



HAL
open science

ALBACOM: Rôle de l'intermittence dans la structuration des communautés aquatiques (Fragmentation dynamique, dispersion et structuration des communautés aquatiques)

Hervé Capra, T. Datry, Florian Malard, Eric Sauquet, Aurelien Beaufort, Jérôme Lejot, Maxence Forcellini, Lara Konecny-Dupré, Veysièrè Charlotte, Kristell Michel, et al.

► To cite this version:

Hervé Capra, T. Datry, Florian Malard, Eric Sauquet, Aurelien Beaufort, et al.. ALBACOM: Rôle de l'intermittence dans la structuration des communautés aquatiques (Fragmentation dynamique, dispersion et structuration des communautés aquatiques). [Research Report] ZABR, Lyon; Agence de l'Eau. 2019. hal-03368847

HAL Id: hal-03368847

<https://hal.inrae.fr/hal-03368847>

Submitted on 12 Sep 2023

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.

Public Domain

Accord Cadre ZABR- Agence de l'Eau



ALBACOM : Rôle de l'intermittence dans la structuration des communautés aquatiques

(Fragmentation dynamique, dispersion et structuration des communautés aquatiques)

Equipes de recherche « ZABR » concernées :

Irstea-Riverly : H. Capra, M. Forcellini, T. Datry, E. Sauquet, A. Beaufort



UMR 5600-Lyon 2-IRG : J. Lejot, K. Michel, F. Perret, H. Piégay



UMR 5023-Lyon 1-LEHNA - E3S : C. Douady, F. Malard, L. Konecny-Dupre



Autres partenaires :

UMR 5321 - Station de Moulis : S. Blanchet



UMR 5174 - laboratoire EDB : C. Veyssière (CDD)



RÉSUMÉ

Quantifier les réponses des métacommunautés à la fragmentation de l'habitat est particulièrement important dans des situations où la réponse aux altérations environnementales devrait dépendre fortement de la dispersion, de l'utilisation de refuges ou de la recolonisation. La triple confluence Ain-Albarine-Seynard, cœur de site du tout nouveau site atelier de la ZABR, « Vallée de l'Ain, confluences et (dis)continuités », s'avère très propice à la mise en œuvre d'un programme de grande envergure pour comprendre la structuration et le fonctionnement des communautés sous différentes contraintes telles que les éclusées issues de la production hydroélectrique de pointe (dans l'Ain) ou les périodes de déconnexion hydrologique de l'Albarine. Le projet ALBACOM de l'appel d'offre ZABR-Agence de l'Eau vise à tester si la distance génétique entre populations du cœur de site "Vallée de l'Ain, confluences et (dis)continuités" est influencée par les caractéristiques des assecs, ceci pour différentes espèces d'invertébrés et de poissons représentant une large gamme de capacités de dispersion.

Le projet ALBACOM est composé de trois parties complémentaires. La première est une remise à jour du modèle hydrologique statistique prédisant l'intermittence de l'Albarine (ELFMOD) permettant d'évaluer la connectivité avec l'Ain à partir d'une analyse des chroniques de débit disponibles de 1980 à 2018 et d'une spatialisation de ces débits pour représenter leur variabilité le long du linéaire qui s'assèche. La seconde est une étude de faisabilité de la réalisation d'un modèle numérique de terrain (MNT) par technologie embarquée sur drone. Enfin, la troisième est une analyse de la structure génétique (microsatellites) des populations de quatre espèces de poissons et de trois espèces d'invertébrés échantillonnées dans l'Ain en amont (Pont d'Ain) et en aval (Pont de Chazey) de la confluence de l'Albarine, à l'amont de la zone d'assèchement dans l'Albarine et dans le Seynard a montré des différences.

Le caractère intermittent de l'Albarine s'affirme vers la partie aval (jusqu'à plus de 50% à la confluence avec l'Ain) et la portion en amont (entre la station hydrométrique de Saint Rambert et l'amont de Torcieu) ne semble pas sujette à l'intermittence. L'analyse temporelle montre que tous les ans, un assec est observé, ce qui conduit à une déconnexion amont-aval quasi systématique sur plus de six mois, mais non nécessairement de manière continue. En moyenne, l'emprise maximale de l'assec est de l'ordre de 15 km de linéaire et s'observe en août ou septembre. Le phénomène d'assec émerge en milieu de printemps et perdure jusqu'à la fin de l'automne.

Les données de la campagne LiDAR drone ne sont actuellement pas suffisamment précises pour être corrélées à des données hydrologiques et à des relevés d'habitat. Cependant, des pistes d'améliorations ont d'ores et déjà été identifiées et laissent présager la possibilité de mieux corréliser les nuages de points entre eux.

L'analyse génétique a montré que quelle que soit l'espèce considérée (poissons et invertébrés), l'assèchement de l'Albarine tendait à isoler des populations en amont et aval des secteurs intermittents (résultat très marqué pour la loche franche, *Barbatula barbatula*). Pour toutes les espèces, y compris l'isopode souterrain *Proasellus walteri*, les populations en amont de l'assec de l'Albarine ont des compositions génétiques très nettement discriminées des autres populations. Cet assec crée donc une rupture de connectivité certes temporaire, mais qui semble limiter la dispersion des espèces et altérer les flux génétiques.

Dans un contexte de changement global, les assecs vont devenir plus longs et plus fréquents. Compte tenu des premiers résultats présentés dans cette étude, ce scénario pourrait avoir des conséquences sur la structuration génétique des populations de part et d'autre des assecs, avec des implications fortes en terme de gestion.

SOMMAIRE

Liste des figures.....	5
Liste des tableaux.....	7
INTRODUCTION.....	8
MODÉLISATION DE L'INTERMITTENCE.....	11
Site d'étude.....	11
Matériel et Méthodes.....	11
Résultats.....	15
Discussion.....	23
Limite.....	23
DESCRIPTION DE LA MORPHOLOGIE ASSÉCHÉE : Tests de restitution de la topographie du lit de l'Albarine par technologie embarquée sur drone.....	25
Introduction.....	25
Matériel et Méthodes.....	25
Résultats.....	30
Conclusions et perspectives.....	33
DISTANCES GÉNÉTIQUES ENTRE POPULATIONS.....	34
Site d'étude.....	34
Matériel et Méthodes.....	37
Description des espèces cibles et hypothèses testées.....	37
Échantillonnage de la faune.....	39
Analyses au laboratoire.....	42
Analyses statistiques.....	43
Résultats.....	44
Analyse des distances génétiques.....	44
Régressions sur matrices de distances.....	44
Analyses discriminantes.....	45
Conclusions.....	48
SYNTHÈSE ET CONCLUSIONS DU PROJET ALBACOM.....	49
BIBLIOGRAPHIE.....	50
ANNEXES.....	54
Annexe 1 : Fiche technique ELFMOD(R) - version 01/1/2019.....	54
Annexe 2 : Matrice des distances entre les sites de prélèvement par espèce.....	56
Annexe 3 : Aperçu des trois cours d'eau échantillonnés : Ain, Seymard et Albarine.....	57

Liste des figures

Figure 1 : Schéma conceptuel de l’hypothèse principale de l’analyse génétique testée dans le projet ALBACOM. Les populations échantillonnées dans trois cours d’eau (disques de couleur) à égale distance (d) de la confluence entre les trois cours d’eau (disque noir) et de part et d’autre d’un assèchement (trait rouge, qui débute à la confluence) devraient être plus éloignées d’un point de vue génétique si elles sont isolées les unes des autres par l’assèchement (orange vs bleu, rouge et gris)..	9
Figure 2 : Bassin versant de l’Albarine avec les sites de jaugeage et les stations hydrométriques disponibles.....	12
Figure 3 : Prises de vue aux sites de jaugeage 5 et 6, le 25 avril 2018 (© Irstea).....	13
Figure 4 : Prise de vue de l’Albarine à proximité de la confluence avec l’Ain, le 28 juin 2018.....	13
Figure 5 : Prises de vue au site de jaugeage 4, le 28 juin 2018 (© Irstea).....	14
Figure 6 : Distribution des erreurs de reconstitution sur les jaugeages 2008-2010 (boîte à moustache) et écarts entre débits jaugés en 2018 et débits prédits par ELFMOD calé sur les données 2008-2010 (les dénominations « T » sont celles utilisées par l’équipe d’Irstea pour les identifier)..	16
Figure 7 : Débits estimés et jaugés tous sites et toutes campagnes confondus (en rouge : la ligne 1 :1) – Echelle racine.....	17
Figure 8 : Positionnement du front d’assèchement (fond de carte Géoportail) et prises de vue le 14 septembre 2018 (© B. Launay, Irstea).....	17
Figure 9 : Profil hydrologique du 14 septembre 2018 reconstitué par ELFMOD et localisation du front d’assèchement (barre verticale bleue).....	18
Figure 10 : Fréquence d’intermittence (% de jour avec un débit nul) calculée entre 1981 et 2018 le long de l’Albarine (les points en orange sont les sites jaugés et ceux en rouge sont les stations hydrométriques).....	19
Figure 11 : Evolution spatio-temporelle des débits selon ELFMOD au droit des points de jaugeage sur les périodes d’échantillonnage biologique.....	19
Figure 12 : Quantiles 10, 25, 50, 75 et 90% de longueur (km) de linéaire en assec sur la période 1981-2018 (courbe en bleu : médiane, enveloppe en bleu prononcé : intervalle interquartile, enveloppe en bleu clair : intervalle interdécile) – la courbe en noir représente l’année avec la durée en assec la plus longue (ici 1989).....	22
Figure 13 : Longueur (km) de linéaire en assec sur la période 1981-2018.....	22
Figure 14 : Drone LiDAR Six3, a) vue d’ensemble, b) Equipements de navigation et de positionnement, (c) vue de face, (d) Zoom sur les 3 antennes de réceptions satellites (une pour la navigation, une pour le LiDAR et une pour la correction des données, e) Drone Phantom 4 DJI.....	26
Figure 15 : Localisation des trois sites tests et de suivi : Saint-Maurice-de-Remens aval et amont, Bettant.....	27
Figure 16 : Extrait d’un nuage de point LiDAR d’un tronçon du site de Saint-Maurice-de-Remens (aval).....	28
Figure 17: a) Comparaison entre deux Frames d’une même scène (site de Saint-Maurice-de-Remens aval). Observation d’un décalage de 2m en Z. b) Schéma des 3 axes d’orientation de la trajectoire d’un vecteur aérien (d’après Point, 2019).....	29
Figure 18: Restitution des macro-formes sur un tronçon du site de Saint-Maurice-de-Remens, a) modèle numérique de terrain (MNT), b) modèle numérique de surface (MNS).....	31
Figure 19: Simulation d’une ligne d’eau théorique drapée sur le MNT avec une augmentation du niveau d’eau par palier de 50 cm, a) niveau altimétrique le plus bas en situation d’assec, b) à +50	

cm du niveau le plus bas, c) à + 100 cm du niveau le plus bas, d) à + 150 cm du niveau le plus bas, e) à + 200 cm du niveau le plus bas, f) à + 250 cm du niveau le plus bas.....	32
Figure 20 : Vue générale du site d'étude (Cf. quelques photos en Annexe 3). Les sites d'échantillonnage se situent de part et d'autre de la confluence Ain – Albarine et de la zone de disconnexion (assèchement). Les quatre secteurs de prélèvement sont AinU, AinD, SeyU et AlbU. Noter ici que pour le Seynard et l'Albarine, plusieurs sites de prélèvement existent compte tenu de la difficulté à trouver certains individus (cf. Tableau 5).....	35
Figure 21 : Liste des espèces échantillonnées. A gauche, les poissons : vairon, loche, chevaine et chabot (de haut en bas). À droite, les invertébrés, aselle, proaselle et gammare (de haut en bas). Les résultats pour le chabot et le gammare ne sont pas présentés dans ce rapport.....	36
Figure 22 : A : distribution des entités génétiques au sein de l'espèce <i>Proasellus walteri</i> ; B : Photo de <i>P. walteri</i> (longueur du spécimen : 2.5 mm ; les appendices très fragiles sont manquants suite à l'échantillonnage) ; C : Localisation de la zone d'étude (Rivières d'Ain, Seynard et Albarine).....	37
Figure 23: Représentation sous forme de boxplots (traits horizontaux = 75, 50 et 25 % de la distribution) des distances génétiques mesurées entre chaque paire de site pour deux métriques de différenciation que nous avons calculées (Fst à gauche et Dch à droite) pour chaque type de site (connexion plus ou moins forte de gauche à droite). Les mesures de distance génétique (pour le Dch) ont été indiquées pour chaque espèce et chaque type de site sur le graphique de droite (trait de couleur pour chaque espèce).....	46
Figure 24 : Premier plan factoriel (F1F2) des analyses discriminantes (DAPC) réalisées pour chaque espèce étudiée dans le but d'identifier visuellement la structuration génétique globale de chaque espèce au sein du réseau hydrographique (regroupement des individus par site d'échantillonnage). Ain_ amont en gris, Ain_aval en bleu, Seynard en rouge et Albarine en orange.....	47

Liste des tableaux

Tableau 1 : Statistiques des écarts entre débits simulés par ELFMOD et débits jaugés avec les deux jeux de calage – les numéros de site se réfèrent à la Figure 2 et les noms entre parenthèses aux intitulés dans les bases de données Irstea.....	16
Tableau 2 : Statistiques de longueur maximale (km) de linéaire en assec sur la période 1981-2018 (en gras les valeurs maximales annuelles).....	20
Tableau 3 : Statistiques du nombre de jours présentant au moins un assec observé sur la période 1981-2018 (en gras les valeurs maximales annuelles).....	21
Tableau 4. Paramètres des sites et des campagnes drone.....	28
Tableau 5 : Synthèse des échantillonnages par site et par espèce.....	41
Tableau 6 : Résultats des régressions des distances génétiques sur matrices de distances.....	44

INTRODUCTION

Contexte

La structuration des communautés par l'habitat local et sa variabilité temporelle, liée principalement aux variations de débit, est reconnue depuis longtemps (Hutchinson 1957) et forme le socle des modèles d'habitat (Lamouroux *et al.*, 2018). Cependant, les communautés aquatiques sont aussi liées spatialement à plus large échelle, régionalement, par la dispersion, formant ainsi des métacommunautés (Leibold *et al.* 2004). Désormais, les mesures de gestion et de restauration écologique doivent prendre en compte ces deux échelles (locale et régionale) et les processus qui s'y déroulent (ex. les préférences d'habitat et la dispersion) pour être efficaces et durables (Heino *et al.* 2015). Quantifier les réponses des métacommunautés à la fragmentation de l'habitat est particulièrement important dans des situations où la réponse aux altérations environnementales devrait dépendre fortement de la dispersion, de l'utilisation de refuges ou de la recolonisation (ex : gestion des éclusées, gestion de la connectivité longitudinale).

Peu d'études apportent des données quantitatives concernant la dynamique spatiale des communautés aquatiques en lien avec l'habitat à l'échelle du réseau hydrographique (réseau contraint dans l'espace avec une forte composante amont – aval). Cela est dû au fait qu'il est très difficile d'étudier les mouvements individuels à une échelle de temps et d'espace pertinente (Jönsson *et al.* 2016 ; Heino *et al.* 2018). Les progrès des dernières années dans les technologies de suivi individuel (télémétrie) permettent maintenant d'envisager l'acquisition de données pour plusieurs centaines d'individus sur plusieurs années. D'autre part les approches moléculaires, de plus en plus faciles d'accès, permettent de mesurer des divergences entre populations/communautés et donc d'évaluer différents degrés d'isolement et de connections entre populations/communautés locales. Toutefois, ces approches restent coûteuses et demandent un important degré d'expertise et sont donc encore peu utilisées.

Le projet ALBACOM s'insère pleinement dans le tout nouveau site atelier de la ZABR, « Vallée de l'Ain, confluences et (dis)continuités » dont l'objectif principal est de pouvoir s'intéresser collectivement aux (dis)continuités spatio-temporelles physiques, biologiques et sociales dans un hydrosystème à fortes contraintes physiques (ex.: courants forts, chaleurs fortes, assèchements), à forte variabilité spatiale (barrages, refuges et confluences) et temporelle (ex assecs, crues et éclusées). L'objectif de ce site atelier est de pouvoir aborder des problématiques portant sur les refuges, les systèmes sources en dynamique des populations, la dispersion à large échelle pour améliorer les connaissances sur les mécanismes de structuration des méta-populations et méta-communautés, le développement de modèles de flux de polluants, ou encore les questions de dépendance amont-aval entre les usagers. Le site atelier "Vallée de l'Ain, confluences et (dis)continuités" se caractérise par un cœur de site composé de la basse vallée de l'Ain (43 km), de l'Albarine (affluent intermittent de l'Ain ; 49 km), du Seynard (15 km) un affluent aval pérenne de l'Albarine et du Rhône entre Sault-Brénaz et Jons (35 km). La triple confluence Ain-Albarine-Seynard s'avère propice à la mise en œuvre d'un programme de grande envergure pour comprendre la structuration et le fonctionnement des communautés sous différentes contraintes telles que les éclusées issues de la production hydroélectrique de pointe (dans l'Ain) ou les périodes de déconnexion hydrologique de l'Albarine.

Finalité

Le projet ALBACOM de l'appel d'offre Zabr-Agence de l'Eau, fait suite aux projets Irstea-AERMC «Cours d'eau temporaires en RM&C» (2009-2011 ; Datry *et al.*, 2011) et «Connectifish» (2012-2014, Capra *et al.*, 2015), qui ont montré que la répartition spatiale des invertébrés et des poissons dans le réseau hydrographique basse vallée de l'Ain-Albarine-Seynard était influencée par la présence de confluences et l'occurrence d'assecs de l'Albarine. Le projet ALBACOM vise à tester si la distance génétique entre populations du cœur de site "Vallée de l'Ain, confluences et (dis)continuités" est influencée par les caractéristiques des assecs, ceci pour différentes espèces d'invertébrés et de poissons représentant une large gamme de capacités de dispersion. À distances physiques équivalentes, les populations de l'amont de l'Albarine (amont de l'assec) devraient être plus éloignées d'un point de vue génétique de celles de l'aval, que les populations de l'aval entre elles (Figure 1).

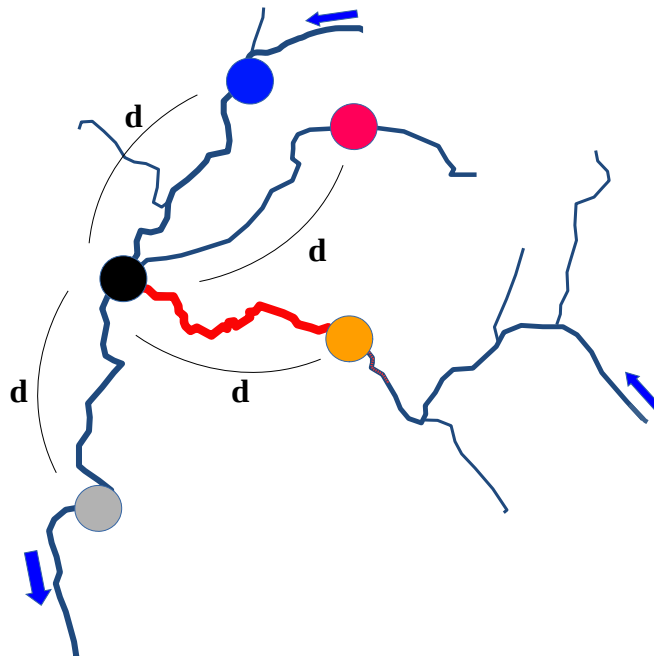


Figure 1 : Schéma conceptuel de l'hypothèse principale de l'analyse génétique testée dans le projet ALBACOM. Les populations échantillonnées dans trois cours d'eau (disques de couleur) à égale distance (d) de la confluence entre les trois cours d'eau (disque noir) et de part et d'autre d'un assèchement (trait rouge, qui débute à la confluence) devraient être plus éloignées d'un point de vue génétique si elles sont isolées les unes des autres par l'assèchement (orange vs bleu, rouge et gris).

Pour tester l'hypothèse d'un possible effet de l'assèchement de l'Albarine sur des populations d'espèces présentes en amont et en aval de cet assec (Figure 1) le projet ALBACOM repose sur trois approches complémentaires. Ces trois approches correspondent aux trois parties qui structurent le présent rapport :

- une présentation de la remise à jour du modèle hydrologique statistique prédisant l'intermittence de l'Albarine permettant d'évaluer la connectivité avec l'Ain (ELFMOD ; Rupp *et al.*, 2008, Larned *et al.*, 2011). Cette partie présente une description fine de la dynamique de l'assèchement de l'Albarine (durée, fréquence & amplitude des ruptures de

connectivité) à partir (a) d'une analyse des chroniques des stations hydrométriques de St Rambert et de St Denis en Bugey de 1980 à 2018, (b) d'une spatialisation de ces débits pour représenter leur variabilité le long du linéaire qui s'assèche.

- une étude de faisabilité de la réalisation d'un modèle numérique de terrain (MNT) par technologie embarquée sur drone pour mieux décrire le positionnement longitudinal du front d'assèchement et par conséquent des refuges possibles (ex. mouilles);
- une analyse génétique (étude de la variabilité structurelle de microsatellites) de plusieurs populations de quatre espèces de poissons et de trois espèces d'invertébrés dans l'Ain en amont (Pont d'Ain) et en aval (Pont de Chazey) de la confluence de l'Albarine, à l'amont de la zone d'assèchement dans l'Albarine et dans le Seymard. Cette étude des distances génétiques entre populations d'invertébrés et de poissons couvre une large gamme de capacités de dispersion. La dimension méthodologique concernant l'apport des méthodes génétiques nous a conduit à collaborer étroitement avec les équipes travaillant sur l'effet des obstacles à la dispersion sur la distance génétique entre populations (Blanchet *et al.*, 2010).

MODÉLISATION DE L'INTERMITTENCE

Le projet ALBACOM a été l'opportunité d'examiner l'intermittence de l'Albarine et la connectivité avec l'Ain et de modéliser ces phénomènes grâce au modèle ELFMOD (Rupp *et al.*, 2008). ELFMOD a déjà été déployé sur l'Albarine (Larned *et al.*, 2011 ; Datry, 2012).

Un des objectifs assignés au projet était d'en actualiser le paramétrage et de poursuivre sa validation grâce à des données LiDAR (Light Detection And Ranging) et des nouvelles campagnes de jaugeage. Le vol LiDAR, outre son objectif premier de produire un MNT haute résolution, devait permettre de confronter le positionnement des fronts d'assèchement et de remise en eau prédits par ELFMOD alimenté par les conditions hydrologiques du jour du vol. Malheureusement les conditions hydrologiques de l'année 2018 (assèchement tardif) n'ont pas permis un vol LiDAR. L'actualisation et la validation s'est donc appuyée sur les deux campagnes de jaugeage menées en 2018 (avec l'appui de l'équipe technique d'Irstea, F. Thollet et A. Buffet (RiverLy, HYR), et G. Le Goff (RiverLy, DYNAM)).

Site d'étude

Le site d'étude est la portion la plus en aval de l'Albarine (Figure 20) , c'est-à-dire le linéaire entre la station hydrométrique de Saint-Rambert-en-Bugey et la confluence avec l'Ain.

Matériel et Méthodes

Données disponibles :

Il existe deux stations de suivi hydrométrique dans le bassin versant de l'Albarine, une située à l'amont à Saint-Rambert-en-Bugey (V2924010) et l'autre à l'aval à Saint-Denis-en-Bugey (V2934010) qui enregistre des valeurs nulles. Les débits sont disponibles à pas de temps journalier sur la banque HYDRO (www.hydro.eaufrance.fr). Ils ont été exploités sur la période entre 1981 et 2018 (avant 1981, les données de la station de Saint Denis sont jugées douteuses par le gestionnaire et tous les débits nuls ont, semble-t-il, été remplacés par des lacunes). Les données ont été téléchargées le 28 janvier 2019.

Des jaugeages ont été effectués sur 13 sites répartis entre la station hydrométrique de Saint-Rambert-en-Bugey et la confluence de l'Albarine avec l'Ain sur une longueur de 23 km. Les sites sont distribués le long du linéaire avec un écart moyen de 1.5 km (écart min = 0.8 km ; écart max = 3.4 km). Ces 13 sites ont été suivis au cours de 33 campagnes de jaugeages menées entre 2008 et 2010 (Larned *et al.*, 2011 ; Datry, 2012). Le site n°7 est confondu avec la station hydrométrique. En 2018, dans la continuité des suivis entre 2008 et 2010, deux nouvelles campagnes de jaugeage ont été réalisées le 25 avril et le 28 juin sur ces mêmes sites (Figure 3, Figure 4, Figure 5).

Méthode :

Empirical Longitudinal Flow MODEL (ELFMOD, Rupp *et al.*, 2008) est un outil statistique qui reconstitue les évolutions spatio-temporelles des débits le long d'un cours d'eau. Il s'appuie sur des relations empiriques entre des mesures ponctuelles de débits (jaugeages) d'une part, et des débits mesurés aux stations hydrométriques situées sur le même cours d'eau et d'autres observations jugées pertinentes (type piézométrique) d'autre part. ELFMOD interpole ensuite linéairement les débits journaliers calculés aux points de jaugeage et mesurés aux stations hydrométriques selon un pas d'espace régulier. Ceci permet d'obtenir finalement un débit continu et spatialisé sur l'ensemble du linéaire du cours d'eau sur la période de disponibilité des débits aux stations hydrométriques. ELFMOD est actuellement diffusé sous licence par l'institut néozélandais NIWA sous la forme d'un exécutable codé en langage Matlab® et téléchargeable ici : (<https://www.niwa.co.nz/freshwater-and-estuaries/management-tools/empirical-longitudinal-flow-model>).

Un code écrit en langage R reprenant les équations d'ELFMOD présentées dans (Rupp *et al.*, 2008) a été développé dans le cadre du projet ALBACOM. Cette retranscription ELFMOD(R) (cf. Annexe 1) permettra à terme de faire évoluer le schéma d'interpolation et de mieux contrôler le processus de calage des formules empiriques.

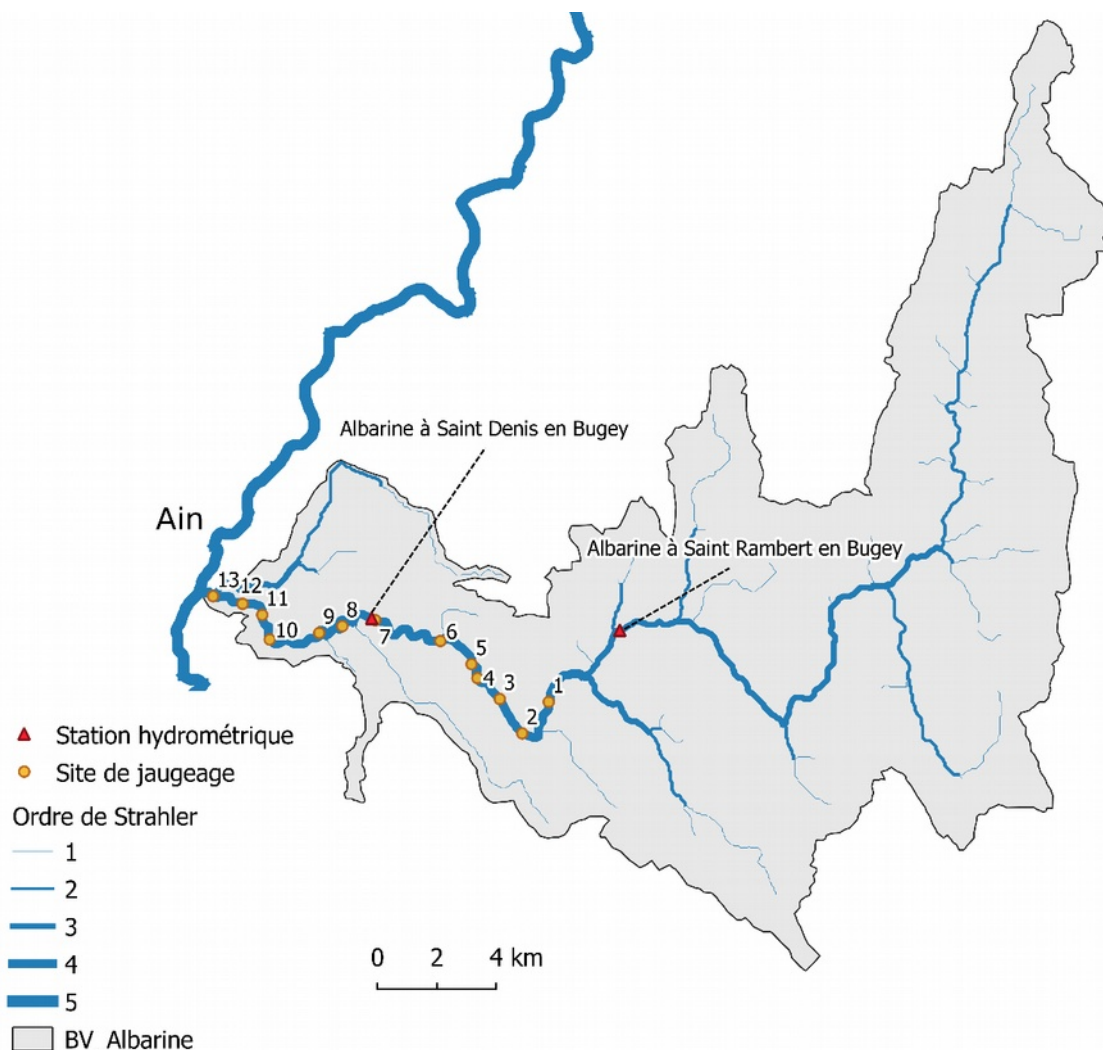


Figure 2 : Bassin versant de l'Albarine avec les sites de jaugeage et les stations hydrométriques disponibles



Figure 3 : Prises de vue aux sites de jaugeage 5 et 6, le 25 avril 2018 (© Irstea)



Figure 4 : Prise de vue de l'Albarine à proximité de la confluence avec l'Ain, le 28 juin 2018

(© Irstea)



Figure 5 : Prises de vue au site de jaugeage 4, le 28 juin 2018 (© Irstea)

ELFMOD est décrit ici dans sa configuration la plus simple : deux stations hydrométriques sur la rivière cible utilisées pour estimer les débits aux points de jaugeage. Pour ce cas, le débit estimé au point de jaugeage Q à l'instant t est :

$$\begin{cases} Q(t) = 0 \text{ si } Q_{av} \leq Q^* + \alpha Q_{am} \\ Q(t) = \beta_0 + \beta_{av} Q_{av}(t) + \beta_{am} Q_{am}(t) \text{ sinon} \end{cases}$$

où Q_{am} et Q_{av} sont les débits aux stations hydrométriques amont et aval. Les paramètres α , β_{am} , β_{av} , β_0 et Q^* sont à caler. La première ligne du système d'équation renvoie à la modélisation de l'état « assec » versus « en eau ». Les deux paramètres α et Q^* héritent d'une régression logistique. Ce modèle logistique prédit la probabilité d'un point de jaugeage d'être en assec à l'instant t :

$$\Pr(Q(t) = 0) = 1/(1 + \exp(-(b_0 + b_{am} Q_{am}(t) + b_{av} Q_{av}(t))))$$

Les paramètres b_0 , b_{am} et b_{av} sont liés analytiquement aux paramètres α et Q^* . Si cette probabilité est supérieure à 0.5, alors $Q(t) = 0$. La relation de la seconde ligne est obtenue par régression linéaire sur les données de débits mesurés et jaugés strictement positifs.

Le système d'équations donne le débit Q_j aux différents points j (incluant les sites de jaugeage et les deux stations hydrométriques amont et aval). La méthode utilisée pour l'interpolation entre deux sections adjacentes, indexée par $i-1$ et i , dépend de l'écoulement de chaque section. Si les deux sections sont humides, le débit interpolé à une distance ΔL en aval de la section $i-1$ à l'instant t est donné par

$$Q(L_{i-1} + \Delta L, t) = Q_{i-1}(t) + (Q_i(t) - Q_{i-1}(t)) \Delta L / (L_i - L_{i-1})$$

où $Q_i(t) = Q(L_i, t)$ et $\Delta L < L_i - L_{i-1}$.

Lorsqu'un des deux points amont ou aval est à sec, le front d'assèchement doit être évalué.

- Dans le cas d'un point amont en eau et un point aval à sec, le débit est donné par :

$$Q(L_{i-1} + \Delta L, t) = Q_{i-1}(t) + \Delta L (dQ/dL)(i, t)$$

et le front d'assèchement est localisé à la distance $L_{i-1} - Q_{i-1} / (dQ/dL)(i, t)$;

- Dans la configuration inverse - un point amont à sec et un point aval en eau - le débit est donné par :

$$Q(L_{i-1} + \Delta L, t) = Q_i(t) - (L_i - L_{i-1} - \Delta L) (dQ/dL)(i, t)$$

et le front d'assèchement est localisé à la distance $L_i - Q_i / (dQ/dL)(i, t)$.

Un gradient de débit dQ/dL considéré uniforme entre deux sites de jaugeage est estimé à partir d'une relation empirique entre dQ/dL et le débit Q , ou logarithme du débit Q ou par simple moyenne des dQ/dL sur des configurations de débits mesurés strictement positifs en amont et en aval (pour ne pas être biaisé par une absence d'information sur le front d'assèchement entre les sections).

Résultats

Validation :

La pertinence des données relevées lors des campagnes de jaugeage entre 2008 et 2010 est une question légitime étant donné les évolutions notamment morphologiques de la rivière (qu'elles soient d'origine naturelle ou anthropique), les changements de courbes de tarage, etc.

ELFMOD a donc été appliqué sur 2018 à partir des campagnes réalisées entre 2008 et 2010 (donc sans introduire les campagnes de 2018). Les débits estimés ont été confrontés aux débits mesurés des 25 avril et 28 juin. Les erreurs de reconstitution pour les points jaugés en 2018 sont représentées en rouge en Figure 6. Elles restent dans la gamme des erreurs constatées entre 2008 et 2010. L'utilisation en extrapolation des relations calées sur la période 2008-2010 reste valide et donc les jaugeages, même « anciens », sont toujours pertinents pour décrire la variabilité actuelle des débits aux points de jaugeage.

Pour compléter l'analyse, les médianes et écarts-types des erreurs par point de jaugeages sont données pour ELFMOD avec les campagnes 2008-2010 et les campagnes 2008-2018. Compte-tenu des conditions hydrauliques, les mesures en 2018 n'ont pas pu être réalisées au site n°1. De ce fait

les statistiques n'ont pas été réactualisées. Les statistiques montrent que le biais moyen est faible (médiane proche de zéro) et elles sont peu sensibles aux jaugeages de 2018. Le nombre des jaugeages des campagnes antérieures est suffisant et l'amélioration du modèle ne peut être portée par de nouvelles mesures de débit.

La Figure 7 représente les débits estimés en fonction des débits jaugés, sur l'ensemble des sites et l'ensemble des campagnes. Une régression linéaire a été calée entre les débits par ailleurs. La pente proche de 1 (0.97), l'ordonnée à l'origine proche de 0 (0.10) et le coefficient de détermination proche de 1 (0.98) atteste de la qualité des reconstitutions.

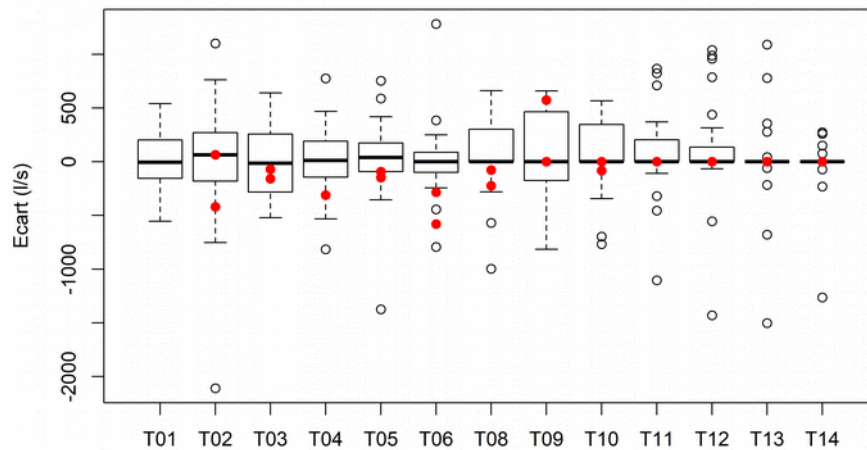


Figure 6 : Distribution des erreurs de reconstitution sur les jaugeages 2008-2010 (boite à moustache) et écarts entre débits jaugés en 2018 et débits prédits par ELFMOD calé sur les données 2008-2010 (les dénominations « T » sont celles utilisées par l'équipe d'Irstea pour les identifier)

Tableau 1 : Statistiques des écarts entre débits simulés par ELFMOD et débits jaugés avec les deux jeux de calage – les numéros de site se réfèrent à la Figure 2 et les noms entre parenthèses aux intitulés dans les bases de données Irstea

Site de jaugeage	Campagne 2008-2010			Campagnes 2008-2010 et 2018		
	Médiane (l/s)	Ecart-type (l/s)	Nombre de jaugeages	Médiane (l/s)	Ecart-type (l/s)	Nombre de jaugeages
1 (T01)	-5.07	277.05	24	-5.07	277.05	24
2 (T02)	62.93	606.09	24	67.5	587.23	26
3 (T03)	-13.44	324.14	24	-8.46	312.59	26
4 (T04)	12.38	333.86	23	16.06	332.35	24
5 (T05)	40.43	395.15	24	21.24	380.83	26
6 (T06)	0	362.37	23	0	365.96	25
7 (T08)	0.56	362.39	24	0	352.79	26
8 (T09)	0	432.19	24	0	426.17	26
9 (T10)	0	353.53	24	0	340.67	26
10 (T11)	0	403.22	24	0	386.75	26
11 (T12)	0	490.71	26	0	473.87	28
12 (T13)	0	428.24	27	0	412.52	29
13 (T14)	0	263.22	27	0	252.35	29

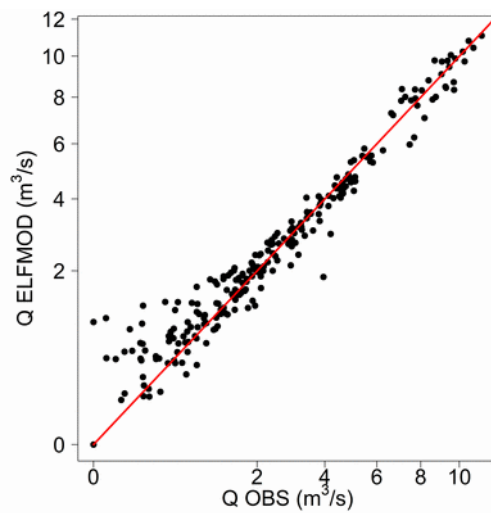


Figure 7 : Débits estimés et jaugés tous sites et toutes campagnes confondus (en rouge : la ligne 1 :1) – Echelle racine

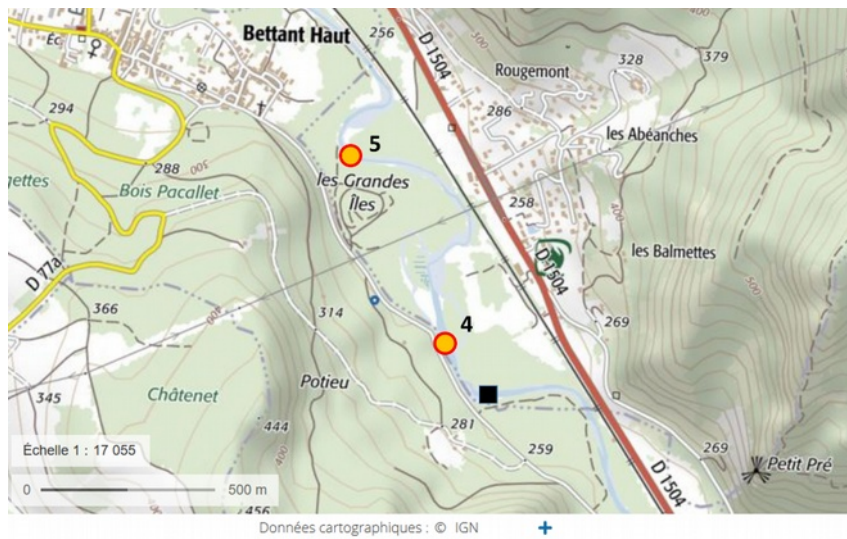


Figure 8 : Positionnement du front d'assèchement (fond de carte Géoportail) et prises de vue le 14 septembre 2018 (© B. Launay, Irstea)

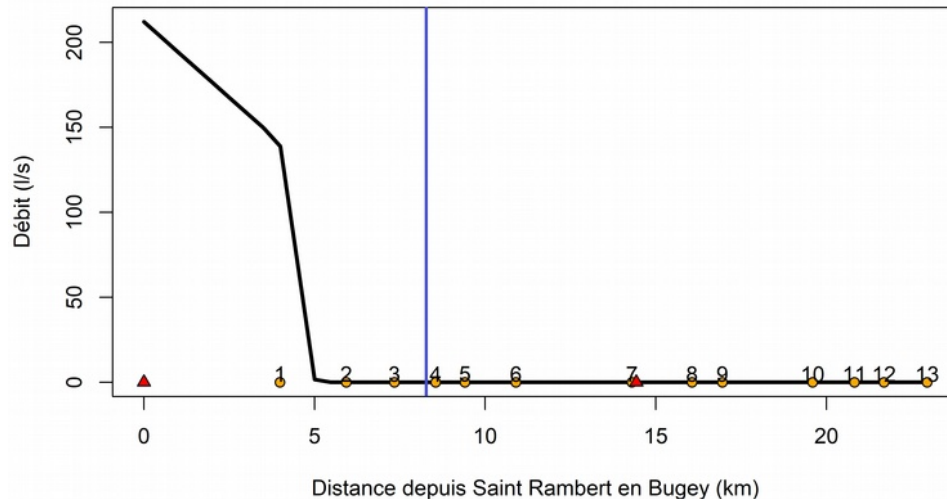


Figure 9 : Profil hydrologique du 14 septembre 2018 reconstitué par ELFMOD et localisation du front d’assèchement (barre verticale bleue)

Pour examiner la capacité d’extrapolation du modèle, un profil a été estimé le 14 septembre 2018, date à laquelle un front d’assèchement a été géolocalisé par B. Launay (RiverLy, DYNAM) (Long.: 5,37767 ; Lat.: 45,9339 ; Figure 8). ELFMOD simule effectivement un assèchement sur la partie aval, mais malheureusement, en amont – entre les points de jaugeage 1 et 2 à 5.5 km de Saint-Rambert-en-Bugey- du point constaté à proximité du site 4 à 8.4 km de Saint-Rambert-en-Bugey. Ceci pourrait suggérer l’existence de discontinuités non capturées par les points de jaugeage et qu’au-delà des incertitudes sur les débits, il existe une incertitude sur l’emprise spatiale des assecs.

Application du modèle ELFMOD :

Deux applications sont présentées ici, à titre d’illustration, à partir de l’ensemble des jaugeages disponibles sur la période 2008-2018 :

- L’évolution de la proportion d’assecs moyenne d’amont en aval sur la période 1981-2018 (Figure 10) ;
- Un focus sur les années d’échantillonnage biologique (2008 à 2011 ; Datry, 2012) qui illustre la dynamique spatio-temporelle (extension maximale des assecs dans l’été, Figure 11) ;
- Le calcul de statistiques annuelles et mensuelles résumant la durée des assèchements (nombre de jour avec au moins le linéaire discrétisé en tronçon de 500 m de long) (Tableau 2, Tableau 3, Figure 12).

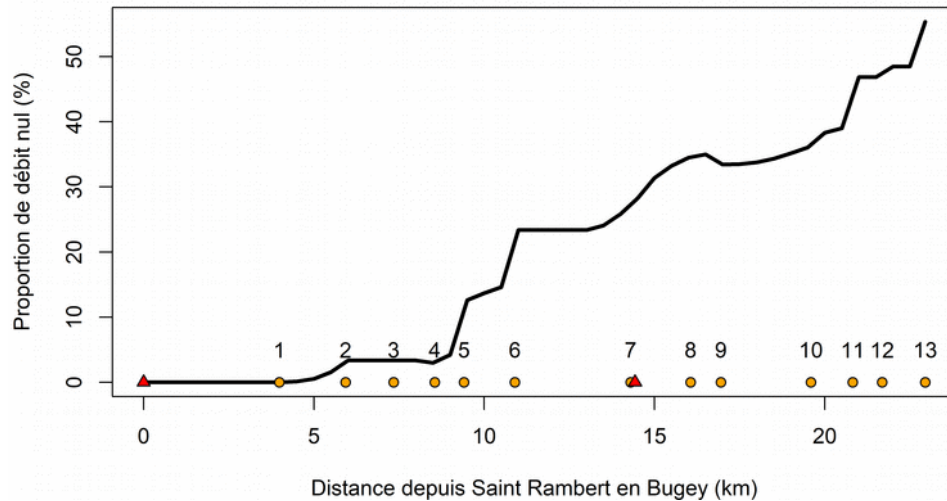


Figure 10 : Fréquence d'intermittence (% de jour avec un débit nul) calculée entre 1981 et 2018 le long de l'Albarine (les points en orange sont les sites jaugés et ceux en rouge sont les stations hydrométriques)

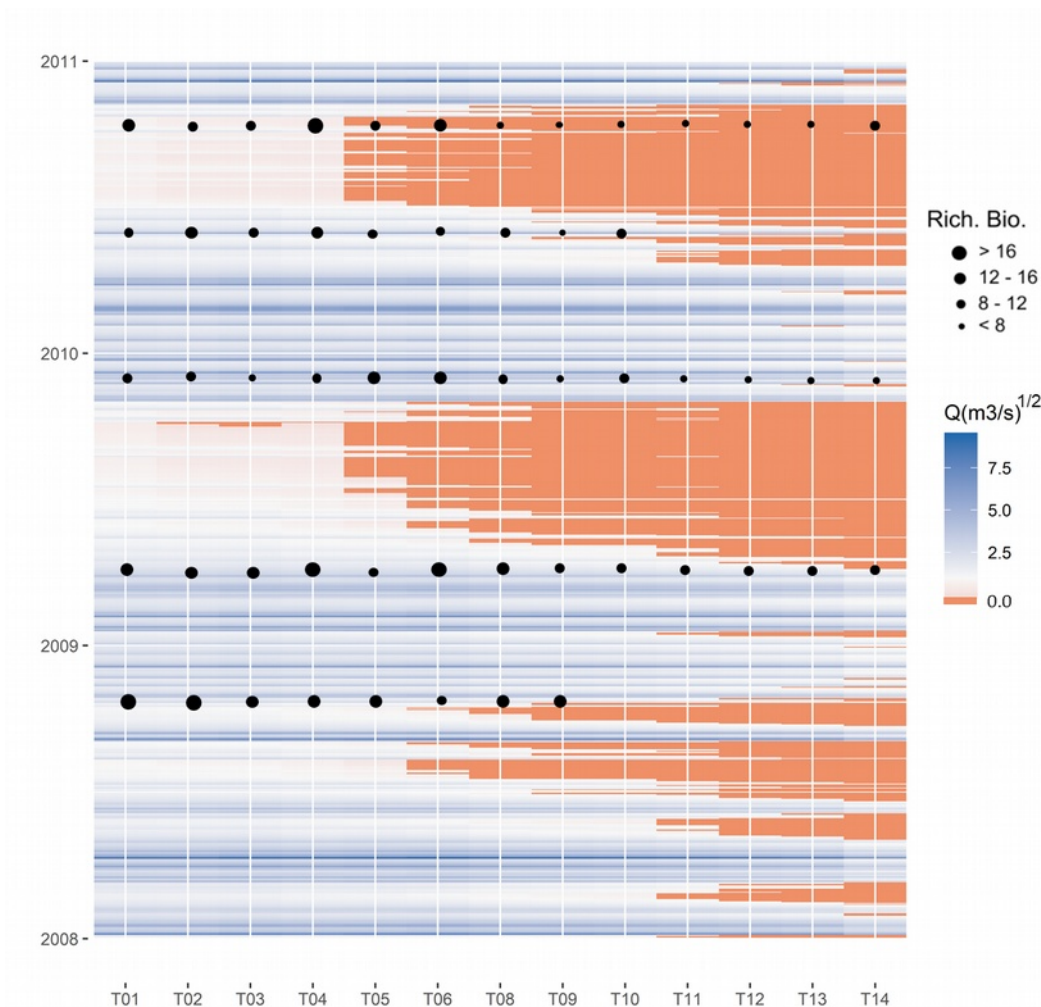


Figure 11 : Evolution spatio-temporelle des débits selon ELFMOD au droit des points de jaugeage sur les périodes d'échantillonnage biologique

Tableau 2 : Statistiques de longueur maximale (km) de linéaire en assec sur la période 1981-2018
(en gras les valeurs maximales annuelles)

Date	J	F	M	A	M	J	J	A	S	O	N	D	Année
1981	1.5	3.5	0.5	8.5	8.5	9	12.5	12.5	12.5	3.5	9.5	0.5	12.5
1982	2.5	8.5	8.5	9	12.5	12.5	12.5	12.5	12.5	2.5	8.5	2.5	12.5
1983	2.5	2.5	0	0	0	9	13.5	14.5	14	14	14	5	14.5
1984	2.5	2.5	4	0.5	7	9.5	14	14.5	14	2.5	9	2.5	14.5
1985	9	0	0.5	2.5	2.5	2.5	12.5	14	18	18.5	18.5	14.5	18.5
1986	3.5	7.5	2.5	0	1.5	12.5	14	14	14	17	12	5.5	17
1987	3.5	0.5	1.5	2.5	3.5	0	2.5	12.5	14	12	2.5	1.5	14
1988	2.5	0.5	1.5	0.5	4.5	7.5	12.5	13.5	14	12	9	0.5	14
1989	12.5	12.5	1.5	1.5	5.5	13	14	18	18.5	18.5	14	14	18.5
1990	14	0	10.5	10.5	12.5	9	12.5	14	17	14	1.5	3.5	17
1991	4.5	12.5	0	4.5	12.5	12.5	14	18	18	1.5	2.5	12.5	18
1992	12.5	12.5	7.5	1.5	8.5	8.5	9.5	14	13.5	13.5	0.5	3.5	14
1993	12.5	12.5	13	12.5	12.5	9	12.5	14	12	0	4.5	0	14
1994	0	0	7.5	3	5	12.5	14	17.5	17	12	0	2	17.5
1995	0	0	0.5	1	0.5	12.5	14	14	14	9	13	2	14
1996	4.5	5	0.5	8.5	0.5	12.5	12.5	14	14	17.5	3	0	17.5
1997	3.5	2	12.5	14	9	12.5	9.5	14	14	14.5	14	0	14.5
1998	0	3.5	5	5.5	12.5	10	14	14	14	2.5	1.5	4.5	14
1999	0.5	0	0	0	0.5	9.5	14	12.5	14	4	0.5	0.5	14
2000	4	0	2.5	0	8.5	12.5	12.5	12.5	13.5	9	0.5	0	13.5
2001	0	2.5	2.5	0	0.5	4.5	10	13.5	13	9	9	9.5	13.5
2002	9	0.5	2.5	12.5	8.5	9.5	12.5	12.5	12.5	12.5	0.5	0.5	12.5
2003	1.5	0.5	5.5	12.5	12.5	14	18	18	18	12.5	3.5	2.5	18
2004	0.5	0.5	0	4	9.5	14	14.5	17	14	14	5	8	17
2005	2.5	3.5	2	0	3.5	14	14.5	17.5	18	18	14	14	18
2006	4.5	9.5	0.5	2.5	5	14	14	14	12.5	8.5	12.5	8.5	14
2007	2.5	0.5	0	8.5	8	0.5	2.5	9	12.5	13	14	3.5	14
2008	4.5	4.5	2.5	0	5	8	12.5	13	12.5	12.5	1.5	0.5	13
2009	4	0	0	3.5	12.5	12.5	14	14	14.5	17.5	11.5	0.5	17.5
2010	0	0	1.5	4.5	8.5	9	14	14	14	13.5	9	2.5	14
2011	3.5	12.5	3.5	12.5	14	14	14	13.5	14	14	12.5	8.5	14
2012	0	4.5	4	4.5	3.5	4	11.5	13	13	7.5	2.5	0	13
2013	0	0.5	2.5	0	0	3.5	11.5	13	13	11.5	0	2.5	13
2014	0	0	0	4	4	13	11	4	14	14	12.5	0	14
2015	0.5	0	0	0	4.5	14	14.5	18	18	14	14	7	18
2016	5	0	0.5	2.5	0	0.5	12.5	14.5	18	18	13	14	18
2017	14	4	4.5	13	5	13	14	18	18	18.5	18.5	5	18.5
2018	0	0	0	5	9	8.5	14	17.5	18.5	19	14	2.5	19
Médiane	2.5	1.25	1.75	3.25	5.25	9.75	13	14	14	12.75	9	2.5	14
Moyenne	3.89	3.41	2.95	4.62	6.36	9.66	12.54	14.17	14.75	11.72	8.05	4.33	15.34
Ecart-type	4.27	4.35	3.53	4.61	4.39	4.16	2.86	2.69	2.15	5.42	5.82	4.58	2.16

Tableau 3 : Statistiques du nombre de jours présentant au moins un assec observé sur la période 1981-2018 (en gras les valeurs maximales annuelles)

Date	J	F	M	A	M	J	J	A	S	O	N	D	Année
1981	2	14	4	20	18	17	26	31	26	16	25	4	203
1982	12	24	14	24	29	23	31	31	28	6	8	5	235
1983	23	7	0	0	0	25	31	31	26	29	26	19	217
1984	6	11	21	3	18	17	31	31	21	16	24	7	206
1985	22	0	5	14	15	20	31	31	30	31	30	25	254
1986	10	19	19	0	4	23	31	31	30	31	23	14	235
1987	12	2	4	2	2	0	19	31	29	7	14	13	135
1988	5	4	3	3	16	19	22	31	30	12	30	1	176
1989	31	23	4	17	26	30	31	31	30	31	27	23	304
1990	29	0	16	6	26	18	19	31	30	28	5	21	229
1991	8	19	0	19	31	24	31	31	27	6	9	23	228
1992	31	5	14	6	10	19	13	31	30	14	1	4	178
1993	27	26	31	17	23	19	29	31	10	0	11	0	224
1994	0	0	21	3	21	30	31	31	11	15	0	1	164
1995	0	0	1	1	10	23	31	31	11	24	15	11	158
1996	24	14	9	10	1	21	23	31	30	31	20	0	214
1997	13	2	29	27	18	22	21	31	30	31	15	0	239
1998	0	19	10	3	20	27	31	31	12	12	8	11	184
1999	3	0	0	0	1	23	31	31	25	16	6	5	141
2000	20	0	7	0	16	28	24	31	30	21	1	0	178
2001	0	9	2	0	4	16	30	31	30	24	27	15	188
2002	17	2	7	30	3	30	31	28	30	18	2	3	201
2003	12	4	15	28	31	30	31	31	30	19	13	7	251
2004	1	1	0	19	24	30	31	19	28	16	6	17	192
2005	15	9	1	0	17	30	31	31	30	31	30	23	248
2006	18	17	3	10	13	30	31	25	29	17	18	15	226
2007	1	3	0	24	13	2	14	31	27	30	24	11	180
2008	7	17	11	0	28	15	29	30	11	25	4	1	178
2009	8	0	0	20	30	30	30	31	30	31	4	1	215
2010	0	0	6	10	25	20	31	31	30	31	7	8	199
2011	9	23	12	24	31	29	23	31	30	30	27	4	273
2012	0	20	18	5	10	11	25	31	27	22	7	0	176
2013	0	1	4	0	0	8	28	31	30	11	0	9	122
2014	0	0	0	17	5	23	9	9	30	24	3	0	120
2015	1	0	0	0	7	29	31	31	28	31	23	28	209
2016	3	0	5	6	0	4	31	31	30	31	8	31	180
2017	30	12	8	29	9	24	31	31	30	31	21	6	262
2018	0	0	0	11	24	13	31	31	30	31	28	3	202
Médiane	8	4	5	8	16	23	31	31	30	24	13.5	7	202.5
Moyenne	10.53	8.08	8	10.74	15.24	21.11	27.24	29.84	26.47	21.84	14.47	9.71	203.26
Ecart-type	10.47	8.76	8.37	10.11	10.3	8.15	5.89	4.1	6.4	9.09	10.18	9.07	41.01

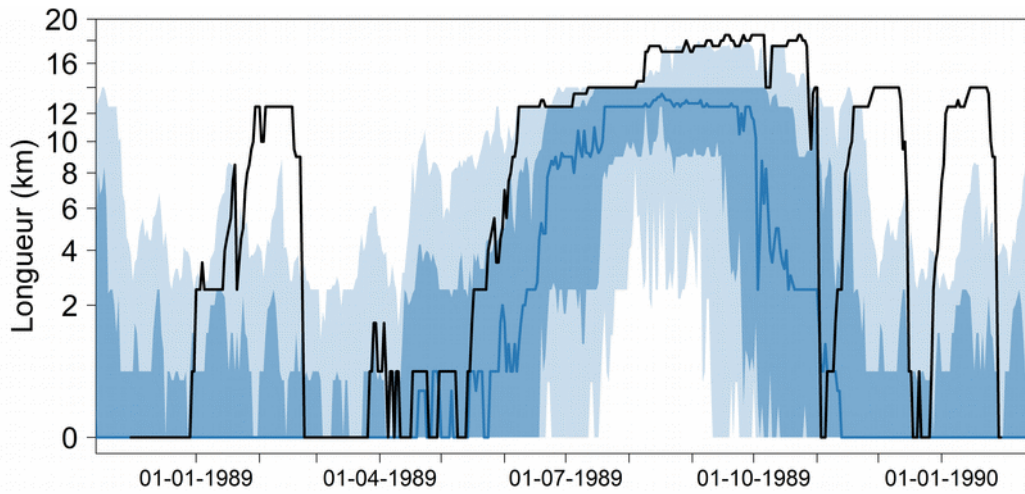


Figure 12 : Quantiles 10, 25, 50, 75 et 90% de longueur (km) de linéaire en assec sur la période 1981-2018 (courbe en bleu : médiane, enveloppe en bleu prononcé : intervalle interquartile, enveloppe en bleu clair : intervalle interdécile) – la courbe en noir représente l’année avec la durée en assec le plus longue (ici 1989)

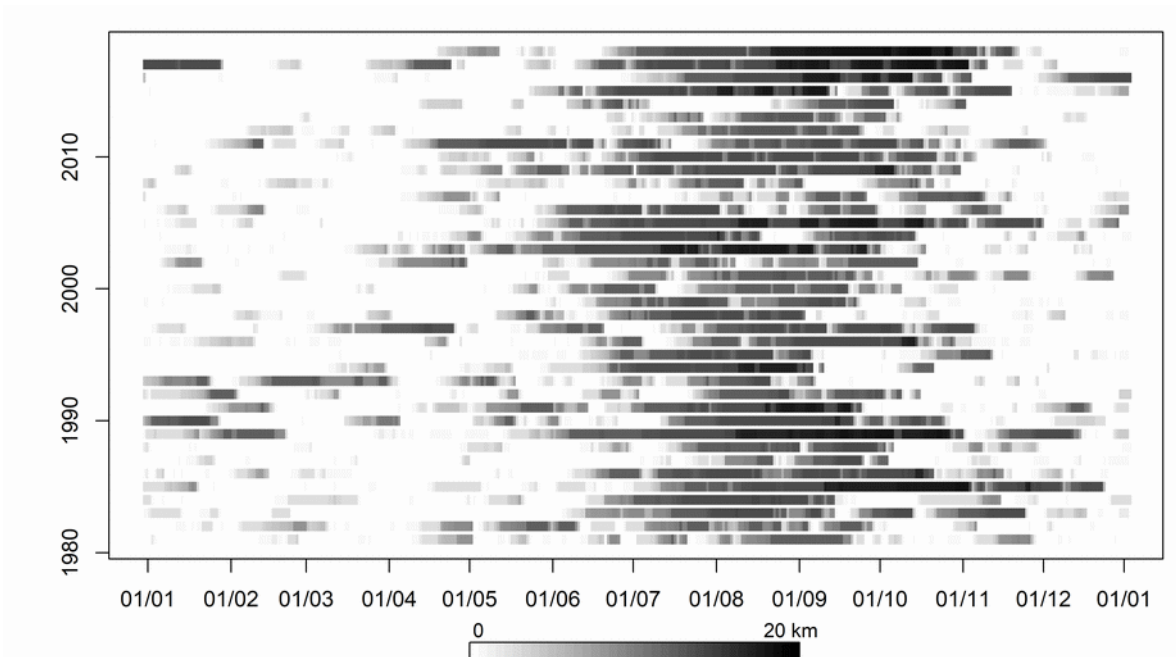


Figure 13 : Longueur (km) de linéaire en assec sur la période 1981-2018

Discussion

Pour ce qui concerne les aspects spatiaux, la Figure 10 montre un caractère intermittent qui s'affirme vers la partie aval (jusqu'à plus de 50% à la confluence avec l'Ain) et la portion en amont (entre la station hydrométrique de Saint Rambert et le point 1) ne semble pas sujette à l'intermittence.

L'analyse temporelle montre que l'intermittence est un phénomène régulier : tous les ans, un assec est observé, ce qui conduit à une déconnexion amont-aval quasi systématique sur plus de six mois (Tableau 3), mais non nécessairement de manière continue (Figure 13). En moyenne, l'emprise maximale de l'assec est de l'ordre de 15 km de linéaire (Tableau 2) et s'observe en août ou septembre. De décembre à avril, la probabilité est similaire et reste faible (statistiques comparables sur ces mois). Le phénomène d'assec émerge en milieu de printemps et perdure jusqu'à la fin de l'automne.

Limite

L'outil ELFMOD a démontré son utilité pour décrire la variabilité spatio-temporelle des asssecs sur un linéaire de cours d'eau. L'actualisation du modèle sur l'Albarine a montré que les jaugeages effectués en 2010-2011 restent pertinents pour décrire les débits sur les tronçons. Le modèle fournit des résultats satisfaisants et cette description pourrait compléter, à terme, la description physique du site atelier « Vallée de l'Ain, confluences et (dis)continuités ».

Néanmoins on peut s'interroger sur ces capacités prédictives. Il reste tributaire des échantillonnages dans le temps et l'espace (localisation des points de jaugeages et dates des mesures de débit). Ainsi, aucune campagne n'a signalé d'assec en amont du point n°5 (T05) ; de ce fait le modèle peut difficilement en restituer un lors d'une simulation (cf. validation à la date du 14 septembre 2018). *A minima*, il serait souhaitable de parcourir cette portion pour identifier les portions ou fronts d'assec – s'ils existent. Cette campagne pourrait être déclenchée lors d'un assec sévère modélisé par ELFMOD (en intégrant en temps réel les débits communiqués sur la banque HYDRO). Notons également qu'ELFMOD a la capacité d'introduire des informations sur l'état hydraulique de la rivière (« débit nul » ou « débit significatif ») ; ce type d'information peut suppléer la mesure de débit. Il n'a pas la capacité à prévoir les mouilles (il ne peut que prédire des débits nuls) ; d'où l'intérêt d'un couplage avec un survol LiDAR pour identifier les secteurs propices.

Pour améliorer le modèle, il aurait été utile d'intégrer des informations sur les discontinuités (en particulier la limite aval, en amont de laquelle l'écoulement est permanent pour éviter des extrapolations irréalistes).

Une application sur un autre bassin est possible ; cependant, elle ne peut se faire sans préalable. Il faut :

- localiser les mouilles et les zones privilégiées de fragmentation pour une résolution spatiale cohérente avec la géométrie du cours d'eau (un regard sur l'hétérogénéité des processus liés aux échanges nappe-rivière),

- identifier les discontinuités géologiques (propices aux discontinuités hydrologiques),
- échantillonner dans le temps et l'espace de manière régulière le cours d'eau pour intégrer la gamme des valeurs possibles,

et,

- s'assurer de l'existence d'au moins une station hydrométrique ou piézométrique qui soit représentative de la dynamique de surface (cela impose notamment que le piézomètre enregistre des hauteurs d'eau d'un système connecté à la rivière) et qui mesure en continu les débits ou les niveaux piézométriques sur une période intégrant les campagnes de jaugeage.

L'application dans un contexte de changement climatique est également possible, avec toutes les réserves sur les capacités d'extrapolation. Ce modèle est un modèle statistique : l'utiliser sous des conditions climatiques inédites signifie implicitement l'hypothèse de stationnarité des relations établies sous climat présent.

DESCRIPTION DE LA MORPHOLOGIE ASSÉCHÉE :

Tests de restitution de la topographie du lit de l'Albarine par technologie embarquée sur drone

Introduction

Afin de pouvoir caractériser les variations morphologiques de l'Albarine à l'échelle du lit mineur et de ses méso-habitats, une configuration LiDAR embarquée sur un drone est en cours de développement et de test à l'UMR 5600 EVS CNRS. L'objectif de cette approche technologique est de pouvoir acquérir des données topographiques à très haute précision ($< 10\text{cm}$ en z), avec des densités de points élevées (plusieurs centaines de points par m^2), sur des tronçons complexes qui peuvent être parfois obstrués par de la végétation notamment en l'absence d'eau une bonne partie de l'année. L'utilisation d'un LiDAR miniaturisé embarqué sur un drone offre également la possibilité de voler à basse altitude et sur de faibles linéaires (coût et configuration non adaptés pour les LiDAR embarqués sur avion). Le but est de pouvoir, à travers les données obtenues, 1) mieux évaluer la position du front d'assèchement et 2) identifier et dénombrer les zones de mouilles considérées comme des habitats refuges potentiels (macro-invertébrés et piscicoles) lors des assècs de l'Albarine.

Matériel et Méthodes

Le matériel utilisé (Figure 14a) est un drone de la famille des hexacopters (6 rotors), le SIX3 de la société Escadrone. Il est homologué pour voler en zone rurale et urbaine selon les 3 scénarios en vigueur dans le cadre de la législation qui règlemente l'activité des drones. Il a une autonomie moyenne de vol de 25mn avec un seul jeu de batteries. Il peut embarquer jusqu'à 4kg de matériel. Il est équipé d'un double système de positionnement par satellite : i) une antenne GPS pour la navigation du drone, ii) un GPS RTK (Real Time Kinematic) comprenant une antenne embarquée et une antenne au sol permettant la correction par calcul différentiel du positionnement des nuages de points du LiDAR (Figure 14b).

Le LiDAR utilisé est le Velodyne HDL-32E de la société Velodyne (visible sur la Figure 14a et c). Il est équipé d'une centrale inertielle et de sa propre antenne GPS. Sa tête rotative à 360° intègre un capteur qui produit simultanément à la verticale du sol 32 lasers, formant un cône de détection allant de $+10^\circ$ à -32° dans l'axe du vol (sur une largeur d'environ 70m). Ces lasers sont calibrés sur une longueur d'onde de 903 nm (domaine du proche infrarouge). Les données du LiDAR ainsi que les informations de navigation sont enregistrées sur un micro-ordinateur Odroid embarqué (logé dans le boîtier rouge visible sur la Figure 14d). A chaque rotation, le LiDAR enregistre environ 40000 échos sous la forme d'un nuage de points appelé Frame. Plusieurs Frames sont enregistrées en une seconde, jusqu'à 700000 points/s (données constructeur).

A chaque campagne LiDAR, des photographies aériennes sont également acquises (soit en ajoutant un appareil photo numérique sur la nacelle du LiDAR), soit à partir d'un second drone (Phantom 4-DJI) dédié uniquement à de la prise de vue (Figure 14e). Ce dernier est équipé d'une caméra de type GoPro, équipée d'un capteur $1/2.3''$ CMOS de 12.4 millions de pixels. Ces images ont un double

objectif i) recontextualiser les données LiDAR durant les mesures, ii) et offrir la possibilité de générer des modèles numériques de surface (intégrant la végétation) en utilisant l'algorithme SfM-MVS (Structure from Motion - MultiView Stereo). Les données en sortie (orthophotos, nuage de points, MNS) sont utiles à la fois pour valider les restitutions 3D produites à partir des données LiDAR et pour comprendre ces restitutions tridimensionnelles.

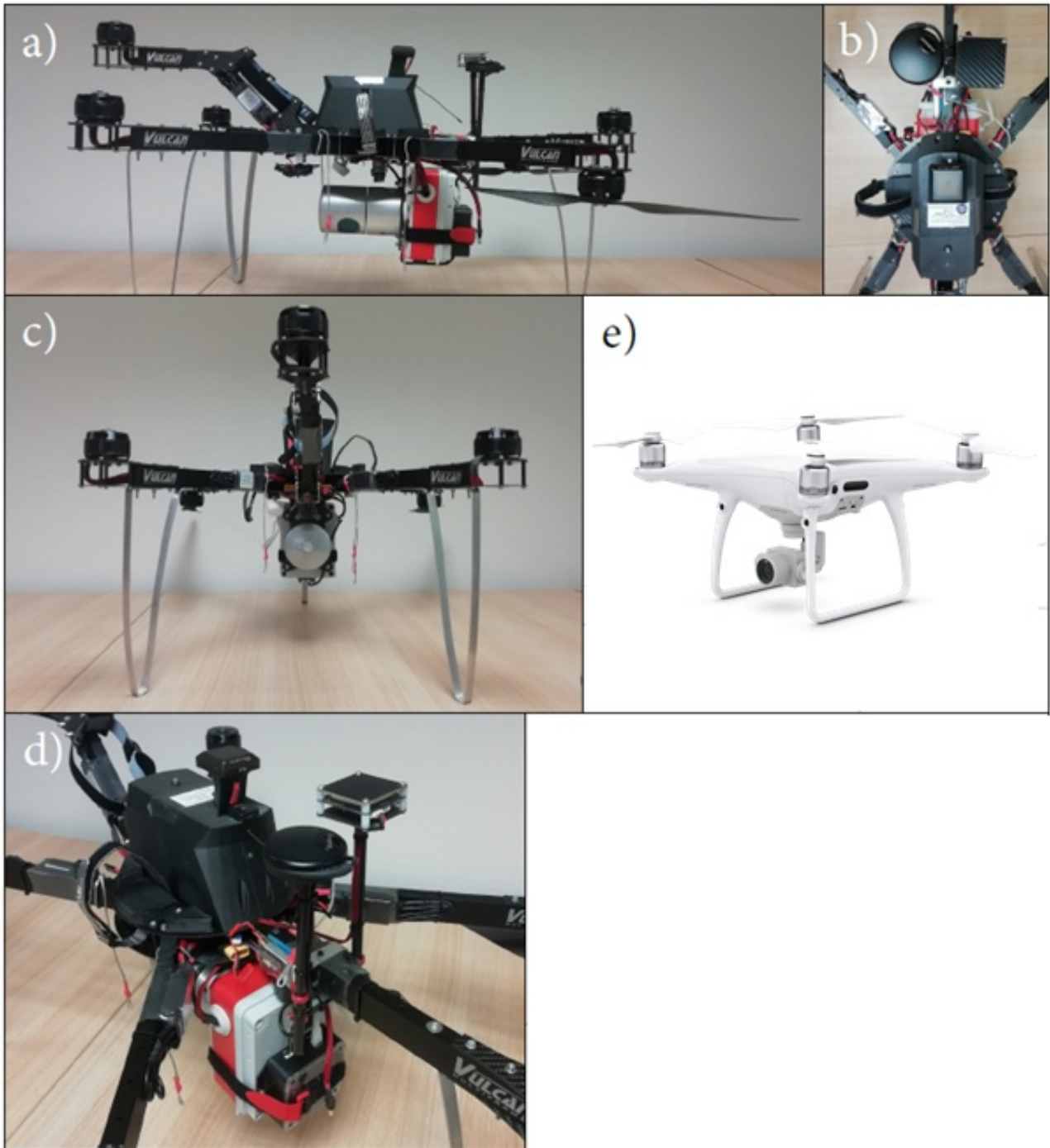


Figure 14 : Drone LiDAR Six3, a) vue d'ensemble, b) Equipements de navigation et de positionnement, (c) vue de face, (d) Zoom sur les 3 antennes de réceptions satellites (une pour la navigation, une pour le LiDAR et une pour la correction des données, e) Drone Phantom 4 DJI

Différents tronçons de l'Albarine ont été identifiés pour éprouver le matériel et l'approche méthodologique (Figure 15) :

. Saint-Maurice-de-Remens (aval) a fait l'objet des premiers tests méthodologiques car il présentait un accès facile et un tronçon comportant une grande variété de faciès (mouille, seuil, végétation alluviale et riparienne, atterrissement de galets, embâcles et débris ligneux dans le chenal).

. Saint-Maurice-de-Remens (amont) est et sera le site pilote pour de prochains tests LiDAR et photogrammétrique. Il présente à la fois une géométrie simple, un chenal ouvert (facilitant les calibrations du LiDAR) et la présence de mouilles. Il a l'avantage d'être un tronçon plus fréquemment asséché que le site de Bettant augmentant les possibilités de vols.

. Bettant est le site pilote des modélisations hydrauliques et des prélèvements benthiques et piscicoles d'IRSTEA. L'objectif de ce site est de pouvoir croiser les données de mesures et de prélèvements avec les données acquises par drone.

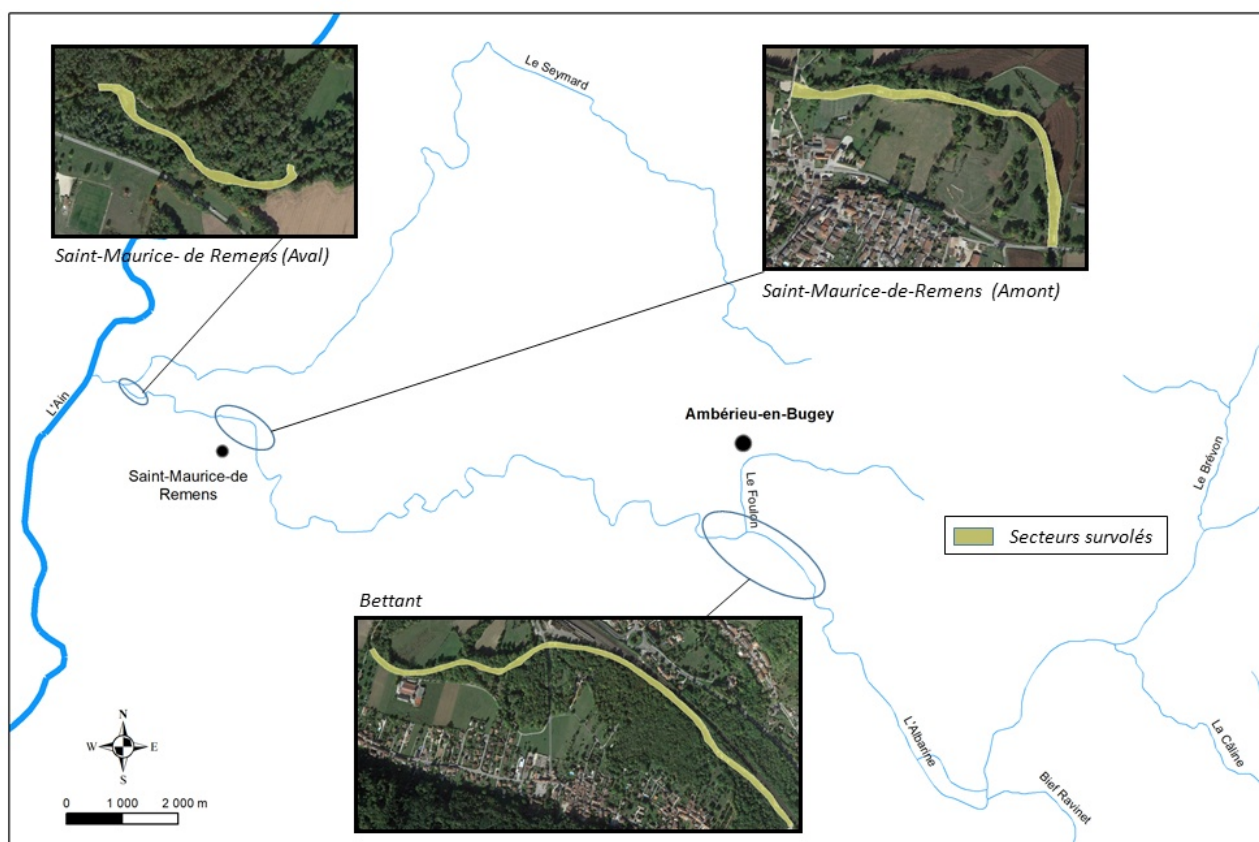


Figure 15 : Localisation des trois sites tests et de suivi : Saint-Maurice-de-Remens aval et amont, Bettant.

Au cours du projet Albacom, deux campagnes de vol ont été réalisées. La quasi absence d'assec et la rencontre de problèmes techniques n'ont pas permis d'obtenir une campagne LiDAR drone sur le site de Bettant et de Saint-Maurice-de-Remens (amont). Sur ces deux sites, seule une couverture d'images aériennes a été acquises à partir du Phantom 4. Le Tableau 4 synthétise les sites et les paramètres des données acquises.

Tableau 4. Paramètres des sites et des campagnes drone

Site	Date	Linéaire (m)	Altitude de vol (m)	Type de données	Nombre de points LiDAR	Nombre de points LiDAR / m ²	Nombre d'images
Saint-Maurice-de-Remens (aval)	25/10/2017	490	50	LiDAR & images	71 276 658	~1000	375
Saint-Maurice-de-Remens (amont)	18/09/2019		49	images	-	-	291
Bettant	18/09/2019	1900	49	images	-	-	305

La Figure 16 présente une Frame (environ 40000 points) acquises par le LiDAR lors du survol de Saint-Maurice-de-Remens (aval). Grâce à la très haute densité des points du LiDAR drone et malgré la configuration complexe du tronçon (secteur très fermé par la végétation et un chenal très encombré par des embâcles, de la végétation et des débris ligneux), les différentes formes et méso-habitats sont bien restitués.

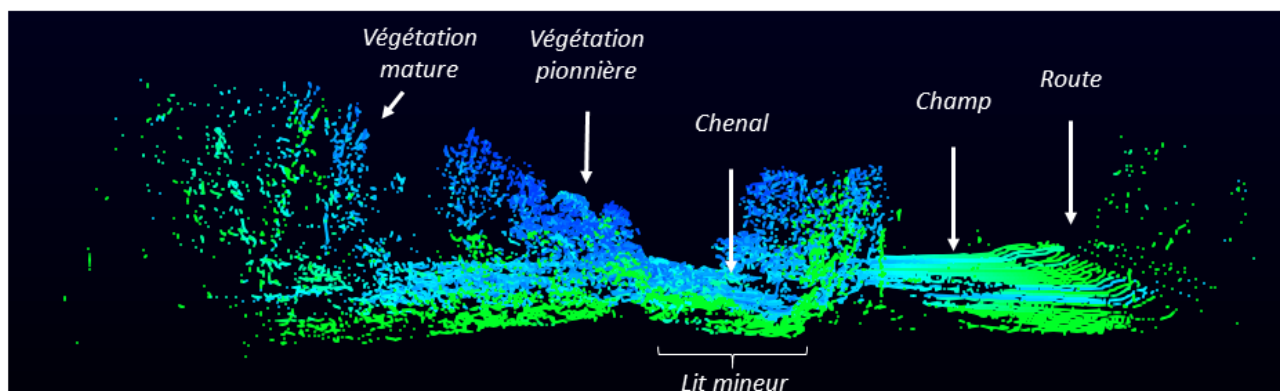


Figure 16 : Extrait d'un nuage de point LiDAR d'un tronçon du site de Saint-Maurice-de-Remens (aval)

Chaque portion du chenal survolé fait l'objet d'au moins deux passages successifs du LiDAR (aller et retour). Ces deux passages permettent i) d'une part de densifier le nuage de points et ii) d'autre part de contrôler, lors du post-traitement, la bonne corrélation point à point des données entre l'aller et le retour.

Les nombreux tests réalisés pour éprouver la qualité des données et ainsi leur bonne corrélation ont démontré l'existence d'imprécisions dans la reconstruction des nuages de points et dans leur intégration à un référentiel planimétrique et altimétrique connu (IGN-RGF93, Lambert 93) :

La première est une imprécision latérale illustrée par la Figure 17a. Des écarts importants sont observés entre Frames (groupes de nuages de points) pour une même scène. Ces écarts couvrent une gamme de plusieurs centimètres au centre de la scène à près deux mètres en bordure de la zone balayée par le LiDAR. L'algorithme de corrélation des points a du mal à corriger l'orientation des trajectoires et notamment à compenser les phénomènes de roulis (Figure 17b) qui sont enregistrés lors de la navigation du drone.

La seconde imprécision s'observe sur l'axe longitudinal. Un décalage se forme entre Frames et se cumule le long du linéaire survolé. Après 500m, ce décalage peut atteindre plusieurs décimètres. Les traitements algorithmiques de reconstitution des nuages de point n'ont pas permis (pour le moment) de corriger cette erreur.

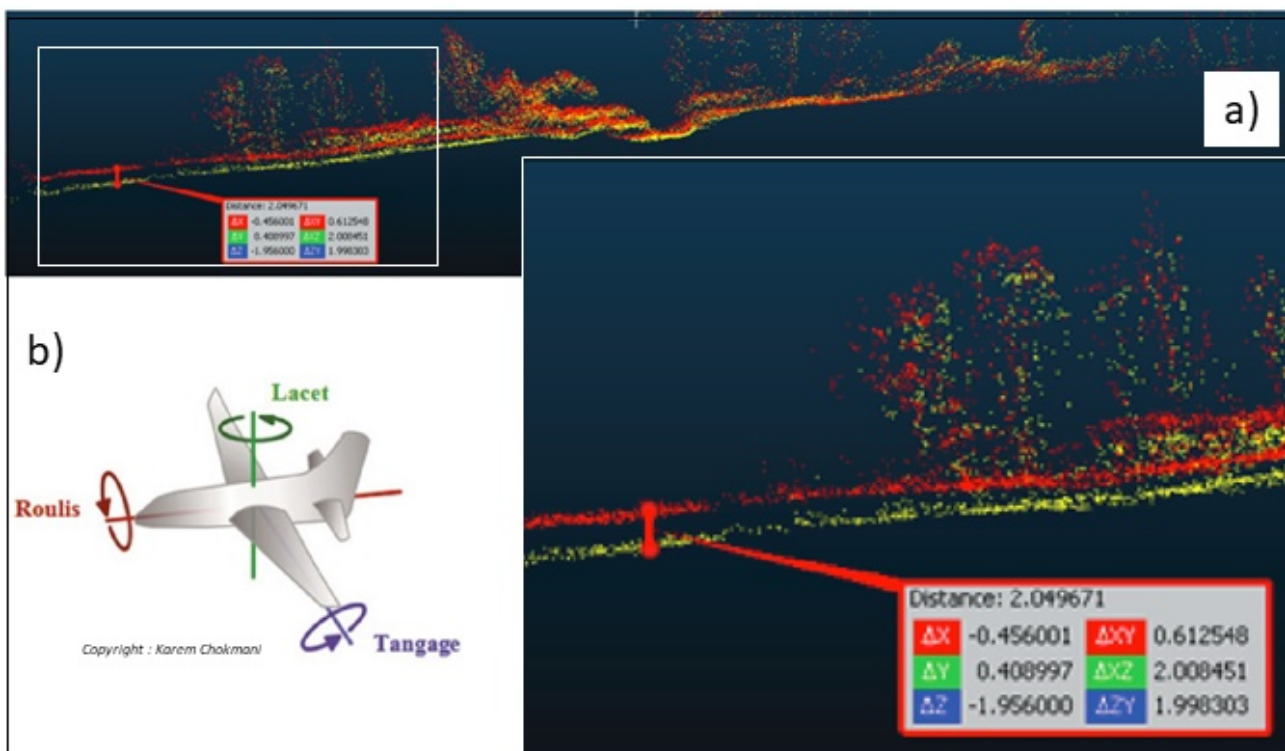


Figure 17: a) Comparaison entre deux Frames d'une même scène (site de Saint-Maurice-de-Remens aval). Observation d'un décalage de 2m en Z. b) Schéma des 3 axes d'orientation de la trajectoire d'un vecteur aérien (d'après Point, 2019).

Les développements et tests se poursuivent pour corriger ou à défaut, minimiser ces deux types d'erreurs qui ont été observées sur les données. Une des hypothèses qui expliquerait l'origine de ces erreurs pourrait provenir de la station inertielle de navigation du drone. Son rôle est d'enregistrer et de compenser les 3 angles de rotations de la trajectoire du drone au cours de son vol pour que celle-ci soit la plus « propre » possible. La reconstruction de certaines trajectoires ont fait apparaître un signal anormalement bruité. Ce point doit donc être amélioré.

Une seconde voie d'amélioration pourrait concerner la nacelle qui porte le LiDAR. Celle-ci étant fixe par rapport à la structure du drone, elle enregistre les vibrations générées par les rotors des hélices. Pour compenser ce phénomène (qui peut également avoir une influence sur les axes de navigation évoqués précédemment), il est envisagé de coupler le LiDAR à une nacelle 3 axes. Elle a pour fonction de stabiliser le capteur qu'elle porte et donc de compenser les vibrations.

Ces pistes d'amélioration seront testées dans les prochains mois.

Résultats

Malgré les incertitudes de positionnement des données abordées dans la partie précédente, la corrélation des Frames générées par le LiDAR est « esthétiquement » acceptable (et non d'un point de vue strictement topographique). C'est-à-dire que les macro-formes recherchées sont globalement bien restituées.

La Figure 18 présente une reconstitution de plusieurs Frames du site de Saint-Maurice-de-Remens (aval) sur un linéaire d'environ 150m, avec sur la Figure 18a, la représentation du sol nu sans végétation (MNT) et sur la Figure 18b (avec la même emprise) la représentation du sur-sol, c'est-à-dire de la surface qui intègre à la fois le sol et la végétation (MNS). On peut observer que la confluence entre l'Albarine et le Seynard est bien retranscrite par les deux modèles. Les berges ainsi que le chenal sont topographiquement cohérents (dans un référentiel planimétrique et altimétrique relatif).

Malgré l'incertitude des données topographiques du MNT produit, des tests ont été réalisés dans le but de simuler la mise en eau de l'Albarine et d'observer comment le remplissage du chenal s'effectue. L'objectif ici est de simplement éprouver la méthode. Ainsi, une lame d'eau théorique a été construite sur la base des points topographiques (amont / aval) les plus bas du chenal issus du MNT. Un décalage est ensuite appliqué dans le but de rehausser le niveau d'eau par palier de 50 cm. La Figure 19 retranscrit le positionnement de cette surface théorique selon 6 niveaux d'eau différents (Figure 19 de a à f). Ce groupe d'illustration a pour objectif de donner à voir ce que cette approche méthodologique pourrait offrir une fois les données LiDAR corrigées et corrélées à différents scénarios de débits.

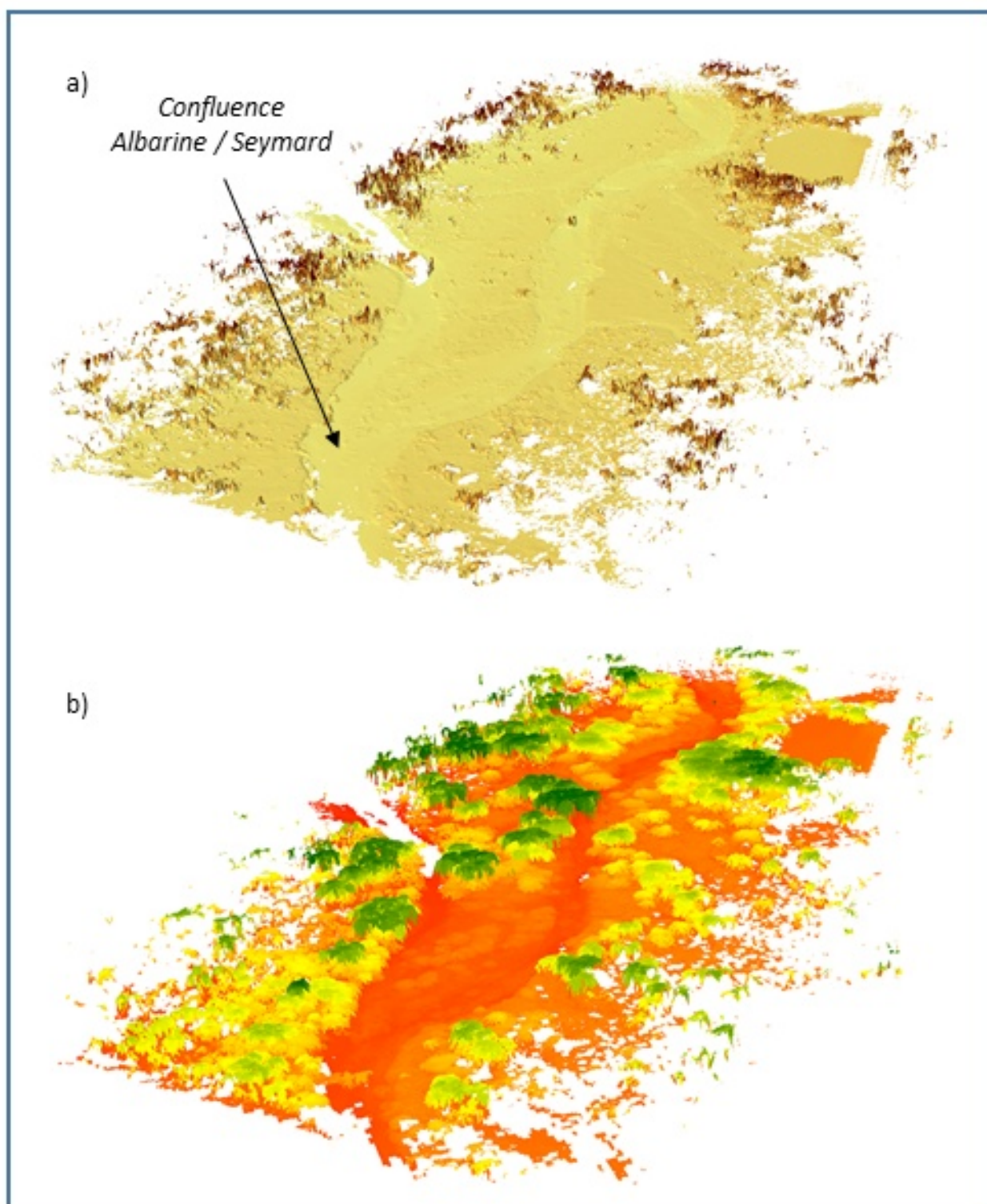


Figure 18: Restitution des macro-formes sur un tronçon du site de Saint-Maurice-de-Remens, a) modèle numérique de terrain (MNT), b) modèle numérique de surface (MNS)

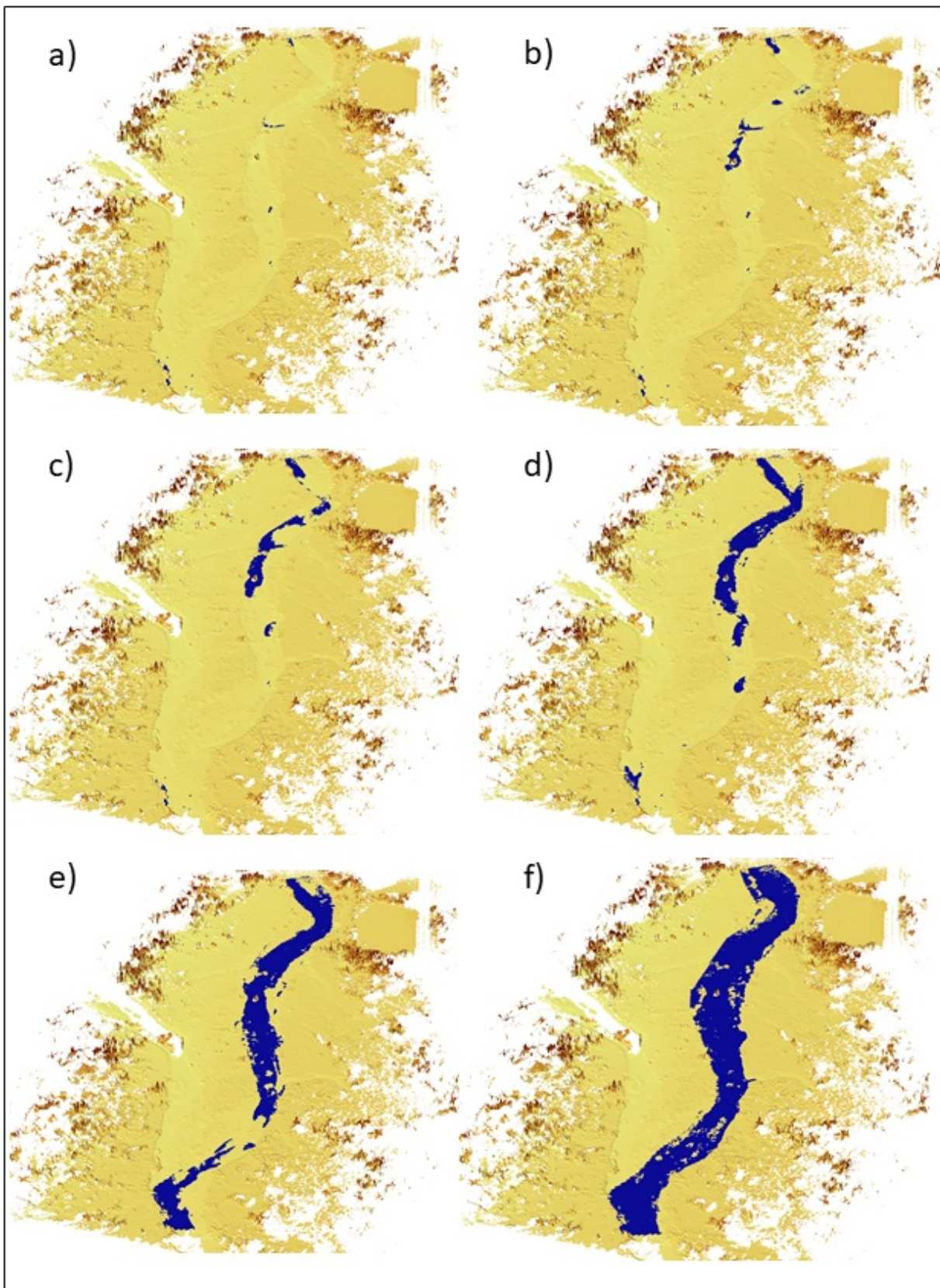


Figure 19: Simulation d'une ligne d'eau théorique drapée sur le MNT avec une augmentation du niveau d'eau par palier de 50 cm, a) niveau altimétrique le plus bas en situation d'assec, b) à +50 cm du niveau le plus bas, c) à + 100 cm du niveau le plus bas, d) à + 150 cm du niveau le plus bas, e) à + 200 cm du niveau le plus bas, f) à + 250 cm du niveau le plus bas

Conclusions et perspectives

Les données de la campagne LiDAR drone ne sont actuellement pas suffisamment précises pour être corrélées à des données hydrologiques et à des relevés d'habitat. Cependant, des pistes d'améliorations ont d'ores et déjà été identifiées. Elles portent principalement sur de nouveaux tests qui ont pour but d'éprouver la précision et la sensibilité de certains modules du drone, notamment la station inertielle de navigation qui présente des incertitudes anormales de positionnement et la nacelle sur laquelle le LiDAR est fixé qui génère des vibrations non négligeables. L'amélioration de ces deux points laisse présager la possibilité de mieux corréler les Frames et donc les nuages de points entre eux. Toutes les images aériennes acquises durant les missions feront, quant à elles, l'objet d'un traitement par photogrammétrie.

DISTANCES GÉNÉTIQUES ENTRE POPULATIONS

L'objectif de cette étude génétique est de quantifier les distances génétiques (i.e. mesure de la divergence entre des populations) entre des individus échantillonnés en différents sites du réseau hydrographique de la Basse Vallée de l'Ain.

Les sites d'échantillonnage répartis autour de la confluence entre le Seymard, l'Albarine et l'Ain (Figure 20). Cette confluence se caractérise comme le point de départ d'une rupture de connectivité de l'Albarine lors des périodes d'assèchement (Figure 2 et Figure 11). Le linéaire de l'Albarine qui s'assèche démarre de la confluence avec le Seymard et s'étale d'autant plus vers l'amont que l'assec se prolonge (Datry, 2012). L'hypothèse générale testée ici est que des groupes d'individus présents de part et d'autre de la zone d'assèchement de l'Albarine pourraient avoir une distance génétique entre eux plus élevée que des groupes d'individus toujours connectés entre eux via le réseau hydrographique (Figure 1). En d'autres termes, les assèchements de l'Albarine pourraient conduire à un isolement progressif des sous populations.

L'effet possible que nous cherchons à démontrer est influencé directement par les capacités de dispersion des espèces (plus ou moins liées à leurs capacités de déplacement et à leur type de reproduction). Pour cela nous avons choisi d'étudier des espèces ayant des capacités de dispersion contrastées : des invertébrés qui représenteront les espèces avec des capacités de dispersions restreintes et des poissons réputés pour pouvoir se déplacer plus facilement que les invertébrés.

Les espèces étudiées répondent aux critères suivant :

- large représentation sur les secteurs étudiés
- couvrant une large gamme de capacités de dispersion
- présentes sur les zones d'assèchements de l'Albarine
- espèces rhéophiles, benthiques et hyporhéiques
- identification morphologique possible in situ (autant que possible)
- nombre de séquences microsatellites (séquences alléliques) disponibles suffisant (sources NCBI¹)

Site d'étude

Les sites d'échantillonnage des différents groupes d'individus pour chaque espèce étudiée ont été choisis à des distances (par le réseau hydrographique) équivalentes depuis la confluence Albarine - Seymard. La distance minimum à prendre en compte était déterminée par la longueur du linéaire de l'Albarine qui s'assèche au moins une fois par an, soit environ 12 km (Figure 20). Ainsi des sites d'échantillonnage ont été définis sur l'Ain, 11.5 km en amont et 11.5 km en aval de la confluence Albarine – Seymard, sur l'Albarine 12.2 km en amont de sa confluence avec le Seymard et sur le Seymard, 4.4 km en amont de sa confluence avec l'Albarine (Figure 20).

¹ National Center for Biotechnology Information (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)

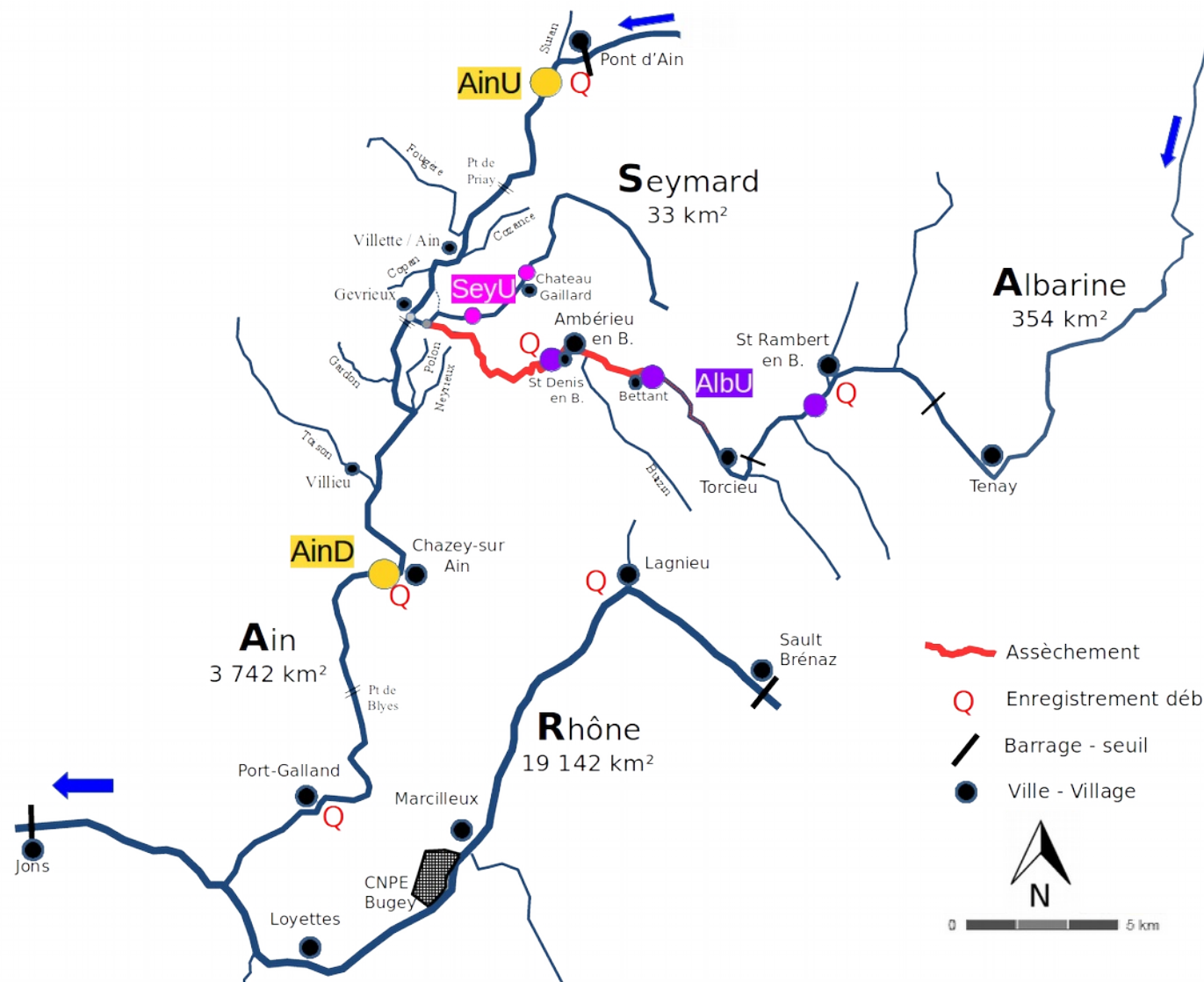
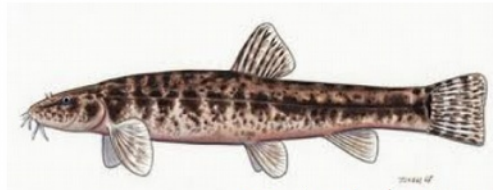


Figure 20 : Vue générale du site d'étude (Cf. quelques photos en Annexe 3). Les sites d'échantillonnage se situent de part et d'autre de la confluence Ain – Albarine et de la zone de dis-connexion (assèchement). Les quatre secteurs de prélèvement sont AinU, AinD, SeyU et AlbU. Noter ici que pour le Seynard et l'Albarine, plusieurs sites de prélèvement existent compte tenu de la difficulté à trouver certains individus (cf. Tableau 5)



Phoxinus phoxinus



Barbatula barbatula



Squalius cephalus



Cottus gobio



Asellus aquaticus



(Henry, J.-P., & G. Magniez, 1983)

Proasellus walteri



Gammarus f & p

Figure 21 : Liste des espèces échantillonnées. A gauche, les poissons : vairon, loche, chevaine et chabot (de haut en bas). À droite, les invertébrés, aselle, proaselle et gammare (de haut en bas). Les résultats pour le chabot et le gammare ne sont pas présentés dans ce rapport.

Matériel et Méthodes

Description des espèces cibles et hypothèses testées

Les invertébrés

Les espèces de macroinvertébrés sélectionnées dans le cadre de cette étude sont *Asellus aquaticus* (Linnaeus, 1758) et *Proasellus walteri* (Chappuis, 1948) (Figure 21). Ces deux espèces sont largement représentées sur les secteurs étudiés, possèdent des capacités de dispersion contrastées (Tableau 5) et de nombreuses séquences microsatellites¹ (respectivement 17 et 7) sont disponibles sur la banque de données NCBI².

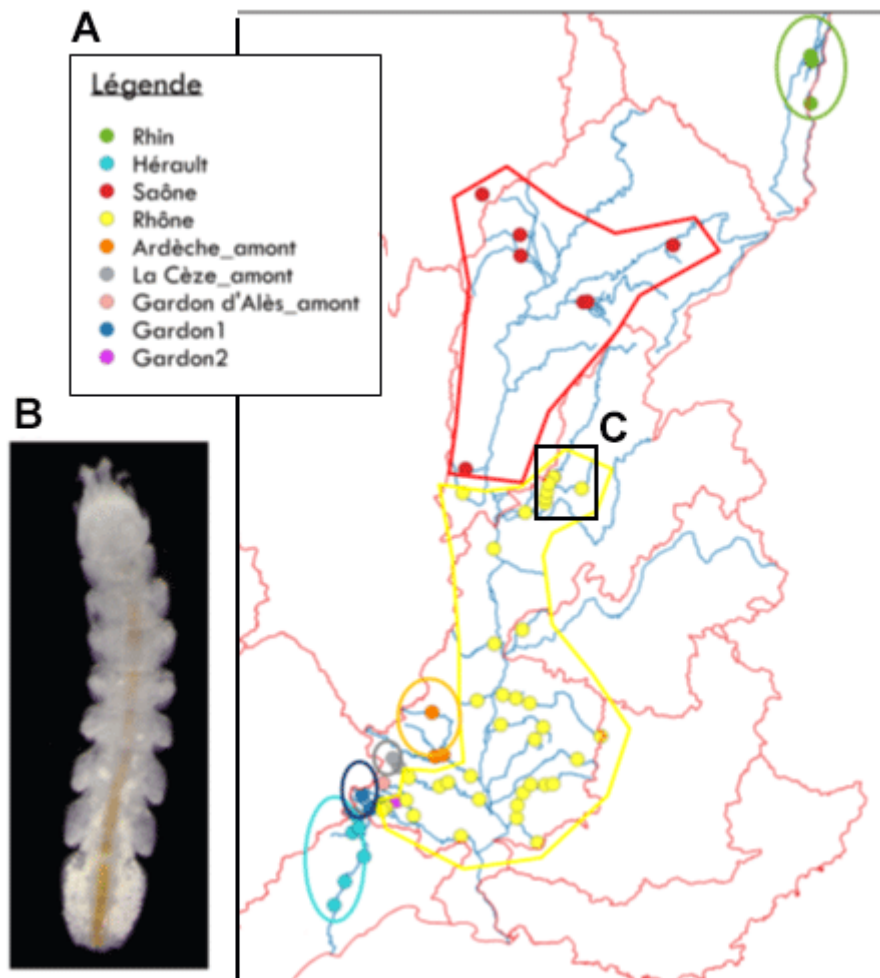


Figure 22 : A : distribution des entités génétiques au sein de l'espèce *Proasellus walteri* ; B : Photo de *P. walteri* (longueur du spécimen : 2.5 mm ; les appendices très fragiles sont manquants suite à l'échantillonnage) ; C : Localisation de la zone d'étude (Rivières d'Ain, Seymard et Albarine).

¹ séquence d'ADN formée par une répétition continue de motifs composés de 1 à 4 nucléotides

² National Center for Biotechnology Information (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)

Asellus aquaticus est une espèce strictement aquatique possédant une très large répartition en Europe, qui se nourrit de matières organiques grossières (Scorgie, 1974 ; Sutcliffe *et al.*, 1981), qui est majoritairement présente dans les zones aval des cours d'eau (Williams, 1962 ; Maitland, 1966) et qui tolère de fortes concentrations de matière organique et de métal (Gledhill *et al.*, 1993).

Proasellus walteri (Chappuis 1948) est une espèce d'aselle souterrain (Pancrustacé, Isopode de la famille des Asellidae) de très petite taille (la longueur maximale du corps est de 3 mm), sans yeux, à corps dépigmenté, grêle et filiforme (Figure 1B). Les populations de cette espèce vivent dans les interstices entre les sédiments de la zone hyporhéique des rivières et les nappes alluviales qui accompagnent ces rivières. L'espèce n'est jamais présente dans les eaux libres du cours d'eau : elle migre dans les sédiments et ce très probablement de manière identique de l'amont vers l'aval ou de l'aval vers l'amont (il n'y a pas pour cette espèce de phénomène de dérive hydrologique). La dispersion a probablement lieu à la fois dans la zone hyporhéique (c'est-à-dire dans les sédiments situés à proximité de la rivière qui sont alimentés en partie par des infiltrations d'eau de la rivière) et dans la nappe alluviale accompagnant la rivière (celle-ci pouvant être alimentée exclusivement par l'infiltration des eaux de pluie sur le bassin versant). La biologie, la distribution et la structure génétique de cette espèce ont été étudiées notamment par Henry (1976), Halley (1988), Capderrey (2013) et Malard *et al.* (2017). L'espèce compte 9 entités génétiques distinctes délimités sur la base du gène COI (Kuhn, 2017) dont l'entité « Rhône » (en jaune sur la Figure 1A) est la plus largement distribuée. Les spécimens collectés lors de la présente étude appartiennent à cette entité « Rhône ».

Pour information des gammares ont été échantillonnés mais n'ont pas été analysés pour cette étude.

Hypothèse de travail pour l'espèce Proasellus walteri

L'étude menée sur l'Albarine devait permettre de tester le rôle de la zone hyporhéique sur la dispersion de cette espèce aquatique souterraine. En l'absence d'écoulement de surface dans l'Albarine, la zone hyporhéique disparaît et la dispersion survient alors uniquement dans la nappe. En l'absence d'assèchement de surface, comme c'est le cas sur la rivière d'Ain et la rivière du Seymard, la dispersion peut s'effectuer à la fois dans la zone hyporhéique et dans la nappe. Si la zone hyporhéique joue un rôle dans la dispersion, alors la distance génétique séparant des dèmes (c'est-à-dire ici les individus de deux stations) connectés uniquement via la nappe phréatique devrait être supérieure à la distance génétique séparant des dèmes connectés à la fois via la zone hyporhéique et la nappe phréatique. Pour des distances géographiques équivalentes et sous l'hypothèse que la zone hyporhéique joue un rôle important dans la dispersion, il est attendu que la distance génétique séparant les dèmes de l'Albarine des dèmes de l'Ain et du Seymard soit supérieure à la distance génétique séparant les dèmes de l'Ain amont et les dèmes de l'Ain aval et du Seymard (Figure 1 et Figure 20).

Les poissons

Les espèces de poissons sélectionnées dans le cadre de cette étude sont le vairon (*Phoxinus phoxinus*, Linnaeus, 1758), la loche franche (*Barbatula barbatula*, Linnaeus, 1758), le chevaine (*Squalius cephalus*, Linnaeus, 1758) et le chabot (*Cottus gobio*, Linnaeus, 1758) (Figure 21). Ces quatre espèces sont largement présentes sur le bassin versant de la Basse Rivière d'Ain, mais leurs exigences vis-à-vis de l'habitat physique des rivières étant différentes elles ne se rencontrent pas toujours ensemble ni de partout. Un des avantages de ces espèces est que leur structure génétique n'a pas pu être modifiée par des années d'empoisonnement comme ce pourrait être les cas pour les

salmonidés (truite commune ou ombre commun). Ensuite ces espèces possèdent des séquences microsatellites déjà bien connues (8 à 19, cf. Blanchet *et al.*, 2010).

Ces espèces ont des longueurs maximales de leur corps très différentes (Keith et Allardi, 2001). Le plus grand est le chevaine qui peut atteindre une longueur maximale de 600 mm, suivie du vairon (140 mm) (Keith et Allardi 2001). Toutes ces espèces sont principalement insectivores, certaines se nourrissant dans la colonne d'eau (chevaine et vairon) et d'autres se nourrissant préférentiellement sur le fond (loche et chabot ; Keith et Allardi 2001). En se concentrant sur des espèces appartenant au même niveau trophique nous devrions limiter les biais comparatifs potentiels inhérents aux contraintes aux attributs phénotypiques autres que la taille du poisson (Blanchet *et al.*, 2010).

Chez les poissons, comme chez la plupart des animaux, la longueur du corps est corrélée positivement avec la capacité de dispersion au niveau interspécifique et la taille du corps est souvent utilisée comme proxy des capacités de dispersions (Blanchet *et al.*, 2010). Bien que nous manquions de données précises sur la capacité de dispersion de chacune des quatre espèces étudiées, il existe quelques preuves montrant que le chevaine est capable d'effectuer de grands déplacements (jusqu'à plus de 10 km ; De Leeuw et Winter 2008 ; Capra *et al.*, 2018). Au contraire, les trois autres espèces (vairon, loche et chabot) semblent avoir une capacité de dispersion plus faible (Maerten *et al.*, 2007; Ovidio *et al.*, 2009), le chabot ayant certainement les capacités de dispersion les plus faibles. La dispersion peut également intervenir de manière plus passive, sous forme de larve ou de jeunes alevins lorsque les débits sont encore élevés (vitesses de courant fortes) et lorsque les densités de jeunes individus sont importantes (compétitions pour l'utilisation des habitats favorables). Le phénomène d'assec de l'Albarine, donc la rupture de connectivité, émerge en milieu de printemps et perdure jusqu'à la fin de l'automne (cf. première partie : modélisation de l'intermittence). Ainsi compte tenu des périodes de ponte des espèces étudiées (de mars – avril pour le chabot à avril – juillet pour le vairon), même avec des possibilités de réaliser plusieurs pontes (chevaine et vairon), l'apparition dans le milieu des jeunes stades de développement sont plus ou moins synchrones avec l'apparition des fortes probabilités d'assèchement (i.e. de rupture de connectivité). Donc les quatre espèces de poissons peuvent être considérées comme sensibles à la rupture de connectivité, du fait de la faible probabilité de dispersion des très jeunes stades de développement (Figure 1 et Figure 20).

Hypothèse de travail pour les poissons

Le chevaine sera considéré comme l'espèce *a priori* la moins sensible à la rupture de connectivité (possibilité de recolonisation assez rapide des grands individus par déplacement) tandis que les trois autres espèces, et plus le chabot que la loche ou le vairon, seront considérées comme les plus sensibles à la rupture de connectivité du fait de leur plus faible capacité de déplacement. Nous attendons donc des distances génétiques entre dèmes illustrant ces variations de capacité de dispersion .

Échantillonnage de la faune

Les sites d'échantillonnage théoriques sont des points précis au sein du réseau hydrographique (Figure 20). À partir de ces points précis le protocole visait à capturer au minimum 30 individus de chaque espèce pour avoir une description satisfaisante de la structure génétique des populations échantillonnées. Il n'a jamais été possible de capturer 30 individus en un seul point. Ainsi, les sites d'échantillonnage réels sont donc des linéaires de rivière prospectés vers l'amont et/ou vers l'aval du point théorique jusqu'à obtention d'un effectif d'individus le plus proche possible de 30.

Les poissons ont été capturés par pêche électrique avec une prospection des quatre sites (Figure 20) à pied au printemps 2017 (Tableau 5). Les individus capturés étaient déterminés individuellement à partir de critères morphologiques. L'objectif était, dans la mesure du possible, de conserver des individus de tailles variées (plusieurs stades de développement).

Pour chaque individu, un morceau de tissus (ici nageoire dorsale ou pectorale) d'environ 3 mm par 3 mm est prélevé à l'aide d'une paire de ciseaux chirurgicaux stérilisés. L'échantillon de tissus est alors conservé dans un tube Eppendorf stériles contenant de l'alcool à 96%. L'ensemble des échantillons est conservé à une température de -18°C. Environ 15 jours après l'échantillonnage, l'alcool contenu dans les tubes a été renouvelé afin de prévenir toute dégradation du matériel biologique liée à la dilution de l'alcool qui s'opère suite aux échanges osmotiques avec le contenu cellulaire.

Les individus d'*Asellus aquaticus* ont été collectés à l'aide d'un filet Surber de vide de maille 500 µm. Une pré-identification taxonomique a été réalisée in situ et une confirmation de cette identification a été réalisée au laboratoire à l'aide d'observation sous loupe binoculaire et analyse des critères morphologiques. Les 30 individus sélectionnés ont été conditionnés individuellement dans des tubes Eppendorf stériles contenant de l'alcool à 96%. Ces tubes, clairement étiquetés, ont ensuite été conservés à une température de -18°C jusqu'à l'étape de génotypage. Pour l'échantillonnage des invertébrés, les quatre sites de prélèvements (Figure 20) ont été prospectés à pied afin de collecter 30 individus de chaque espèce. L'échantillonnage a été réalisé au printemps 2017 sur les deux sites de prélèvement de la rivière d'Ain. N'ayant pu collecter un nombre suffisant d'individus lors de cette campagne sur les rivières Albarine et Seymard, une campagne d'échantillonnage complémentaire a été programmée sur ces deux rivières au printemps 2018 (Tableau 5).

La méthode du pompage Bou-Rouch (Bou & Rouch, 1967) a été utilisée pour l'échantillonnage de l'espèce *Proasellus walteri*. Un tube en acier inoxydable muni d'une crépine dans sa partie terminale est enfoncé à une profondeur de 30 à 80 cm dans les sédiments du lit de la rivière (Figure 2). Une pompe manuelle est ensuite ajustée sur le tube afin de collecter dans un filet un mélange d'eau, de sédiment et d'organismes. Une partie des sédiments récupérés est éliminée par élutriations et décantations successives. La recherche à l'aide d'un stéréo-microscope et la préservation dans l'alcool à 96° des spécimens éventuellement pompés sont effectuées sur le terrain. Cette recherche ne permet pas toutefois d'identifier l'espèce : cette identification réalisée au laboratoire nécessite une dissection des appendices génitaux des individus mâles. Les échantillonnages ont eu lieu en juillet 2017 sur les quatre stations (2 dans l'Ain, 1 sur le Seymard et 1 sur l'Albarine) puis à trois reprises en mai 2018 sur l'Albarine. Deux difficultés majeures ont été rencontrées. Premièrement, il s'est avéré que le lit de l'Albarine était perché par rapport au niveau de la nappe phréatique dès le pont de Montferrand (c'est-à-dire qu'une zone non saturée est présente entre le lit de la rivière et la nappe). Cette difficulté a été contournée en échantillonnant plus en amont au niveau de la localité de Saint-Rambert, localité au niveau de laquelle la rivière est en contact saturé avec sa nappe. Deuxièmement, l'espèce *P. walteri* cohabite avec une autre espèce, *Proasellus synaselloides* : les femelles des deux espèces ne sont pas discernables morphologiquement et le nombre de spécimens mâles à notre disposition étaient insuffisants malgré des échantillonnages répétés. Nous avons contourné cette difficulté en génotypant au laboratoire tous les individus de *P. walteri* collectés sur le terrain afin de disposer d'un nombre de spécimens suffisants lors de l'obtention des marqueurs microsatellites (cf. identification des espèces).

Analyses au laboratoire

Identification des espèces

Toutes les espèces ont été identifiées sur la base de caractères morphologiques. Pour les poissons cette identification se fait directement sur le terrain (pas de risque de confusion avec d'autres espèces). Pour les invertébrés, le tri des spécimens a été effectué au laboratoire et l'identification des *Asellus aquaticus* et des *Proasellus walteri* a été réalisé sur la base d'une dissection des pléopodes 1 et 2 (Henry & Magniez, 1983). Tous les spécimens ont également été sexés. Pour *P. walteri*, nous avons également dû utiliser un protocole d'identification moléculaire afin d'obtenir un nombre de spécimens suffisants pour le génotypage à partir de marqueurs microsatellites. L'ADN de tous les *Proasellus* collectés sur le terrain a été extrait en utilisant le protocole Chelex développé par Casquet *et al.* (2012). Afin de vérifier l'appartenance des spécimens à l'espèce *P. walteri*, un protocole de PCR fondé sur l'utilisation d'une amorce sens et de deux amorces anti-sens du gène mitochondrial 16S a été utilisé (Capderrey *et al.* 2013). Ce protocole fournit des produits de PCR qui après séparation par migration électrophorétique sur gel d'agarose permet de séparer les deux espèces en présence sur les sites étudiés : 458 paires de bases (bp) pour *P. walteri* contre 217 bp pour *P. synaselloides*. Au total, 234 spécimens, préalablement sexés, ont été génotypés parmi lesquels 64 se sont avérés être des *P. synaselloides*.

Extractions d'ADN et génotypage

Pour chacun des quatre sites d'échantillonnage, 30 spécimens de chaque espèce ont été génotypés à partir de marqueurs microsatellites. L'ensemble des spécimens (invertébrés) et tissus (nageoires de poissons) ont été stockés dans des tubes Eppendorf de 1.5 ml contenant de l'alcool à 70 ou 96 % afin d'assurer la préservation des tissus sur le long terme. Tous les tubes sont identifiés et archivés afin de pouvoir être mis à disposition de projets futurs.

Les extractions d'ADN ont été réalisées au LEHNA (sur des pattes d'aselles et de proaselles) et à EDB - Toulouse (sur des écailles de poissons) à l'aide de protocoles classiques de types « Chelex » pour les invertébrés (Casquet *et al.* 2012) et « CTAB » pour les poissons (Aljanabi & Martinez 1997). Chaque extraction a été réalisée sur une partie du tissu disponible afin de conserver du tissu pour des études futures. L'ADN de chaque individu est également conservé en tube 1.5 ml au congélateur.

Chaque individu de chaque espèce a ensuite été génotypé à partir de marqueurs microsatellites. Pour les poissons, 19 marqueurs ont été génotypés pour le chevesne et le vairon et 10 marqueurs ont été génotypés pour la loche. Les PCRs ont été réalisés sur plaques 96 puits selon les protocoles décrits dans Paz-Vinas *et al.* (2018) et Prunier *et al.* (2018). Pour les invertébrés, 10 et 7 marqueurs ont été génotypés pour *A. aquaticus* et *P. walteri*, respectivement. Les protocoles PCRs utilisés pour *A. aquaticus* sont disponibles dans Konec *et al.* (2015) et Konec et Trontelj (2015), et dans Capderrey *et al.* (2013) pour *P. walteri*.

L'ensemble des produits PCRs a été révélé à l'aide d'un séquenceur ABI 3730© et la lecture des profils a été réalisée à l'aide du logiciel GeneMapper©.

Pour des raisons techniques (difficultés d'obtenir les « recettes » d'analyse), les échantillons de l'espèce de poisson chabot n'ont pas pu être traités dans le cadre de cette étude.

Analyses statistiques

Dans un premier temps, nous avons utilisé les distances génétiques mesurées entre chaque paire de site pour tester l'hypothèse que deux sites séparés par un assec étaient plus distants génétiquement que deux sites qui ne le sont pas. Nous avons donc classé les paires de sites selon trois modalités distinctes des paires étant attendues comme étant les plus connectées jusqu'aux paires étant attendues comme étant les moins connectées : (1 – « sites connectés ») les paires de sites situées sur le même cours d'eau (un site amont et un site aval), c'est le cas des deux sites sur l'Ain, (2 – « sites partiellement connectés ») les paires de sites situées sur deux cours d'eau différents mais non séparées par un assec (par exemple un des sites de l'Ain et le site du Seymard), (3 – « sites déconnectés ») les paires de sites situées sur deux cours d'eau différents et séparées par un assec (l'ensemble des paires de sites impliquant l'Albarine). On s'attend à ce que la distance génétique par paire de populations soit plus grande pour la modalité 3 que pour les autres modalités. Nous avons donc, pour chaque espèce séparément, mesuré la distance génétique entre chaque paire de site. Nous avons mesuré la distance génétique à l'aide de deux métriques ; le F_{st} qui est une mesure de « dérive génétique » et le D_{ch} (distance de Cavalli-Sforza et Chord) qui est particulièrement appropriée pour les comparaisons interspécifiques puisqu'elle prend en compte les différences de tailles effectives existantes entre les espèces (et pouvant altérer les mesures de distances génétique comme le F_{st}). Chaque mesure de distance génétique, pour chaque espèce, a été associée à l'une des trois modalités et une inspection visuelle à l'aide de boxplot nous a permis de tester l'hypothèse principale. Dans cette analyse, l'ensemble des espèces sont donc regroupées et l'espèce devient l'unité de réplikat.

Dans un second temps, nous avons réalisé une analyse à l'échelle de l'espèce et nous avons utilisé des régressions sur matrices de distances pour tester s'il y avait une relation significative entre la distance génétique entre deux sites (au sein d'une espèce) et le fait que ces deux sites soient ou non séparés par un assec (matrice de distance à deux modalités : présence ou absence d'un assec entre deux sites). On s'attend à ce qu'au sein d'une espèce la distance génétique entre deux sites soit plus forte lorsque ces derniers sont séparés par un assec. La particularité ici est que cette relation a été testée après avoir pris en compte l'effet de la distance géographique (selon le linéaire de rivière) séparant deux sites, puisque la théorie prédit que deux sites éloignés géographiquement seront plus distants génétiquement que deux sites proches. Cette analyse a été réalisée sur la métrique D_{ch} .

Dans un troisième temps, une approche descriptive basée sur une analyse discriminante (DAPC, Jombart *et al.*, 2010) a été utilisée pour identifier visuellement la structuration génétique globale de chaque espèce. Pour chaque espèce, l'espace discriminant est représenté sur les deux premiers axes de l'analyse et l'on s'attend à ce que les populations de l'Albarine (quelle que soit l'espèce) soient plus discriminées que les populations des autres espèces.

Résultats

Analyse des distances génétiques

Tel qu'attendu, nous avons trouvé que pour l'ensemble des espèces (Figure 23), les populations de poissons et d'invertébrés étaient plus différenciées génétiquement lorsqu'elles étaient séparées par l'assec de l'Albarine que lorsqu'elles étaient connectées (populations de l'Ain) ou partiellement déconnectées (sur différentes rivières mais pas séparées par l'assec). Ceci était vrai pour les deux métriques de différenciation que nous avons mesuré, mais les tendances étaient nettement plus marquées pour le Dch (ANOVA, $F_{2,27}=4.266$, $p=0.024$) que pour le Fst (ANOVA, $F_{2,27}=2.472$, $p=0.103$) ou la tendance était non significative (Figure 23).

À titre indicatif, les mesures de distance génétique (pour le Dch) ont été indiquées pour chaque espèce et chaque type de site sur le graphique de droite (Figure 23). On constate que tel qu'attendu, la distance génétique entre sites augmente pour chaque espèce lorsque les sites sont séparés par un assec (comparé aux autres types de sites), sauf pour le chevaine (traits bleu foncé). On constate également que l'effet de l'assec semble particulièrement fort pour la loche franche (*Barbatula barbatula* L. 1758).

Régressions sur matrices de distances

Ces observations à l'échelle de l'espèce ont été confirmées par les analyses sur matrices de distances (Tableau 6).

Tableau 6 : Résultats des régressions des distances génétiques sur matrices de distances

Espèce	Distance géographique		Effet de l'assec	
	Estimé	valeur de P	Estimé	valeur de P
Loche	-0.039	0.281	0.187	0.041
Vairon	0.003	0.876	0.020	0.549
Chevaine	-0.125	0.176	0.049	0.334
<i>A. aquaticus</i>	-0.053	0.288	0.043	0.22
<i>P. walteri</i>	0.034	0.306	0.070	0.306

En effet, on constate que la loche (*Barbatula barbatula*) est la seule des cinq espèces pour laquelle l'effet de l'assec est significatif ($p = 0.041$). Par ailleurs, si l'on utilise la valeur de l'estimé comme une mesure de « la force de l'effet » de l'assec on constate là aussi que la loche présente le plus fort estimé. Les autres espèces présentent toutes des estimés positifs. De façon surprenante, nous

n'avons détecté aucun effet significatif de l'éloignement géographique, avec parfois même des estimés négatifs.

Analyses discriminantes

Les analyses discriminantes ont montré que pour toutes les espèces, le site séparé des autres sites par un assec (« Albarine », Figure 24) était toujours distinct des autres sites. Néanmoins, pour certaines espèces (e.g. le chevesne ou *Asellus aquaticus*) un autre site (le Seymard dans la plupart des cas) était lui aussi distinct (de l'Ain et de l'Albarine), suggérant que pour ces espèces l'assec n'était pas nécessairement la seule cause de cette différenciation génétique. L'espèce montrant le niveau de différenciation génétique le plus fort entre l'Albarine (présence de l'assec) était encore une fois la loche (*Barbatula barbatula*) puisque l'ensemble des sites était relativement bien regroupé sauf l'Albarine (un patron similaire est observée pour le vairon bien que dans une moindre mesure).

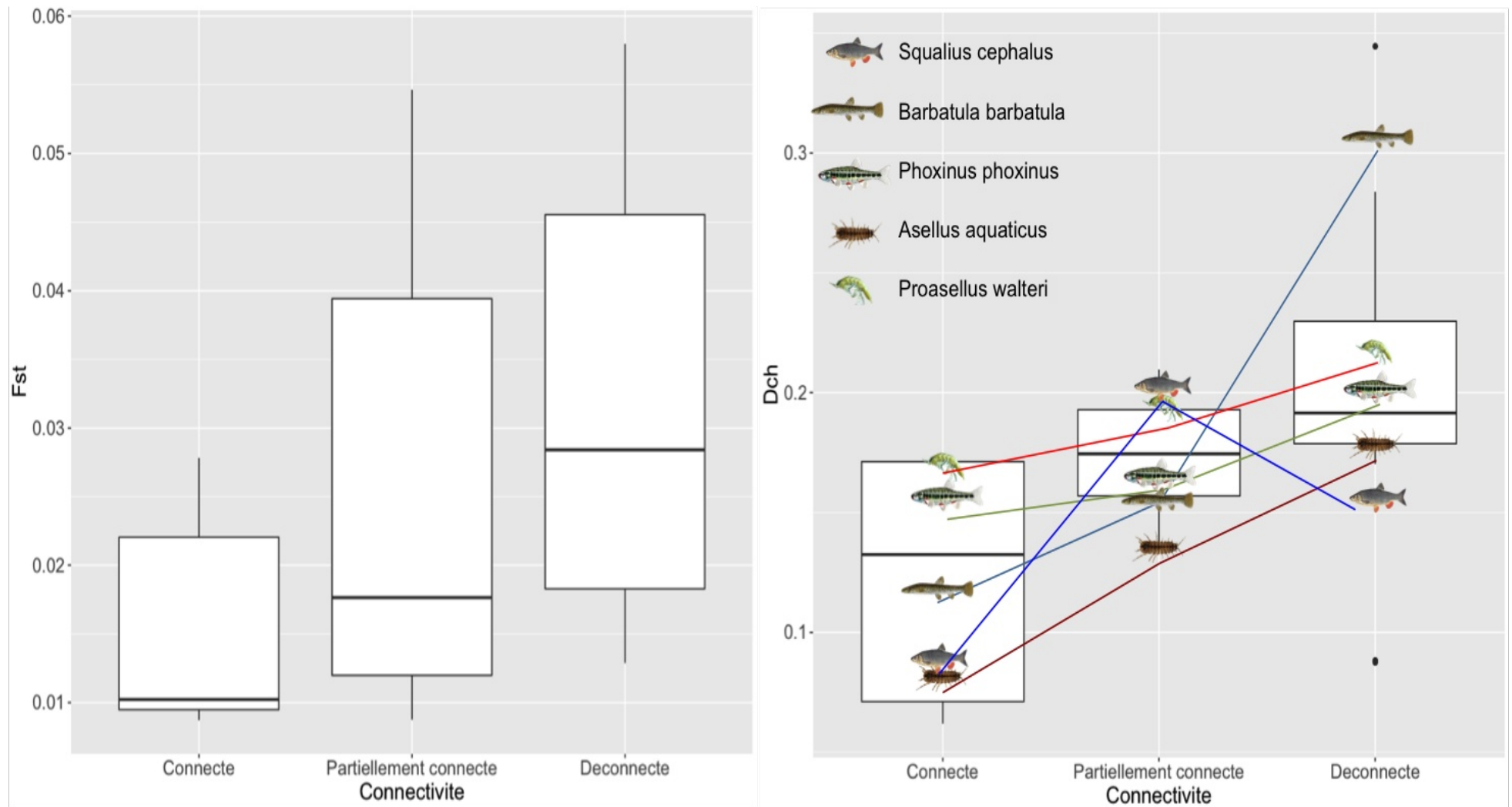


Figure 23: Représentation sous forme de boxplots (traits horizontaux = 75, 50 et 25 % de la distribution) des distances génétiques mesurées entre chaque paire de site pour deux métriques de différenciation que nous avons calculées (F_{st} à gauche et D_{ch} à droite) pour chaque type de site (connexion plus ou moins forte de gauche à droite). Les mesures de distance génétique (pour le D_{ch}) ont été indiquées pour chaque espèce et chaque type de site sur le graphique de droite (trait de couleur pour chaque espèce).

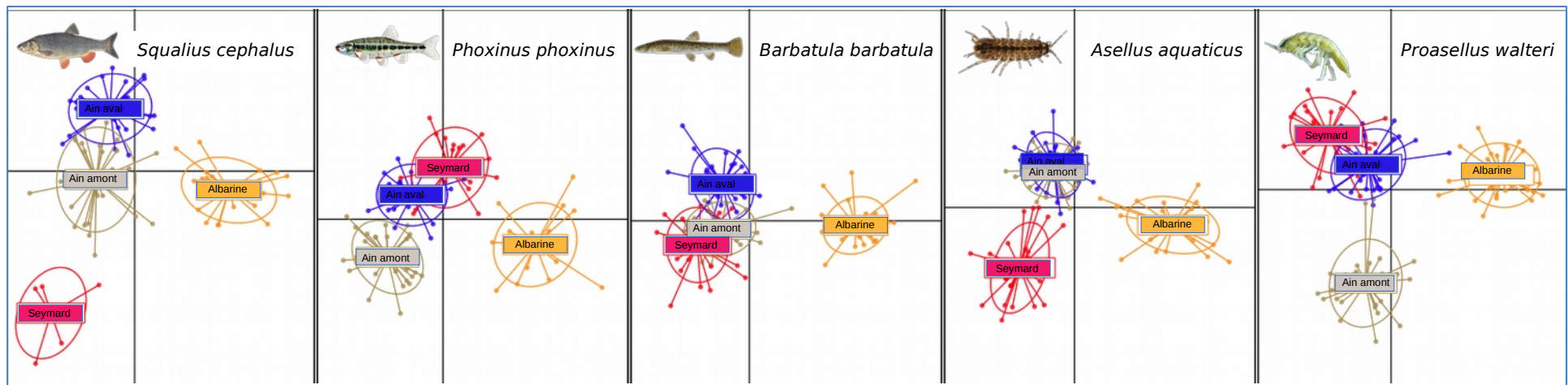


Figure 24 : Premier plan factoriel (F1F2) des analyses discriminantes (DAPC) réalisées pour chaque espèce étudiée dans le but d'identifier visuellement la structuration génétique globale de chaque espèce au sein du réseau hydrographique (regroupement des individus par site d'échantillonnage). Ain_aval en gris, Ain_aval en bleu, Seymard en rouge et Albarine en orange.

Conclusions

Nous avons pu montrer dans cette première étude que, quelle que soit l'espèce considérée (poissons et invertébrés), l'assèchement de l'Albarine tendait à isoler des populations en amont et aval des secteurs intermittents. Cet assec crée donc une rupture de connectivité certes temporaire mais qui semble limiter la dispersion des espèces et altérer les flux génétiques. Toutefois, cette rupture de connectivité est mitigée par les capacités de dispersion des espèces : le chevaie qui possède de loin les plus fortes capacités de dispersion semble pouvoir échanger des gènes avec les groupes de l'aval durant les périodes en eaux. Les assèchements semblent structurer particulièrement les populations de loches, ce qui est cohérent avec les spécificités biologiques de l'espèce. De ce fait les résultats concernant le chabot ayant des capacités de dispersion réduites apporteront un nouvel éclairage sur cette conclusion. La présence de l'assec couplé à sa phénologie ont certainement plus d'importance que la structure du réseau hydrographique. Par exemple l'occurrence de l'assec quasi systématiquement au moment de la dispersion des jeunes alevins de poisson (printemps – été ; Figure 13, Tableau 2 et Tableau 3) pourrait limiter les échanges génétiques pour ces espèces. Dans un contexte de changement global, il est donc important de prendre en compte l'effet de l'assèchement sur l'organisation spatiale des populations et sur l'évolution de leurs connectivités. À ce jour, ceci avait surtout été mis en avant en lien avec la fragmentation par les ouvrages (eg. Barrages, moulins, etc ; Datry Com. Pers.), et c'est la première fois que des résultats suggèrent une structuration génétique des populations en lien avec des assèchements. Toutefois, plusieurs projets en cours confirment que les assèchements peuvent avoir un rôle majeur sur l'organisation des populations et communautés dans les réseaux hydrographiques (Crabot *et al.* 2019, Gauthier *et al.* 2019).

Pour toutes les espèces, y compris l'isopode souterrain *Proasellus walteri*, les populations en amont de l'assec de l'Albarine ont des compositions génétiques très nettement discriminées des autres populations. Cette structuration aussi observée chez *P. walteri* confirme que la zone hyporhéique joue un rôle important dans la dispersion de cette espèce. Malard *et al.* (2017) avaient montré que la géomorphologie des corridors alluviaux, notamment la présence d'affleurements rocheux ou de secteurs à faibles dépôts sédimentaires, limitaient la dispersion de *P. walteri*. Cette étude montre que les assecs liés à une déconnexion hydraulique saturée de la zone hyporhéique avec la nappe limitent également la dispersion de cette espèce. Il est par ailleurs logique de penser que la zone hyporhéique permet aussi de connecter les populations d'aquifères alluviaux distants mais situés le long d'une même rivière.

La structure génétique des populations est une synthèse complexe des traits d'histoire de vie des espèces, notamment leurs capacités de dispersion et la phénologie des phases de dispersion au sein du réseau hydrographique (Riverscape) et les conditions d'habitat du corridor fluvial, notamment sa continuité physique et plus largement les multiples impacts anthropiques (Pilger *et al.*, 2017 ; Prunier *et al.*, 2017). L'étude présentée ici montre cependant que l'intermittence d'une rivière peut engendrer des différenciations génétiques. Dans le futur, il sera intéressant de travailler à la mise au point d'une typologie des organismes en lien avec la manière dont les assèchements peuvent influencer leur structure génétique. Il pourrait y exister des métriques générales permettant de classer la sensibilité des populations à l'assèchement, par exemple des ratios entre longueur/durée d'assec et capacité de dispersion maximale des espèces. Ceci sera développé dans des projets futurs.

SYNTHÈSE ET CONCLUSIONS DU PROJET ALBACOM

Dans un contexte de changement global, les assecs vont devenir plus longs et plus fréquents (Cipriani *et al.*, 2014 ; Döll et Schmiedt, 2012 ; Döll *et al.*, 2018 ; de Graaf *et al.*, 2019). Compte tenu des premiers résultats présentés dans cette étude, ce scénario pourrait avoir des conséquences sur la structuration génétique des populations de part et d'autre des assecs, avec des implications fortes en terme de gestion.

Des assecs plus longs dans le temps pourraient se traduire aussi par des assecs plus longs dans l'espace. Pour l'Albarine en particulier, compte tenu de la morphologie plus encaissée, voire en gorges à l'amont du front amont actuel de l'assèchement il est peu probable que ce front «remonte» encore beaucoup vers l'amont. En revanche, si des restaurations morphologiques dans l'Albarine conduisent à un élargissement et/ou à la rehausse du lit de la rivière (exemple la restauration récente à Torcieu en 2019) il est possible que des assec se créent comme ce fut le cas en 2019.

L'apport de la méthodologie LiDAR serait très utile pour améliorer la prédiction du front d'assec. En fonction de la position de front d'assec et de la morphologie il est possible d'estimer le nombre de zones piègeantes – refuge. L'Albarine n'a pas d'obstacle au déplacement dans la partie aval qui s'assèche. Mais pour les rivières qui en contiennent ils pourraient être un facteur aggravant à l'intermittence en limitant le brassage génétique des populations du bassin versant. Là encore les vols LiDAR permettent de détecter rapidement la présence d'obstacles en rivière. L'importance de la description du paysage au sein des bassins versants est fondamentale pour mieux comprendre la résistance que peut imposer le milieu à la dispersion des espèces, même celles qui volent, comme le Grand Tetra par exemple (Milanesi *et al.*, 2017).

Enfin la phénologie des assecs pourrait influencer différemment les espèces du fait de différentes phénologie de leur phases principales de dispersion (ex. dévalaison des larves de poissons). Sur l'Albarine, les populations semblent déjà assez isolées. Le risque écologique d'un isolement encore plus intense est une plus grande fragilité du fait d'une diminution du pouvoir de résilience, notamment via la dispersion des individus.

Une étude similaire sur les populations de salmonidés (truite commune et ombre commun) serait très intéressante, notamment en lien avec la fragilité de ces espèces sur l'Ain. Cependant, les nombreuses années d'empoisonnement dans l'Ain, l'Albarine et le Seymard pourrait fortement brouiller les pistes.

BIBLIOGRAPHIE

- Aljanabi S.M. & Martinez I. (1997). Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques. *Nucleic Acids Research*, 25(22), 4692-4693.
- Blanchet S., Rey O., Etienne R., Lek S. & Loot G. (2010). Species-specific responses to landscape fragmentation: implications for management strategies. *Evolutionary Applications* 3, 291–304.
- Bou C. & Rouch R. (1967). Un nouveau champ de recherches sur la faune aquatique souterraine. *Comptes Rendus de l'Academie des Sciences Paris*, 265, 369-370.
- Capderrey C. (2013). Effets de la géomorphologie des rivières en tresses sur les communautés d'invertébrés aquatiques et sur la structuration génétique des populations du crustacé isopode souterrain *Proasellus walteri*. Ph.D. thesis, University of Lyon 1, France, 210 pp.
- Capderrey C., Kaufmann B., Jean P., Malard F., Konecny-Dupré L., Lefébure T. & Douady C.J., (2013). Microsatellite development and first population size estimates for the groundwater isopod *Proasellus walteri*. *PLoS One*, 8(9) e76213, 1-10.
- Capra H., Lamouroux N., Plichard L. & Datry T. (2015). Connectivités des tronçons de cours d'eau et structuration des communautés piscicoles à leurs voisinages. Rapport – Action 41 – Irstea – Agence de l'Eau RMC. 75 p.
- Capra H., Pella H. & Ovidio M. (2018). Individual movements, home-ranges and habitat use by native rheophilic cyprinids and non-native catfish in a large regulated river. *Fisheries Management and Ecology* 25: 136-149.
- Casquet J., Thebaud C. & Gillespie R.G. (2012). Chelex without boiling, a rapid and easy technique to obtain stable amplifiable DNA from small amounts of ethanol-stored spiders. *Molecular Ecology Resources* 12, 136–141. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2011.03073.x>
- Cipriani T., Sauquet E. & Datry T. (2014). Modélisation de l'intermittence des écoulements des bassins versants de l'Asse et de l'Albarine sous différents scénarios climatiques. Rapport Irstea PUB00041791. 86 p.
- Crabot, J., Heino, J., Launay, B., & Datry, T. (2019). Drying determines the temporal dynamics of stream invertebrate structural and functional beta diversity. *Ecography*.
- Datry T. (2012). Benthic and hyporheic invertebrate assemblages along a flow intermittence gradient: effects of duration of dry events. *Freshwater Biology* 57(3): 563-574.
- Datry T., Corti R., Claret C. & Philippe M. (2011). Flow intermittence controls leaf litter breakdown in a French temporary alluvial river: the “drying memory”. *Aquatic Sciences*, 73(4), 471-483.

- De Graaf I.E.M. Gleeson T., Van Beek L.P.H., Sutanudjaja E.H. & Bierkens M.F.P. (2019). Environmental flow limits to global groundwater pumping. *Nature* 574, 90–94. <https://doi.org/10.1038/s41586-019-1594-4>
- De Leeuw J.J. & Winter H.V. (2008). Migration of rheophilic fish in the large lowland rivers Meuse and Rhine, the Netherlands. *Fisheries Management and Ecology* 15, 409–415. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2400.2008.00626.x>
- Döll P. & Schmied H.M. (2012). How is the impact of climate change on river flow regimes related to the impact on mean annual runoff? A global-scale analysis. *Environmental Research Letters* 7: 14–37.
- Döll P., Trautmann T., Gerten D., Schmied H.M., Ostberg S., Saaed F. & Schleussner C.-F. (2018). Risks for the global freshwater system at 1.5\hspace0.167em°C and 2\hspace0.167em°C global warming. *Environmental Research Letters* 13, 044038. <https://doi.org/10.1088/1748-9326/aab792>
- Gauthier M., Konecny-Dupré L., Nguyen A., Elbrecht V., Datry T., Douady C. J., & Lefébure T. (2019). Enhancing DNA metabarcoding performance and applicability with bait capture enrichment and DNA from conservative ethanol. *BioRxiv*, 580464.
- Gledhill T., Sutcliffe D.W. & Williams W.D. (1993). *British freshwater Crustacea Malacostraca : a key with ecological notes*. Freshwater Biological Association Scientific Publication No.52, Ambleside, UK. 173 p
- Halley E. (1988). Dynamique d'une population de *Proasellus walteri* (Chappuis, 1948) (Crustacea Isopoda Asellidae), au niveau d'une nappe phréatique superficielle. *Bull. sci. Bourg.*, 41(1-2), 7-21.
- Heino J., Melo A.S., Siqueira T., Soininen J., Valanko S. & Bini L.M. (2015). Metacommunity organisation, spatial extent and dispersal in aquatic systems: patterns, processes and prospects. *Freshwater Biology* 60, 845–869. <https://doi.org/10.1111/fwb.12533>
- Heino J., Alahuhta J., Ala-Hulkko T., Antikainen H., Bini L. M., Bonada N., Datry T. & Melo A. S. (2017). Integrating dispersal proxies in ecological and environmental research in the freshwater realm. *Environmental Reviews*, 25(3), 334-349.
- Henry J-P. (1976). *Recherches sur les Asellidae hypogés de la lignée cavaticus* (Crustacea Isopoda Asellota). Ph.D. thesis, University of Dijon, France, 270 pp.
- Henry J.-P. & Magniez G. (1983). Introduction pratique à la systématique des organismes des eaux continentales françaises. 4: Crustacés isopodes (principalement Asellotes). *Bulletin de la Société Linnéenne de Lyon*, 52(10), 319-357.
- Hutchinson G.E. (1957). Concluding remarks. pp. 415–427.
- Jombart T., Devillard S. & Balloux F. (2010). Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC Genetics* 11, 94. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-11-94>

- Jønsson K.A., Tøttrup A.P., Borregaard M.K., Keith S.A., Rahbek C. & Thorup K. (2016). Tracking Animal Dispersal: From Individual Movement to Community Assembly and Global Range Dynamics. *Trends in Ecology & Evolution* 31, 204–214. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2016.01.003>
- Keith P. & Allardi J. (2001). Atlas des poissons d'eau douce de France, Patrimoines Naturels, 47, 387p.
- Konec M., Prevorčnik S., Sarbu S.M., Verovnik R. & Trontelj P. (2015). Parallels between two geographically and ecologically disparate cave invasions by the same species, *Asellus aquaticus* (Isopoda, Crustacea), *Journal of Evolutionary Biology*, 28(4), 864-875.
- Konec M. & Trontelj P. (2015). Microsatellite loci for the study of cave populations of *Asellus aquaticus*. *Molecular Ecology Resources*. <https://www.yumpu.com/en/document/view/39976173/1-microsatellite-loci-for-the-study-of-cave-populations-of-asellus->
- Kuhn E. (2017). Espèces cryptiques et distribution spatiale de la biodiversité interstitielle. Mémoire de fin d'études, Université Catholique de Lille, France, 75 pp.
- Lamouroux N., Augeard B., Baran P., Capra H., Coarer Y.L., Girard V., et al. (2018). Débits écologiques: la place des modèles d'habitat hydraulique dans une démarche intégrée. *Hydroécologie Appliquée*. <https://doi.org/10.1051/hydro/2016004>
- Larned S.T., Schmidt J., Datry T., Konrad C.P., Dumas J.K. & Diettrich J.C. (2011). Longitudinal river ecohydrology: flow variation down the lengths of alluvial rivers. *Ecohydrology* 4: 532–548.
- Leibold M.A., Holyoak M., Mouquet N., Amarasekare P., Chase J.M., Hoopes M.F., et al., 2004. The metacommunity concept: a framework for multi-scale community ecology. *Ecology Letters* 7, 601–613.
- Maerten E., Eens M. & Knaepkens G. (2007). Performance of a pool-and-weir fish pass for small bottom-dwelling freshwater fish species in a regulated lowland river. *Animal Biology* 57, 423–432. <https://doi.org/10.1163/157075607782232134>
- Maitland, P.S. (1966). Notes on the biology of *Gammarus pulex* in the River Endrick. *Hydrobiologia*, 28(1), 142-152.
- Malard F., Capderrey C., Churchward B., Eme D., Kaufmann B., Konecny-Dupré L., Léna J.P., Liébault F. & Douady C.J. (2017). Geomorphic influence on intraspecific genetic differentiation and diversity along hyporheic corridors. *Freshwater Biology*, 62, 1955–1970.
- Milanesi P., Holderegger R., Bollmann K., Gugerli F. & Zellweger F. (2017). Three-dimensional habitat structure and landscape genetics: a step forward in estimating functional connectivity. *Ecology* 98, 393–402. <https://doi.org/10.1002/ecy.1645>

- Ovidio M., Detaille A., Bontinck C. & Philippart J.-C. (2009). Movement behaviour of the small benthic Rhine sculpin *Cottus rhenanus* (Freyhof, Kottelat & Nolte, 2005) as revealed by radio-telemetry and pit-tagging. *Hydrobiologia* 636, 119–128. <https://doi.org/10.1007/s10750-009-9941-3>
- Paz-Vinas I., Loot G., Hermoso V., Veyssi re C., Poulet N., Grenouillet G. & Blanchet S. (2018). The systematic conservation planning for intraspecific genetic diversity. *Proceedings of the Royal Society B, Biological Sciences*, 285, 20172746: 1-10.
- Pilger T.J., Gido K.B., Propst D.L., Whitney J.E. & Turner T.F. (2017). River network architecture, genetic effective size and distributional patterns predict differences in genetic structure across species in a dryland stream fish community. *Molecular Ecology* 26, 2687–2697. <https://doi.org/10.1111/mec.14079>
- Point J. (2019) Unmanned Aerial Vehicle LiDAR setup : a platform for topographical surveys and geomorphological investigations in fluvial environment. Master of Science in Geography. Universit  Lyon 2.
- Prunier J., Dubut V., Loot G., Tudesque L. & Blanchet S. (2018). The relative contribution of river network structure and anthropogenic stressors to spatial patterns of genetic diversity in two freshwater fishes: A multiple-stressors approach. *Freshwater Biology*, Wiley, 63(1), 6- 21. <https://doi.org/10.1111/fwb.13034>
- Rupp D.R., Larned S.T., Arscott D.B. & Schmidt J. (2008). Reconstruction of a Daily Flow Record Along a Hydrologically Complex Alluvial River. *Journal of Hydrology* 359:88-104.
- Scorgie H.R.A., (1974). Studies on the food of invertebrates in the River Lambourn with particular reference to the role of detritus in the trophic economy of the community. PhD Thesis, University of Reading. 139 p
- Sutcliffe D.W., Carrick T.R. & Willoughby L.G. (1981). Effects of diet, body size, age and temperature on growth rates in the amphipod *Gammarus pulex*. *Freshwater biology*, 11(2), 183-214.
- Williams W.D. (1962). The geographical distribution of the isopods *Asellus aquaticus* (L.) and *A. meridianus* Rac. In *Proceedings of the zoological Society of London* (Vol. 139, No. 1, pp. 75-96). Oxford, UK: Blackwell Publishing Ltd.

ANNEXES

Annexe 1 : Fiche technique ELFMOD(R) - version 01/1/2019

Le code utilise la librairie « xlsx » qui présente parfois des incompatibilités avec les versions de R 64 bits (version reconnue par défaut dans Rstudio, par exemple). Une solution est de lancer les scripts avec la version de R mais 32 bits.

Les calculs sont réalisés sans intervention de l'opérateur. Il faut cependant entrer dans le code pour définir les noms du fichier d'entrée (lignes 23 à 26) et des deux fichiers de sortie (NomSortie1 et NomSortie2, lignes 34 et 35) et le répertoire d'écriture (CheminOutput, ligne 33), pour préciser les dates de début et date de fin des simulations, (dateStart et dateEnd, lignes 29 et 30) et l'incrément d'espace (space_step, ligne 28) pour les interpolations des débits en sortie de modèle. Par défaut, les deux fichiers de sortie sont ModelFlow et flow_output.

Données d'entrée et paramétrisation

Les données d'entrées sont stockées dans le fichier « SetupModel.xls ». Dans ce fichier, il y a quatre feuilles qui doivent obligatoirement être remplies avant de commencer les simulations : « SiteInfo », « Gaugings », « FlowData » et « ExtraData ». Les formats des fichiers d'entrée héritent du logiciel ELFMOD, diffusé par le NIWA.

Les séries temporelles « FlowData » et « ExtraData » doivent **impérativement** être complètes sur la période de simulation.

SiteInfo

Cette feuille permet de positionner les sites. Les colonnes A, D et E sont utilisées.

La **colonne A** correspond au nom donné aux sites de jaugeages, aux stations hydrométriques et aux séries temporelles qualifiées de « extraflow ». Les séries « extraflow » sont utilisées en données additionnelles pour les régressions disponibles sur les mêmes périodes que les données de débit et peuvent être des débits de stations hydrométriques situées sur des cours d'eau voisins ou des niveaux piézométriques.

La **colonne D** correspond à la distance (en mètres) depuis l'amont de chaque site/station situé sur le linéaire du cours d'eau. Il est donc indispensable de déterminer l'amont avec une distance de 0 m. C'est depuis cet amont que les débits commenceront à être interpolés jusqu'au site le plus éloigné de l'amont. Pour les données « extraflow », il n'est pas nécessaire de renseigner la colonne distance et la mention « 9999 » peut être indiquée.

La **colonne E** correspond au type de donnée. Il est important de bien respecter les indices affectés à chaque site soit :

s : pour un site de jaugeage

f : pour une station hydrométrique ayant des données continues dans le temps

e : pour une station « extraflow » ayant des données continues dans le temps

Gaugings

Cette feuille renseigne l'ensemble des valeurs de jaugeages qui vont être utilisées dans les différentes régressions. Les noms des sites de jaugeage, de stations hydrométrique et d'

« extraflow » doivent être strictement identiques à ceux indiqués dans la colonne A de la feuille SiteInfo. L'ordre des colonnes n'a pas d'importance excepté pour la colonne A.

La **colonne A** correspond aux dates de jaugeage et il est indispensable de l'indiquer en respectant le format (yyyymmdd).

Les colonnes suivantes indiquent les valeurs de jaugeages aux différents sites. Il est également nécessaire d'indiquer dans cette feuille les valeurs des variables (extraflow) correspondant aux dates des jaugeages afin qu'elles soient prises en compte dans les régressions. En cas d'observation visuelle d'un site, il faut d'indiquer la mention « flowing » afin qu'elle soit prise en compte lors des régressions logistiques.

FlowData

Cette feuille reprend toutes les données continues des débits observés aux stations hydrométriques. Les noms des stations hydrométrique doivent être similaires à ceux indiqués dans la colonne A de la feuille SiteInfo.

La **colonne A** correspond aux dates d'observations et il est indispensable de l'indiquer en respectant le format (yyyymmdd).

Les colonnes suivantes indiquent les valeurs de débits observés.

ExtraData

Cette feuille reprend toutes les données continues « extraflow ». Les noms des « extraflow » doivent strictement identiques à ceux indiqués dans la colonne A de la feuille SiteInfo. Si aucune variable « extraflow » n'est utilisée alors cette feuille doit rester vierge.

La **colonne A** correspond aux dates d'observations et il est indispensable de l'indiquer en respectant le format (yyyymmdd).

Les colonnes suivantes indiquent les valeurs observées.

Données de sortie

Deux fichiers de sortie sont enregistrés « ModelFlow.csv » et « Flow_output.csv ».

ModelFlow

Le fichier ModelFlow.csv contient les débits interpolés à pas de temps journalier et à chaque incrément d'espace indiqué en ligne 28 dans le script (space_step).

La première colonne correspond aux dates et la première ligne indique les incréments d'espace auxquels ont été interpolés les débits. La seconde colonne correspond aux valeurs des débits calculés par régression à l'amont du linéaire et la dernière colonne correspond aux valeurs des débits calculés par régression à l'aval.

Flow_output

Le fichier Flow_output.csv contient l'ensemble des débits calculés par régression pour chaque transect. Il est à noter que des débits négatifs peuvent apparaître dans ce fichier de sortie car directement issus des relations empiriques.

Annexe 2 : Matrice des distances entre les sites de prélèvement par espèce

Distance (en m) entre les sites d'échantillonnage pour chaque espèce. Les codes des sites indiquent l'année d'échantillonnage (17 ou 18), la rivière (Ain, Sey = Seynard et Alb = Albarine), U = amont ou D = aval, et le code espèce indiqué entre parenthèse après le nom latin des espèces.

<i>Asellus aquaticus (aaq)</i>					<i>Cottus gobio (cgo)</i>				
	17AinDaaq	17AinUaaq	18AlbUaaq	18SeyUaaq		17AinDcgo	17AinUcgo	17AlbUcgo	17SeyUcgo
17AinDaaq		23062	18443	15271	17AinDcgo		23008	27292	13518
17AinUaaq	23062		17902	14730	17AinUcgo	23008		26672	12898
18AlbUaaq	18443	17902		9245	17AlbUcgo	27292	26672		16317
18SeyUaaq	15271	14730	9245		17SeyUcgo	13518	12898	16317	
<i>Proasellus walteri (pwa)</i>					<i>Phoxinus phoxinus (pph)</i>				
	17AinDpwa	17AinUpwa	17SeyUpwa	18AlbUpwa		17AinDpph	17AinUpph	17AlbUpph	17SeyUpph
17AinDpwa		25433	17071	33885	17AinDpph		23008	27292	14369
17AinUpwa	25433		17059	33873	17AinUpph	23008		26672	13749
17SeyUpwa	17071	17059		24645	17AlbUpph	27292	26672		17167
18AlbUpwa	33885	33873	24645		17SeyUpph	14369	13749	17167	
<i>Barbatula barbatula (bba)</i>					<i>Squalius cephalus (sce)</i>				
	17AinDbba	17AinUbba	17AlbUbba	17SeyUbba		17AinDSce	17AinUsce	17AlbUsce	17SeyUsce
17AinDbba		23008	27292	13517	17AinDSce		23008	26454	13518
17AinUbba	23008		26672	12897	17AinUsce	23008		25834	12898
17AlbUbba	27292	26672		16316	17AlbUsce	26454	25834		15479
17SeyUbba	13517	12897	16316		17SeyUsce	13518	12898	15479	

Annexe 3 : Aperçu des trois cours d'eau échantillonnés : Ain, Seymard et Albarine

Seymard
(33 km² - 15 km)



Albarine
(354 km² - 38 km depuis Charabotte)



Ain
(3 742 km² - 43 km)



