., Persat H., van Metre P., Mahler B., Roy A., Miège C., Bonte P., Lefèvre I., Babut M., (in prep.) PCB historical trends as recorded by Rhone river sediments. Environ Pollut.
2. Lopes C, Perga ME, Roy A, Roger M-C, Persat H, Babut M. (soumis) PCB contamination pathways of freshwater fishes: when spatial gradients of contamination drive fish consumption advisories. Chemosphere
3. Lopes C., Persat H., Babut M. (in prep.) Food-web bioaccumulation model for PCBs in three freshwater fish species

Formation

Master GEMA

Annexe 7 Références

1. Safe, S., S. Bandiera, and T. Sawyer, *PCBs: Structure-function relationships and mechanism of action*. Environmental Health Perspectives, 1985. **VOL. 60**: p. 47.
2. Safe, S. and D. Phil, *Polychlorinated biphenyls (PCBs) dibenzo-p-Dioxins (PCDDs), dibenzofurans (PCDFs), and related compounds: environmental and mechanistic considerations which support the development of toxic equivalency factors (TEFs)*. CRC Critical Reviews in toxicology, 1990. **21**(1): p. 51-87.
3. Safe, S., *Toxicology, structure-function relationship, and human and environmental health impacts of polychlorinated biphenyls: Progress and problems*. Environmental Health Perspectives, 1993. **100**: p. 259.
4. Safe, S.H., *Polychlorinated biphenyls (PCBs): Environmental impact, biochemical and toxic responses, and implications for risk assessment*. Critical Reviews in Toxicology, 1994. **24**(2): p. 87.
5. CARSO, *Etude des PCB et des métaux sur les poissons du Haut-Rhône - Synthèse des campagnes 1988, 1989, 1991 et 1999*. 2000, Service de la Navigation Rhône Saône - Mission Environnement: Lyon. p. 48.
6. AFSSA, *Avis de l'Agence Française de sécurité sanitaire des aliments relatif à une demande d'appui scientifique et technique relative au risque sanitaire lié à la consommation de poissons pêchés dans le département du Rhône (zone du canal de Jonage)*. 2005, AFSSA: Maisons-Alfort. p. 1-2.
7. Babut, M. and C. Miège, *Contamination des poissons et des sédiments du Rhône par les polychlorobiphényles - Synthèse des données disponibles*. 2007, Cemagref: Lyon. p. 39.
8. Karickhoff, S.W., D.S. Brown, and T.A. Scott, *Sorption of hydrophobic pollutants on natural sediments*. Water Research, 1979. **13**(3): p. 241-248.
9. Capel, P.D. and S.J. Eisenreich, *Relationship between chlorinated hydrocarbons and organic carbon in sediment and porewater*. Journal of Great Lakes Research, 1990. **16**(2): p. 245-257.
10. Guildford, S.J., et al., *PCB Concentrations in Lake Trout (*Salvelinus namaycush*) Are Correlated to Habitat Use and Lake Characteristics*. Environmental Science & Technology, 2008. **42**(22): p. 8239-8244.
11. Phillips, D.L., et al., *Chlorinated hydrocarbon levels in human serum: Effects of fasting and feeding*. Archives of Environmental Contamination and Toxicology, 1989. **18**(4): p. 495-500.
12. E.C., *Commission Regulation (EC) n° 199/2006 of 3 February 2006 amending Regulation (EC) No 466/2001 setting maximum levels for certain contaminants in foodstuffs as regards dioxins and dioxin-like PCBs*. 2006, Official Journal of the European Union. p. 32/34-32/38.
13. Clerc, E., *Caractérisation sédimentologique et géochimique des sédiments du Rhône - Etude de quatre sites sur le Rhône : la lône de La Morte, la retenue du Grand Large, la darse de Crépieux et la lône de l'Île-du-Beurre*. 2008, Université Claude Bernard Lyon1/INSA/ENTPE - Master 2 Sciences de l'Environnement Industriel & Urbain (SEIU): Villeurbanne. p. 80.
14. Pourchet, M., J.F. Pinglot, and M.A. Melieres, *Cesium 137 and lead 210 in alpine lake sediments: measurements and modeling of mixing processes*. Journal of Geophysical Research, 1989. **94**(C9): p. 12,761-12,770.

15. Van Metre, P.C. and B.J. Mahler, *Contaminant trends in reservoir sediment cores as records of influent stream quality*. Environmental Science and Technology, 2004. **38**(11): p. 2978-2986.
16. Vieille-Blanchard, M., *Ressources trophiques utilisées par deux espèces de poissons du Rhône*. 2007, Université de Lille 2 - Master2 Toxicologie environnementale et Industrielle: Lyon. p. 27.
17. C.E., *Directive établissant, conformément à la directive 2000/60/CE du Parlement européen et du Conseil, des spécifications techniques pour l'analyse chimique et la surveillance de l'état des eaux*. 2009, Journal officiel de l'Union européenne. p. 201/36 - 201/38.
18. Helsel, D.R., *Non-detects and data analysis - Statistics for censored environmental data*. Statistics in practice. 2005, Hoboken (NJ): John Wiley & sons. 250.
19. Lake, J.L., et al., *Equilibrium partitioning and bioaccumulation of sediment-associated contaminants by infaunal organisms*. Environmental Toxicology and Chemistry, 1990. **9**(8): p. 1095-1106.
20. Di Toro, D.M., et al., *Technical basis for establishing sediment quality criteria for nonionic organic chemicals using equilibrium partitioning*. Environmental Toxicology and Chemistry, 1991. **10**: p. 1541-1583.
21. Koelmans, A.A., et al., *Organic carbon normalisation of PCB, PAH and pesticide concentrations in suspended solids*. Water Research, 1997. **31**(3): p. 461-470.
22. Brannon, J.M., et al., *Organic matter quality and partitioning of PCB*. Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology, 1998. **61**(3): p. 333-338.
23. Burgess, R.M., S.A. Ryba, and M.G. Cantwell, *Importance of organic carbon quantity on the variation of K(oc) in marine sediments*. Toxicological and Environmental Chemistry, 2000. **77**(1-2): p. 9-29.
24. Baker, J.E., P.D. Capel, and S.J. Elsenreich, *Influence of colloids on sediment. Water partition coefficients of polychlorobiphenyl congeners in natural waters*. Environmental Science and Technology, 1986. **20**(11): p. 1136-1143.
25. Burgess, R.M., et al., *Exploratory analysis of the effects of particulate characteristics on the variation in partitioning of nonpolar organic contaminants to marine sediments*. Water Research, 2001. **35**(18): p. 4390-4404.
26. Opel, O., et al., *Inside-sediment partitioning of PAH, PCB and organochlorine compounds and inferences on sampling and normalization methods*. Environmental Pollution, 2011. **159**(4): p. 924-931.
27. Pickard, S.W., et al., *Bioaccumulation potential of sediment-associated polychlorinated biphenyls (PCBS) in Ashtabula Harbor, Ohio*. Journal of Great Lakes Research, 2001. **27**(1): p. 44-59.
28. Gobas, F.A.P.C. and L.G. Maclean, *Sediment-water distribution of organic contaminants in aquatic ecosystems: The role of organic carbon mineralization*. Environmental Science and Technology, 2003. **37**(4): p. 735-741.
29. Nam, J.J., et al., *Relationships between organic matter, black carbon and persistent organic pollutants in European background soils: Implications for sources and environmental fate*. Environmental Pollution, 2008. **156**(3): p. 809-817.
30. Koelmans, A.A., et al., *Black carbon: The reverse of its dark side*. Chemosphere, 2006. **63**(3): p. 365-377.
31. Werner, D., et al., *Polychlorinated Biphenyl Sorption and Availability in Field-Contaminated Sediments*. Environmental Science & Technology, 2010. **44**(8): p. 2809-2815.

32. Hebert, C.E. and K.A. Keenleyside, *To normalize or not to normalize ? Fat is the question*. Environmental Toxicology and Chemistry, 1995. **14**(5): p. 801-807.
33. Bravard, J.P. and J.M. Peiry, *The CM pattern as a tool for the classification of alluvial suites and floodplains along the river continuum*, in *Special Publications*. 1999, Geological Society: London. p. 259-268.
34. Bruckmeier, B.F.A., et al., *PCBs and PCDD/Fs in lake sediments of Grosser Arbersee, Bavarian Forest, south Germany*. Environmental Pollution, 1997. **95**(1): p. 19-25.
35. Zennegg, M., et al., *The historical record of PCB and PCDD/F deposition at Greifensee, a lake of the Swiss plateau, between 1848 and 1999*. Chemosphere, 2007. **67**(9): p. 1754-1761.
36. Bogdal, C., et al., *Sediment record and atmospheric deposition of brominated flame retardants and organochlorine compounds in lake Thun, Switzerland: lessons from the past and evaluation of the present*. Environmental Science & Technology, 2008. **42**: p. 6817-6822.
37. Van Metre, P.C., E. Callender, and C.C. Fuller, *Similar rates of decrease of persistent, hydrophobic and particle-reactive contaminants in riverine systems*. Environmental Science & Technology, 1998. **32**(21): p. 3312-3317.
38. Van Metre, P.C. and B.J. Mahler, *Trends in hydrophobic organic contaminants in urban and reference lake sediments across the United States, 1970-2001*. Environmental Science and Technology, 2005. **39**(15): p. 5567-5574.
39. Breivik, K., et al., *Towards a global historical emission inventory for selected PCB congeners - A mass balance approach: 1. Global production and consumption*. Science of the Total Environment, 2002. **290**(1-3): p. 181-198.
40. Breivik, K., et al., *Towards a global historical emission inventory for selected PCB congeners - A mass balance approach: 2. Emissions*. Science of the Total Environment, 2002. **290**(1-3): p. 199-224.
41. Jung, S., *Impacts des rejets urbains sur les milieux aquatiques. Analyse historique de la contamination urbaine dans les sédiments du lac du Bourget (Savoie, France) et du bassin de Pampulha (Belo Horizonte, Brésil)*, in *Ecole doctorale Ville et Environnement 2009*, Université Paris-Est.
42. Moscariello, A., A.M. Schneider, and M.L. Filippi, *Late glacial and early Holocene palaeoenvironmental changes in Geneva Bay (Lake Geneva, Switzerland)*. Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology 1998. **140**: p. 51-73.
43. Debret, M., et al., *North western Alps Holocene paleohydrology recorded by flooding activity in Lake Le Bourget, France and its relationship with Mont-Blanc glacier fluctuations*. Quat. Sci. Rev. , 2010. **29**(17-18): p. 2185-2200.
44. Van Metre, P.C., E. Callender, and C.C. Fuller, *Historical trends in organochlorine compounds in river basins identified using sediment cores from reservoirs*. Environmental Science & Technology, 1997. **31**(8): p. 2339- 2344.
45. Chalmers, A.T., P.C. Van Metre, and E. Callender, *The chemical response of particle-associated contaminants to urbanization in New England, U.S.A.* Journal of Contaminant Hydrology, 2007. **91**: p. 4-25.
46. Fruget, J.-F., et al., *Acceptabilité écologique du rejet dans le Rhône de l'usine TREDI Saint Vulbas en ce qui concerne les PCB*. 2010, Trédi - Séché global solutions, ARALEP: Lyon. p. 198.
47. Konat, J. and G. Kowaleswka, *Polychlorinated biphenyls (PCBs) in sediments of the southern Baltic Sea- trends and fate*. Science of the Total Environment, 2001. **280**: p. 1-15.

48. Choi, W.W. and K.Y. Chen, *Associations of chlorinated hydrocarbons with fine particles and humic substances in nearshore surficial sediments*. Environmental Science and Technology, 1976. **10**: p. 782-786.
49. Means, J.C., et al., *Sorption of polynuclear aromatic hydrocarbons by sediments and soils*. Environmental Science and Technology, 1980.
50. Doutriaux, E., *L'aménagement du Rhône et la gestion de la végétation*. Revue Française d'Allergologie, 1997. **37**: p. 83-87.
51. Miesch, A.T., *Q-mode factor analysis of compositional data*. Computers & Geosciences, 1976. **1**: p. 147-159.
52. Hsu, Y.K., T.M. Holsen, and P.K. Hopke, *Locating and quantifying PCB sources in Chicago: Receptor modeling and field sampling*. Environmental Science and Technology, 2003. **37**(4): p. 681.
53. Bzdusek, P.A., J.H. Lu, and E.R. Christensen, *PCB congeners and dechlorination in sediments of Sheboygan River, Wisconsin, determined by matrix factorization*. Environmental Science & Technology, 2006. **40**(1): p. 120-129.
54. Bzdusek, P.A., et al., *PCB congeners and dechlorination in sediments of Lake Hartwell, South Carolina, determined from cores collected in 1987 and 1998*. Environmental Science & Technology, 2006. **40**(1): p. 109-119.
55. Uchimiya, M. and S. Masunaga, *Time trends in sources and dechlorination pathways of dioxins in agrochemically contaminated sediments*. Environmental Science & Technology, 2007. **41**(8): p. 2703-2710.
56. Norris, G., et al., *EPA Positive Matrix Factorization (PMF) 3.0 Fundamentals & User Guide*, O.o.R. Development, Editor. 2008, U.S. Environmental Protection Agency: Washington, DC. p. 81.
57. Monod, G., A. Devaux, and J.L. Riviere, *Effects of chemical pollution on the activities of hepatic xenobiotic metabolizing enzymes in fish from the river Rhône*. Science of the Total Environment, 1988. **73**: p. 189-201.
58. Wiegel, J. and Q.Z. Wu, *Microbial reductive dehalogenation of polychlorinated biphenyls*. Fems Microbiology Ecology, 2000. **32**(1): p. 1-15.
59. Magar, V.S., et al., *Long-term recovery of PCB-contaminated sediments at the Lake Hartwell superfund site: PCB dechlorination. 1. End-member characterization*. Environmental Science and Technology, 2005. **39**(10): p. 3538-3547.
60. Kim, J. and G.Y. Rhee, *Reductive dechlorination of polychlorinated biphenyls as affected by sediment characteristics*. Chemosphere, 2001. **44**(6): p. 1413-1420.
61. Rhee, G.Y., et al., *Dechlorination of polychlorinated biphenyls by Hudson river sediment organisms: Specificity to the chlorination pattern of congeners*. Environmental Science and Technology, 1993. **27**(6): p. 1190-1192.
62. Grant, P.B.C., et al., *Environmental fractionation of PCBs and PBDEs during particle transport as recorded by sediments in coastal waters*. Environmental Toxicology and Chemistry, 2011. **30**(7): p. 1522-1532.
63. Kannan, N., et al., *High resolution PCB analysis of kanechlor, phenoclor and sovol mixtures using multidimensional gas chromatography*. International Journal of Environmental Analytical Chemistry, 1992. **47**(3): p. 201-215.
64. Borga, K., et al., *Biological and chemical factors of importance in the bioaccumulation and trophic transfer of persistent organochlorine contaminants in arctic marine food webs*. Environmental Toxicology And Chemistry, 2004. **23**(10): p. 2367-2385.

65. Dufour, E. and D. Gerdeaux, *Apports des isotopes stables ($^{13}\text{C}/^{12}\text{C}$, $^{15}\text{N}/^{14}\text{N}$, $^{18}\text{O}/^{16}\text{O}$, $^{36}\text{S}/^{34}\text{S}$, $^{87}\text{Sr}/^{86}\text{Sr}$) aux études écologiques sur les poissons*. *Cybiurn*, 2001. **25**(4): p. 369-382.
66. Post, D.M., *Using stable isotopes to estimate trophic position: Models, methods, and assumptions*. *Ecology*, 2002. **83**(3): p. 703-718.
67. Lunn, D.J., et al., *WinBUGS - A Bayesian modelling framework: Concepts, structure, and extensibility*. *Statistics and Computing*, 2000. **10**(4): p. 325-337.
68. Parnell, A., et al., *Source partitioning Using Stable Isotopes: Coping with Too Much Variation*. *PLoS ONE*, 2010. **5**(3): p. e9672.
69. Missildine, B.R., et al., *Polychlorinated biphenyl concentrations in adult Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) returning to coastal and Puget Sound hatcheries of Washington State*. *Environmental Science and Technology*, 2005. **39**(18): p. 6944-6951.
70. Babut, M., et al., *Correlations between dioxin-like and indicators PCBs: potential consequences for environmental studies involving fish or sediment*. *Environmental Pollution*, 2009. **157**: p. 3451-3456.
71. Loizeau, V., et al., *A model of PCB bioaccumulation in the sea bass food web from the Seine estuary (Eastern English channel)*. *Marine Pollution Bulletin*, 2001. **43**(7-12): p. 242-255.
72. Gobas, F.A.P.C., *A model for predicting the bioaccumulation of hydrophobic organic chemicals in aquatic food-webs : application to Lake Ontario*. *Ecological Modelling*, 1993. **69**: p. 1-17.
73. Gobas, F.A.P.C. and J. Wilcockson, *San Francisco Bay PCB Food-Web Model*. 2003.
74. Gobas, F.A.P.C. and J.A. Arnot, *Food web bioaccumulation model for polychlorinated biphenyls in San Francisco Bay, California, USA*. *Environmental Toxicology and Chemistry*, 2010. **29**(6): p. 1385-1395.
75. Loizeau, V., A. Abarnou, and A. Ménesguen, *A Steady-State Model of PCB Bioaccumulation in the Sea Bass (*Dicentrarchus labrax*) Food Web from the Seine Estuary, France*. *Estuaries*, 2001. **24**(68): p. 1074-1087.
76. Thomann, R.V. and J.P. Connolly, *Model of PCB in the Lake Michigan Lake Trout food chain*. *Environmental Science and Technology*, 1984. **18**(2): p. 65.
77. Thomann, R., J.P. Connolly, and T.F. Parkerton, *An equilibrium model of organic chemical accumulation in aquatic food webs with sediment interaction*. *Environmental Toxicology and Chemistry*, 1992. **11**(5): p. 615.
78. Madenjian, C.P., et al., *Sexual difference in PCB concentrations of walleyes (*Sander vitreus*) from a pristine lake*. *Science of the Total Environment*, 2009. **407**(15): p. 4526-4532.
79. Li, N., et al., *A Comprehensive and Critical Compilation, Evaluation, and Selection of Physical-Chemical Property Data for Selected Polychlorinated Biphenyls*. *Journal of Physical and Chemical Reference Data*, 2003. **32**(4): p. 1545-1590.
80. Gagnon, M.M., et al., *Congener-specific analysis of the accumulation of polychlorinated-biphenyls (PCBs) by aquatic organisms in the maximum turbidity zone of the St-Lawrence estuary, Quebec, Canada*. *Science of the Total Environment*, 1990. **97-8**: p. 739-759.
81. Nfon, E. and I.T. Cousins, *Modelling PCB bioaccumulation in a Baltic food web*. *Environmental Pollution*, 2007. **148**(1): p. 73.

82. Paterson, G., K.G. Drouillard, and G.D. Haffner, *PCB elimination by yellow perch (Perca flavescens) during an annual temperature cycle*. Environmental Science and Technology, 2007. **41**(3): p. 824-829.
83. Arnot, J.A. and F. Gobas, *A food web bioaccumulation model for organic chemicals in aquatic ecosystems*. Environmental Toxicology And Chemistry, 2004. **23**(10): p. 2343-2355.
84. Norstrom, R.J., A.E. McKinnon, and A.S.W. DeFreitas, *A bioenergetics based model for pollutant accumulation by fish. Simulation of PCB and methylmercury residue levels in Ottawa River yellow perch (Perca flavescens)*. J.FISH.RES.BOARD CANADA, 1976. **33**(2): p. 248-267.
85. Ballestrazzi, R. and D. Lanari, *Growth, body composition and nutrient retention efficiency of growing sea bass (Dicentrarchus labrax L) fed fish oil or fatty acid Ca salts*. Aquaculture, 1996. **139**(1-2): p. 101-108.
86. Gobas, F., et al., *Mechanism of biomagnification in fish under laboratory and field conditions*. Environmental Science & Technology, 1999. **33**(1): p. 133-141.
87. Nichols, J.W., et al., *Dietary uptake kinetics of 2,2',5,5'-tetrachlorobiphenyl in rainbow trout*. Drug Metabolism and Disposition, 2001. **29**(7): p. 1013-1022.
88. Landrum, P.F., et al., *Toxicokinetics of PCB congeners by Diporeia spp.: effects of temperature and organism size*. 1998.
89. Thome, J.P. and D. Leroy, *Impact de la contamination métallique et organique sur la faune piscicole*. 2007: Douai.