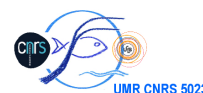

**OUTIL DE CARACTERISATION DES MILIEUX
AQUATIQUES BASE SUR LES TRAITS
BIOLOGIQUES DES MACROINVERTEBRES
BENTHIQUES : APPLICATION AU
AU BASSIN RHONE-MEDITERRANEE.**

– Rapport Final –
Contrat Agence de l'eau RMC 529.003

Nicolas Péru sous la direction de Sylvain Dolédec



11 juin 2009

Table des matières

Introduction	5
Contexte général	5
Gestion de la variabilité environnementale dans la DCE : Les Hydroécocorégions	6
1 Données	9
1.1 Sites de référence	9
1.2 Méthode d'échantillonnage et données disponibles	10
1.3 Traits biologiques : Cadre théorique et base de données	12
2 Résultats	15
2.1 Variabilité de la richesse taxonomique et de l'Indice Biologique Global Normalisé en condition de référence	15
2.1.1 Indices usuels de Biodiversité	15
2.1.2 Influence du protocole d'échantillonnage	22
2.2 Composition faunistique	28
2.2.1 Variabilité spatiale	28
2.2.2 Variabilité saisonnière	29
2.3 Composition en trait biologiques	31
2.3.1 Variabilité spatio-temporelle	31
2.3.2 Analyse séparées des tableaux de traits biologiques	33
2.3.3 Perspectives méthodologiques de l'outil traits biologiques	36
Discussion	43
Variabilité spatio-temporelle	43
Effort d'échantillonnage	46
Problèmes posés par la mesure de diversité fonctionnelle	46
Pondération des abondances	49
Conclusions	51
Annexe A	65
Annexe B	69
Annexe C	71
Annexe D	89

Introduction

Contexte général

Le bassin Rhône-Méditerranée (RM) présente une variabilité environnementale naturelle importante se traduisant par un contexte géoclimatique complexe. Par conséquent, les profils de cours d'eau du bassin sont variés avec des torrents d'altitude, des rivières de plaines, de petits fleuves côtiers, des rivières temporaires. L'étude des communautés aquatiques à une échelle telle que celle du bassin RM est rendue complexe car chaque contexte environnemental porte un cortège faunistique différent. Cette variabilité géographique inclut une variabilité temporelle qui peut encore compliquer la compréhension de la structure des communautés aquatiques.

Cette variabilité environnementale a des conséquences directes sur les outils de diagnostic écologiques notamment en limitant, la reproductibilité des mesures et la possibilité d'extension à une plus large échelle spatiale de prospection. D'autre part, dans les milieux anthropisés, il est souvent difficile d'identifier la part de variation due à l'impact des activités humaines de celle engendrée par le fonctionnement naturel. La plupart des méthodes actuelles de bioévaluation ne tiennent pas compte des biais éventuels engendrés bien qu'utilisant la distribution et la structure des communautés (on se reportera à la synthèse proposée en Annexe D).

En outre, la Directive Cadre Européenne sur l'Eau (DCE, [Anonymous 2000]), a renouvelé l'intérêt de la communauté scientifique pour le développement des outils de bioindication en introduisant la notion de *bon état* écologique et physico-chimique des eaux, un objectif à réaliser à l'horizon 2015. La DCE impose par ailleurs que les outils de bioévaluation utilisés par les pays membres de l'Union Européenne fassent appel à une référence qui servira de base de comparaison afin d'évaluer l'état des masses d'eaux et leur évolution. Mais toute comparaison à une valeur de référence, suppose la stabilité de celle-ci afin d'en assurer la fiabilité. Dans une situation d'instabilité des paramètres environnementaux et donc de la structure des communautés telle que présentée ci-dessus, la référence devient problématique.

Les macroinvertébrés benthiques sont très utilisés en bioindication à la base de nombreux outils en Europe (ex. RIVPACS, Système des saprobies, BWMP). En France, l'outil principal utilisé est l'Indice Biologique Global Normalisé (IBGN, [AFNOR 2004]) qui attribue un score de 0-20 d'après le nombre de familles d'invertébrés relevés et leur degré reconnu de polluo-sensibilité pour qualifier la qualité biologique d'un site. L'IBGN comme la plupart des indices de bioindication européen ne répond pas complètement aux exigences de la DCEE notamment par son manque d'utilisation d'une référence. De plus, la note fournie par l'IBGN repose en grande partie sur la richesse taxonomique qui est un paramètre de la composition faunistique très dépendant de la variabilité environnementale (spatiale et temporelle). Par ailleurs, il est reconnu que la richesse taxonomique dépend également de la méthode d'échantillonnage notamment en fonction du nombre de prélèvements envisagés (effort d'échantillonnage ; voir par exemple [Magurran 1988]).

Ces points concernent plus particulièrement l'implémentation des outils de bioindication mais

ces derniers doivent aussi être abordés selon d'autres angles. Ainsi [Bonada et al. 2006] ont listé 12 critères afin de définir un outil *idéal* basé sur les communautés d'invertébrés benthiques (majoritairement des larves d'insectes aquatiques), en les regroupant en trois grandes catégories : la mise en oeuvre (protocole d'échantillonnage, niveau d'identification des macroinvertébrés), la logique conceptuelle (contexte théorique, hypothèses *a priori*, possibilité d'identification et de différenciation des impacts anthropiques) et la performance (applicabilité à large échelle, fiabilité de l'indications). Parmi les outils envisagés par cette étude, les traits biologiques complètent 10 des 12 points évalués. Notamment il a été démontré que les traits biologiques peuvent être appliqués à large échelle en raison de leur stabilité en conditions naturelles ou semi-naturelles (voir [Charvet et al. 2000], [Statzner et al. 2001], [Statzner et al. 2004]) ce qui est en liaison directe avec l'objectif, fixé par la DCE dans la définition d'une référence.

Ce rapport présente les résultats et conclusions de l'étude menée par le Laboratoire d'Ecologie des Hydrosystèmes Fluviaux (UMR CNRS 5023, UCB – Lyon1, équipe Biodiversité des Ecosystèmes Lotiques) quant à l'applicabilité d'une méthode de bioindication basée sur les traits biologiques des macroinvertébrés benthiques. Cette étude vise à définir la variabilité spatio-temporelle des profils de traits biologiques en condition de référence en la comparant à celle de la composition faunistique (plus traditionnellement utilisée en bioindication) afin d'apporter des éléments sur le fonctionnement naturel du bassin RM. La comparaison entre composition en traits biologiques et composition faunistiques servira de base à l'évaluation de l'apport des traits biologiques en termes d'interprétation écologique des communautés d'invertébrés et également en termes de contraintes d'échantillonnages. Ces éléments nous amèneront à comparer les profils en traits biologiques à l'IBGN.

Nous reprenons ci-dessous les quatre grands items de ce travail :

1. Test de sensibilité de la composition en traits biologiques des communautés de macroinvertébrés benthiques aux variations saisonnières. Cette approche est basée sur les données DIREN disponibles et sur des échantillonnages complémentaires par nos soins sur 16 stations sélectionnées parmi les 118 échantillonnées en RM.
2. Importance de l'effort d'échantillonnage sur la composition taxonomique et la composition en traits biologiques.
3. Variabilité éco-régionale de la composition taxonomique et de la composition en traits biologiques.
4. Test de comparaison avec les indicateurs du réseau actuel de mesures (IBGN).

Nous présentons en fin de rapport les évolutions possibles à partir des résultats obtenus et des perspectives pour la définition d'un outil.

Gestion de la variabilité environnementale dans la DCE : Les Hydroécórégions (HER)

Afin de tenir compte de la variabilité environnementale et de s'en affranchir dans une certaine mesure, la DCE a instauré le principe d'une classification environnementale basée sur des facteurs reconnus pour leur influence dans la structure et l'organisation des écosystèmes aquatiques. En France, l'application de ce principe a permis de définir 22 hydroécórégions de niveau 1 (HER I, [Wasson et al. 2002]). Ces entités géographiques délimitent des zones homogènes selon trois facteurs principaux supposés être des déterminants de la structure et du fonctionnement naturel des hydrosystèmes [Omernik 1987] : le climat, le relief et la géologie du sol. La méthodologie fait appel à un modèle numérique de terrain (MNT 250 m) et un logiciel de SIG. La distinction entre HERs

est réalisée sur avis d’expert par la recherche des discontinuités naturelles dans les valeurs de chacun des trois grands facteurs précédemment cités. Cependant, l’introduction de ces facteurs dans la classification n’est pas identique pour chaque HER. Par exemple, le premier facteur utilisé pour l’HER “Méditerranée” est le climat et pour l’HER “Alpes Internes”, il s’agit du relief.

L’organisation en HERs est hiérarchique et comporte un second niveau de définition, plus précis, comprenant 111 HERs de niveau 2 (HER II). Ces HERs, de taille plus réduite et comprises dans les HERs I, ont été définies selon des critères intervenant à une échelle spatiale plus petite mais également parmi les trois grands déterminants primaires qui n’auraient pas été pris en compte au premier échelon de la classification tel que par exemple le climat pour l’HER “Alpes Internes” ou encore le relief pour l’HER “Méditerranée”. Dans le présent rapport, ce niveau d’organisation n’a pas été pris en compte en raison de la répartition trop inégale des sites de prélèvements dans ces HERs II mais surtout en raison du trop faible nombre de sites en comparaison du nombre d’HERs II dans le bassin RM (38 HER II représentées dans les données disponibles pour 118 sites) qui rend toute analyse statistique hasardeuse.

Le bassin RM compte 11 hydroécotérrégions de niveau I (Tableau 1).

TABLE 1 – Les Hydroécotérrégions de niveau I dans le bassin RM [Wasson et al. 2002].

ID	HER I	Relief	Géologie	Climat
1	PPYRENEES	Haute Montagne	Granite/métamorphique	Montagnard humide
2	ALPES INTERNES	Haute Montagne	Granite/métamorphique	Montagnard humide, froid
3	MASSIF CENTRAL SUD	Montagne	Granite/métamorphique	Montagnard humide
4	VOSGES	Montagne	Granite/métamorphique	Montagnard humide
5	JURA-PREALPES DU NORD	Montagne	Sédimentaire/calcaire	Montagnard humide
6	MEDITERRANEEN	Relief peu élevé	Hétérogène	Méditerranéen
7	PREALPES DU SUD	Montagne	Sédimentaire/calcaire	Sub-Méditerranéen
8	CEVENNES	Montagne	Granite/métamorphique	Méditerranéen
10	COTES CALCAIRES EST	Relief peu élevé	Sédimentaire/calcaire	Océanique tempéré
15	PLAINE DE SAÔNE	Plaine	Détritique	Océanique-méridional
19	GRANDS CAUSSES	Montagne	Sédimentaire/calcaire	Sub-Méditerranéen

Chapitre 1

Données

1.1 Sites de référence

Les données utilisées concernent des sites du réseau établi à l'échelon national pour permettre la définition des valeurs en condition référence (peu ou pas d'impact anthropique). Ces sites (environ 450) ont été sélectionnés selon avis d'expert et également à partir d'une visualisation par SIG du pourcentage du bassin-versant concerné par les activités humaines (en accord avec le rapport REFCOND, [Wallin et al. 2003]).

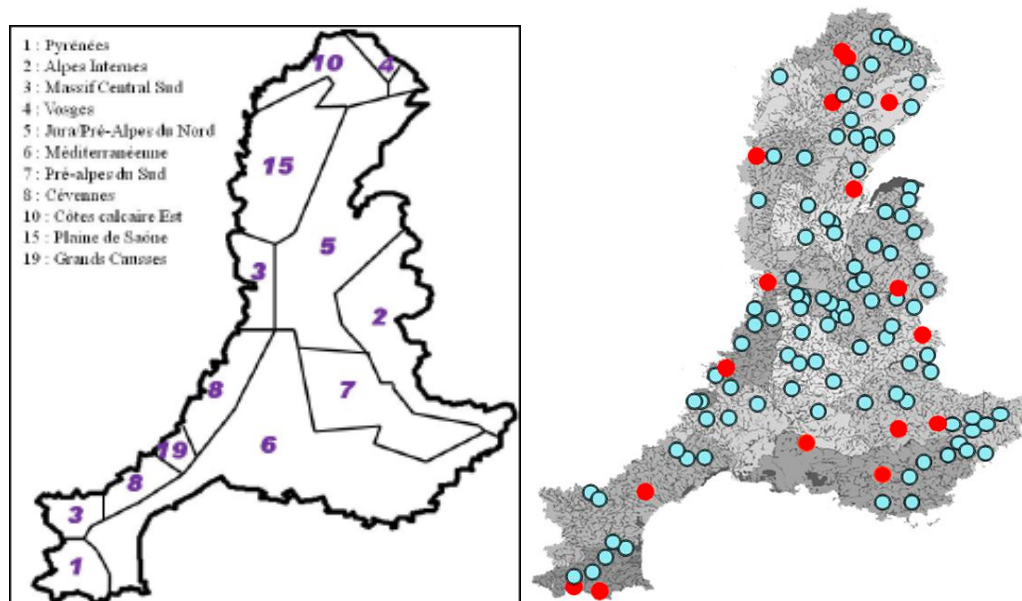


FIGURE 1.1 – A gauche : Délimitation schématique des 11 HERs de niveau I du bassin RM. A droite : Position des 118 stations de références du réseau DCE sur le bassin RM (cercles bleus). Les stations sélectionnées pour un échantillonnage spécifique afin de tester l'effet saisonnier et l'effet de l'échantillonnage sont représentées par des cercles rouges.

Le bassin R-M comporte 118 sites de référence répartis sur sa surface (Annexe A). La distribution générale des sites n'est pas uniforme (Cf. Fig. 1.1) variant de un site pour l'HER "Grands Causses" à 35 pour l'HER "Jura/Préalpes du Nord", sans nécessairement refléter la surface des

HER I. Ce plan d'échantillonnage provient essentiellement de la difficulté à trouver des sites de références dans des HERs parfois sous forte influence anthropique (ex. HER "Méditerranée").

1.2 Méthode d'échantillonnage et données disponibles

L'ensemble du réseau de surveillance a fait l'objet de prélèvement de macroinvertébrés par les DIREN (et/ou bureaux d'études) selon un protocole commun, défini dans une note méthodologique de la circulaire DCE 2004/08 [Usseglio-Polatera & Wasson 2004]. Ce protocole dit "DCE" reprend l'ensemble du protocole d'échantillonnage IBGN et le complète de 4 prélèvements dans des milieux biogènes mais de représentation surfacique plus anecdotique. De plus une détermination des invertébrés au niveau taxonomique du genre est requise alors que seul le niveau taxonomique de la famille était exigé dans le protocole IBGN de 1992. Chaque site du réseau de référence a été prélevé à deux saisons différentes correspondant aux périodes d'étiage, entre 2005 et 2007.

En complément de ces prélèvements effectués nous avons sélectionné 17 sites (Cf. Tableau 1.1 et Fig. 1.1) parmi les 118 sites du réseau de référence pour lesquels des prélèvements complémentaires ont été réalisés par nos soins. Ces sites ont été retenus afin de représenter au mieux la variabilité du bassin bien que constituant un plan d'échantillonnage plus restreint. Le protocole d'échantillonnage DCE a été respecté. Ces informations constituent un complément saisonnier aux échantillonnages DIREN, deux saisons ne permettant pas *a priori* la prise en compte exhaustive des cycles biologiques annuels des macroinvertébrés benthiques. Cependant, alors que la méthodologie initiale prévoit que les prélèvements soient effectués selon leur représentation surfacique et leur capacité biogène, nous avons préféré un protocole au hasard pour permettre un test complet de l'échantillonnage.

TABLE 1.1 – Liste des sites de références DIREN sélectionnés pour un échantillonnage complémentaire à deux saisons (Coord : Coordonnées Lambert II étendu).

Sites	Coord		HER I	
	X	Y	Nom	Code
Aude	577916	1727618	Pyrénées	1
Tech	603892	1711843	Pyrénées	1
Merlet	906836	2042718	Alpes internes	2
Claree	943011	2002744	Alpes internes	2
Gier	772226	2048257	Massif central S	3
Loue	899199	2233881	Jura-Préalpes N	5
Valserine	884670	2161899	Jura-Préalpes N	5
Sorgue	824649	1883836	Méditerranée	6
Argens	897608	1841242	Méditerranée	6
Asse	914849	1897674	Pre-alpesS	7
Var	959337	1893312	Préalpes S	7
Lignon	744770	1960427	Cévennes	8
Ilouvre	646654	1827375	Cévennes	8
Fourches	886428	2306520	Côtes calcaires E	10
Lanterne	880321	2311832	Cotes calcaires E	10
Grison	786775	2178025	Plaine Saône	15
Clauge	847019	2233019	Plaine Saône	15

Nous avons réalisé deux campagnes de prélèvements (en juillet 2006 et janvier 2007). La seconde

campagne s'est terminée en avril 2007 en raison d'un hiver à pluviométrie élevée et du fait de crues importantes et régulières. A chacune des campagnes, 12 habitats sélectionnés au hasard (numérotés de 1 à 12 d'aval en amont) ont été échantillonnés avec un filet Surber (vide de maille $500 \mu m$ et surface de $0.1 m^2$). Pour chaque échantillon, la granulométrie, la vitesse de courant ainsi que la profondeur ont été mesurées et nous avons également pris trois mesures de largeur de la section mouillée, réparties sur la station (généralement aux points 1, 6 et 12). Au laboratoire, les échantillons ont été triés et déterminés au niveau du genre pour la plupart des taxons à l'aide de l'ouvrage de [Tachet et al. 2002] (les Diptères sont rarement déterminables au niveau générique en raison du manque de clefs de détermination sur ce groupe mais le maximum d'effort a été fourni afin d'avoir le niveau de détermination le plus homogène possible).

TABLE 1.2 – Nombre de saisons échantillonnées sur la période d'échantillonnage considérée.

année	2004	2005	2006	2007
1 saison	1	24	10	37
2 saisons	2	90	108	1

Au cours l'étape de tri, nous avons constaté que la station située sur la Loue à Mouthier Haute-Pierre (25, code RCB : 6031400) présentait des signes évidents d'eutrophisation. De plus, la présence importante d'algues filamenteuses et d'une densité en invertébrés (notamment les Chironomidae) très élevée a rendu le tri des échantillons trop long pour être compatible avec les délais imposés par une thèse. Le statut de référence d'une telle station doit être reconsidéré. Il a donc été décidé d'abandonner cette station pour éviter de biaiser les données de "vraies" référence.

TABLE 1.3 – Répartition des échantillons selon les mois et les années.

Mois	2004	2005	2006	2007	Total
janvier	0	2	7	2	11
février	0	3	5	2	10
mars	0	2	4	3	9
avril	0	3	13	22	38
mai	0	19	19	5	43
juin	2	53	62	4	121
juillet	1	23	10	1	35
août	1	29	18	0	48
septembre	1	18	35	0	54
octobre	0	30	41	0	71
novembre	0	18	7	0	25
décembre	0	4	5	0	9
Total	5	204	226	39	474

Les différents échanges avec N. Mengin (CEMAGREF de Lyon) ont permis de recueillir les données faunistiques et d'habitat issues du réseau de référence. Nous avons eu à disposition les données sur trois années (2005-2007, et également 2004 pour la première campagne de prélèvement pour les sites des Pyrénées qui n'ont pas été échantillonnés en 2005), mais tout le matériel biologique des campagnes de prélèvements de 2006 et 2007 n'ayant pas encore été trié et déterminé dans des délais compatibles avec notre étude, nous n'avons pu recueillir que les données de 474 campagnes de prélèvements sur les 708 prévues au total soit un peu plus de 5600 relevés unitaires.

Ce qui constitue malgré tout un jeu de données suffisant pour les tests prévus. Cependant, nous ne disposons pas des deux saisons pour chaque site à chaque année, notamment pour l'année 2007, où nous n'avons pu obtenir les données des 2 saisons que pour un seul site (Tableau 1.2).

D'autre part, l'examen des dates de prélèvement révèle que le plan d'échantillonnage sur les mêmes deux saisons chaque année pour un site donné n'a pu être suivi. Les dates de prélèvement s'échelonnent tout au long de l'année avec un nombre plus important de prélèvement aux saisons envisagées par le protocole (Tableau 1.3).

1.3 Traits biologiques : Cadre théorique et base de données

Les traits biologiques expriment le potentiel des espèces ou des populations d'une espèce en matière de croissance, de mode de nutrition (ex. taille, stockage), de reproduction (ex. soins aux jeunes) et de mobilité (ex. fuite, migration, diapause) et plus généralement en terme de capacité de résistance ou de résilience aux perturbations naturelles ou anthropiques (voir en Annexe D pour une revue bibliographique). De ce fait, les traits biologiques constituent naturellement des paramètres permettant de décrire et d'évaluer le fonctionnement écologique et la santé des écosystèmes. L'usage des traits biologiques représente en fait un saut qualitatif entre une nomenclature à étiquettes (taxonomie) et une nomenclature des fonctions (traits biologiques). Au-delà de la spécificité taxonomique ou biogéographique des systèmes considérés l'usage des traits biologiques permettrait de ramener la grande diversité des communautés aquatiques à un nombre plus réduit de grands types fonctionnels répondant spécifiquement à des impacts anthropiques. Ce potentiel a été utilisé dans le cadre de l'élaboration d'un système expert utilisant les familles d'invertébrés benthiques à la demande des Agences de l'eau et piloté par l'Agence Rhin-Meuse (voir [Usseglio-Polatera & Beisel 2002]).

Un cadre théorique, élaboré par [Townsend & Hildrew 1994] et applicable aux écosystèmes aquatiques (*River Habitat Templet*), fournit un jeu de prédictions caractérisant l'expression des traits biologiques dans un cadre de variabilité spatio-temporelle de l'habitat. Par exemple, dans des habitats variables dans le temps (fortes fréquences de crues) et à faible hétérogénéité spatiale, on s'attend à trouver de petits organismes à cycles de vie courts et à croissance rapide, caractéristiques biologiques procurant une certaine résilience face aux perturbations. Les habitats moins perturbés et à plus forte hétérogénéité spatiale, devraient présenter une plus grande variété d'espèces incluant les espèces présentant des traits les rendant aptes à faire face aux perturbations et des espèces présentant une plus grande taille. Le *River Habitat Templet* a été validé de façon globale par un certain nombre d'études utilisant une quantification semblable des traits biologiques des espèces (qualitatif ou codage flou voir [Chevenet et al. 1994]) et cherchant explicitement à tester le concept (voir par exemple [Statzner et al. 1997]).

L'équipe Biodiversité des Ecosystèmes Lotiques (UMR CNRS 5023) développe depuis quelques années des bases de données sur les traits biologiques des espèces et genres de macroinvertébrés benthiques comme [Usseglio-Polatera et al. 2000], [Tachet et al. 2002], [Gayraud et al. 2003], [Statzner et al. 2007].

Dans la présente étude, la base utilisée comporte l'information sur 11 traits biologiques, divisés en 63 modalités (Tableau 1.4). Le codage utilisé est appelé codage "flou". Pour chaque modalité de trait, un score de 0 à 3 est attribué (sur avis d'expert et/ou analyse bibliographique) au taxon suivant le degré d'affinité du taxon pour la modalité. Ce type de codage permet de tenir compte de la variabilité biologique des invertébrés qui ne pourrait être complètement retranscrite au travers d'un simple codage binaire [Chevenet et al. 1994].

TABLE 1.4 – Identification des traits biologiques utilisés (d'après [Tachet et al. 2002]).

TRAIT	MODALITE	TRAIT	MODALITE
Taille maximale	≤ 0.25 cm	Type de Nourriture	Sédiments fins, microorganismes
	> 0.25 – 0.5 cm		Débris végétaux < 1 mm
	> 0.5 – 1 cm		Débris végétaux ≥ 1 mm
	> 1 – 2 cm		Microphytes vivants
	> 2 – 4 cm		Macrophytes vivants
	> 4 – 8 cm		Animaux morts > 1 mm
	> 8 cm		Microinvertébrés vivants
Durée du cycle de vie	≤ 1 an	Mode d'alimentation	Macroinvertébrés vivants
	> 1 an		Vertébrés
Nombre potentiel de cycles de reproduction par an	< 1	Absorbeur	
	= 1	Mangeur de sédiments fins	
	> 1	Broyeur	
Stages aquatiques	Œuf	Brouteur	
	Larve	Filtreur	
	Nymphe	Perceur (plante ou animal)	
	Imago	Prédateur	
Reproduction	Ovoviviparité	Parasite, parasitoïde	
	Œufs isolés, libres		
	Œufs isolés, fixés		
	Pontes fixées		
	Pontes libres		
	Pontes endophytiques		
	Pontes terrestres		
Dispersion	Reproduction asexuée		
	Aquatique passive		
	Aquatique active		
	Aérienne passive		
	Aérienne active		
Forme de résistance	Œufs, statoblastes, gemmules		
	Cocons		
	Logettes contre la dessiccation		
	Diapause		
	Sans		
Respiration	Tégument		
	Branchies		
	Plastron		
	Aérienne (spiracles)		
	Aérienne (Vésicule hydrostatique)		
Locomotion et relation au substrat	Volant		
	Nageur de surface		
	Nageur		
	Rampant		
	Fouisseur (épibenthique)		
	Interstitial (endobenthique)		
	Attaché temporairement		
Attaché permanent			

Chapitre 2

Résultats

2.1 Variabilité de la richesse taxonomique et de l'Indice Biologique Global Normalisé en condition de référence

2.1.1 Indices usuels de Biodiversité

Richesse taxonomique

La base de données faunistique comporte les abondances de 259 taxa d'invertébrés aquatiques (au niveau d'identification fixé par la circulaire DCE 2004/08, sans tenir compte des groupes dont l'information biologique est restreinte : Oligochaeta, Nematomorpha et Porifera) et fournit une bonne évaluation qualitative et quantitative de la composition faunistique en invertébrés benthiques des 11 HERs.

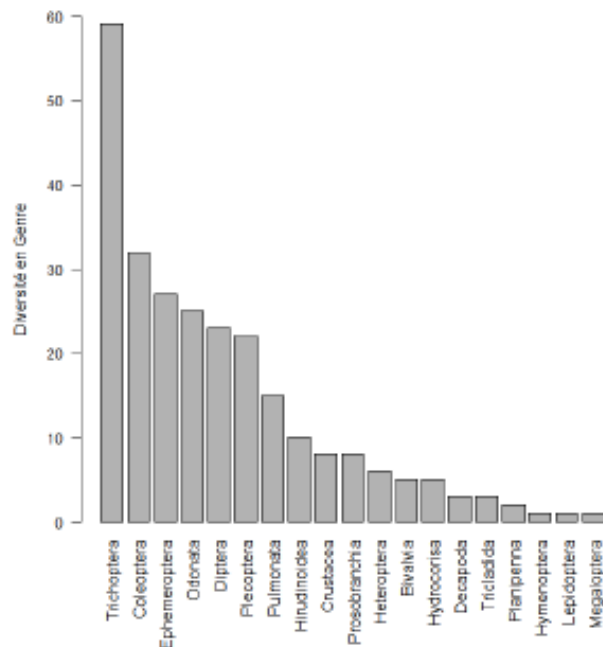


FIGURE 2.1 – Richesses taxonomiques au niveau systématique de l'ordre sur les 118 sites de références du bassin RM.

La base de données faunistique comporte les abondances de 259 taxons d'invertébrés aquatiques. La richesse taxonomique est donc importante et majoritairement due aux larves d'insectes (Fig. 2.1) notamment de l'ordre des Trichoptères (environ 60 genres). Près de 90% des taxa ont été déterminés au genre. Seuls quelques Coléoptères (Dytiscidae, Hydrophilidae et Curculionidae), Hétéroptères (Corixidae et Naucoridae), une majorité des Diptères et quelques autres taxa ont été déterminés à la famille en raison des difficultés liées à leur identification. Du fait du plan d'échantillonnage (nombre des sites et taille des HERs) d'une part, et de la variabilité environnementale d'autre part, les distributions et valeurs moyennes des richesses taxonomiques par HER I sont assez inégales (Fig. 2.2).

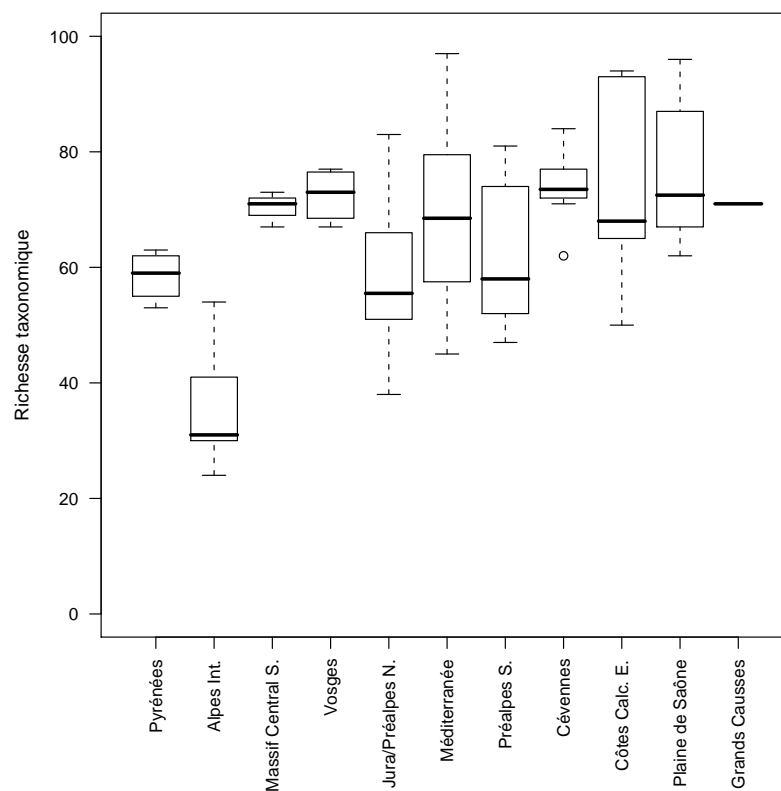


FIGURE 2.2 – Distributions des valeurs de la richesse taxonomique par HER. Pour chaque HER, les parties supérieures et inférieures délimitent respectivement les premier et troisième quartiles de la distribution, le trait noir dans la boîte indique la médiane et les lignes en pointillés indiquent l'intervalle de confiance de la moyenne de la distribution.

Parmi les 259 taxa rencontrés, 11 sont présents dans la totalité des HERs et 34 ne se trouvent que dans une seule HER (Tableau 2.1 et 2.2). Ainsi, par exemple l'HER 15 (Plaine de Saône) comporte 13 taxa qui ne sont rencontrés que dans cette région. Ceci paraît assez disproportionné par rapport au nombre de sites prospectés. Cette faune particulière pourrait être liée à la spécificité des sites de rivières telles que la Clauge. Cependant, 9 taxons proviennent de la Sâne et de la Grosne. Parmi ces 9 taxons, 5 taxons sont des Odonates généralement trouvés dans les eaux stagnantes. Enfin, certains taxa cités dans ces sites (ex. *Brachytemis* et *Diplacodes*) ne sont pas connus en France. N'ayant pas d'accès direct aux prélèvements concernés, nous avons conservé ces taxons pour ce rapport, mais nous avons également réalisés des analyses en excluant ces taxons de la base. Ces analyses ont montré une influence non-significative de ces taxons à identification douteuse sur nos

résultats.

TABLE 2.1 – Liste des taxons présents dans toutes les HERs de niveau I et des taxons spécifiques d’une HER I (tous niveaux taxonomiques).

no HER (codes dans le Tableau 1)	1	2	3	4	5	6	7	8	10	15	19
Nombre de sites	4	13	5	4	38	20	14	8	5	6	1
Richesse médiane	60	32	72	74	56.5	69.5	59	74.5	69	73.5	72
Nombre de taxons spécifiques de l’HER	1	1	0	2	7	7	1	0	2	13	0

TABLE 2.2 – Liste des taxons présents dans toutes les HERs de niveau I et des taxons spécifiques d’une HER I au niveau genre.

Tout le Bassin RM		Spécifiques HER I			
		Pyrénées	Alpes Internes	Vosges	Côte Calcaire E
<i>Ancyclus</i>	<i>Hydropsyche</i>	<i>Pachyleuctra</i>	<i>Pacifastacus</i>	<i>Apatania</i>	<i>Batracobdella</i>
Anthomyidae	<i>Habrophlebia</i>			<i>Isogenus</i>	<i>Neureclipsis</i>
Athericidae	<i>Habroleptoides</i>				
<i>Baetis</i>	<i>Leuctra</i>	Méditerranée	PréAlpes S	Jura-PréAlpes N	Plaine-Saône
Ceratopogonidae	Limnephilinae	<i>Calamoceras</i>	<i>Aulonogyrus</i>	Cylindrotomidae	<i>Anax</i>
Chironomidae	Limoniidae	<i>Emmericia</i>		<i>Echinogammarus</i>	<i>Brachycercus</i>
Dytiscidae	<i>Amphinemura</i>	<i>Leucorrhinia</i>		<i>Haemopsis</i>	<i>Brachythemis</i>
<i>Elmis</i>	<i>Protonemura</i>	<i>Leucorrhinia</i>		<i>Stactobia</i>	Chaoboridae
<i>Esolus</i>	<i>Odontocerum</i>	Naucoridae		<i>Stactobiella</i>	<i>Diplacodes</i>
<i>Limnius</i>	<i>Isoperla</i>	<i>Raptobaetopus</i>		Syrphidae	<i>Epitheca</i>
Empididae	Planariidae	<i>Sympetrum</i>		<i>Xanthoperla</i>	<i>Hydrochus</i>
<i>Ephemerella</i>	Psychodidae	<i>Triops</i>			<i>Molanna</i>
<i>Ephemera</i>	<i>Rhyacophila</i>				<i>Nemurella</i>
<i>Gammarus</i>	<i>Sericostoma</i>				<i>Plateumaris</i>
<i>Silo</i>	Simuliidae				<i>Procambarus</i>
<i>Ecdyonurus</i>	Stenophylacini				<i>Pseudanodonta</i>
<i>Rhithrogena</i>	Chaetopterygini				<i>Trichostegia</i>
<i>Hydraena</i>					

Variabilité ecorégionale à l’échelle du bassin RM

La richesse taxonomique est la métrique la plus utilisée en bioindication pour décrire une dégradation du milieu, partant de l’hypothèse qu’un milieu dans son état naturel est plus diversifié qu’un milieu subissant un impact de nature anthropique. En outre, la richesse est une métrique qui intervient dans un grand nombre d’indices de la qualité des milieux et notamment l’IBGN. Les HERs ont été constituées sur la base de caractéristiques environnementales ayant une grande importance dans la structure des communautés d’invertébrés benthiques. Les HERs devraient prendre une part importante dans la politique de gestion environnementale des cours d’eau dans le cadre de la DCE, il est donc essentiel qu’elles rendent compte de la variabilité d’une métrique telles que la richesse taxonomique.

Afin d'étudier cette question, nous avons limité le jeu de données pour des raisons essentiellement statistiques à un plan d'échantillonnage équilibré garantissant une plus grande robustesse des tests. Dans cette partie, les données comportent les abondances sur 99 sites répartis dans 6 HERs (Tableau 2.3). La richesse taxonomique globale diminue de 259 à 254 taxons ce qui est minime. Nous avons donc conservé la quasi-totalité de la diversité taxonomique et malgré la restriction à 6 HERs, mais le jeu de données restant comporte une large variabilité environnementale.

TABLE 2.3 – Nombre de sites et richesses taxonomiques dans le jeu de données réduit.

no HERs (codes dans le Tableau 1)	2	5	6	7	8	15
Nombre de sites	13	38	20	14	8	6
Richesse	87	185	201	148	150	178

Deux autres métriques peuvent être utiles pour traiter de la biodiversité du bassin. La richesse en taxons d'Ephéméroptères, Plécoptères et Trichoptères (EPT, nombre total de familles en un site donné) est une métrique très utilisée en bioindication car ces trois groupes d'insectes sont réputés pour leur polluo-sensibilité (voir par exemple [Hering et al. 2004]). L'indice de diversité de Simpson (D) permet de prendre en compte non seulement la richesse taxonomique, mais également l'abondance relative des taxons.

La valeur des trois métriques (S , EPT, Simpson) a été ramenée entre 0 et 1 en divisant la valeur locale des sites par le maximum théorique à l'échelle du bassin soit 254 pour la richesse taxonomique, 37 pour la richesse en EPT et enfin D est maximum (D_{max}) quand toutes les espèces ont la même abondance et vaut alors $\frac{1}{S}$. Pour des raisons de normalité des données, nous n'avons pas directement étudié le rapport $\frac{D}{D_{max}}$ mais le rapport $\frac{\ln(D)}{\ln(D_{max})}$.

La variabilité spatiale de ces trois métriques a été analysée *via* un modèle linéaire généralisé (régression logistique) de la forme :

$$métrique \sim \text{facteur}(HER)$$

La simplicité de ce modèle peut générer des phénomènes de sur- ou sous-dispersion (variance attendue respectivement plus faible ou plus forte qu'observée). Nous avons donc pris en compte ce problème par l'intermédiaire de l'utilisation d'une famille quasi-binomiale afin d'illustrer au mieux la variabilité naturelle des métriques "classiques" à l'échelle du bassin et de mesurer le pouvoir explicatif d'un découpage écorégional. La méthode statistique employée permet de ramener trois métriques très différentes à une même échelle de variation et ainsi nous autorise un certain degré de comparaison (sans aller jusqu'à la comparaison directe des valeurs prédites par le modèle puisque la distribution des valeurs observées n'est pas forcément la même pour toutes les métriques).

Le gain dans la déviance des modèles a été testé par un test de Fisher. Afin de mesurer la qualité d'adéquation des modèles nous avons également calculé le R^2 de McFadden (ou pseudo- R^2).

Les résultats obtenus montrent que les deux modèles écorégionaux pour la richesse taxonomique (totale ou EPT) améliorent significativement (respectivement $p = 9.1E^{-14}$ et $p = 1.4E^{-08}$; Tableau 2.4) la valeur de la déviance résiduelle du modèle nul (modèle dont l'hypothèse est une répartition aléatoire des valeurs, dans notre cas, cela suppose une absence d'effet du facteur HER). Ainsi un modèle écorégional explique 53% de la variabilité naturelle de la richesse taxonomique totale et 38% de la richesse en EPT. Par contre, un modèle écorégional ne permet pas d'expliquer significativement la variabilité de l'indice de Simpson sur le bassin RM ($p = 0.23$, pseudo- $R^2 = 0.06$).

TABLE 2.4 – Résultats des modèles linéaires généralisés pour trois métriques usuelles de biodiversité.

Modèles	Déviance Résiduelle		Déviance	Valeur de F	p-value	Pseudo- R^2
	Modèle nul	~ HER I				
Richesse taxonomique (%)	2.24	1.06	1.18	20.5	$9.1E^{-14}$	0.53
Richesse EPT(%)	4	2.49	1.51	11.4	$1.4E^{-08}$	0.38
Simpson (D, %)	3.056	2.824	0.232	1.19	0.23	0.06

La qualité d'adéquation du modèle selon la valeur locale de la métrique peut être représentée spatialement (Fig. 2.3). D'après cette représentation, un site pour lequel l'ajout du facteur écorégional ne change rien par rapport au modèle nul sera représenté par une superposition exacte des 2 cercles. Si le modèle écorégional est valide, le diamètre du disque gris devrait être plus petit que celui du cercle noir, et inversement si la valeur prédite par le modèle écorégional est éloignée de la valeur observée.

Si le modèle de la richesse taxonomique semble indiquer une structure écorégionale, les variations locales restent importantes (Fig. 2.3b). En effet quelque soit l'HER considérée la modification de la valeur des résidus n'est pas la même pour tous les sites d'une HER. En ce qui concerne le modèle EPT (Fig. 2.3c), les résidus sont plus importants et l'on ne retrouve pas non plus de *pattern* écorégional. Pour ces deux modèles, on observe un certain nombre de sites dont la valeur des résidus a été nettement diminuée (cercle noir plus grand que le disque gris). D'après ces résultats, un modèle écorégional peut en partie expliquer les variations de la richesse taxonomique totale bien qu'il semble que la variabilité locale ne soit *a priori* pas dépendante de l'HER, ce qui explique la valeur du pseudo- R^2 (= 53%).

Pour l'indice de Simpson, les résidus du modèle écorégional d'une très large majorité des sites ont à peu près la même valeur absolue (voire exactement la même valeur) que les résidus du modèle nul marquant une différence nette avec les deux figures précédentes (Fig. 2.3d). C'est à dire que quelque soit l'HER considérée le modèle n'améliore pas la prédiction de l'indice de Simpson ce qui corrobore le résultat global (valeur non significative de la différence de déviance et pseudo- R^2 faible).

Il faut souligner que le modèle envisagé est volontairement simple. Bien que les HERs intègrent dans leurs composantes principales le relief, le climat et la géologie, il est sans doute préférable d'intégrer à un modèle à but prédictif, des valeurs locales de ces variables (notamment l'altitude) pour préciser l'information apportée par les HERs. Cependant, il semble que les valeurs d'abondances des invertébrés benthiques ne puissent pas être expliquées par ce type de découpage. Ce point est essentiel dans la constitution d'un indice de bioindication puisqu'un indice sensible à une modification de l'abondance relative des taxons fournit une meilleure précision dans l'identification et la prédiction des impacts anthropiques.

Indice Biologique Global Normalisé

Afin de pouvoir comparer l'apport des traits biologiques aux outils de bioindication existant, il était nécessaire de mener des tests sur les valeurs de l'IBGN en condition de référence.

L'IBGN est en relation directe avec la valeur de la richesse taxonomique. Nous avons vu précédemment que cette richesse taxonomique est assez variable au sein du bassin RM. Par ailleurs, l'abondance des taxons n'est quasiment pas prise en compte dans le calcul de la note IBGN. Cet indice devrait donc être assez bien décrit par les HERs.

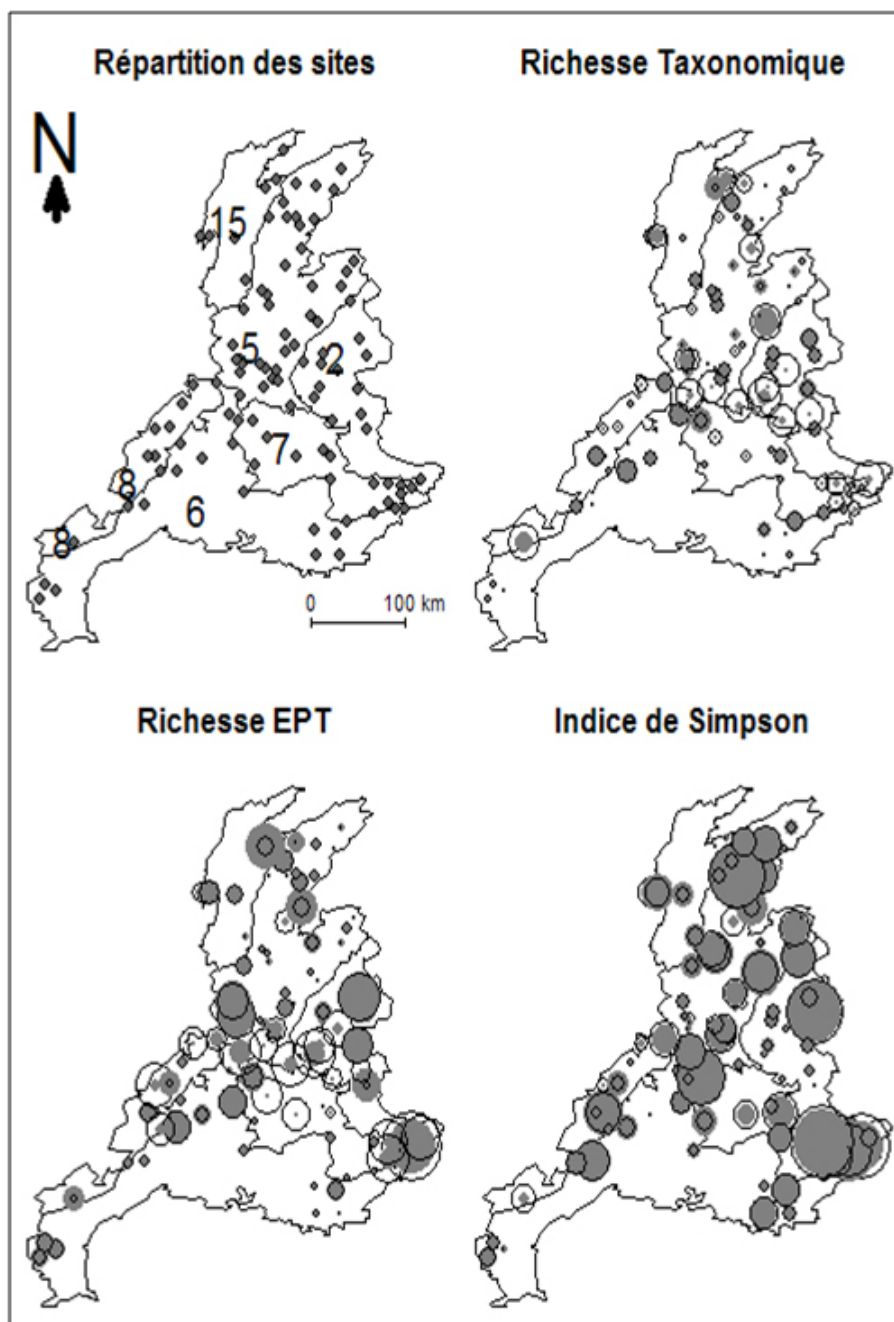


FIGURE 2.3 – Résultats des modèles linéaires généralisés sur les métriques de diversité avec une présentation des résidus de la déviance pour chaque site. Les cercles noirs ont un diamètre proportionnel à la valeur absolue des résidus du modèle nul et les disques gris un diamètre proportionnel à la valeur absolue des résidus du modèle écorégional. (a) Distribution des sites de références pris en compte dans les modèles. (b) Résidus de la déviance pour le modèle de la richesse taxonomique. (c) Résidus de la déviance pour le modèle de la richesse en EPT. (d) Résidus de la déviance pour le modèle de l'indice de Simpson.

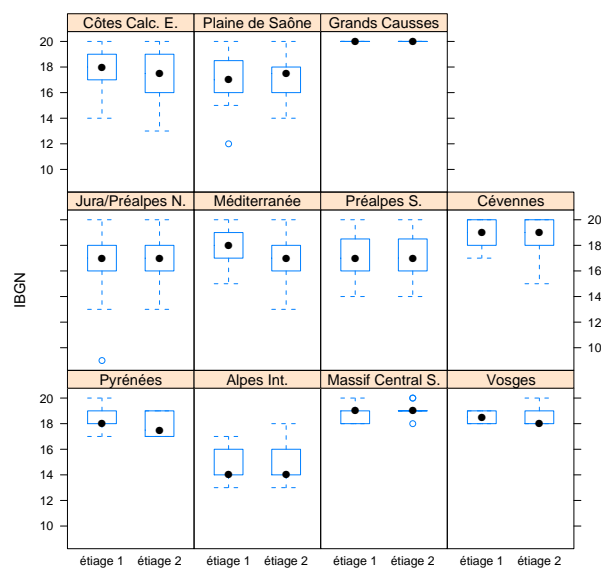


FIGURE 2.4 – Distribution des valeurs d’IBGN par HER et par saison d’étiage. Pour chaque étiage, les parties supérieures et inférieures de la boîte délimitent respectivement les premier et troisième quartiles de la distribution, le point noir indique la médiane et les lignes en pointillés indiquent l’intervalle de confiance de la moyenne de la distribution.

Nous avons calculé les valeurs d’IBGN à partir des données référencées comme appartenant aux “bocaux 1 et 2” (cf. circulaire DCE 2004/08). Les résultats obtenus indiquent qu’en condition de référence, toutes saisons confondues, la médiane de l’IBGN vaut 17 et la note varie entre 11 et 20. Si l’on considère les limites du “bon état” fixées dans le cadre de la DCE [Wasson et al. 2003], la valeur la plus basse ne devrait pas être trouvée dans des conditions de référence (11 correspondant à une valeur inférieure à la limite du “bon état” dans l’HER concernée : Jura/Préalpes du Nord). La distribution observée des valeurs est significativement dépendante de l’HER (test de Kruskal-Wallis, $p < 10^{-3}$).

A l’échelle du bassin, la variabilité temporelle de la note IBGN est faible (ANOVA, différence non significative entre les saisons), ce qui peut-être en faveur d’une réduction du nombre des saisons sur le bassin RM mais ne préjuge pas des erreurs commises au niveau local (Fig. 2.4).

Les résultats observés pour l’IBGN sont en relation directe avec la structure spatiale de la richesse taxonomique. Bien que l’on observe une relation entre la valeur de la note IBGN et l’HER du site observé, il apparaît clairement que dans une même HER les variations locales peuvent être très importantes. L’exemple de l’HER “Jura/Préalpes du Nord” illustre parfaitement cette observation avec une note IBGN comprise entre 20 pour la note la plus forte et 11 pour la plus basse. Cette dernière est obtenue pour deux profils de rivière très différents : une rivière de rang de Strahler égale à 4 dans l’HER Cévennes (Le Luech), la seconde correspond à un rang de Strahler égal à 2 dans l’HER Jura/Préalpes du nord (Le Sierre). D’autre part, la valeur maximale n’est jamais atteinte dans seulement deux HER (en omettant l’HER “Grands Causses” qui ne comporte qu’un seul site et qui est donc mal représentée) : “Pyrénées” et “Plaine de Saône”. Cette variabilité, inhérente à la distribution différentielle des taxons des groupes indicateurs à valeur élevée (ex.

Chloroperlidae) est bien connue sur ce type d'indice [Wasson et al. 2003].

2.1.2 Influence du protocole d'échantillonnage

Le protocole établi par la circulaire DCE 2004/08 a fixé le nombre d'échantillon par campagne de prélèvements à 12 : 8 prélèvements qui correspondent à l'indice IBGN (Norme AFNOR 1992) et 4 prélèvements dans des habitats marginaux. Ce protocole permet une continuité dans les valeurs d'IBGN et la comparaison à un nouvel indice mais le surcoût associé d'une part au passage d'une détermination au niveau de la famille à celui du genre et d'autre part au passage de 8 à 12 prélèvements sur le temps passé sur le terrain et en tri et détermination est important. Nous proposons donc d'étudier l'influence du nombre de prélèvements sur la richesse taxonomique, l'IBGN, et la diversité fonctionnelle (en traits biologiques).

Les échantillonnages complémentaires que nous avons réalisés doivent permettre, de définir plus précisément un effet saisonnier et d'apporter des indications sur la différence entre un protocole dont les habitats sont ciblés par l'expérimentateur et un protocole à échantillonnage aléatoire. Le gain possible se situe au niveau du temps passé dans la prospection de la station réalisée afin d'évaluer les habitats en présence et dans la stratégie d'échantillonnage.

Richesse taxonomique

La valeur des indices basés sur une approche faunistique dépend de la manière dont s'accumulent les taxons au cours de l'échantillonnage et donc de la méthode de prélèvement employé et du nombre d'échantillons réalisés. Certains taxons ont des répartitions très larges sur une station alors que d'autres sont localisés à quelques habitats. De fait, l'obtention d'une liste exhaustive sur un site n'est pas aisée et très lourde en termes d'échantillonnage. L'ajout, par le protocole DCE, de 4 échantillons dans des habitats marginaux s'inscrit dans cette démarche. Nous présentons quelques courbes d'accumulation par site afin d'illustrer la variabilité locale d'un échantillonnage taxonomique (Fig. 2.5).

Parmi les *patterns* observables, il semble qu'on obtienne une saturation (i.e., l'ajout de nouveaux échantillons ne fait pas augmenter la valeur de la richesse médiane) uniquement pour le Gier (Fig. 2.5). Dans les autres exemples, le nombre de taxons ne sature pas après 12 échantillons. De plus, les variations saisonnières peuvent être importantes tant dans la richesse obtenue avec 12 échantillons que dans la variabilité des richesses par échantillons. En outre, la valeur à 12 échantillons n'est pas dépendante de la valeur à 1 échantillon.

L'usage de la richesse taxonomique dans un indicateur biologique impose un grand nombre d'échantillons. Le protocole DCE ne permet manifestement pas d'atteindre une limite. La limitation du nombre d'échantillons dans un protocole comme celui de l'IBGN favorise le biais sur la note obtenue en raison des disparités d'accumulation de taxons entre sites.

Il apparaît donc nécessaire de reconsidérer ce type d'approche ne serait ce que par la nature des protocoles d'échantillonnage.

Indice Biologique Global Normalisé

A la vue des résultats concernant la richesse taxonomique, il semble intéressant de comprendre comment se structure la valeur d'un indice de bioindication tel que l'IBGN en fonction du nombre d'échantillons.

Dans un premier temps, nous avons réalisé un test sur les données par campagne dont les 12 listes faunistiques séparées ont pu être obtenues. Nous avons calculé les valeurs d'IBGN pour 1

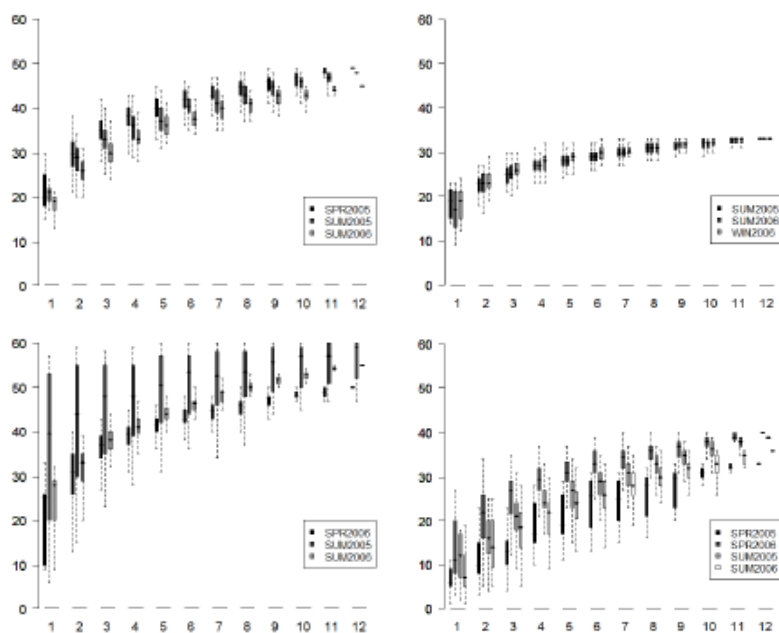


FIGURE 2.5 – Illustration pour quelques sites de références du bassin RM de la distribution des richesses taxonomiques (en ordonnée) en fonction du nombre de prélèvements (en abscisse). Chaque série de *boxplots* (identifiée par nuance de gris) représente une campagne de prélèvements dont la date est indiquée dans la légende (SPR pour Spring, SUM pour Summer et WIN pour Winter). Chaque *boxplot* indique les valeurs des quartiles de distribution pour 100 valeurs de richesse obtenues par le regroupement de n échantillons (de 1 à 12) pris au hasard parmi les 12 (de gauche à droite et de haut en bas : Ognon, Merlet, Gier, Sâne).

puis 2... jusqu'à 12 échantillons en prenant en compte toutes les combinaisons possibles. Nous avons par ailleurs calculé la "vrai" note IBGN sur ces données grâce aux informations données sur le regroupement par bocal (les bocaux 1 et 2 regroupant les échantillons issus du protocole type IBGN des choix d'habitats). Ceci nous a permis d'obtenir la variabilité de la note IBGN pour les sites de référence du bassin (Fig. 2.6).

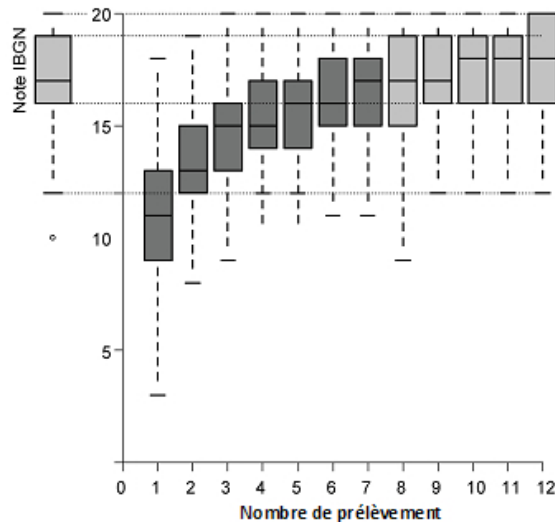


FIGURE 2.6 – Distribution des notes d'IBGN pour l'ensemble des campagnes d'échantillonnage en fonction du nombre de prélèvement. Chaque *boxplot* représente l'ensemble des combinaisons de n échantillons parmi les 12 disponibles à chaque campagne. Dans la marge est donnée la distribution des vraies notes d'IBGN calculées selon le protocole normalisé.

Plus on augmente le nombre d'échantillons, plus la probabilité d'obtenir la note maximale augmente (Fig. 2.6). Ce qui est en accord avec ce que l'on sait de la détermination d'une note d'IBGN, d'une part, et de l'accumulation des taxons au cours de l'échantillonnage, d'autre part.

Par ailleurs, il est intéressant de constater qu'avec 7 échantillons pris au hasard parmi ceux établis par le protocole DCE, la distribution des notes IBGN obtenue est assez proche des notes IBGN normalisées (Fig. 2.6). A 8 échantillons, la médiane et le 3ème quartile sont identiques. L'ajout d'un seul échantillon permet donc d'obtenir une distribution aux quartiles et valeurs identiques.

Cependant, ces résultats sont très généraux car ils ont été obtenus à partir de l'ensemble des données et ne permettent pas de visualiser la variabilité locale tant saisonnière que spatiale. Nous donnons ci-dessous quelques exemples du calcul précédent réalisé par campagne de prélèvement (Cf. Fig. 2.6) nous n'avons cependant pas pris toutes les combinaisons mais seulement 100 pour chaque *boxplot*.

La diversité des *patterns* ne permet pas une comparaison des notes et les différences saisonnières ne sont pas toutes équivalentes (Fig. 2.7). Ces dernières correspondent principalement à la présence saisonnière des taxons indicateurs qui influencent la note finale. Le fait d'inclure les échantillons contenant ces taxons dans la procédure de tirage aléatoire des combinaisons d'habitats, conditionne en grande partie les valeurs maximales observées (Cf. Fig. 2.6 et Fig. 2.7).

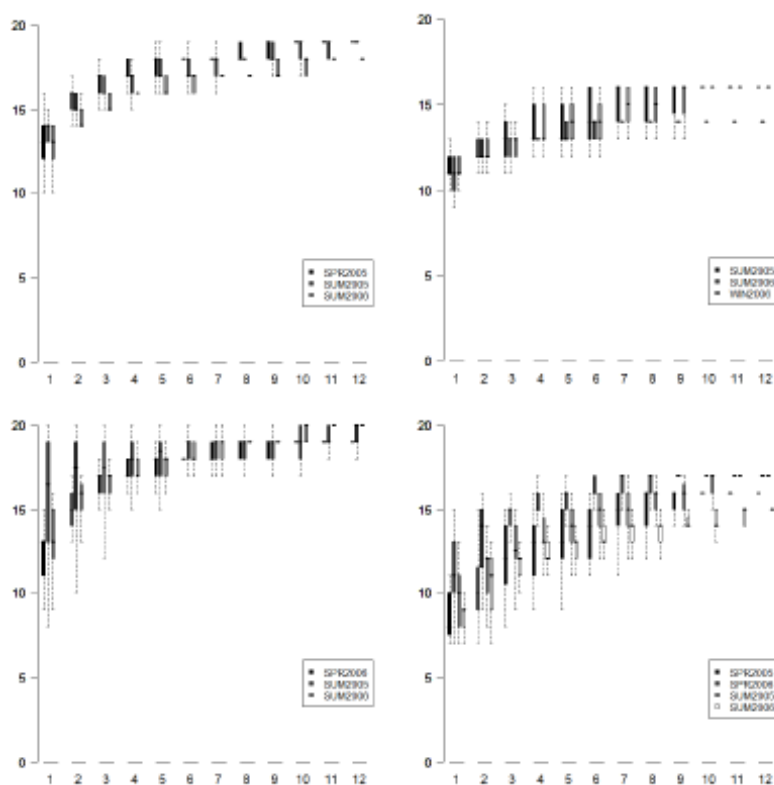


FIGURE 2.7 – Illustration pour quelques sites de références du bassin RM de la distribution des valeurs d'IBGN (en ordonnée) en fonction du nombre de prélèvements (en abscisse). Chaque série de *boxplots* (identifiée par nuance de gris) représente une campagne de prélèvement dont la date est indiquée dans la légende (SPR pour Spring, SUM pour Summer et WIN pour Winter). Chaque *boxplot* indique les valeurs des quartiles de distribution pour 100 valeurs d'IBGN obtenues par le regroupement de n échantillons (de 1 à 12) pris au hasard parmi les 12 (de gauche à droite et de haut en bas : Ognon, Merlet, Gier, Sâne).

Diversité fonctionnelle

La biodiversité se mesure dans la plupart des cas au travers de la diversité taxonomique. Cependant, bien que l'on s'accorde généralement sur le fait qu'un milieu riche est en bonne santé, rien ne montre qu'un milieu plus pauvre soit forcément impacté. De fait, en l'absence d'étude antérieure ou de valeur de référence, il est difficile de conclure quant à la qualité environnementale d'un site donné. Le cas des Alpes soulevé à plusieurs reprises au cours de ce rapport en est une illustration : la faible richesse des rivières alpines est-elle nécessairement liée à un impact ? En condition de référence, une pollution apparaît peu plausible en tant que cause de cette observation.

Il ne faut donc pas s'intéresser uniquement à la diversité taxonomique mais réellement prendre en compte le fonctionnement des écosystèmes. Les traits biologiques permettent d'aborder indirectement cet aspect dans le domaine de la bioindication à travers le concept de diversité fonctionnelle proposé par [Rao 1982] et utilisé par exemple par [Bady et al. 2005]). L'hypothèse sous-jacente ne porte plus sur un nombre de taxons mais sur des fonctions écosystémiques essentielles, nécessaire au déroulement des processus biologiques des milieux naturels : un milieu fonctionnellement diversifié serait en bon état du point de vue de son fonctionnement écologique. L'utilisation d'un tel indice en bioindication suppose également d'examiner sa stabilité de réponse en condition de référence.

La diversité fonctionnelle de Rao ou entropie quadratique prend compte la différence entre espèces :

$$QE = \sum_{i=1}^S \sum_{j=1}^S p_i p_j [d_{ij}]^2$$

avec S le nombre d'espèces, p_i et p_j , les fréquences relatives des espèces i et j respectivement et $[d_{ij}]$ la distance ou différence entre les espèces i et j .

L'indice de Simpson peut être vu comme un cas particulier de l'indice de Rao, dans le cas où toutes les espèces sont fonctionnellement équivalentes. La valeur de l'indice de Rao peut être décrite comme la distance moyenne séparant deux individus de la communauté. Dans le cas précis des traits biologiques, cette distance représente une différence fonctionnelle moyenne.

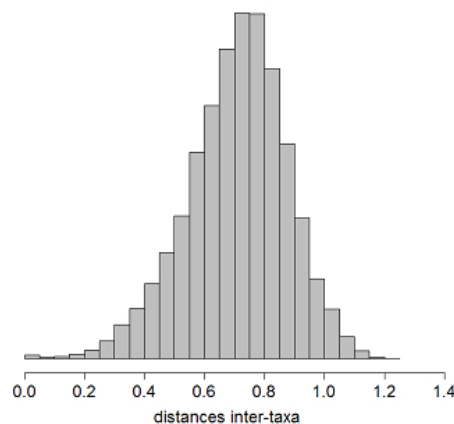


FIGURE 2.8 – Histogramme des valeurs des distances intertaxons obtenues après analyse des tableaux de traits par ACP *floue* (voir Fig. 2.16).

Nous avons calculé les distances entre les 259 taxa à partir des informations fournies par les 11 traits biologiques. Afin de restituer au mieux la diversité obtenue par le codage flou, nous avons réalisé une ACP *floue* sur chaque tableau de trait pris indépendamment (voir Fig. 2.16). La différence entre deux taxa a été calculée par la moyenne des distances issues des 11 ACP *floues* (Fig. 2.8).

Quelque soit le site envisagé, la diversité fonctionnelle montre très rapidement une saturation de sa valeur avec le nombre d'échantillon (Fig. 2.9). Il semble qu'au moins pour les sites considérés, la valeur de la diversité fonctionnelle tend vers 0.2. Les variations saisonnières semblent assez faibles.

Ces premiers résultats sont encourageants quant à une application future d'un indice de diversité fonctionnelle dans un outil de bioindication. Cependant, la variabilité spatio-temporelle en condition de référence de cet indice doit encore être mieux appréhendée. D'autre part, il faut s'assurer que ce type d'indice est en mesure de répondre à un impact de nature anthropique.

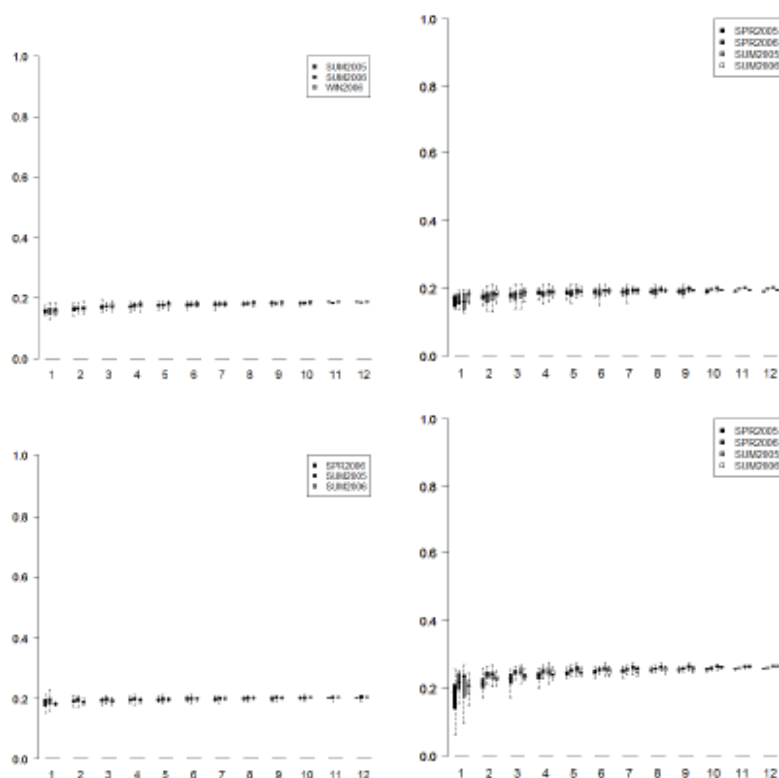


FIGURE 2.9 – Illustration pour quelques sites de références du bassin RM de la distribution des valeurs de diversité fonctionnelle (en ordonnée) en fonction du nombre de prélèvements (en abscisse). Chaque série de *boxplots* (identifiée par nuance de gris) représente une campagne de prélèvement dont la date est indiquée dans la légende (SPR pour Spring, SUM pour Summer et WIN pour Winter). Chaque box plot indique les valeurs des quartiles de distribution pour 100 valeurs de diversité fonctionnelle obtenues par le regroupement de n échantillons (de 1 à 12) pris au hasard parmi les 12 (de gauche à droite et de haut en bas : Ognon, Merlet, Gier, Sâne).

2.2 Composition faunistique

2.2.1 Variabilité spatiale

Le principal facteur structurant les communautés d'invertébrés semble être la variabilité spatiale du contexte environnemental du bassin. Les contraintes environnementales sont reconnues pour leur rôle prépondérant dans l'organisation des communautés d'invertébrés d'eaux courantes (ex. [Statzner & Higler 1986]). Dans l'optique d'un outil de bioindication il est nécessaire d'analyser cet effet à l'échelle du bassin RM afin de mieux juger par la suite de l'apport des traits biologiques.

En accord avec les analyses précédentes sur la variabilité temporelle, nous avons utilisé les données sur les 118 sites de référence en additionnant les abondances par genre de tous les relevés disponibles sur un site.

Le premier plan factoriel de l'ACP centrée des abondances en $\log(x + 1)$ permet d'expliquer 23% de la variabilité spatiale des communautés (Fig. 2.10). D'après, l'ordination des ellipses représentant la variabilité propre à chaque HER, il apparaît que le relief est un facteur structurant important car les HERs "Alpes Interne" et "Pyrénées", d'altitude moyenne les plus élevées, se retrouvent isolées (notamment l'HER "Alpes Internes") des autres HERs. Il semble donc que le climat et la géologie ne joue qu'un rôle secondaire dans les différenciations des communautés d'invertébrés benthiques à l'échelle du bassin.

L'effet des HERs I représente 31% (p simulée = 0.001, test de permutation) de la variabilité faunistique totale inter-site. Les HERs qui représentent les facteurs environnementaux agissant à large échelle expliquent donc une part non négligeable de la variabilité spatiale des communautés du bassin RM.

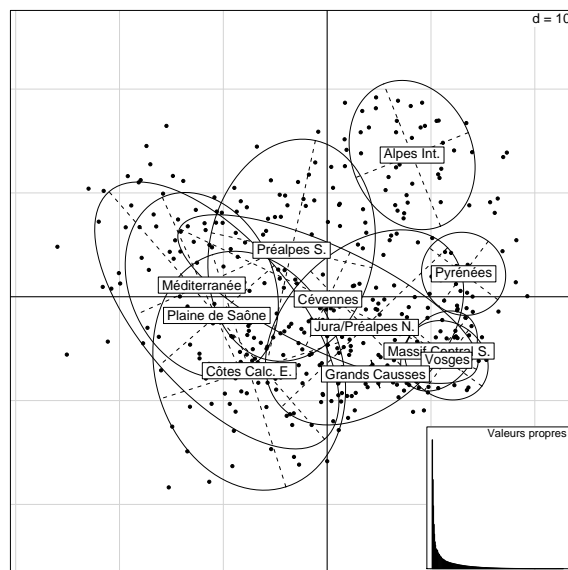


FIGURE 2.10 – Premier plan factoriel d'une ACP centrée des abondances en $\log(x + 1)$. Les ellipses permettent de résumer graphiquement l'information sur la dispersion des sites dans le plan factoriel, i.e., la variabilité des sites de chaque HER. L'axe 1 (horizontal) représente 13.5% de la variabilité totale, l'axe 2 (vertical) représente 9.5% de la variabilité totale. L'histogramme des valeurs propres de l'ACP est donné en bas à droite.

La structuration selon le gradient altitudinal est un résultat attendu lorsqu'on s'intéresse aux communautés d'invertébrés lotiques. Il n'est donc pas étonnant, que les HERs I, construites en partie sur ce gradient, permettent de le mettre en évidence. Les analyses multivariées mettent en avant la différence de structure des sites de l'HER "Alpes Internes" qui est responsable en grande partie du gradient observé. On note que cette HER est aussi celle qui contient les sites ayant les richesses taxonomiques les plus faibles (Cf. Fig. 2.2).

2.2.2 Variabilité saisonnière

Données du réseau de références (118 stations)

Le protocole d'échantillonnage définit deux saisons de prélèvement aux périodes de basses eaux (étiage), afin de garantir une meilleure standardisation des méthodes de prélèvement et une profondeur plus faible facilitant le repérage des habitats. Pour la majorité des sites, les prélèvements étaient prévus au printemps (mai-juin) et en fin d'été. Quelques rivières à régime nival dont le cycle hydrologique est décalé pour la première saison, devaient être échantillonnées en fin d'hiver (février-mars).

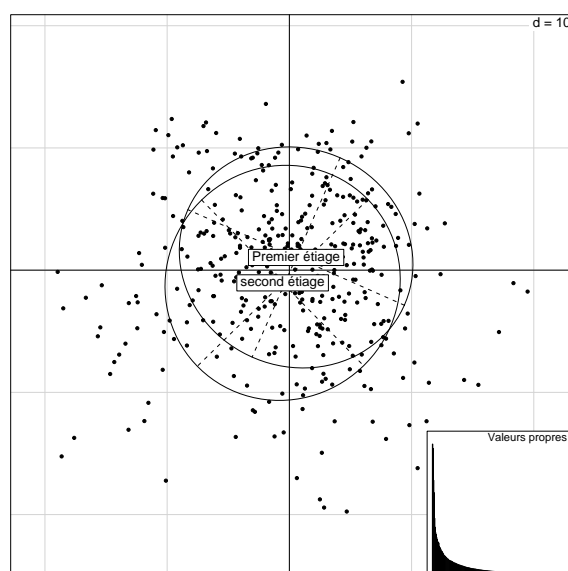


FIGURE 2.11 – Premier plan factoriel d'une ACP inter-saison (après élimination de l'effet HER I) centrée sur le $\log(x + 1)$ des abondances regroupées par campagne de prélèvement (premier étiage, second étiage). Les ellipses permettent de résumer graphiquement l'information sur la dispersion des sites dans le plan factoriel i.e., variabilité des sites selon l'étiage. L'axe 1 (horizontal) représente 8% de la variabilité totale, l'axe 2 (vertical) représente 7% de la variabilité totale. L'histogramme des valeurs propres de l'ACP est donné en bas à droite.

Le découpage saisonnier proposé nous permet d'évaluer d'une manière globale s'il existe une différence de composition faunistique plus importante entre les prélèvements réalisés au moment du premier étiage annuel (en février-mars ou mai-juin selon les sites) et ceux du second étiage (septembre). Nous avons testé cette différence au travers d'analyses multivariées. Afin d'assurer la robustesse de l'analyse, nous avons restreint le jeu de données afin d'avoir un plan d'échantillonnage équilibré (i.e., les deux saisons d'une même année pour chaque site; Cf. Tableau 2.3). Les données d'abondance disponibles au niveau de l'échantillon ont été agrégées afin d'obtenir une liste

faunistique par campagne de prélèvement.

Nous avons effectué une analyse intra-classes (cas particulier d'analyse multivariée où un seul facteur sert de variable explicative ; voir ex. [Dolédéc & Chessel 1987], [Lebreton et al. 1991]) utilisant le niveau HER I comme classe afin d'éliminer l'effet de la structuration écorégionale des compositions faunistiques. Puis, nous avons réalisé une analyse inter-classes avec la saison comme classe pour quantifier la variabilité due aux variations saisonnières. La robustesse de cette différence a été évaluée par un test de permutation utilisant 1000 permutations aléatoires des lignes du tableau faunistique et recalculant une variabilité inter-classe dite simulée.

La variabilité temporelle peut être évaluée au travers le premier plan factoriel de l'ACP centrée sur les abondances en $\log(x + 1)$ par campagne de prélèvement (Fig. 2.11). Le test de permutation met en évidence une différence significative ($p=0.001$) entre les étiages mais expliquant seulement 2.0% de la variabilité totale.

Données complémentaires (17 stations)

Les échantillonnages complémentaires réalisés sur 17 stations du réseau de référence devaient permettre un complément d'information sur la variabilité saisonnière en ajoutant des saisons supplémentaires aux saisons échantillonnées par les DIRENs. Ces prélèvements ont permis d'apporter des données supplémentaires en saison hivernale (janvier 2007) afin d'obtenir un plan d'échantillonnage équilibré entre saisons pour ces 17 sites. Nous avons pu prendre en compte un réel découpage saisonnier (trois saisons) et non plus regrouper les campagnes par étiage. Cependant, nous avons dû écarter la Loue de nos analyses en raison d'une suspicion d'impact sur cette station (prolifération d'algues).

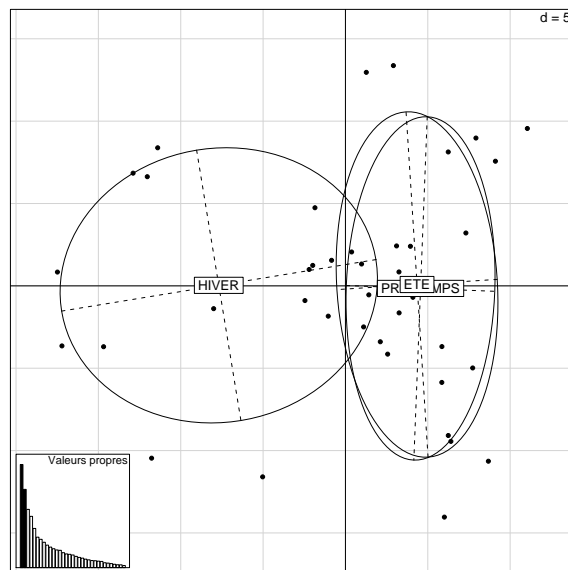


FIGURE 2.12 – Premier plan factoriel d'une ACP inter-saison (après élimination de l'effet HER I) centrée sur le $\log(x + 1)$ des abondances regroupées par saison de prélèvement (47 relevés). Les ellipses permettent de résumer graphiquement l'information sur la dispersion des sites dans le plan factoriel i.e., variabilité des sites selon la saison. L'axe 1 (horizontal) représente 15.5% de la variabilité totale, l'axe 2 (vertical) représente 11.5% de la variabilité inter-saison. L'histogramme des valeurs propres de l'ACP est donné en bas à droite.

Les données analysées regroupent toutes les données saisonnières disponibles concernant les 16 stations retenues i.e, prélèvements du réseau de référence et prélèvements complémentaires soit au total 47 relevés (3 saisons pour 15 stations et deux saisons seulement pour le Var). Les moyennes par saison et par site sur l'ensemble des campagnes ont été calculées puis analysées par une ACP centrée sur les abondances en $\log(x + 1)$.

Nous avons repris le protocole ci-dessus et effectué une analyse intra-HER I afin d'éliminer l'effet de la structuration écorégionale des compositions faunistiques. Puis, nous avons réalisé une analyse inter-saisons pour quantifier la variabilité due aux variations saisonnières. Les résultats obtenus sur l'analyse inter-saison (corrigée de l'effet des HERs, Fig. 2.12) indiquent une variabilité saisonnière significativement plus élevée que dans les données sur l'ensemble du bassin (environ 13.0%, test de permutation p -simulée=0.001) du fait en particulier d'une singularité de la saison hivernale relativement pauvre faunistiquement.

2.3 Composition en trait biologiques

2.3.1 Variabilité spatio-temporelle

Les données sur les traits biologiques ont été traitées d'une manière similaire afin de faciliter les comparaisons avec les compositions faunistiques. Il s'agit ici d'analyser le produit du tableau de trait par le tableau des abondances relatives ce qui représente la proportion de chaque modalité de trait dans les sites (tableau traits x sites). On peut alors effectuer une typologie des sites selon ces proportions (elles-mêmes fonction des taxons présents dans chaque site).

Données du réseau de références (118 stations)

Nous avons effectué les mêmes types d'analyses que pour la composition faunistique. Le premier plan factoriel de l'ACP *floue* représente 48.0% de la variabilité des sites en traits biologiques (proportion de modalité de trait; Fig. 2.13). L'axe 1 sépare les HERs selon leur altitude mais de manière moins marquée que pour l'ACP de la composition faunistique et isole principalement l'HER "Alpes Internes".

L'analyse inter-HERs sur l'ACP *floue* du tableau de traits biologiques révèle que ces dernières permettent d'expliquer 41% (test de permutation p -simulée = 0.001) de la variabilité de la composition en traits biologiques. Cependant, le pourcentage d'inertie expliquée ne montre pas l'importance de la variabilité des nuages de point. Ainsi, dans l'analyse des compositions faunistiques, l'inertie du nuage de point était de l'ordre de 1000 alors qu'elle n'est plus que de 0.01.

L'analyse de la variabilité saisonnière réalisée par une analyse inter-saison corrigée de l'effet des HER (analyse intra-HER) indique que la différence entre les deux étiages explique 2.7% (test de permutation, p -simulée = 0.001; Fig. 2.14) de la variabilité totale de la composition en traits biologiques. Il est donc envisageable de ne pas intégrer cette variabilité aux analyses suivantes qui seront abordées à l'échelle du site, toutes saisons confondues de la même manière que pour la composition faunistique.

Données complémentaires (16 stations)

Dans le cas des données complémentaires, la différence inter-saisonnière corrigée de l'effet des HERs n'est pas significative pour la composition en trait biologiques (Cf. Fig. 2.15, test de permutation de l'analyse intersaison, p -simulée=0.058).

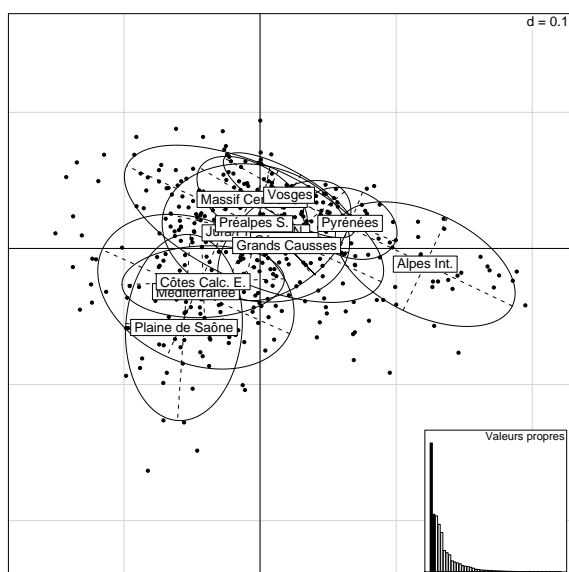


FIGURE 2.13 – Premier plan factoriel d'une ACP *floue* des proportions des modalités des traits biologiques. Les ellipses permettent de résumer graphiquement l'information sur la dispersion des sites dans le plan factoriel, i.e., la variabilité des sites de chaque HER. L'axe 1 (horizontal) représente 34.0% de la variabilité totale, l'axe 2 (vertical) représente 14.0% de la variabilité totale. L'histogramme des valeurs propres de l'ACP est donné en bas à droite.

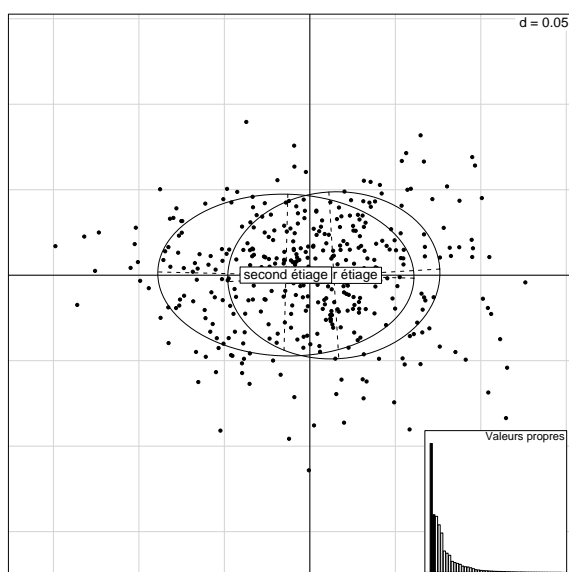


FIGURE 2.14 – Premier plan factoriel d'une ACP inter-saison (après élimination de l'effet HER I) des % de catégories de traits dans les sites regroupées par campagne de prélèvement (premier étage, second étage). Les ellipses permettent de résumer graphiquement l'information sur la dispersion des sites dans le plan factoriel i.e., variabilité des sites selon l'étage. L'histogramme des valeurs propres de l'ACP est donné en bas à droite.

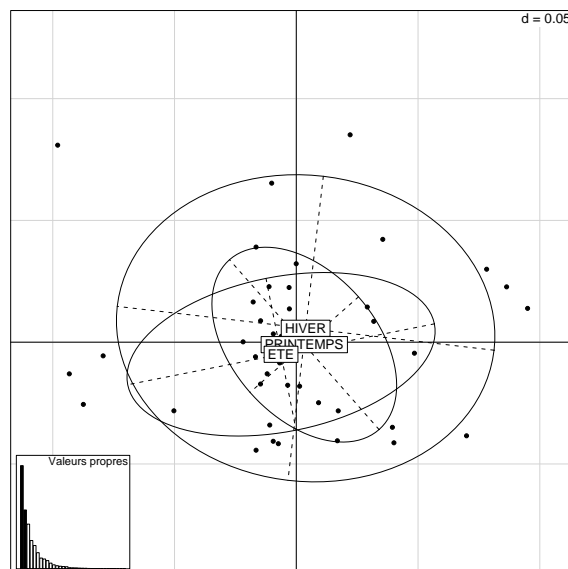


FIGURE 2.15 – Premier plan factoriel d’une ACP inter-saison (après élimination de l’effet HER I) des % de catégories de traits dans les sites regroupées par saison (47 relevés). Les ellipses permettent de résumer graphiquement l’information sur la dispersion des sites dans le plan factoriel i.e., variabilité des sites selon l’étiage. L’axe 1 (horizontal) représente 27.0% de la variabilité totale, l’axe 2 (vertical) représente 12.0% de la variabilité inter-saison. L’histogramme des valeurs propres de l’ACP est donné en bas à droite.

Il ressort de ces analyse que la variabilité entre sites du point de vue composition en traits biologiques (indirectement relié au fonctionnement de la communauté) est bien moins importante que celle observée sur la base de la composition faunistique (i.e., composition en genres).

2.3.2 Analyse séparées des tableaux de traits biologiques

Une analyse trait par trait peut aider à la compréhension du fonctionnement écologique de chaque HER. On peut constater que toutes les traits ne structurent pas les données de la même manière (Cf. Fig. 2.16, Fig. 2.17). Quelques modalités permettent d’isoler plus particulièrement certaines HERs.

Ainsi, les sites de l’HER “Alpes Internes” comportent généralement plus fréquemment des individus dont la taille maximale est comprise entre 0.5 et 2 cm, dont les stades aquatiques sont principalement des larves rampantes, à respiration tégumentaire, se nourrissant de détritus végétaux avec un appareil buccal de type broyeur et dont les adultes déposent des œufs isolés et fixés. Cette HER est régulièrement opposée (dans les différents plans factoriels, Fig. 2.16, Fig. 2.17), à l’HER “Plaine de Saône” dont les peuplements d’invertébrés sont plutôt caractérisées par une phase adulte aquatique (ex. Coléoptères, Héteroptyères), une absence de relation au substrat (nageur de pleine eau et/ou de surface) avec un mode de reproduction varié (ovoviviparité, pontes endophytiques, pontes fixées ou reproduction asexuée), disposant de diverses formes de résistance (cocons, logettes, ou phénomène de diapause/dormance) et sont des prédateurs de micro- ou macroinvertébrés au moyen d’un appareil buccal perceur.

Les analyses comparatives mettent en évidence quelques différences qualitatives de la composition en traits des différentes HERs du bassin RM. Cependant, d’un point de vue quantitatif ces

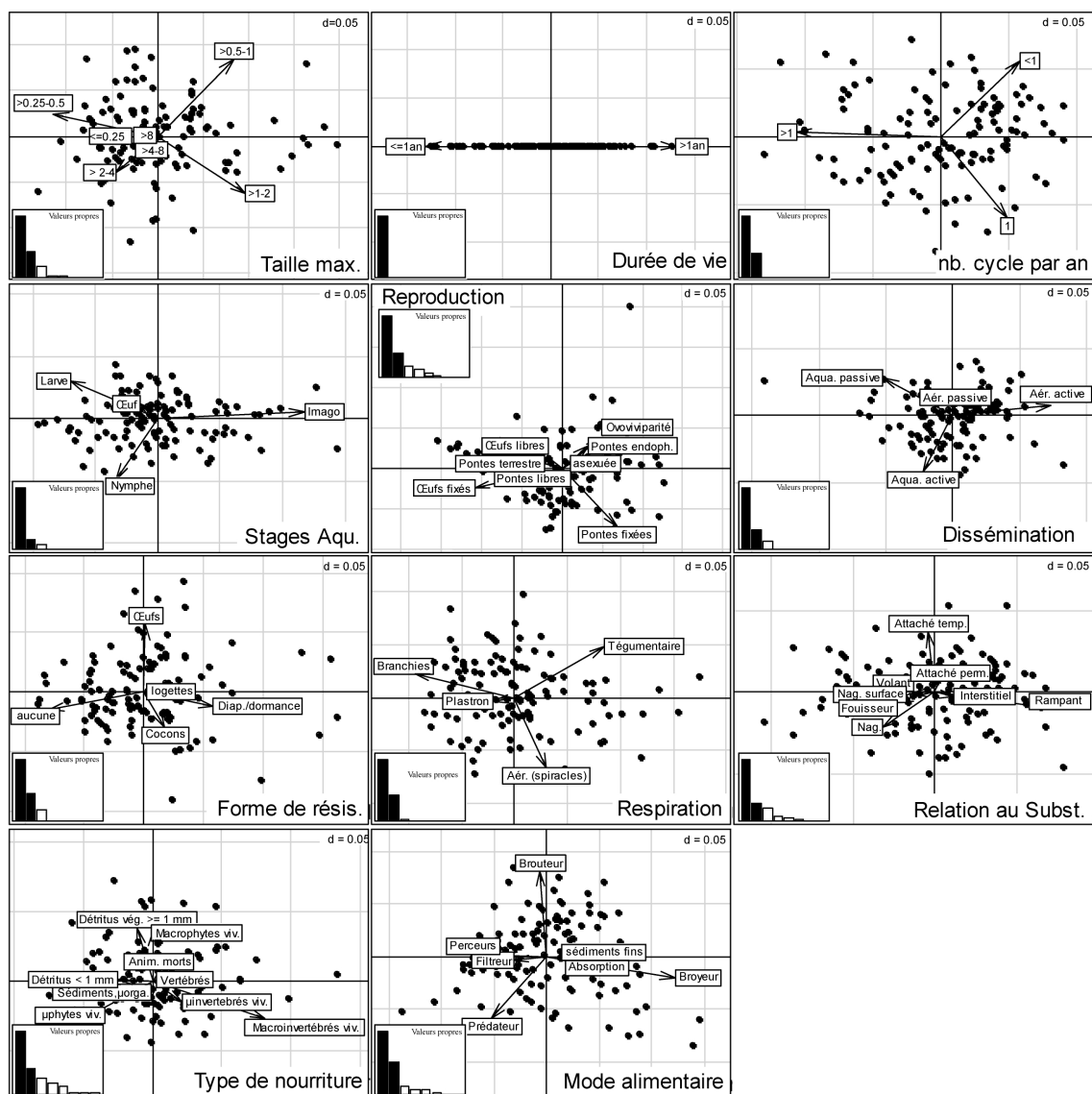


FIGURE 2.16 – Premiers plans factoriels des ACPs *floues* pour chaque trait. Chaque point représente un site. La longueur des flèches est proportionnelle à la contribution de la catégorie à la variabilité inter-sites. Pour chaque analyse, l'histogramme des valeurs propres permet d'identifier à quelques exceptions près l'omniprésence de deux axes de variabilité importante.

différences restent faibles notamment au regard des différences de compositions faunistiques. Une spécificité du bassin RM est la particularité des Alpes tant du point de vue faunistique que de celui du fonctionnement écologique au travers des traits. Ceci peut en partie être expliqué par le relief élevé de cette HER qui va de pair avec des pentes marquées, et le régime nival de certains cours d'eau conduisant à donner une hydrologie très particulière à cette HER. L'HER "Plaine de Saône" comporte également certaines spécificités dans son fonctionnement écologique par l'importance de certaines modalités de traits très peu représentées parmi les autres HERs du bassin (ex. adultes aquatiques, ovoviviparité) et qui sont en général attribuées à des rivières subissant des pressions importantes de nature environnementales ou anthropiques. Cependant, le contexte environnemental de la plaine de Saône n'explique pas totalement les différences observées. D'après sa définition par les grands facteurs environnementaux de la DCE, elle devrait être rapprochée de l'HER "Côte Calcaire Est" dans les résultats des analyses mais ce n'est que partiellement le cas. D'autre part, l'inertie de cette HER est en général élevée dans les analyses (la taille des ellipses donne une indication de l'inertie de chaque HER dans l'analyse correspondante) ce qui indique une forte variabilité par rapport aux autres HERs alors que l'on dispose d'assez peu de sites de référence en plaine de Saône ($n = 6$). On se doit d'envisager la possibilité que tous les sites de cette HER n'aient pas réellement un statut de référence du point de vue des traits biologiques. Il apparaît donc souhaitable que les sites de cette HER soient soumis à des analyses comparatives plus poussées afin de déterminer si la variabilité observée est réellement due à un fonctionnement naturel particulier des cours d'eau de cette région.

2.3.3 Perspectives méthodologiques de l'outil traits biologiques

Composition en traits biologiques des sites de référence du bassin RM

Un outil basé sur les traits biologiques doit donc reposer des données de références. Compte-tenu de ce qui a été proposé ci-dessus et en regard de travaux de la littérature sur la variabilité des traits en conditions de référence [Statzner et al. 2005], [Dolédec & Statzner 2008], on peut proposer en première approche d'utiliser la moyennes des valeurs observées pour les catégories de traits sur l'ensemble des sites du réseau de référence. On se base ici essentiellement sur les données identifiées aux genres (200 genres concernés sur RMC; colonne RMC de Annexe B) pour être en accord avec les développements actuels [Statzner et al. 2007], [Bonada et al. 2007].

Certaines modalités devront certainement être regroupées avec d'autres en raison de leurs très faible représentation dans les communautés d'invertébrés benthiques ce qui conduit à obtenir des valeurs toujours très faibles (ex. pour le trait "Taille maximale", la catégorie " ≤ 0.25 cm"; Annexe B). Un regroupement de ces modalités, ne devrait pas affecter les possibilités d'un outil basé sur les traits biologiques. Dans ce qui suit, nous avons conservé pour l'instant l'ensemble des catégories définies.

On note de manière intéressante que la distribution moyenne des proportions de chaque modalité en RMC est en très bonne concordance ($R^2 = 0.99$) avec celle observée par [Statzner et al. 2007] sur un ensemble de 527 sites répartis sur l'Europe et correspondant à 312 genres de macroinvertébrés (Fig. 2.18).

Trois catégories de taille sont particulièrement représentées dans le bassin RM (Cf. Annexe B) : "0.25 – 0.5 cm" (21%), "0.5 – 1 cm" (33%), "1 – 2 cm" (31%). La catégorie " ≤ 1 cm" (63%) de la durée du cycle de vie prédomine. Le nombre de cycles de reproduction par an le plus fréquemment observé sur RM est égal à 1 (66%). Les stades aquatiques sous forme "oeufs" ou "larves" sont fréquents (avec des proportions moyennes respectives de 42% et 40%). Les "pontes fixées" ou les "pontes d'oeufs isolés fixés" sont les plus fréquentes (avec des proportions moyennes respectives de 31% et 45%). Les modes de dispersion se partagent essentiellement entre dispersion

aquatique (passive 35% et active 27%) et aérienne active (45%). L'absence de forme de résistance prédomine (65%). Le mode de respiration les plus fréquents sont la respiration tégumentaire (46%) et la respiration branchiale (43%). Le mode de locomotion le plus fréquent est le mode "rampant" (64%). La consommation de débris végétaux (29%) et de périphyton ("microphytes" 34%) est très fréquente sur l'ensemble du bassin RM. Les modes d'alimentation sont concordant avec des proportions de "déchiqueteurs" (32%) et de "racleurs" (35%) prédominantes.

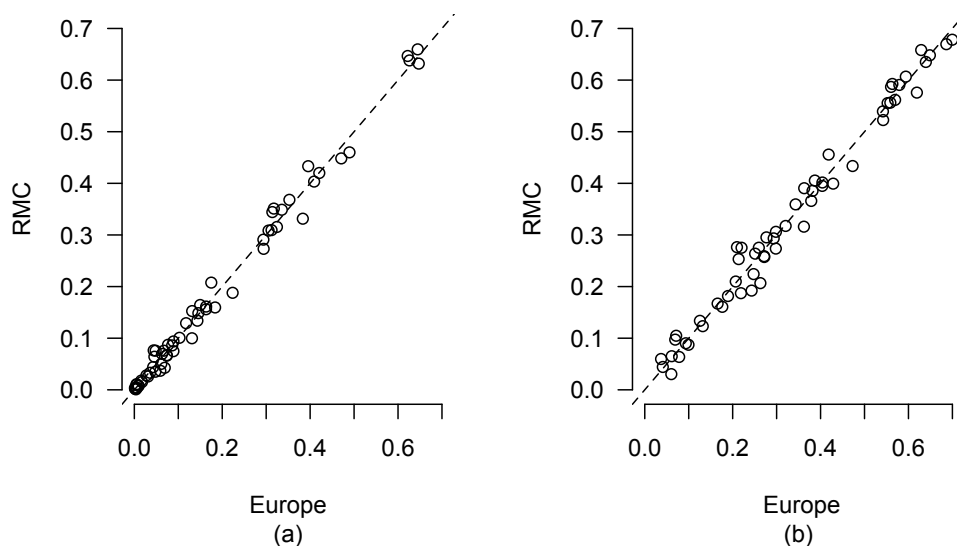


FIGURE 2.18 – Lien entre proportions de chaque modalité de trait (cercles blancs) dans la base Europe (527 stations) et dans la base RMC (118 stations). (a) Données brutes en "%". (b) Racine carrée du "%" (normalité des distributions).

Afin d'élaborer un système de référence, pour chaque catégorie de trait, nous avons calculé les différences entre la proportion observée p_{ij} d'une catégorie de trait i dans un site de référence j et la proportion moyenne p_{iRMC} de celle-ci dans les 118 sites de référence :

$$\delta_i = |p_{ij} - p_{iRMC}|$$

Nous avons ensuite simplement analysé l'ensemble de ces différences à l'aide d'une ACP normée. Celle-ci montre clairement un axe de structure (20% de variabilité), les trois axes suivants cumulant 22% de la variabilité.

L'analyse des différences dans les proportions des traits entre chaque HER et la moyenne pour le bassin RM permet de souligner une nouvelle fois, l'originalité de la "Plaine de Saône" et des "Alpes" (Fig. 2.19). En fait un total de 11 sites est significativement différent de la moyenne des autres sites sur ce plan de référence (Tableau 2.5).

Cette originalité est due à des différences de proportions marquées pour certaines catégories de traits comme la proportion de déchiqueteurs (>12%), la proportion d'individus de taille comprise dans la classe "0.25-0.5 cm" (>12%), la proportion d'individus de taille comprise dans la classe "1-2 cm" (>11%), la proportion d'oeufs fixés (>20%), la proportion de ponte fixés (>12%), la

TABLE 2.5 – Liste des sites dont la différences en termes de composition en modalités de traits par rapport à la moyenne du bassin RM est importante.

Site	Rivière	X	Y	strahler	statut
6044870	SANE	812845	2176605	3	rpd
6123700	SORGUE	824649	1883836	1	R
6133330	DORON CHAMPAGNY	944865	2060448	3	R
6137560	DORON TERMIGNON	951037	2041502	3	R
6138410	VALLOIRETTE	921093	2023360	3	R
6138600	ARVAN	905871	2031822	3	R
6142620	BONNE	896920	1992378	2	R
6143650	VEONEON	901229	2003635	3	R
6147525	BOURNE	853356	2015510	2	rpd
6149900	CLAREE	943011	2002744	3	R
6151900	UBAYE	952068	1956591	3	R

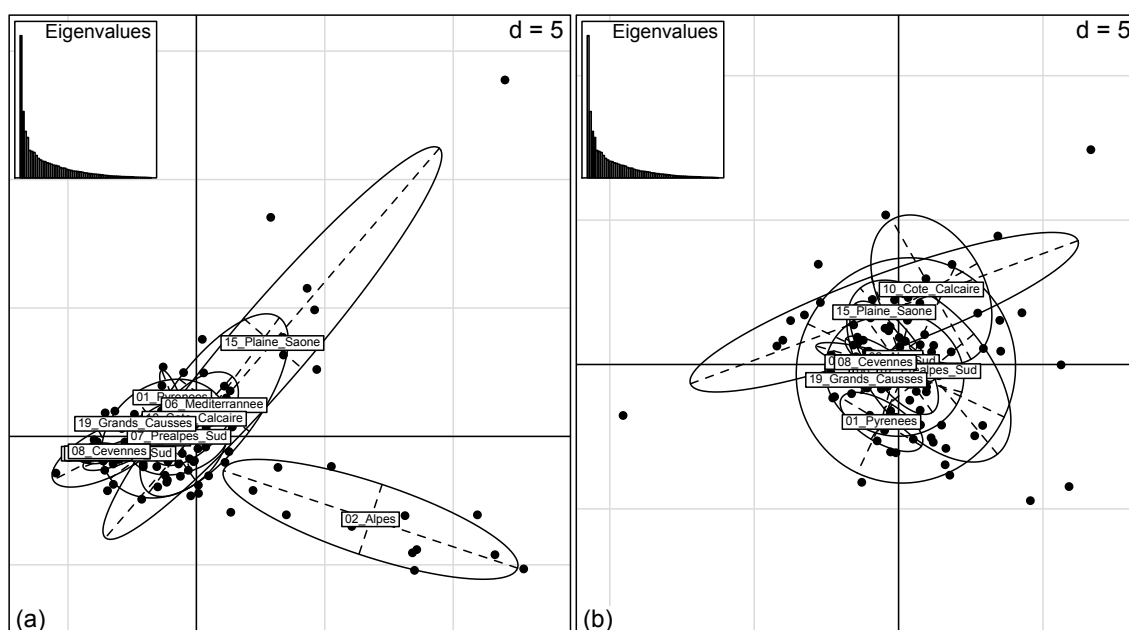


FIGURE 2.19 – ACP normée des écarts de chaque site de référence à la moyenne de référence sur le bassin RM basés sur les proportions de catégories de traits. (a) Plan factoriel 1-2. (b) Plan factoriel 3-4

proportion d'individu à respiration tégumentaire (>13%). D'autres catégories présentent des différences modérées (entre 6 et 10%) comme la proportion d'individus avec 1 (>8%) ou plus de 1 (>9%) cycles de reproduction, la proportion d'individus à imago aquatique (>9%), la proportion d'individus rampants (>9%) (voir des exemples à la Fig. 2.19). Pour les 51 catégories restantes, les différences sont plus faibles et tout le temps inférieures à 6% et fréquemment inférieures (20/51) inférieure à 2%.

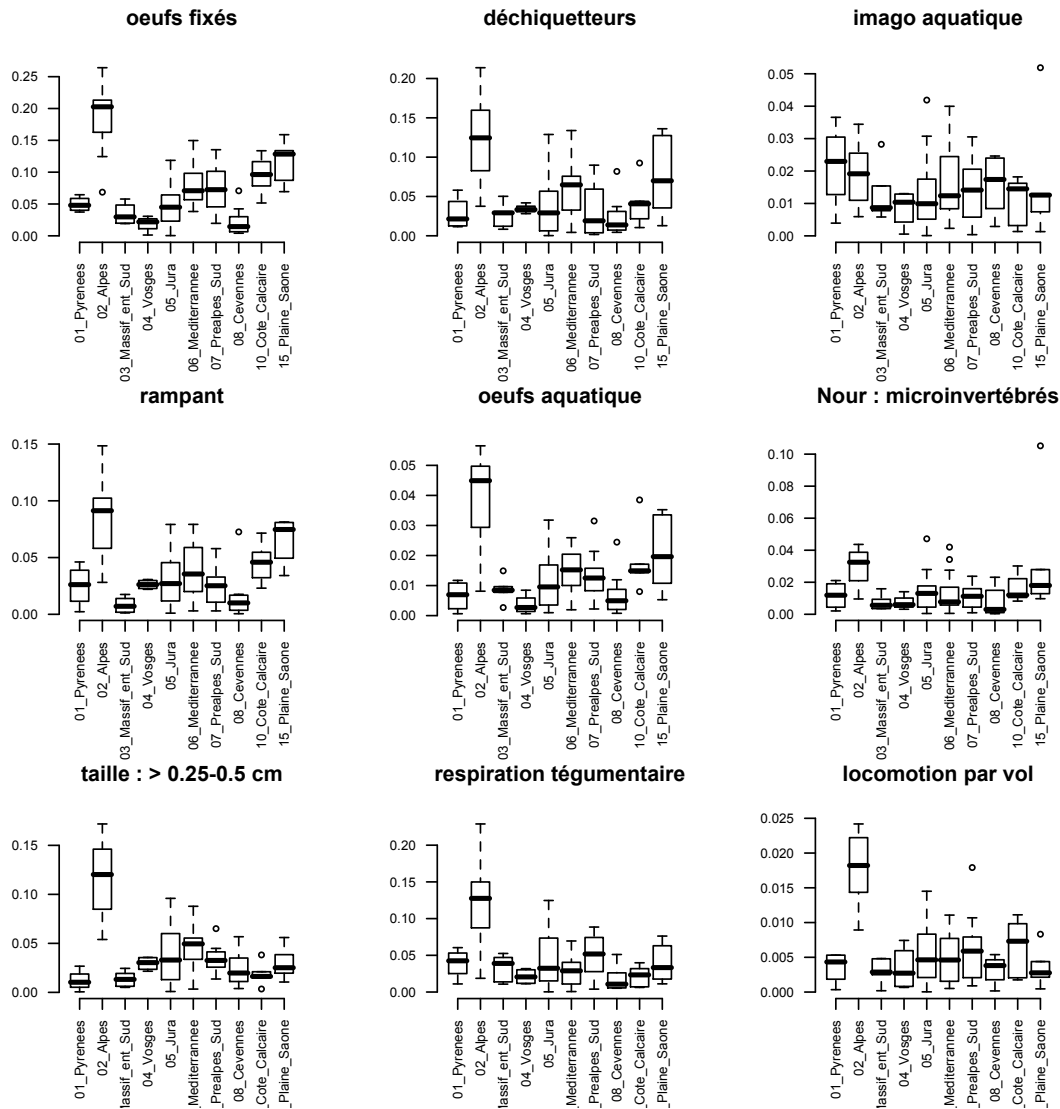


FIGURE 2.20 – Différences en % entre les proportions de modalités de traits dans chaque HER I et la moyenne du bassin RM pour les catégories de traits induisant le plus de différences entre sites de référence.

Par conséquent, du fait de certaines discordances observées entre HERs I, nous proposons également les valeurs moyennes des proportions de catégories traits par région (Annexe B).

Utilisation de l'outil traits biologiques sur des sites impactés

Nous nous proposons ici de donner un premier aperçu de la manière dont on pourrait classer des sites subissant différents impacts anthropiques sur la base de leur composition en traits biologiques.

Nous reprenons des données inédites sur deux cours d'eau l'Amous (Gard, France 43°59N 4°06E) et la Morcille (Rhône, France, 46°09N 4°35E). Sur ces deux rivières 3 stations ont été échantillonnées. La station la plus en amont (notée Amous1 ou Mor1) est en principe peu impactée. Les stations plus en aval subissent des effluents miniers (Amous, Amous2 et Amous3) ou le rejet de produits phytosanitaires (Morcille, Mor2, Mor3).

Il s'agit dans cette première tentative de tester si l'on peut identifier des différences de composition en traits biologiques dans les stations impactées par rapport aux stations exemptes de contamination. Pour ce faire on utilise le plan des stations de références proposé plus haut (Cf. Fig. 2.19) et on projette en individus supplémentaires les 6 stations tests (Fig. 2.21a).

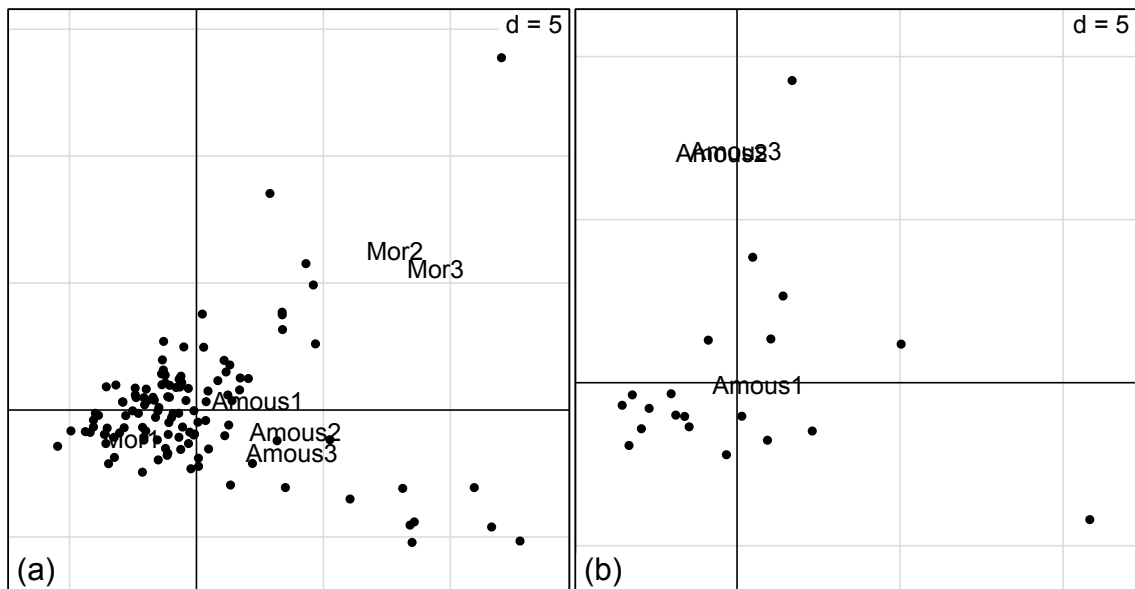


FIGURE 2.21 – (a) Projection en individus supplémentaires des 6 stations test sur le premier plan factoriel des 118 stations de référence. (b) Projection en individus supplémentaires des 3 stations test de l'Amous sur le premier plan factoriel des 20 stations de référence de la région Méditerranée.

La station de référence de la Morcille (Mor1) se retrouve assez clairement au milieu de l'ensemble des stations de référence avec une composition en trait biologique globalement proche de la moyenne général du bassin RM (origine des axes). Les stations impactées (Mor2 et Mor 3) sont assez clairement éloignées de la moyenne générale. Pour l'Amous, rivière plus méditerranéenne, les différences sont moins claires. La station la plus amont (Amous1) semble cependant plus proche de la composition moyenne que les stations plus en aval (Amous2, Amous 3).

On peut reprendre la même logique de projection mais en reconstruisant cette fois-ci un plan de référence basé uniquement sur les sites de l'HER "6-Méditerranée". Les deux stations impactées de l'Amous (Amous 2, Amous 3) sont alors bien séparées de la station Amont (Amous1) proche de la moyenne méditerranéenne (Fig. 2.21b).

Pour terminer, l'interprétation peut être basée sur les différences observées entre les proportions de catégories de traits observées dans chaque station et la moyenne des proportions sur la totalité du bassin pour la Morcille et restreinte à l'HER "6-Méditerranée" pour l'Amous.

En moyenne, la déviation absolue de toutes les modalités de traits biologiques de la valeur moyenne de l'HER "6-Méditerranée" est respectivement de 2.3% (± 2.7 ; 0.03-11.1%), 2.7% (± 3 ; 0.01-14.4%), 2.7% (± 2.8 ; 0.00-11.9%) pour l'Amous1 (amont), l'Amous2 (aval effluent) et l'Amous3 (aval effluent). Ces différences ne sont pas significativement différentes les unes des autres du point de vue global car la station supposée de référence Amous 1 présente déjà des différences avec les stations de référence de l'HER "6-Méditerranée" en particulier pour la durée de vie des adultes. Cependant, on constate que quelques catégories dévient de ce qui est attendu dans des conditions de références. Par exemple dans la station Amous2, la proportion d'individus sans forme de résistance (+ 14.4%), de petite taille ("0.25-0.5 cm" : + 11.8%), ayant une dispersion aérienne active (+ 8.4%), et un mode de ponte terrestre (+ 7.0%) sont plus fréquents qu'attendu. Ces types de modalités souligne l'effet de l'impact qui induit des cycles plus rapides et une colonisation moins longue du milieu aquatique. Cette augmentation pour certaines modalités s'accompagne d'une tendance à la diminution de la proportion d'individus respirant avec des branchies (- 6.6%) qui peut s'expliquer biologiquement dans la mesure où l'augmentation de la surface de contact induit des effets plus importants d'une contamination métallique. Cette tendance se retrouve à la station plus en aval, (Amous3) avec une diminution de la respiration branchiale (- 9.5%) et une augmentation de la proportion d'individus sans forme de résistance (+ 11.9%), et de petite taille ("0.25-0.5 cm" : + 9.8%).

Pour la Morcille, en moyenne, la déviation absolue de toutes les modalités de traits biologiques de la valeur moyenne du bassin RM est respectivement de 1.4% (± 1.3 ; 0.02-6.0%), 3.8% (± 3.5 ; 0.05-15.1%), 4.8% (± 4.3 ; 0.03-20.6%) pour la Morcille 1 (amont), et la Morcille 2 et 3 plus en aval. Ces différences sont statistiquement significatives du point de vue global c'est à dire que les différences sont plus marquées pour la Morcille 2 (ANOVA, $p = 0.009$) et dans une moindre mesure pour la Morcille 3 (ANOVA, $p = 0.043$). La contamination au niveau de la Morcille 2 s'accompagne d'une augmentation de la proportion de prédateurs (+ 11.0%), de la proportion d'individus de taille intermédiaire (+ 8.0%), de la proportion d'imagos aquatiques (+ 7.6%), de la proportion de pontes endophytiques (+ 7.0%). Cette augmentation s'accompagne d'une tendance à la diminution, de la ponte d'oeufs isolés fixés (+ 15.1%), de la proportion de déchetes (- 14.0%) et de la proportion d'organismes de petite taille ("0.25-0.5 cm" : - 11.3%) et de la proportion d'individus sans forme de résistance (- 9.6%). Dans la Morcille 3, la diminution de la proportion d'individus sans forme de résistance (- 20.6%) et d'organismes de petite taille ("0.25-0.5 cm" : - 14.3%) s'accroît ainsi que la proportion d'individus ayant moins d'un cycle de reproduction par an (-11.9%). Cette diminution s'accompagne en particulier d'une augmentation de la proportion d'individus présentant une diapause(+14.2%), de taille intermédiaire (+ 13.4%), à mode de nutrition "racleur" (+ 11.0%), à imagos aquatiques (+ 9.5%), et dont la durée de vie des adultes est courte ($< 1an$: + 9.4%).

Il s'agit donc d'un exercice préliminaire prometteur qu'il faudra examiner dans le détail et tester avec d'autres types de sites impactés.

Discussion

Cette étude avait pour but de tester une méthodologie basée sur les traits biologiques des invertébrés benthiques dans l'optique de la définition d'un futur outil de bioindication. Il s'agissait avant tout d'étudier le fonctionnement écologique du bassin Rhône-Méditerranée dans des cours d'eau sans impact anthropique. Cette base de travail a été définie par le contexte de la Directive Cadre Européenne sur l'Eau qui impose l'utilisation d'une comparaison à des situations de "référence" qui doivent donc être les plus stables possible du point de vue temporel afin de pérenniser les suivis de qualité, tout en recouvrant les différents types de cours d'eau du bassin.

Nous avons donc analysé la variabilité spatio-temporelle des communautés d'invertébrés benthiques et de leur composition en traits biologiques. Un outil basé sur les traits étant amené à terme à compléter un outil de bioévaluation tel que l'IBGN, il nous fallait considérer l'apport des traits biologiques en matière de bioindication.

D'un point de vue pratique, nous avons également testé la réponse des traits biologiques à l'effort d'échantillonnage afin d'évaluer le coût des prélèvements à la fois liés aux modifications du protocole IBGN et à leurs éventuelles conséquences sur un outil de type traits biologiques.

Enfin, la variabilité environnementale a été principalement abordée sous la forme adoptée dans la DCE, c'est à dire les Hydroécorégions [Wasson et al. 2002]. Nous avons donc évalué l'intérêt d'un découpage écorégional dans l'explication de la variabilité des valeurs de traits biologiques. En complément, nous fournissons une approche basée sur un indice de diversité fonctionnelle, l'entropie quadratique [Rao 1982], qui permet d'avoir une vision globale sur l'état fonctionnel d'un milieu et synthétise dans une seule mesure, l'information donnée par l'ensemble des traits biologiques.

Les résultats obtenus au niveau du bassin RM confirment ceux obtenus par des travaux précédents sur la stabilité de la référence vue par les traits biologiques (ex. [Charvet et al. 2000], [Statzner et al. 2004]). De même, nos observations sur l'effort d'échantillonnage corroborent les travaux de [Bady et al. 2005] sur la saturation de la valeur de la diversité fonctionnelle. L'observation générale des résultats obtenus confirme la possibilité d'établir une référence basée sur les traits biologiques à l'échelle du bassin RM. Le résultat principal étant une variabilité spatio-temporelle de la composition en traits biologiques bien plus faible que celle de la composition faunistique malgré un contraste environnemental très marqué sur le bassin étudié. Dans cette dernière partie du rapport, nous discutons des résultats obtenus et des conclusions énoncées afin de les préciser et de fournir des éléments de développement et des perspectives pour un outil de bioévaluation basé sur les traits biologiques.

Variabilité spatio-temporelle

Dans l'établissement de la référence pour un outil de bioévaluation, la variabilité spatio-temporelle est un point crucial. En effet, pour assurer un suivi des sites dans des études d'impact, il est nécessaire que la référence soit toujours la même afin de mesurer l'évolution (détérioration ou amé-

lioration) de la qualité du milieu indépendamment d'évènements climatiques.

A l'échelle du bassin RM les résultats obtenus indiquent une très faible variabilité temporelle des compositions en traits et faunistiques. Ce résultat pouvait être attendu pour la composition en trait [Statzner et al. 2001] mais s'avère étonnant en ce qui concerne la composition faunistique. En effet, il est reconnu que l'organisation des cycles biologiques des espèces ainsi que leur distribution spatiale engendre des différences de contenu faunistique importantes. Plusieurs raisons peuvent expliquer au moins partiellement ce résultat. Tout d'abord, le protocole d'échantillonnage définit pour le réseau des sites de référence DCE [Usseglio-Polatera & Wasson 2004] implique des prélèvements à deux saisons qui ne sont pas nécessairement les mêmes pour tous les sites (sites à régime nival). A cela viennent s'ajouter les contraintes de terrains rencontrées classiquement dans toute études écologiques. Ceci concourt à fournir un plan d'échantillonnage dont les campagnes de prélèvement sont étalées sur une part importante de l'année avec seulement quelques sites à chaque date. Les tests réalisés, ont été fait sur la base d'une mesure de la différence entre les contenus des deux périodes d'étiage. Cependant, en raison du plan d'échantillonnage, les dates de prélèvements incluses dans l'étiage 1 et celles de l'étiage 2 peuvent se chevaucher pour une grande part. De plus, ces mêmes contraintes de terrain ont parfois amené à avoir des prélèvements pour le premier et second étiage séparés par un peu plus d'un mois. Les regroupement en deux étiages ont donc favorisé une apparente similitude de composition faunistique.

De précédentes analyses sur la variabilité temporelle du bassin, avaient déjà mise en évidence une très faible variabilité en regroupant les campagnes par leurs saisons supposées dans le protocole d'échantillonnage initial (printemps, été ou hiver, [Usseglio-Polatera & Wasson 2004]). La différence observée était en grande partie due aux sites à régime nival échantillonnés en hiver. En outre, les données recueillies contiennent les listes faunistiques des campagnes de 2005 et 2006 et une partie des relevés prévus pour l'année 2007. Le nombre de saisons différentes est donc assez faible en raison du protocole choisi. Nos résultats obtenus à partir d'échantillonnages complémentaires permettaient de porter à 3 le nombre de saisons pour une site donné. Nous avons pu mettre en évidence une variabilité temporelle des compositions faunistiques quatre fois supérieure à celle observée avec un protocole à deux saisons. Il s'agit donc d'une indication supplémentaire sur les limitations du protocole d'échantillonnage dans la mesure de la variabilité temporelle des communautés. De fait, il apparaît difficile de conclure sur la variabilité temporelle du bassin RM bien que celle-ci puisse être un élément important dans un outil de bioindication intégrant une approche par référence (ex. [Linke et al. 1999]). Par ailleurs, une seconde hypothèse peut être avancée pour expliquer cette quasi-absence de variabilité temporelle. En effet, certains auteurs indiquent qu'une forte variabilité spatiale telle que rencontrée sur le bassin RM, peut réduire de manière importante l'effet de la variabilité temporelle à large échelle en favorisant la diversité taxonomique qui à son tour assurerait la stabilité temporelle des communautés [Cornell & Lawton 1992], [Cottingham et al. 2001], [Brown 2003]). Les conclusions concernant les traits biologiques sont soumises aux mêmes observations reliées au protocole d'échantillonnage. Cependant, la stabilité temporelle des traits ne serait pas due à la variabilité environnementale du bassin RM car d'après [Statzner et al. 2004] la diversité en trait d'un milieu ne dépend pas de la richesse taxonomique.

En raison, du très faible effet saisonnier observé, nous avons réalisé les analyses suivantes sur les données regroupées par site dans un souci de simplification. Il s'agissait surtout de comprendre l'effet d'une partition écorégionale telle que les HERs d'une part sur les compositions faunistiques et d'autre part sur les compositions en traits biologiques. Les analyses multivariées ont montré que ces deux types de compositions ont une structure écorégionale mais à des degrés différents. Un gradient altitudinal des HERs est détecté dans les deux types de compositions, mais il est bien plus marqué pour la composition faunistique qui se structure également selon les grands types de climat contrairement aux traits où cet effet semble quasiment absent. Nos résultats confirment

donc les observations de [Statzner et al. 2004]. En ce qui concerne les traits biologiques, leur faible variabilité générale les rend très peu sensibles à une structuration écorégionale.

Les résultats des modèles réalisés sur trois métriques de diversité indiquent que les HERs permettent d'expliquer principalement des métriques calculées sur la base de la composition des assemblages, c'est à dire un comptage de taxons (richesse totale, richesse en EPT). Un indice basé sur les abondances relatives tel que l'indice de Simpson qui aborde plus précisément la question de l'organisation des assemblages a une variabilité qui n'est pas structurée en HER (i.e, les diversités locales ne sont pas plus proches d'une diversité moyenne par HER que d'une diversité moyenne sur l'ensemble du bassin). Le calcul des valeurs de traits biologiques est plus proche d'un indice de Simpson (il s'agit dans les deux cas d'une multiplication de deux proportions) ce qui peut expliquer l'absence de différence entre écorégion : l'existence d'une variabilité spatiale (quelle que soit son importance) ne pouvant apparemment pas être mise en évidence par une classification en HER. D'une manière générale, de nombreuses études ont conclu à une absence de relation entre les caractéristiques environnementale à large échelle définissant des écorégions et des variables biologiques [Hawkins & Vinson 2000], [Heino et al. 2002], [Heino et al. 2008], [Johnson et al. 2007], [Moog et al. 2004], [Sandin & Johnson 2000]. Certaines études, ont une conclusion inverse, mais se basent généralement sur des caractéristiques biologiques faisant intervenir des données en présence/absence, c'est à dire un comptage d'unités taxonomiques [Feminella 2000], [Ferréol et al. 2000], [Tison et al. 2007].

Les observations à l'échelle du bassin RM pour six HER vont dans le sens de ces différents travaux. Les HER permettent de qualifier les assemblages faunistiques si on s'en tient à vouloir apporter une information qualitative (présence/absence) sur les taxa. Cela pourrait provenir du fait que les abondances des taxa varient selon un continuum le long des gradients environnementaux (altitude, contraintes hydrauliques, température etc.) et de fait, les sites ne peuvent que difficilement rentrer dans des catégories prédéterminées [Hawkins & Vinson 2000]. Par ailleurs, la capacité des HER à expliquer la distribution des taxa pourrait en grande partie découler de leur capacité à gérer une partie de l'auto-corrélation spatiale des sites. Ainsi, un modèle de proximité [Van Sickle & Hughes 2000] ou un découpage géométrique du territoire [Snelder et al. 2008] obtiennent des résultats comparables en terme d'homogénéité des contenus faunistiques des régions obtenues car ils permettent tous les deux de rassembler des sites biologiquement proche en raison de leur interconnexion (ex. appartenance à un même bassin donnant lieu à des phénomènes réguliers d'émigration et d'immigration entre sites). Quelques solutions ont été proposées pour améliorer la représentativité des écorégions en termes de structures des communautés. Par exemple, utiliser des critères de régionalisations plus fins comme ceux qui définissent les HER II [Wasson et al. 2002] ou encore l'incorporation de valeurs locales de variables environnementales dans les outils utilisant une classification [Moog et al. 2004]. Néanmoins, la première solution induit un coût important car elle multiplie le nombre de situations de référence différentes (une par couple HER II – rang de Strahler) et la seconde induirait des redondances dans les informations apportées par les variables locales et les HER, ces dernières étant définies à partir des précédentes. Enfin, il ne faut pas perdre de vue que l'utilisation d'un découpage écorégional proscrit toute conclusion à une échelle différente de celle qui a servi à sa définition [Omernik 1987], [Hawkins et al. 2000].

L'IBGN est un outil de bioévaluation où la richesse taxonomique a une grande importance puisqu'elle est (sous forme de classe de richesse) l'un des deux critères (avec le groupe indicateur) de la détermination de la note finale. Nos résultats ainsi que ceux de [Wasson et al. 2002] ont mis en évidence des différences dans la note moyenne des HER. Pour des méthodes définies sur une base d'un comptage d'unité taxonomique comme l'IBGN, une approche avec une comparaison à une condition de référence, implique nécessairement le recours à une typologie environnementale ou au moins à une définition précise de l'environnement afin de donner un sens à la note. En comparaison, une approche basée sur les trait biologiques, au delà des apports en terme d'interprétation du

fonctionnement écologique des écosystèmes et de la possibilité de poser des hypothèses *a priori*, fournit le moyen d'aborder un aspect quantitatif par l'utilisation des abondances relatives (Cf. point sur la diversité fonctionnelle ci-dessous) et ne nécessite pas une régionalisation pour exprimer la distribution des valeurs de traits notamment en raison de leur stabilité (i.e., absence de réponse à la variabilité environnementale spatio-temporelle) en condition de référence.

Effort d'échantillonnage

Comme l'ont souligné [Bonada et al. 2006], un outil pour être performant doit reposer sur une implémentation la plus simple possible. Le protocole d'échantillonnage tient une place importante dans l'implémentation de tels outils et est souvent associé au coût financier de l'étude. Il est donc essentiel d'avoir une évaluation de l'effort d'échantillonnage à consentir pour obtenir une valeur fiable. Nous avons mené des tests de saturation pour les différentes mesures de qualité envisagées : la richesse taxonomique, l'indice IBGN, les proportions de modalité de trait ainsi que la diversité fonctionnelle.

Les résultats obtenus montrent que l'obtention d'une liste taxonomique exhaustive, et d'une valeur de richesse taxonomique maximale requiert un grand nombre de prélèvements. La majorité des sites de référence du bassin RM ont une richesse taxonomique assez élevée. Le protocole DCE à 12 prélèvements ne suffit pas à prélever l'ensemble des genres présents en une seule campagne de prélèvement. Les courbes de saturation n'atteignent que très rarement un plateau en fonction du nombre d'échantillon. En ce qui concerne la note IBGN, nos résultats montrent qu'en augmentant le nombre de prélèvements il devient plus facile d'obtenir une note maximale. Ceci provient du lien entre IBGN et richesse d'une part et de l'absence de saturation de la richesse taxonomique avec l'effort d'échantillonnage d'autre part. La construction de la note IBGN l'empêche de suivre l'évolution de la richesse taxonomique puisqu'elle est bornée à 20. Il est intéressant de noter que les simulations de valeur d'IBGN indiquent que, quelque soit les habitats choisis pour le calcul de la note, la distribution des notes obtenue n'est pas très différente de celle du protocole normalisé qui impose une étape longue de repérage des habitats biogènes sur le terrain.

La stabilité à large échelle des traits biologiques se retrouvent également dans la saturation des scores de modalité de trait en réponse à l'effort d'échantillonnage. Il ressort donc de notre étude que le nombre de prélèvement nécessaire pour une méthodologie basée sur les traits biologiques n'est pas plus important que celui habituellement envisagé dans les méthodes classiques de bioindication type IBGN. D'une manière similaire à ce qui a été observé pour la réponse de l'IBGN au nombre d'échantillon, le type d'habitat de l'échantillon ne semble pas affecter la valeur des proportions de modalité de traits.

La saturation de la diversité fonctionnelle en réponse à l'effort d'échantillonnage fait l'objet d'un point particulier ci-dessous.

Problèmes posés par la mesure de diversité fonctionnelle

Faisant suite aux problématiques évoquées au cours de la seconde année du projet, une analyse bibliographique a été menée sur les mesures de diversité tant du point de vue de leur implication écologique que de leurs propriétés statistiques.

Ce point de recherche fondamentale pourrait apparaître superflu dans une thématique plutôt appliquée. Cependant, le lien entre mesure de biodiversité et bioévaluation est assez étroit. En effet, la plupart des indicateurs biologiques utilisés actuellement se basent sur une mesure de biodiversité simple : la richesse spécifique (ex. RIVPACS, [Wright et al. 2000]). Cette métrique peut être considérée comme une bonne mesure de la qualité biologique d'un écosystème

tant que l'on admet l'hypothèse sous-jacente qu'un milieu diversifié est en bon état. Il ne reste alors plus qu'à identifier un moyen d'expliquer et de prédire l'absence d'une espèce donnée. Mais cette question, bien qu'admise comme telle dans le domaine de la bioévaluation, n'est pas réellement clarifiée et alimente toujours le débat sur la stabilisation de l'écosystème par la diversité [McCann 2000], [Loreau et al. 2001], [Hooper et al. 2005].

De plus, indépendamment du côté pratique de cette métrique (interprétation simple?), les aspects écologiques qu'elle recouvre sont réduits en termes de bioévaluation. En effet, évaluer l'état écologique d'un milieu ne devrait pas se limiter à attendre la disparition d'une espèce à la suite d'impacts de nature anthropique avant d'être identifiée par les outils de bioévaluation. Pour cela, il est nécessaire de pouvoir prendre en compte l'abondance des espèces. C'est une question importante en écologie mais qui n'a pas encore trouvé de réponse très précise (voir l'introduction de [Statzner et al. 2008]). De plus, les métriques classiques de biodiversité considèrent implicitement toutes les espèces comme biologiquement équivalentes. Dans le contexte actuel de sauvegarde de la biodiversité, il semble aberrant que les outils dont on se sert pour évaluer la qualité environnementale ne prennent pas en compte ce qui intuitivement génère le concept de biodiversité.

L'approche par les traits biologiques permet d'une part de prendre en compte l'abondance des espèces par le biais des fréquences relatives mais également introduit la notion de différence entre espèces puisque chaque espèce est identifiée par une combinaison de traits qui lui est propre. De plus, dans le contexte des bases de traits biologiques que nous utilisons, il est possible de les relier au fonctionnement des écosystèmes par l'intermédiaire d'un contexte théorique : le *River Habitat Templet* [Townsend & Hildrew 1994]. L'utilisation de plusieurs traits permet alors d'avoir une réponse différente selon le type d'impact reçu par le milieu et donc une identification des sources polluantes ce qui est un enjeu majeur en bioindication. Cependant, une mesure globale de l'état fonctionnel d'un milieu est aussi intéressante à faire valoir.

On peut donc inclure ici une réflexion sur la question de la diversité fonctionnelle avec une proposition de mesure particulière appelée entropie quadratique [Rao 1982]. Cette approche a été récemment reprise par [Champely & Chessel 2002], [Pavoine & Dolédec 2005], [Pavoine et al. 2005]. Les premières analyses utilisant l'entropie quadratique de Rao ont amené à penser que cette dernière serait une bonne candidate de mesure globale de diversité surtout en raison d'une très intéressante propriété à saturer rapidement avec l'effort d'échantillonnage [Bady et al. 2005]. Cependant, il convient de se demander si cette saturation si rapide est réellement souhaitable. En effet, la bioévaluation sous-entend une réponse des métriques utilisées, c'est à dire une variation des valeurs en cas d'impact par rapport à la valeur obtenue en condition de référence (voir par exemple [Reynoldson et al. 1997]). La saturation observée pourrait compromettre au moins en partie les capacités de bioindication de la diversité fonctionnelle : un impact déjà important serait nécessaire pour observer une réelle modification de la valeur observée, le gain en sensibilité obtenue par l'utilisation de l'abondance en serait donc affecté.

[Jost 2006], [Jost 2007] ont fait une critique déterminante sur les mesures de biodiversité au travers des entropies et notamment celles utilisant les abondances relatives. Il étudie notamment l'indice de diversité de Simpson et démontre que son utilisation sous la forme $1 - D$ [Simpson 1949] conduit à une surévaluation de la diversité locale à cause d'une propriété mathématique de saturation quelque soit la diversité réelle de la communauté. Ceci concerne directement nos travaux puisque l'entropie quadratique est la généralisation de l'indice de Simpson sous sa forme $1 - D$ (voir [Champely & Chessel 2002]). De fait, au moins une partie de la saturation de l'entropie quadratique ne serait qu'une conséquence de la construction mathématique de l'indice. En outre, les distances inter-espèces, incluses dans l'entropie quadratique, calculées sur la base des traits biologiques sont peu variables ce qui ajoute à la stabilité de l'indice. Mais il est possible que nous ne mesurons pas correctement les différences inter-espèces car la construction du tableau de trait

est particulière et il est difficile de trouver une mesure de distance réellement adaptée à nos données.

Pour ce dernier point, quelques pistes semblent émerger de travaux récents sur les mesures de recouvrement (*overlap*) avec des distributions de fréquences (fréquence de modalités de trait dans notre cas, voir [Chevenet et al. 1994]). Notamment [Chao et al. 2008] ont proposé une mesure de similarité qui ne se base plus sur des comparaisons 2 à 2 mais prend plutôt en compte l'ensemble de la communauté afin de définir plus précisément les différences. Ils ajoutent alors les comparaisons 3 à 3 puis 4 à 4 etc. Les auteurs montrent alors qu'en ne prenant que les différences 2 à 2, on surestime la similarité inter-communauté notamment parce que l'on ne considère pas le fait que les communautés peuvent ne pas avoir le même poids (i.e., pas le même nombre d'individus et/ou d'espèces).

Mais l'essentiel du problème d'une mesure de diversité fonctionnelle est d'arriver à prendre en compte les abondances sans donner un poids trop important aux espèces abondantes. D'une manière générale, il apparaît dans la bibliographie qu'une réponse puisse être apportée au travers de la généralisation mathématique des indices de diversité et plus précisément la généralisation des entropies. La base de tous ces travaux reste l'entropie de Shannon [Shannon 1948], qui permet réellement de prendre en compte à la fois les espèces abondantes et les espèces rares. A partir de ces travaux, il a été montré que toutes les entropies sont en fait reliées et que l'on peut les classer selon un paramètre : l'ordre de l'entropie [Ricotta & Avena 2003], [Jost 2006], [Ricotta & Anand 2006]. Il apparaît alors que l'augmentation du paramètre accroît la sensibilité de l'indice aux espèces abondantes. Le point d'inflexion étant la valeur 1 pour laquelle, espèces rares et espèces abondantes sont pondérées réellement en adéquation avec leur abondance relative : ce qui correspond à l'entropie de Shannon. Les possibilités offertes par ce type de généralisation en termes de bioindication sont importantes. En effet, les entropies ont largement été étudiées dans d'autres domaines et notamment en physique [Tsallis 1998] où les développements sur ce type de mesure sont toujours en cours et pourraient fournir de nouveaux outils à l'écologie et à la bioindication. En outre, le concept de différence entre espèces peut être également joint aux entropies généralisées. Récemment, [Ricotta & Szeidl 2006] ont couplé l'entropie de Tsallis à une mesure de distance afin d'obtenir une mesure de diversité fonctionnelle qui ne souffre plus du choix entre espèces abondantes [Rao 1982] ou espèce rares [Petchey & Gaston 2002]. On regarde alors la diversité fonctionnelle au travers d'un continuum des valeurs de l'ordre de l'entropie.

Le gain en termes de sensibilité pour les outils de bioindication pourrait être substantiel. Mais au-delà même des performances attendues, l'utilisation des entropies généralisées pourrait aussi apporter une base statistique solide puisqu'il existe une étroite relation de ces entropies avec l'entropie de Kullback et Leibler qui est à la base des estimations au maximum de vraisemblance dans le domaine de la modélisation et dont le lien avec l'écologie prédictive est largement employé actuellement [Burnham & Anderson 2001]. Ce contexte théorique a permis une avancée majeure en écologie [Shipley et al. 2006]. Dans cet article, les auteurs ont utilisé une base de traits biologiques sur les plantes pour prédire les abondances relatives des espèces avec une fiabilité de plus de 90%. La méthodologie employée se base sur la maximisation de l'entropie de Shannon et utilise les proportions de traits comme contrainte pour prédire les proportions d'individus. Cet article reprend en partie le concept d'entropie conditionnelle détaillé par [Shannon 1948]. Nos bases de traits nécessitent donc une adaptation afin de pouvoir appliquer la même méthode que [Shipley et al. 2006]. Mais les possibilités sont réelles ouvrant une nouvelle voie de bioévaluation par les traits biologiques qui semble être très complémentaire des développements actuels et des questionnements sous-jacents.

Pondération des abondances

Finalement, dans une utilisation future de l'outil traits biologiques, le mode de pondération des abondances est susceptible de modifier sensiblement les résultats et les interprétations. En effet, on peut considérer que l'utilisation dans ce rapport des proportions de traits pondérés par l'abondance relative des genres est une option très contraignante qui soulève le problème des genres abondants ou rares. Deux solutions sont à étudier dans l'avenir. La première consiste à croiser les proportions de catégories de traits avec les abondances (en $\log(x + 1)$) ce qui conduit à obtenir un nombre d'individus d'une catégorie donnée de trait et non plus une proportion. La deuxième consiste à considérer que chaque genre a son propre profil d'abondance. Un prédateur du g. *Perla* par exemple, par définition ne présentera pas une abondance maximum très forte dans un site donné. Par contre les individus du g. *Baetis*, par exemple sont très fréquemment trouvés en grand nombre. Par conséquent leur poids dans le produit des matrices de traits et d'abondance est plus fort que ce soit en proportion ou en abondance absolue. De ce fait, on pourrait constituer un tableau d'abondance des genres qui pour tout genre i et tout site j calcule la valeur :

$$x_{ij} = \frac{z_{ij}}{\max(z_j)}$$

avec z_{ij} l'abondance brute du genre i . Cette option aurait l'avantage de ramener chaque espèce dans son champ de distribution d'abondance et induirait un meilleur équilibre des unes par rapport aux autres.

Conclusions

L'étude du bassin RM d'un point de vue écologique est complexe du fait sa grande diversité environnementale liée à sa situation géoclimatique. Par conséquent, l'élaboration d'une référence comme celle requise par la DCE s'avère difficile voire impossible pour les méthodes classiques de bioindication. Dans ces conditions, l'utilisation d'une typologie permet de simplifier le contexte environnemental et ainsi d'envisager des valeurs de référence pour tout indice. Cependant, les typologies ne résolvent pas complètement les problèmes liés à la variabilité environnementale comme illustré au travers des valeurs de l'IBGN qui peuvent parfois être faibles même en condition de référence. Elles peuvent même induire de nouveaux biais dans l'évaluation de l'état des milieux en raison de la limitation qu'elles imposent sur l'échelle spatiale envisageable.

La méthode des traits biologiques qui ne nécessite pas la définition d'écorégion (mais ne l'interdit pas non plus) en raison de la stabilité des valeurs observées, permet de simplifier l'approche par référence. Un exemple donné dans ce rapport permet d'illustrer l'intégration d'une telle approche dans un outil basé sur les traits qui serait donc compatible avec les exigences de la DCE. Les traits biologiques offre des compléments importants par rapport aux méthodes se basant uniquement sur les compositions faunistiques. Le contexte théorique fournit par le *River Habitat Templet* autorise des prédictions *a priori* sur l'évolution de la valeur des modalités de trait en fonction des impacts. Par conséquent la réponse des traits biologiques peut être également spécifique au type de pollution et peut être mis en relation avec le fonctionnement des écosystèmes. Ce lien permet de compléter les indications données par chaque trait par une mesure globale de la qualité du fonctionnement des écosystèmes par des indices de diversité fonctionnelle.

Les tests futurs devront évaluer le domaine de variations de la composition en traits biologiques dans des situations d'impacts anthropiques par rapport aux conditions de références définies dans ce travail.

Bibliographie

- [Anonymous 2000] - Anonymous, 2000. European Commission-Directive of the European Parliament and of the Council 2000/60/EC establishing a framework for Community action in the field of water policy.
- [AFNOR 2004] - AFNOR, 2004). Détermination de l'Indice Biologique Global Normalisé (IBGN). - norme homologuée T 90-350. Association Française de Normalisation.
- [Bady et al. 2005] - Bady, P., S. Dolédec, C. Fesl, S. Gayraud, M. Bacchi & F. Schöll, 2005. Use of invertebrate traits for the biomonitoring of European large rivers : the effects of sampling effort on genus richness and functional diversity. *Freshwater Biology* 50,159-173.
- [Bonada et al. 2006] - Bonada, N., N. Prat, V. H. Resh & B. Statzner, 2006. Developments in aquatic insect biomonitoring : a comparative analysis of recent approach. *Annual Reviews of Entomology* 51, 495-523.
- [Bonada et al. 2007] - Bonada, N., S. Dolédec & B. Statzner, 2007. Taxonomic and biological trait differences of stream macroinvertebrate communities between Mediterranean and temperate regions : implications for future climatic scenarios. *Global Change Biology* 13, 1658-1671.
- [Brown 2003] - Brown, B. L., 2003. Spatial heterogeneity reduces temporal variability in stream insect communities. *Ecology Letters* 6, 316-325.
- [Burnham & Anderson 2001] - Burnham, K. P. & D. R. Anderson, 2001. Kullback-Leibler information as a basis for strong inference in ecological studies. *Wildlife Research* 28, 111-119.
- [Champely & Chessel 2002] - Champely, S. & D. Chessel, 2002. Measuring biological diversity using Euclidean metrics. *Environmental and Ecological Statistics* 9, 167-177.
- [Chao et al. 2008] - Chao, A., L. Jost, S. C. Chiang, Y.-H. Jiang & R. L. Chazdon, 2008. A Two-Stage Probabilistic Approach to Multiple-Community Similarity Indices. *Biometrics* 64, 1178-1186.
- [Charvet et al. 2000] - Charvet, S., B. Statzner, P. Usseglio-Polatera & B. Dumont, 2000. Traits of benthic macroinvertebrates in semi-natural French streams : an initial application to biomonitoring in Europe. *Freshwater Biology* 43, 277-296.
- [Chevenet et al. 1994] - Chevenet, F., S. Dolédec & D. Chessel, 1994. A fuzzy coding approach for the analysis of long-term ecological data. *Freshwater Biology* 31, 295-309.
- [Cornell & Lawton 1992] - Cornell, H. V. & J. H. Lawton, 1992. Species Interactions, Local and Regional Processes, and Limits to the Richness of Ecological Communities - a Theoretical Perspective. *Journal of Animal Ecology* 61, 1-12.
- [Cottingham et al. 2001] - Cottingham, K. L., B. L. Brown & J. T. Lennon, 2001. Biodiversity may regulate the temporal variability of ecological systems. *Ecology Letters* 4, 72-85.
- [Dolédec & Chessel 1987] - Dolédec, S. & D. Chessel, 1987. Rythmes saisonniers et composantes stationnelles en milieu aquatique. I. Description d'un plan d'observation complet par projection de variables. *Acta Oecologica-Oecologia Generalis* 8, 403-426.

- [Dolédec & Statzner 2008] - Dolédec, S., & B. Statzner, 2008. Invertebrate traits for the biomonitoring of large European rivers : an assessment of specific types of human impact. *Freshwater Biology* 53, 617-634.
- [Feminella 2000] - Feminella, J. W., 2000. Correspondence between stream macroinvertebrate assemblages and 4 ecoregions of the southeastern USA. *Journal of the North American Benthological Society* 19, 442-461.
- [Ferréol et al. 2000] - Ferréol, M., A. Dohet, H. M. Cauchie & L. Hoffmann, 2008. An environmental typology of freshwater sites in Luxembourg as a tool for predicting macroinvertebrate fauna under non-polluted conditions. *Ecological modelling* 212, 99-108.
- [Gayraud et al. 2003] - Gayraud, S., B. Statzner, P. Bady, A. Haybach, F. Schöll, P. Usseglio-Polatera & M. Bacchi, 2003. Invertebrates traits for the biomonitoring of large European rivers : an initial assessment of alternative metrics. *Freshwater Biology* 48, 2045-2064.
- [Hawkins et al. 2000] - Hawkins, C. P., R. H. Norris, J. Gerritsen, R. M. Hughes, S. K. Jackson, R. K. Johnson & R. J. Stevenson, 2000. Evaluation of the use of landscape classifications for the prediction of freshwater biota : synthesis and recommendations. *Journal of the North American Benthological Society* 19, 541-556.
- [Hawkins & Vinson 2000] - Hawkins, C. P. & M. R. Vinson, 2000. Weak correspondence between landscape classifications and stream invertebrate assemblages : implications for bioassessment. *Journal of the North American Benthological Society* 19, 501-517
- [Heino et al. 2002] - Heino, J., T. Muotka, R. Paavola, H. Hamalainen & E. Koskenniemi, 2002. Correspondence between regional delineations and spatial patterns in macroinvertebrate assemblages of boreal headwater streams. *Journal of the North American Benthological Society* 21, 397-413.
- [Heino et al. 2008] - Heino, J., H. Mykra & J. Kotanen, 2008. Weak relationships between landscape characteristics and multiple facets of stream macroinvertebrate biodiversity in a boreal drainage basin. *Landscape Ecology* 23, 417-426.
- [Hering et al. 2004] - Hering, D., C. Meier, C. Rawer-Jost, C. K. Feld, R. Biss, A. Zenker, A. Sundermann, S. Lohse, & J. Böhmer, 2004. Assessing streams in Germany with benthic invertebrates : selection of candidate metrics. *Limnologica* 34, 398-415.
- [Hooper et al. 2005] - Hooper, D. U., F. S. Chapin, J. J. Ewel, A. Hector, P. Inchausti, S. Lavorel, J. H. Lawton, D. M. Lodge, M. Loreau, S. Naeem, B. Schmid, H. Setälä, A. J. Symstad, J. Vandermeer & D. A. Wardle, 2005. Effects of biodiversity on ecosystem functioning : A consensus of current knowledge. *Ecological Monographs* 75, 3-35.
- [Johnson et al. 2007] - Johnson, R. K., M. T. Furse, D. Hering & L. Sandin, 2007. Ecological relationships between stream communities and spatial scale : implications for designing catchment-level monitoring programmes. *Freshwater Biology* 52, 939-958.
- [Jost 2006] - Jost, L., 2006. Entropy and diversity. *Oikos* 113, 363-375.
- [Jost 2007] - Jost, L., 2007. Partitioning diversity into independent alpha and beta components. *Ecology* 88, 2427-2439.
- [Lebreton et al. 1991] - Lebreton J.D., R. Sabatier, G. Banco & A.M.Bacou, 1991. Principal component and correspondence analyses with respect to instrumental variables : an overview of their role in studies of structure - activity and species - environment relationships. *Applied multivariate analysis in SAR and Environmental studies*. Devillers J. and Karcher W. Berlin, Springer Verlag, 85-114.
- [Linke et al. 1999] - Linke, S., R. C. Bailey & J. Schwindt, 1999. Temporal variability of stream bioassessments using benthic macroinvertebrates. *Freshwater Biology* 42, 575-584.
- [Loreau et al. 2001] - Loreau, M., S. Naeem, P. Inchausti, J. Bengtsson, J. P. Grime, A. Hector, D. U. Hooper, M. A. Huston, D. Raffaelli, B. Schmid, D. Tilman & D. A. Wardle, 2001. *Ecology*

- Biodiversity and ecosystem functioning : Current knowledge and future challenges. *Science* 294, 804-808.
- [McCann 2000] - McCann, K. S., 2000. The diversity-stability debate. *Nature* 405, 228-233.
- [Magurran 1988] - Magurran A.E., 1988. *Ecological diversity and its measurement*. Croom Helm Limited, London.
- [Moog et al. 2004] - Moog, O., A. Schmidt-Kloiber, T. Ofenbock & J. Gerritsen, 2004. Does the ecoregion approach support the typological demands of the EU 'Water Framework Directive'? *Hydrobiologia* 516, 21-33.
- [Omernik 1987] - Omernik, J. M., 1987. Ecoregions of the Conterminous United-States. *Annals of the Association of American Geographers* 77, 118-125.
- [Pavoine & Dolédec 2005] Pavoine, S. & S. Dolédec, 2005. The apportionment of quadratic entropy : a useful alternative for partitioning diversity in ecological data. *Environmental and Ecological Statistics* 12, 125-138.
- [Pavoine et al. 2005] - Pavoine, S., S. Ollier & D. Pontier, 2005. measuring diversity from dissimilarities with Rao's quadratic entropy : Are any dissimilarities suitable? *Theoretical Population Biology* 67, 231-239.
- [Petchey & Gaston 2002] - Petchey, O. L. and K. J. Gaston, 2002. Functional diversity (FD), species richness and community composition. *Ecology Letters* 5, 402-411.
- [Rao 1982] - Rao C.R., 1982. Diversity and dissimilarity coefficients : a unified approach. *Theoretical Population Biology* 21, 24-43.
- [Reynoldson et al. 1997] - Reynoldson, T. B., R. H. Norris, V. H. Resh, K. E. Day & D. M. Rosenberg, 1997. The reference condition : a comparison of multimetric and multivariate approaches to assess water-quality impairment using benthic macroinvertebrates. *Journal of the North American Benthological Society* 16, 833-852.
- [Ricotta & Anand 2006] - Ricotta, C. & M. Anand, 2006. Spatial complexity of ecological communities : Bridging the gap between probabilistic and non-probabilistic uncertainty measures. *Ecological modelling* 197, 59-66.
- [Ricotta & Avena 2003] - Ricotta, C. & G. Avena, 2003. On the relationship between Pielou's evenness and landscape dominance within the context of Hill's diversity profiles. *Ecological Indicators* 2, 361-365.
- [Ricotta & Szeidl 2006] - Ricotta, C. & L. Szeidl, 2006. Towards a unifying approach to diversity measures : Bridging the gap between the Shannon entropy and Rao's quadratic index. *Theoretical Population Biology* 70, 237-243.
- [Sandin & Johnson 2000] - Sandin, L. & R. K. Johnson, 2000. Ecoregions and benthic macroinvertebrate assemblages of Swedish streams. *Journal of the North American Benthological Society* 19, 462-474.
- [Shannon 1948] - Shannon, C. E., 1948. A mathematical theory of communication. *Bell System Technical Journal* 27, 379-423 and 623-656.
- [Shipley et al. 2006] - Shipley, B., D. Vile & E. Garnier, 2006. From plant traits to plant communities : A statistical mechanistic approach to biodiversity. *Science* 314, 812-814.
- [Simpson 1949] - Simpson, E. H., 1949. Measurement of Diversity. *Nature* 163, 688.
- [Snelder et al. 2008] - Snelder, T. H., H. Pella, J. G. Wasson & N. Lamouroux, 2008. Definition Procedures Have Little Effect on Performance of Environmental Classifications of Streams and Rivers. *Environmental management* 42, 771-788.
- [Statzner & Higler 1986] - Statzner, B. & B. Higler, 1986. Stream hydraulics as a major determinant of zonation patterns. *Freshwater Biology* 16, 127-139.

- [Statzner et al. 1997] - Statzner, B., K. Hoppenhaus, M.-F. Arens, & P. Richoux, 1997. Reproductive traits, habitat use and templet theory : a synthesis of world-wide data on aquatic insects. *Freshwater Biology* 38,109–135.
- [Statzner et al. 2001] - Statzner, B., B. Bis, S. Dolédec & P. Usseglio-Polatera, 2001. Perspectives for biomonitoring at large spatial scales : a unified measure for the functional composition of invertebrate communities in European running waters. *Basic and applied Ecology* 2, 73-85.
- [Statzner et al. 2004] - Statzner, B., S. Dolédec & B. Hugué, 2004. Biological trait composition of European stream invertebrate communities : assessing the effects of various trait filter types. *Ecography* 27, 470-488.
- [Statzner et al. 2005] - Statzner, B., P. Bady, S. Dolédec, & F. Schöll, 2005. Invertebrate traits for the biomonitoring of large European rivers : an initial assessment of trait patterns in least impacted river reaches. *Freshwater Biology* 50, 2136–2161.
- [Statzner et al. 2007] - Statzner, B., N. Bonada, & S. Dolédec, 2007. Conservation of taxonomic and biological trait diversity of European stream macroinvertebrate communities : towards a collective public database. *Biodiversity and Conservation* 16, 3609–3632.
- [Statzner et al. 2008] - Statzner, B., N. Bonada & S. Dolédec, 2008. Predicting the abundance of European stream macroinvertebrates using biological attributes. *Oecologia* 156, 65-73.
- [Tachet et al. 2002] - Tachet, H., P. Richoux, M. Bournaud, and P. Usseglio-Polatera, 2002. Invertébrés d'eau douce, 2nd corrected impression. Conseil National de la Recherche Scientifique, Paris, France.
- [Townsend & Hildrew 1994] - Townsend, C. R. & A. G. Hildrew, 1994. Species traits in relation to a habitat templet for river systems. *Freshwater Biology* 31, 265-275.
- [Tison et al. 2007] - Tison, J., Y. S. Park, M. Coste, J. G. Wasson, F. Rimet, L. Ector & F. Delmas, 2007. Predicting diatom reference communities at the French hydrosystem scale : A first step towards the definition of the good ecological status. *Ecological modelling* 203, 99-108.
- [Tsallis 1998] - Tsallis, C., 1998. Generalized entropy-based criterion for consistent testing. *Physical Review E* 58, 1442-1445.
- [Usseglio-Polatera et al. 2000] - Usseglio-Polatera, P., M. Bournaud, P. Richoux & H. Tachet, 2000. Biomonitoring through biological traits of benthic macroinvertebrates : how to use species traits databases ? *Hydrobiologia* 422/423, 153-162.
- [Usseglio-Polatera & Beisel 2002] - Usseglio-Polatera, P. & J.N. Beisel, 2002. Système expert d'analyse et d'aide à l'interprétation de données recueillies avec le protocole IBGN. Livret-guide version 1.0, Etude Interagences.
- [Usseglio-Polatera & Wasson 2004] - Usseglio-Polatera, P. & J. G. Wasson, 2004. Appui scientifique à la Mise en œuvre de la Directive Cadre Européenne sur l'Eau - Protocole de prélèvement des Invertébrés sur les sites de référence. Université de Metz & Cemagref Lyon BEA/LHQ, Lyon, 5p + annexes.
- [Van Sickle & Hughes 2000] - Van Sickle, J. & R. M. Hughes, 2000. Classification strengths of ecoregions, catchments, and geographic clusters for aquatic vertebrates in Oregon. *Journal of the North American Benthological Society* 19, 370-384.
- [Wallin et al. 2003] - Wallin, M., T. Wiederholm & R. K. Johnson, 2003. Guidance on establishing reference conditions and ecological status class boundaries for inland surface waters. Produced by CIS Working Group 2.3 REFCOND.
- [Wasson et al. 2002] - Wasson, J. G., A. Chandèsris, H. Pella & L. Blanc, 2002. Les hydroécorégions de France métropolitaine. Approche régionale de la typologie des eaux courantes et éléments pour la définition des peuplements de référence d'invertébrés. Ministère de l'Ecologie et du Développement Durable, Cemagref BEA/LHQ, Lyon.

- [Wasson et al. 2003] - Wasson, J. G., A. Chandesris, H. Pella & L. Blanc, 2003. Typology and reference conditions for surface water bodies in France : the hydro-ecoregion approach. Typology and ecological classification of lakes and rivers, F. E. I. (SYKE), Helsinki, 24-26 october 2002. TemaNord 566, 37-41.
- [Wright et al. 2000] - Wright, J. F., D. W. Sutcliffe & M. T. Furse (Editors), 2000. Assessing the biological quality of fresh waters : RIVPACS and other techniques. Freshwater Biological Association, Ambleside.

Table des figures

1.1	A gauche : Délimitation schématique des 11 HERs de niveau I du bassin RM. A droite : Position des 118 stations de références du réseau DCE sur le bassin RM (cercles bleus). Les stations sélectionnées pour un échantillonnage spécifique afin de tester l'effet saisonnier et l'effet de l'échantillonnage sont représentées par des cercles rouges.	9
2.1	Richesses taxonomiques au niveau systématique de l'ordre sur les 118 sites de références du bassin RM.	15
2.2	Distributions des valeurs de la richesse taxonomique par HER. Pour chaque HER, les parties supérieures et inférieures délimitent respectivement les premier et troisième quartiles de la distribution, le trait noir dans la boîte indique la médiane et les lignes en pointillés indiquent l'intervalle de confiance de la moyenne de la distribution. . .	16
2.3	Résultats des modèles linéaires généralisés sur les métriques de diversité avec une présentation des résidus de la déviance pour chaque site. Les cercles noirs ont un diamètre proportionnel à la valeur absolue des résidus du modèle nul et les disques gris un diamètre proportionnel à la valeur absolue des résidus du modèle écorégional. (a) Distribution des sites de références pris en compte dans les modèles. (b) Résidus de la déviance pour le modèle de la richesse taxonomique. (c) Résidus de la déviance pour le modèle de la richesse en EPT. (d) Résidus de la déviance pour le modèle de l'indice de Simpson.	20
2.4	Distribution des valeurs d'IBGN par HER et par saison d'étiage. Pour chaque étiage, les parties supérieures et inférieures de la boîte délimitent respectivement les premier et troisième quartiles de la distribution, le point noir indique la médiane et les lignes en pointillés indiquent l'intervalle de confiance de la moyenne de la distribution. . .	21
2.5	Illustration pour quelques sites de références du bassin RM de la distribution des richesses taxonomiques (en ordonnée) en fonction du nombre de prélèvements (en abscisse). Chaque série de <i>boxplots</i> (identifiée par nuance de gris) représente une campagne de prélèvements dont la date est indiquée dans la légende (SPR pour Spring, SUM pour Summer et WIN pour Winter). Chaque <i>boxplot</i> indique les valeurs des quartiles de distribution pour 100 valeurs de richesse obtenues par le regroupement de n échantillons (de 1 à 12) pris au hasard parmi les 12 (de gauche à droite et de haut en bas : Ognon, Merlet, Gier, Sâne).	23
2.6	Distribution des notes d'IBGN pour l'ensemble des campagnes d'échantillonnage en fonction du nombre de prélèvement. Chaque <i>boxplot</i> représente l'ensemble des combinaisons de n échantillons parmi les 12 disponibles à chaque campagne. Dans la marge est donnée la distribution des vraies notes d'IBGN calculées selon le protocole normalisé.	24

2.7	Illustration pour quelques sites de références du bassin RM de la distribution des valeurs d'IBGN (en ordonnée) en fonction du nombre de prélèvements (en abscisse). Chaque série de <i>boxplots</i> (identifiée par nuance de gris) représente une campagne de prélèvement dont la date est indiquée dans la légende (SPR pour Spring, SUM pour Summer et WIN pour Winter). Chaque <i>boxplot</i> indique les valeurs des quartiles de distribution pour 100 valeurs d'IBGN obtenues par le regroupement de n échantillons (de 1 à 12) pris au hasard parmi les 12 (de gauche à droite et de haut en bas : Ognon, Merlet, Gier, Sâne).	25
2.8	Histogramme des valeurs des distances intertaxons obtenues après analyse des tableaux de traits par ACP <i>floue</i> (voir Fig. 2.16).	26
2.9	Illustration pour quelques sites de références du bassin RM de la distribution des valeurs de diversité fonctionnelle (en ordonnée) en fonction du nombre de prélèvements (en abscisse). Chaque série de <i>boxplots</i> (identifiée par nuance de gris) représente une campagne de prélèvement dont la date est indiquée dans la légende (SPR pour Spring, SUM pour Summer et WIN pour Winter). Chaque box plot indique les valeurs des quartiles de distribution pour 100 valeurs de diversité fonctionnelle obtenues par le regroupement de n échantillons (de 1 à 12) pris au hasard parmi les 12 (de gauche à droite et de haut en bas : Ognon, Merlet, Gier, Sâne).	27
2.10	Premier plan factoriel d'une ACP centrée des abondances en $\log(x + 1)$. Les ellipses permettent de résumer graphiquement l'information sur la dispersion des sites dans le plan factoriel, i.e., la variabilité des sites de chaque HER. L'axe 1 (horizontal) représente 13.5% de la variabilité totale, l'axe 2 (vertical) représente 9.5% de la variabilité totale. L'histogramme des valeurs propres de l'ACP est donné en bas à droite.	28
2.11	Premier plan factoriel d'une ACP inter-saison (après élimination de l'effet HER I) centrée sur le $\log(x + 1)$ des abondances regroupées par campagne de prélèvement (premier étiage, second étiage). Les ellipses permettent de résumer graphiquement l'information sur la dispersion des sites dans le plan factoriel i.e., variabilité des sites selon l'étiage. L'axe 1 (horizontal) représente 8% de la variabilité totale, l'axe 2 (vertical) représente 7% de la variabilité totale. L'histogramme des valeurs propres de l'ACP est donné en bas à droite.	29
2.12	Premier plan factoriel d'une ACP inter-saison (après élimination de l'effet HER I) centrée sur le $\log(x + 1)$ des abondances regroupées par saison de prélèvement (47 relevés). Les ellipses permettent de résumer graphiquement l'information sur la dispersion des sites dans le plan factoriel i.e., variabilité des sites selon la saison. L'axe 1 (horizontal) représente 15.5% de la variabilité totale, l'axe 2 (vertical) représente 11.5% de la variabilité inter-saison. L'histogramme des valeurs propres de l'ACP est donné en bas à droite.	30
2.13	Premier plan factoriel d'une ACP <i>floue</i> des proportions des modalités des traits biologiques. Les ellipses permettent de résumer graphiquement l'information sur la dispersion des sites dans le plan factoriel, i.e., la variabilité des sites de chaque HER. L'axe 1 (horizontal) représente 34.0% de la variabilité totale, l'axe 2 (vertical) représente 14.0% de la variabilité totale. L'histogramme des valeurs propres de l'ACP est donné en bas à droite.	32
2.14	Premier plan factoriel d'une ACP inter-saison (après élimination de l'effet HER I) des % de catégories de traits dans les sites regroupées par campagne de prélèvement (premier étiage, second étiage). Les ellipses permettent de résumer graphiquement l'information sur la dispersion des sites dans le plan factoriel i.e., variabilité des sites selon l'étiage. L'histogramme des valeurs propres de l'ACP est donné en bas à droite.	32

2.15	Premier plan factoriel d'une ACP inter-saison (après élimination de l'effet HER I) des % de catégories de traits dans les sites regroupées par saison (47 relevés). Les ellipses permettent de résumer graphiquement l'information sur la dispersion des sites dans le plan factoriel i.e., variabilité des sites selon l'étiage. L'axe 1 (horizontal) représente 27.0% de la variabilité totale, l'axe 2 (vertical) représente 12.0% de la variabilité inter-saison. L'histogramme des valeurs propres de l'ACP est donné en bas à droite.	33
2.16	Premiers plans factoriels des ACPs <i>floues</i> pour chaque trait. Chaque point représente un site. La longueur des flèches est proportionnelle à la contribution de la catégorie à la variabilité inter-sites. Pour chaque analyse, l'histogramme des valeurs propres permet d'identifier à quelques exceptions près l'omniprésence de deux axes de variabilité importante.	34
2.17	Premiers plans factoriels des ACPs <i>floues</i> pour chaque trait. Chaque point représente un site (Cf. Fig. 2.16). Les ellipses permettent de résumer la dispersion des sites dans le plan factoriel par HER i.e., la variabilité des sites de chaque HER pour le trait considéré.	35
2.18	Lien entre proportions de chaque modalité de trait (cercles blancs) dans la base Europe (527 stations) et dans la base RMC (118 stations). (a) Données brutes en "%". (b) Racine carrée du "%" (normalité des distributions).	37
2.19	ACP normée des écarts de chaque site de référence à la moyenne de référence sur le bassin RM basés sur les proportions de catégories de traits. (a) Plan factoriel 1-2. (b) Plan factoriel 3-4	38
2.20	Différences en % entre les proportions de modalités de traits dans chaque HER I et la moyenne du bassin RM pour les catégories de traits induisant le plus de différences entre sites de référence.	39
2.21	(a) Projection en individus supplémentaires des 6 stations test sur le premier plan factoriel des 118 stations de référence. (b) Projection en individus supplémentaires des 3 stations test de l'Amous sur le premier plan factoriel des 20 stations de référence de la région Méditerranée.	40
22	(A) Relation entre la classe de l'IBGN (≤ 4 : mauvaise qualité biologique, ≥ 17 : bonne qualité biologique) et la classe de qualité physico-chimique de l'eau de 591 sites diversement impactés. Les carrés sont proportionnels à l'effectif de chaque couple, le cercle noir identifie la valeur moyenne de l'IBGN pour une classe donnée assortie d'un écart-type (trait vertical); (B) idem avec séparation des données en zone salmonicole (ou zone amont, $n = 241$) et zone cyprinicole (ou zone aval, $n = 250$).	95
23	Résultat d'une AFC réalisée sur les données de [4]. Q1-Q7 représente les classes de qualité depuis la bonne qualité (Q1) à la plus mauvaise (Q7). Chaque indice est repéré par un acronyme avec SAP : Indice des saprobie, LQI : Lincoln Quality Index, TBI : Trent Biotic Index, EBI Extended Trent Biotic Index, IB68 : Indice Biotique, IB70 : IB68 : Indice Biotique, IBGN : Indice Biologique Global Normalisé, BBI1 : Indice Biotique Belge, BBI2 : Indice Biotique Belge (incluant les singletons), FBI : Family Biotic Index, BMWP1 : Biological Working Monitoring Party 1, BMWP2 : Biological Working Monitoring Party 2. Le graphe des valeurs propres (insert) matérialise la quantité de variabilité extraite par les deux premiers axes (notés 1 et 2).	95
24	Exemples de distribution de tronçons de grands cours d'eau bien classés pour cinq types de conditions environnementales ($n = 68, 65, 142, 66$ et 341 respectivement) sur la base de combinaisons de traits biologiques pour lesquelles des prédictions sont faites sur l'effet d'un impact global (IG), l'effet d'une pollution métallique (PM) ou l'effet du trafic fluvial (TF) (d'après [56]).	96

Liste des tableaux

1	Les Hydroécocorégions de niveau I dans le bassin RM [Wasson et al. 2002].	7
1.1	Liste des sites de références DIREN sélectionnés pour un échantillonnage complémentaire à deux saisons (Coord : Coordonnées Lambert II étendu).	10
1.2	Nombre de saisons échantillonnées sur la période d'échantillonnage considérée.	11
1.3	Répartition des échantillons selon les mois et les années.	11
1.4	Identification des traits biologiques utilisés (d'après [Tachet et al. 2002]).	13
2.1	Liste des taxons présents dans toutes les HERs de niveau I et des taxons spécifiques d'une HER I (tous niveaux taxonomiques).	17
2.2	Liste des taxons présents dans toutes les HERs de niveau I et des taxons spécifiques d'une HER I au niveau genre.	17
2.3	Nombre de sites et richesses taxonomiques dans le jeu de données réduit.	18
2.4	Résultats des modèles linéaires généralisés pour trois métriques usuelles de biodiversité.	19
2.5	Liste des sites dont la différences en termes de composition en modalités de traits par rapport à la moyenne du bassin RM est importante.	38

ANNEXES

Annexe A - Liste des 118 stations considérées dans ce rapport.

site	river X	Y	her1	her2	strahler	statut	
6002000	LANTERNE	880321	2311832	10	98	5	rpd
6004750	MORTE	864844	2274679	10	75	1	rpd
6006900	OGNON	927170	2323685	4	63	2	R
6011760	TILLE	804975	2294525	10	99	2	R
6017095	DOUBS	895860	2196800	5	3	1	R
6020460	DESSOUBRE	925148	2254133	5	2	3	rpd
6031400	LOUE1	899199	2233881	5	2	1	rpd
6040600	GROSNE	779320	2177565	15	81	4	R
6040740	GRISON	786775	2178025	15	81	2	R
6044870	SANE	812845	2176605	15	84	3	rpd
6051350	ROCHEFORT	770570	2134436	3	86	1	R
6061600	GRAND FORON	924765	2120965	5	79	2	R
6062400	FORON TANINGES	930550	2137770	5	6	3	R
6065450	EDIAN	938167	2149187	5	6	2	R
6067760	SEMINE	866772	2144110	5	5	2	R
6067802	VALSERINE	884670	2161899	5	5	1	R
6068900	USSES	894922	2120559	5	76	2	R
6069650	MANDORNE	843012	2113388	5	5	2	R
6070400	CHERAN	900105	2078680	5	79	3	R
6076720	FURANS	850251	2099046	5	5	1	rpd
6078200	GUIERS MORT	867719	2046175	5	79	3	rpd
6082180	LAVANCHON	859595	2012180	5	11	3	rpd
6083590	AIN1	879125	2200157	5	3	2	rpd
6083645	SAINE	881604	2190056	5	3	3	R
6092000	AIN2	823465	2094780	5	85	5	rpd
6101247	REGRIMAY	815240	2036337	5	85	1	R
6101905	CANCE	770163	2021604	3	86	2	R
6104900	GALAVEYSON	820669	2034455	5	85	1	R
6105568	DOUX1	770001	2005432	8	71	3	R
6106000	DOUX2	794193	2010927	8	71	4	rpd
6106665	BOISSE	820437	1996727	5	11	1	R
6106935	DORNE	758465	1985110	8	71	3	R
6107980	ROANNE	832790	1967700	7	14	3	R
6110900	VEBRE	817712	1964627	7	14	1	R
6114155	LIGNON	744770	1960427	8	71	2	R

site	river X	Y	her1	her2	strahler	statut	
6114800	BORNE	730772	1956874	8	71	3	R
6115700	ARDECHE	780116	1923651	6	105	6	rpd
6116625	ESTABLET	848188	1946359	7	14	2	R
6117220	LEZ	810934	1939344	6	105	3	R
6118500	RIEUTORT	723092	1926700	8	71	2	rpd
6118550	LUECH	729705	1926148	8	71	4	R
6119950	SEGUISSOUS	754506	1909709	6	104	1	R
6123700	SORGUE	824649	1883836	6	56	1	R
6127050	GALEIZON	735122	1907636	6	104	4	R
6133330	DORON CHAMPAGNY	944865	2060448	2	10	3	R
6135350	PLANAY	933871	2103029	2	101	2	R
6137560	DORON TERMIGNON	951037	2041502	2	10	3	R
6138410	VALLOIRETTE	921093	2023360	2	9	3	R
6138600	ARVAN	905871	2031822	2	9	3	R
6142620	BONNE	896920	1992378	2	12	2	R
6143650	VENEON	901229	2003635	2	12	3	R
6146660	BRUYANT	857124	2022426	5	11	1	R
6147220	DREVENNE	846586	2026479	5	11	3	R
6147240	TRERY	839638	2031553	5	85	2	R
6147525	BOURNE	853356	2015510	5	11	2	rpd
6148800	SAVASSE	819163	2021706	5	85	1	R
6149900	CLAREE	943011	2002744	2	107	3	R
6150790	GUIL	945639	1973949	2	107	5	R
6151900	UBAYE	952068	1956591	2	107	3	R
6152400	REALLON	917363	1965181	2	107	2	R
6153650	SASSE	905781	1933813	7	106	2	R
6156230	MEOUGE	877426	1924933	7	14	3	rpd
6157750	BES	914619	1926225	7	106	3	R
6159385	ASSE	914849	1897674	7	106	4	R
6166900	TECH	603892	1711843	1	24	1	R
6172880	AGLY	608240	1762005	6	114	2	rpd
6172930	BOULZANE	597270	1747126	1	24	2	R
6173563	MOUGES	626450	1771595	6	114	2	R
6175400	AUDE	577916	1727618	1	24	1	R
6175517	GALBE	576903	1736868	1	24	2	R
6178006	ILOUVRE	646654	1827375	8	103	3	rpd
6178800	ORBIEL	597498	1826138	3	72	1	R
6178865	RIEUTORD	602255	1820747	3	72	3	R
6179615	ORBIEU	615081	1777965	6	105	4	rpd
6181945	VIS	692760	1878102	19	115	3	R
6182045	LAMALOU	717744	1870144	6	104	1	R
6182062	BUEGES	701917	1868828	6	104	2	rpd
6200700	REAL COLLOBRIER	924036	1812455	6	108	3	R
6202750	ARGENS1	897608	1841242	6	112	4	rpd
6205090	ARGENS2	920964	1837920	6	112	5	rpd

site	river X	Y	her1	her2	strahler	statut	
6205455	NATURBY	931109	1851891	7	17	3	R
6207400	SIAGNE	959680	1859262	6	112	4	R
6210450	VAR1	959337	1893312	7	106	5	R
6211000	VAR2	988202	1891712	7	106	5	R
6212500	ESTERON	987529	1883410	7	106	4	R
6213000	VAR3	992220	1863946	6	112	5	rpd
6300001	ALBARINE	847725	2109150	5	5	3	rpd
6300092	GAPEAU	897919	1811831	6	112	2	R
6406400	BEULETIN	918614	2324638	4	63	2	R
6413240	FOURCHES	886428	2306520	10	98	1	R
6440370	MALGERARD	882644	2272017	10	75	1	R
6450600	THEVEROT	918138	2228867	5	3	1	R
6457575	MADELEINE	942826	2315118	4	63	2	R
6458650	SAVOUREUSE	936351	2317582	4	63	3	R
6463600	DOULONNES	857931	2241215	15	4	1	R
6464775	CLAUGE	847019	2233019	15	4	3	R
6467700	CUISANCE	864110	2215910	5	2	2	R
6486590	BALERNE	869369	2197878	5	2	2	R
6491170	SEILLE	851538	2198325	5	2	2	rpd
6580362	VERNAISON	844328	2004863	5	11	3	R
6580437	DROME	808274	1973631	6	105	4	rpd
6580556	GUIERS VIF	875443	2052044	5	79	1	R
6580571	GRENANT	867711	2064017	5	76	2	R
6580822	SIERRE	885559	2086090	5	76	2	R
6592020	MERLET	906836	2042718	2	101	1	R
6594800	HERBASSE	821249	2029812	5	85	2	R
6594900	BAUME	757083	1940589	6	104	5	rpd
6700075	BEVERA	1007742	1898101	2	107	1	R
6700125	LOUP1	974737	1873402	7	17	3	R
6700175	LOUP2	981916	1865578	6	112	3	rpd
6700260	PAILLON CONTES	999728	1889232	6	112	2	R
6710020	VAR4	974634	1893798	7	106	5	R
6710039	TOULORENC	835329	1916384	7	14	3	R
6800000	PISSEUR	826080	2127350	15	7	1	R
6820073	VAREZE	812017	2052750	5	85	2	R
6820138	GIER	772226	2048257	3	86	3	R
6820180	VANNE	872619	1981513	5	80	3	R
6940005	LOUE2	877363	2236786	5	2	3	rpd

Annexe B - Valeurs remarquables des proportions de modalité de traits sur les sites de références du bassin RM (RMC : Moyenne générale; 01 = Pyrénées; 02 = Alpes; 03 = Massif Cent Sud; 04 = Vosges; 05 = Jura; 06 = Méditerranée; 07 = Préalpes Sud; 08 = Cévennes; 10 = Cote Calcaire; 15 = Plaine Saône; 19 = Grands Causses).

Trait	modalité	RMC	1	2	3	4	5	6	7	8	10	15	19
Taille maximale	≤0,25 cm	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.03	0.01	0.01	0.00
	>0,25-0,5 cm	0.21	0.20	0.09	0.22	0.18	0.22	0.25	0.22	0.22	0.20	0.20	0.23
	>0,5-1 cm	0.33	0.37	0.40	0.33	0.36	0.31	0.33	0.31	0.35	0.32	0.32	0.34
	>1-2 cm	0.31	0.34	0.42	0.29	0.33	0.32	0.24	0.29	0.28	0.30	0.30	0.28
	>2-4 cm	0.13	0.08	0.10	0.12	0.12	0.13	0.15	0.16	0.12	0.14	0.15	0.13
	>4-8 cm	0.01	0.00	0.00	0.02	0.01	0.01	0.02	0.01	0.01	0.01	0.02	0.01
Durée du cycle de vie	>8 cm	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01	0.00
	≤ 1 an	0.63	0.67	0.69	0.61	0.64	0.63	0.61	0.60	0.65	0.62	0.62	0.66
N pot cycle de repro. ar an	> 1 an	0.37	0.33	0.31	0.39	0.36	0.37	0.39	0.40	0.35	0.38	0.38	0.34
	<1	0.15	0.17	0.21	0.17	0.18	0.14	0.12	0.18	0.17	0.10	0.10	0.16
	1	0.66	0.73	0.68	0.69	0.68	0.66	0.63	0.63	0.65	0.69	0.66	0.65
Stades aquatiques	>1	0.19	0.11	0.10	0.13	0.14	0.20	0.24	0.19	0.18	0.21	0.24	0.19
	oeuf	0.42	0.42	0.46	0.41	0.42	0.42	0.41	0.42	0.42	0.40	0.40	0.42
	larve	0.40	0.40	0.44	0.41	0.41	0.41	0.38	0.42	0.40	0.37	0.36	0.38
	nymph	0.08	0.10	0.07	0.09	0.08	0.07	0.08	0.07	0.09	0.09	0.07	0.10
Mode de reproduction	imago	0.10	0.08	0.03	0.10	0.08	0.10	0.14	0.09	0.09	0.14	0.17	0.10
	ovoviviparité	0.07	0.03	0.04	0.06	0.04	0.07	0.09	0.05	0.05	0.11	0.13	0.06
	oeufs isolés libres	0.04	0.02	0.05	0.04	0.04	0.04	0.05	0.07	0.04	0.03	0.04	0.04
	oeufs isolés fixés	0.31	0.36	0.50	0.27	0.33	0.31	0.23	0.33	0.30	0.21	0.19	0.27
	pontes fixées	0.45	0.47	0.34	0.48	0.46	0.45	0.48	0.42	0.49	0.51	0.46	0.50
	pontes libres	0.02	0.01	0.02	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02	0.01	0.02	0.02	0.01
	pontes endophytiques	0.03	0.01	0.00	0.03	0.02	0.02	0.07	0.04	0.04	0.04	0.07	0.05
	pontes terrestres	0.08	0.09	0.05	0.11	0.09	0.09	0.06	0.08	0.06	0.06	0.08	0.07
Mode de dispersion	reproduction asexuée	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01	0.00	0.01	0.01	0.02	0.00
	aquatique passive	0.35	0.34	0.35	0.34	0.35	0.36	0.34	0.34	0.34	0.36	0.37	0.33
	aquatique active	0.27	0.28	0.30	0.27	0.27	0.27	0.27	0.26	0.26	0.27	0.28	0.26
	aérienne passive	0.09	0.09	0.06	0.09	0.09	0.09	0.10	0.08	0.10	0.10	0.09	0.11
Forme de résistance	aérienne active	0.29	0.30	0.28	0.30	0.29	0.29	0.29	0.32	0.30	0.27	0.26	0.31
	oeufs, statoblastes	0.16	0.14	0.20	0.13	0.14	0.15	0.14	0.20	0.16	0.12	0.12	0.14
	cocons	0.04	0.03	0.02	0.04	0.03	0.04	0.04	0.02	0.03	0.07	0.07	0.02
	logettes	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00
	diapause	0.16	0.18	0.16	0.16	0.16	0.15	0.18	0.14	0.15	0.17	0.23	0.17
	aucune	0.65	0.66	0.62	0.67	0.67	0.66	0.64	0.64	0.67	0.64	0.58	0.66
Respiration	tégument	0.46	0.50	0.58	0.45	0.45	0.45	0.45	0.42	0.46	0.44	0.43	0.44
	branchies	0.43	0.40	0.36	0.43	0.45	0.44	0.44	0.47	0.43	0.46	0.45	0.47
	plastron	0.06	0.06	0.03	0.07	0.06	0.07	0.07	0.07	0.07	0.06	0.06	0.06
Locomotion	aérienne	0.04	0.04	0.03	0.05	0.04	0.04	0.05	0.05	0.04	0.04	0.07	0.03
	volant	0.03	0.02	0.01	0.03	0.03	0.03	0.03	0.03	0.03	0.03	0.03	0.03
	nageur de surface	0.02	0.02	0.01	0.02	0.02	0.01	0.02	0.02	0.02	0.02	0.03	0.00
	nageur	0.10	0.06	0.10	0.08	0.08	0.10	0.11	0.10	0.10	0.12	0.11	0.08
	rampant	0.64	0.66	0.73	0.63	0.66	0.64	0.60	0.64	0.63	0.59	0.57	0.66
	fouisseur	0.08	0.06	0.04	0.08	0.08	0.08	0.09	0.08	0.07	0.09	0.11	0.08
	interstitiel	0.05	0.05	0.06	0.04	0.05	0.05	0.04	0.05	0.05	0.05	0.04	0.05
	attaché temporaire	0.09	0.11	0.05	0.12	0.09	0.08	0.10	0.07	0.10	0.09	0.10	0.10
Type de nourriture	attaché permanent	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01	0.01
	sédiments fins	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.00	0.01
	détritus < 1 mm	0.16	0.17	0.18	0.16	0.16	0.17	0.15	0.17	0.17	0.15	0.14	0.14
	détritus ≥ 1 MM	0.13	0.14	0.15	0.13	0.15	0.14	0.12	0.12	0.12	0.13	0.13	0.18
	microphytes	0.34	0.40	0.32	0.38	0.36	0.36	0.32	0.33	0.34	0.34	0.31	0.37
	macrophytes	0.09	0.09	0.11	0.07	0.09	0.09	0.11	0.08	0.10	0.10	0.09	0.11
	animaux morts > 1 mm	0.03	0.02	0.02	0.02	0.02	0.03	0.03	0.03	0.02	0.03	0.03	0.02
	microinvertébrés	0.07	0.05	0.04	0.06	0.06	0.07	0.08	0.06	0.07	0.08	0.10	0.05
Mode d'alimentation	macroinvertébrés	0.16	0.12	0.16	0.16	0.15	0.14	0.18	0.19	0.17	0.16	0.19	0.12
	vertébrés	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.01	0.01	0.00
	mangeur de sédiments fi	0.07	0.07	0.08	0.06	0.08	0.08	0.07	0.09	0.08	0.06	0.06	0.08
	déchiquetteur	0.32	0.34	0.44	0.30	0.35	0.32	0.26	0.31	0.31	0.27	0.24	0.35
	racleur	0.35	0.41	0.32	0.39	0.37	0.37	0.34	0.33	0.36	0.35	0.32	0.40
	filtreur	0.07	0.07	0.03	0.08	0.07	0.07	0.08	0.07	0.06	0.09	0.10	0.05
Mode d'alimentation	perceur	0.04	0.01	0.00	0.02	0.02	0.03	0.06	0.04	0.04	0.05	0.07	0.02
	predateur	0.15	0.09	0.13	0.15	0.12	0.14	0.18	0.16	0.15	0.16	0.19	0.10
	parasite	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.01	0.00

Annexe C - Article à soumettre dans *Ecological Indicators*.

Influence of spatio-temporal variability on biodiversity measurements in reference situations : a case study with stream macroinvertebrate communities.

Nicolas Péru*, Sylvain Dolédec

UMR CNRS 5023, Ecologie des Hydrosystèmes Fluviaux, Université Lyon 1, Villeurbanne,
F-69622, France

*Corresponding author : Nicolas Péru, UMR CNRS 5023, Ecologie des Hydrosystèmes Fluviaux,
Université Lyon 1,

43 Boulevard du 11 novembre 1918, F-69622, Villeurbanne Cedex, France

E-Mail address : nicolas.peru@univ-lyon1.fr

INTRODUCTION

Since the establishment of the European Water Framework Directive, freshwater biomonitoring in Europe has focused on the objective of “good” ecological status of surface waters for 2015. This assessment should (1) reflect ecosystem functioning and account for the maintenance of biodiversity and (2) be based on a reference condition approach implying an agreement towards the definition of “reference” for different water bodies (lakes and rivers) and biotic component (fishes, invertebrates, macrophytes and diatoms). This has renewed the debate on the design of nation-wide biomonitoring tools design needed to assess freshwater ecosystems ecological status. In the specific context freshwater running water ecosystems, benthic invertebrate communities are widely used and have proved their efficiency and reliability to detect environmental pollution (see a review in Bonada et al., 2006). Current biomonitoring tools based on such communities seems not to meet WFD requirements. For example, biomonitoring in France essentially used a biological index the IBGN (AFNOR, 1992) based on the presence/absence of differently sensitive invertebrate families without any comparison to a reference. In addition, each European country has its own biomonitoring tool needed either an harmonization of existing methodologies (e.g., Furse et al., 2006) or the definition of new biomonitoring tools.

Although biological indices partly differ by their protocols (e.g., Wright et al., 2000 ; Reynoldson et al., 1997), they all share (explicitly or not) the commonly accepted statement that the absence of some expected taxa is helpful to detect environmental pollution, which is highly dependent on taxonomic richness. Whether taxonomic richness reflect ecosystem functioning is however still under question in the biodiversity debate (McCann, 2000 ; Loreau et al., 2001 ; Hooper et al., 2005). Moreover, although taxonomic richness (total taxa or sum of selected taxa e.g., EPT index) is the most simple measure of biodiversity it considers all species equivalents basis regardless of their ecological function. Diversity indices (e.g., Simpson or Shannon index), which incorporate species abundances (or frequencies) also consider species to have an equivalent role in ecosystems. The use of Functional Feeding Groups (FFG) is a first attempt to include species identity in ecological assessment . Such a taxa grouping is based invertebrates feeding habits and mouthpart morphology (Rawer-Jost et al., 2000 ; Merritt et al., 2002 ; Merritt et al., 2008) and are thus directly linked to

ecosystem functions.

Recent proposals for measuring biodiversity aims at incorporating the multiple traits of species (Rao, 1982; Petchey and Gaston, 2002; Petchey et al., 2004) and allow to take into account the specificity of each species. According to the way how differences are measured between species one can consider taxonomic (e.g., Clarke and Warwick, 1998), genetic (e.g., Nei & Tajimma, 1981, Shimatani, 2001) or morphological (e.g., Izsak & Papp 1995) biodiversity. Among these recent proposals, Rao's quadratic entropy measures the diversity at sites by weighting the co-occurrence of species by their biological distance. In particular, biological distances may be derived from biological traits (e.g., life history, diet) that are shared by all living organisms involving a shift from species diversity towards functional diversity and making quadratic entropy a good candidate for large scale biomonitoring of ecosystem functioning (e.g., Ghilarov, 2000, Leps et al., 2006, Diaz et al., 2007) and for rivers ecological assessment in the specific context of WFD (e.g., Bady et al., 2005).

Whichever the biodiversity measurement for biomonitoring, the second critical aspect of a biomonitoring tools concerns the reference condition approach, which requires an evaluation of the degree of stability of communities in non-impacted sites. To circumvent the problem of natural variability of communities across large geographic area managers have often adopted a partition into ecoregion (e.g., Omernik, 1987; Omernik and Bailey, 1997; Wasson et al., 2002a). The use of ecoregions facilitate the definition of the biological reference and helps the organization of environmental management. They usually are delineated using GIS databases, which include information on broad physico-chemical characteristics on geology, climate, relief and vegetation cover. In France, 22 such ecoregions were defined by Wasson et al. (2002a). Coupled with Strahler ranking, ecoregions give managers an universal river typology that provides a framework for river management and is the starting point for reference definition.

The response of recently developed biodiversity measures (see above) at a large scale has not yet been deeply studied (but see, Bady et al., 2005; Heino et al., 2008). One preliminary step for using a biodiversity measure in a biomonitoring context is to evaluate its degree of stability in reference conditions. In this paper, we assess the response of selected biodiversity measures in response to seasonal variations and to a pre-defined ecoregional partition of a large European river catchment. We consider biodiversity indices covering several aspects of biodiversity : (1) Overall taxonomic richness and EPT richness (e.g., Compin and Céréghino, 2003), (2) Simpson diversity and (3) overall Rao's diversity. We conclude on the natural variability of each measure at a regional scale and the consequences in terms of environmental management.

MATERIAL AND METHODS

Study area

The study area covers southeastern France and includes the French Rhône River drainage basin (90,630 km²; see Fig. 1). The catchment comprises contrasted landscapes that combine a latitudinal climate gradient from a continental temperate to Mediterranean and mountain influences (Alps >1500 m and Massif Central <1500 m). Precipitations thus present a high degree of seasonal variability over the catchment. The Saône river floodplain followed and the Rhône river floodplain wander across the middle axis of the catchment. Geology also provides another level of large scale environmental variability from calcareous to more acidic substrate (granite) and including less porous substrate in some areas (clay). This environmental variability expectedly influences plant and animal diversity. In particular, stream fauna disposes of a large spectrum of river types having different water chemistry, various hydrological regime and geomorphological attributes.

Ecoregions

For this study, we used the Hydro-EcoRegions (HER) defined by Wasson et al. (2002a). A HER represents large areas (between 9,700 and 33000 km²; Wasson et al., 2002a), which summarizes environmental information through important environmental factors divided into three groups : (1) factors describing basin physical structure (geology, relief and hydrography) and (2) climate factors (annual precipitations, maximal temperature) and (3) the type of potential natural vegetation. A GIS database coupled with a digital elevation model (square side-length 250 meters) was used to cut the basin into units considered as homogeneous in terms of dominant physical processes. Our data originally consisted of 118 reference sites spread over eleven ecoregions determined by GIS. Because some ecoregions had a low number of reference sites, we considered only 6 ecoregions out of the 11 predefined ones to preserve enough statistical power. These 6 ecoregions represent 99 reference sites and included from the north to the south and from the west to the east of the catchment : (1) the Saône river floodplain, (2) the Jura and Northern Prealps, (3) the central part of Alps, (4) the Cévennes mountains (southeastern Massif Central), (5) the Southern Prealps, and (6) the Mediterranean region.

Data sets

Macroinvertebrates samples were taken at 99 sites of best possible quality. Reference status was ensured by an examination of their catchment looking for as weak as possible level of anthropogenic activities. Selected sites were distributed along 90 rivers spread over the six ecoregions (Table 1 and Fig. 1). The very diverse river profiles ranged from high mountains streams with high flow velocities to plain rivers with sinuous courses and included specific profiles such as braided rivers or short coastal rivers flowing directly to the Mediterranean sea.

Field work was performed by different national environmental agencies following a common protocol (Usseglio-Polatera and Wasson, 2004). For each site, two sampling surveys per year, at low water level periods, were conducted during two years (2005 and 2006). Benthic invertebrates were sampled with a Surber net (0.1 m², mesh size 500 μ m) in twelve microhabitats differing by their substrate type and current velocity. Among these twelve Surber samples, eight were taken in the dominant habitats in terms of surface at a site and four in rarer ones. Such a protocol thus maximizes habitat heterogeneity and consequently species richness and includes the former protocol of the French biotic index, based on the sampling of only 8 microhabitats (IBGN ; AFNOR, 2004). Samples were preserved in the field in 70% ethanol and were sorted in the laboratory, counted and identified mostly at the genus level (except for few families of Coleoptera and Diptera identified at the family or subfamily level).

Measurement of diversity and data analyses

To assess for the temporal stability of reference situations, we first conducted a within-HER analysis to eliminate an ecoregional effect, followed by a between-class PCA (log-transformed data with season as class), a particular case of constrained multivariate analysis in which only one factor (season) served as the explanatory variable (Dolédec and Chessel, 1987). The significance of the overall difference between season (between-season variance) was tested against simulated values obtained after 1,000 permutations of the rows of the taxonomic and trait-composition tables.

Traditional measurements of diversity

Taxonomic and EPT richness metrics were both determined by a simple count of taxa under interest for each site. Simpson diversity for each site k was assessed as :

$$D_k = \sum_{i=1}^{S_k} p_{ik}^2$$

(1) with S_k , the richness of site k and p_{ik} the relative abundance of i th taxa in site k . We considered $\frac{1}{D_k}$ rather than the commonly used index $1 - D_k$, to correct for a saturation bias encountered with high richness and leading to misinterpretations (see Jost, 2007 for some precisions).

Functional diversity

To assess functional diversity, we used a database characterizing invertebrates on 11 biological traits (e.g., size, life cycle, dispersal potential, food and feeding habits) described in 61 categories (see a full description in Tachet et al., 2002; Statzner et al., 2007). Information on traits were elicited from expert knowledge and various literature sources (e.g., Bournaud et al., 1992) and expressed through a kind of fuzzy coding technique (Chevenet et al., 1994). This coding consists in assigning, for each genus, an affinity (a_k) to each trait category ($1 \leq k \leq h$). The affinity range between a score of "0" (no affinity) and "3" (maximal affinity) for a given trait category. We further scaled this information as follows :

$$q_k = \frac{a_k}{\sum_{k=1}^h a_k}$$

with

$$q_k \geq 0$$

and

$$\sum_{k=1}^h q_k = 1$$

We finally performed a %PCA on each of the eleven trait frequency arrays (see e.g., Debilly et al., 2000). In this case, PCA has the advantage of ordering species by taking into account the difference between ordinal traits (e.g., maximal size, number of reproduction cycle per year) for which categories are ordered (i.e., a small species is closer to a medium sized species than to a large species) and nominal traits (reproduction, dispersal), which are non-ordered categorical variables.

As functional diversity should be a measure of the functional difference among taxa in a community (Petchey and Gaston, 2002), we considered Rao quadratic entropy (further denoted QE instead of $H(p)$ as in Chessel and Champely, 2002, for simplifying the acronym) as follows :

$$QE_k = \sum_{i,j=1}^S p_{ik} p_{jk} [d_{ij}]^2$$

with S_k , the site taxonomic richness, p_{ik} and p_{jk} the relative abundances of the i th and j th taxa in site k and $[d_{ij}]$ the dissimilarity (i.e., as measured by Euclidean distance) between taxa i and j . In order to obtain a more complete description of functional diversity in reference conditions, the value of $[d_{ij}]$ has been computed on the total trait matrix (61 categories, overall QE) and also on each of the eleven separated trait matrix, thus giving eleven different insights of functional diversity. Before entering any of the diversity measures (traditional and functional) in models computation, we scaled them according to equation (3) below :

$$Y_k = \frac{x_k - \min(X)}{\max(X) - \min(X)}$$

where Y_k , x_k and X , stand for respectively the obtained scaled value, the value of the diversity measure at site k , and the vector of diversity values before scaling. \min and \max correspond to the mathematical operators minimum and maximum. This scaling is a mapping from real values to $[0,1]$ interval, producing proportion-like variables (Sneath and Sokal 1973, Milligan & Cooper 1988). Consequently, Y_k can be read as the proportion of the observed x_k range for site k .

Modelling

We performed General Linear Models (GLM) on the scaled biodiversity metrics (equation (3) above) to assess the ability of the ecoregional partition (HERs) and the additional effect of temporal variability for explaining the distribution of our selected biodiversity metrics. Seasonal effect tests have been done on a data set containing information for 392 sampling campaign (covering three seasons : Spring, summer and winter, but each site was sampled only for two of the three season) on the 99 sites that have been added to give the dataset for testing the ecoregional effect (see results for the reason of this pooling). We used a logit link and chose a quasi-binomial error distribution. This kind of GLM requires only the dependant variable to vary in the $[0,1]$ interval and so, allow to treat all our scaled metrics with a common mathematical framework. In addition, quasi-binomial models involve an estimation of a dispersion parameter to take into account overdispersion (larger observed variance than expected, McCullagh and Nelder, 1989). In addition to the assessment of HER (large scale) effect, we also tested the addition of environmental variables defined at a local scale (i.e, site).

We chose several variables for their known effect on benthic invertebrates distribution : altitude, slope, shear stress (reestimated according equations given in Lorang et al. 2003), river width and conductivity. Distributions normality of these variables has been obtained by applying a square root transformation to the first three and a log-transformation for the other two. Models parameters significance was assessed by analysis of deviance between the null model and the model including explicative variables (HER and/or local variables) and validated by an “F” test. Finally, the general fitting ability of models was measured by McFadden’s pseudo R^2 . Residuals diagnostic was used to precise models quality as recommended in books on GLM (McCullagh and Nelder, 1989, Agresti, 2002) and also to furnish a practical examination of diversity geographical patterns across ecoregions. Hence, we considered the sign and the absolute value of deviance residuals to describe the spatial organization of diversity in the six ecoregions. A high absolute value means that the predicted value given by the model is away from the real observed value and conversely, a low residual absolute value indicates a good prediction of the observed value. Consequently, a better model would imply a significative diminution of mean absolute value of residuals (a diminution of grey triangle size in comparison to white ones on map, see Fig. 2). The sign of residuals informs on the direction of the lack of fit between observed and predicted values. A positive residual is obtained when the predicted value is weaker than the observed one and conversely, a higher predicted than observed value give a negative residual. In the first case, the model underestimate the real value and overestimate in the second. To keep simple, we only give a graphical results of residuals value by plotting them on a map of the study area (Fig. 2 below).

We used R-2.8.1 (R Development Core Team 2008) for all analyses and figures.

RESULTS

Seasonal effet

Between-class PCA performed on the within HER analysis (to correct for the ecoregional effect), demonstrated a statistically significant difference in benthic invertebrate assemblages between seasons (simulated- $p < 0.001$). However, the observed difference explained less than 4% of total

variability.

The assessment of seasonal effect on biodiversity metrics through GLM generally revealed a significant but weak relationship between observed values and seasons. For most metrics, seasonal effect explained less than 4% of the overall variability except for the overall taxonomic richness for which seasonal effect was a bit higher (see Table 2).

Ecoregional effect

Since the temporal effect was weak, we pooled abundance at the site level and we tested the hypothesis that biodiversity metrics would have an ecoregional distribution (difference among HERs) and therefore that those metrics should be greatly influenced by large spatial scale environmental variables defining HERs. In other words, we tested if metrics regional means significantly differ from the overall catchment mean (Table 3).

Correlations among metrics

Before testing our hypotheses, we computed Spearman rank correlation coefficient among metrics (Table 4). Total genus richness and EPT genus richness showed the strongest correlation among diversity metrics. EPT genus richness was correlated to Simpson's diversity to a lesser extent but exhibit a not very strong correlation with QE whereas this latter one was well correlated to D. Finally, total richness, D and QE had a limited correlation.

Modelling

Taxonomic richness Analysis of deviance revealed a significant regional partition of taxonomic richness (Table 5) with a pseudo- R^2 of 0.49. However, taxonomic richness in the Jura and northern Prealps and southern Prealps HERs were in average close to the overall catchment richness leading to low differences between null and ecoregional model residuals (Fig. 3a). According to the frequent negative signs of residuals (Fig. 3a), taxonomic richness of the Mediterranean, Cévennes and Saône flood plain HERs were underestimated by the null model for most of their sites (most observed values were above the overall mean, see Fig. 4a). Standardized deviance residuals value were decreased when using the ecoregional model especially for the "Cévennes" ecoregion (Fig. 3a). Contrary to the latter three regions, richness in the central Alps was overestimated by a null model and 85% (n=14) of the absolute residuals value were decreased by the ecoregional model.

In addition, signs of residuals showed that within Jura and northern Prealps, the generic richness may be spatially organized (Fig. 3a). Indeed, most of sites close to the central Alps had negative residuals with quite high absolute value indicating that their species richness were greatly overestimated by the ecoregional model (and also the null model because means, of this ecoregion and overall catchment, had a close value).

EPT genus richness EPT genus richness also varied significantly with ecoregion (Table 5) with a pseudo- R^2 of 0.38. Ecoregional means differ from overall catchment mean only for Cévennes and the central Alps HERs, which had respectively in average a greater and a lower EPT genus richness than the overall catchment (Fig. 2b). In these HERs, decrease of the standardized deviance residuals value concerned 75 and 77% of the total sites number respectively. While the total richness in the Mediterranean and Saône floodplain HERs was well predicted by an ecoregional model, their EPT genus richness was not. As for its total genus richness, EPT genus richness the Jura and northern Prealps also showed a spatial trend of residuals values with a concentration of negative residuals in the south east part of the ecoregion.

Simpson diversity Simpson diversity did not show any ecoregional partition (pseudo- $R^2 = 0.06$; Table 5 and Fig. 3d). The central Alps, which behaved differently from other ecoregions for others metrics (mainly overestimated values with a null model), did not show any particular spatial trend.

Rao quadratic entropy Rao QE had no ecoregional partition (pseudo- $R^2 = 0.03$; Table 5 and Fig. 3e). Again, the central Alps did not show any particular spatial trend.

DISCUSSION

Classical diversity

Our purpose was to study the link between biodiversity and regionalization in a context of large scale biomonitoring. We used data from an extensive sampling design with consistent information on macroinvertebrate communities in nearly 100 sites. Each selected metric in this study covered a different aspect of biodiversity and/or has been frequently used in biomonitoring studies. European countries have chosen to treat spatial variability by working in environmentally homogeneous unit, i.e., the ecoregions. A general observation based on our results is that the capacity of HER to explain biodiversity distribution across environmental gradients depends on the way biodiversity is measured.

Results on taxonomic richness show a clear partition of biodiversity between ecoregions. Hence, a simple ecoregional model is able to explain about half of the natural biological variability. This is not so surprising as already reported by some authors (Sandin and Johnson, 2000). Richness distribution is clearly influenced by large scale environmental filters. So, an ecoregional model defined by landscape features is able to capture a consistent part of the connection between landscape attributes and taxonomic richness (Pyne et al., 2007). Similarly, ecoregions explained a satisfying part of the natural variability for the EPT richness model, which could be expected from the positive correlation between taxonomic and EPT richness. The decrease in pseudo- R^2 certainly mirror the particular spatial distribution of EPT taxa. Many EPT taxa are encountered in mountain streams as they need fast flowing well oxygenated waters with a low temperature and little anthropogenic impact. We found high EPT richness the central Alps and Cévennes mountains where these taxa account for 39% and 31% respectively of the total taxonomic richness whereas in the Mediterranean and Saône floodplain, they reach 26% and 20% respectively. The above models highlighted the specificity of the Alps. This specificity associated to streams under glacial or snowmelt influence has been reported by several authors (Castella et al., 2001; Hieber et al., 2005; Milner et al., 2006; Füreder, 2007) gave the specific alpine streams (Füreder et al., 2002).

Harsh environmental conditions homogenize streams profiles and consequently their biodiversity. In our study, the central Alps was the only HER representing a really harsh landscape filter. This great difference with other ecoregions made to the central Alps to highly contribute to models, which influences analysis of deviance results. If we assumed the relevance of the HER classifications, generic richness, a commonly accepted metric in biomonitoring tools development, could be a reliable metric to describe invertebrate community structure. However, richness bears some confounding bias. Firstly, species richness gives an equal weight to all species independently of their origin or biological characteristics. As example, if species were only counted according to their simple presence, introduction of invasive species would partially compensate extinction of native species (Devin et al., 2005) whereas invaders can be consider as an impact or a consequence of anthropogenic activities.

In fact, the question that remains to answer is to know if an ecosystem with a plenty of species is necessarily in good health and so if a decrease in the number of species can directly be interpreted

as an impact effect. This problem is found in the diversity-stability debate (McCann, 2000; Loreau et al., 2001; Hooper et al., 2005) in which some authors argue that high species richness confers resilience and resistance and then is a stabilizer of ecosystems processes. According to this vision, species richness could serve as a functional metric but with a quite distant link.

Functional diversity

Using different traits dealing with multiple aspects of ecosystems functioning is an advantage for a biomonitoring tool (Bonada et al., 2006). Abilities of traits data base to constitute a reliable biomonitoring tool has been demonstrated in numerous studies (Charvet et al., 2000; Statzner et al., 2005, Statzner et al., 2004). A measure of functional diversity based on such a data base can be a complementary information criterion providing an overall vision on the functional status (Bady et al., 2005; Botta-Dukat, 2005; Leps et al., 2006).

Bady et al. (2005) demonstrated the Rao's QE quickly saturated with sampling effort and hardly changed across season. Here, we expand this observation showing the stability of Rao's QE across ecoregions. Such a reliability of a biodiversity measurement is desirable in reference condition (e.g., Bonada et al., 2006) and represents a necessary property of a biomonitoring tool. But first, we should demonstrate if QE significantly change with impacts. Plus, we have to more precisely describe QE's ecological meaning in the case of invertebrates' biological traits.

However, besides this interesting property, two points constitute some issues for using Rao's QE as a biomonitoring tool. First, it mainly considers abundant species and minimizes rare ones (Rao, 1982; Hardy and Jost, 2008). This is a questionable point of view (Cao and Larsen, 2001; Marchant, 2002) depending on the data use (presence/absence, abundance or biomass) and the scale involved. In addition, a counter intuitive mathematical property of Rao's QE is a possible diminution of its value as species richness increase because its maximum is reached when some species frequencies equal 0 (Izsak and Szeidl, 2002; Botta-Dukat, 2005; Pavoine et al., 2005). Nonetheless, they should be partly solved by using original definitions of diversity measures. Indeed, recent works highlighted that common diversity indices are all special cases of more general entropies (Ricotta and Avena, 2003; Jost, 2006, Ricotta and Szeidl, 2006; Ricotta and Anand, 2006). Using these generalized entropies make useless the choice between presence/absence or abundance data since they enable to determine the degree of dependence on common species by a single parameter (the entropy order) : increasing the value of this parameter give higher weight to common taxa. This represents an interesting perspective for biomonitoring based on functional diversity particularly when between species differences can be added (Ricotta and Szeidl, 2006). A supplementary property of these indices is the possibility to be decomposed into biologically meaningful parts (Ricotta and Anand, 2006). For example, QE can be decomposed in among and within variability (Pavoine and Dolédec, 2005; Ricotta and Marignani, 2007), allowing the study of functional diversity through different spatial scale.

As we have seen before, using species richness (whatever the form it takes), involves that large scale environmental conditions play an important role in structuring communities. The French typology, based on a couple ecoregion/Strahler's rank, has been established to gather environmentally similar sites. In our study, we only investigated the ecoregion aspect because of a low ranks range in our data who led to a non-significant effect of Strahler rank on diversity measures distributions. It seems reasonable to assume that an ecoregional model should hold if it would enable (at least partly) to account for spatial autocorrelation at a landscape scale. However, observations done on studied indices ask some questions about ecoregions, particularly in the biomonitoring field.

Our results have highlighted the specificity of the central Alps especially for taxonomic and EPT richness. This is the only highland region in the catchment, which is represent the upper

course of rivers. The constant difference between the central Alps and the other HERs on biodiversity metrics probably also reflect the upstream-downstream gradient. This result is in agreement with works conducted on alpine area (e.g., Castella et al., 2001; Hieber et al., 2005; Milner et al., 2006), which underlined the specificity of alpine streams and the attributes of their invertebrate communities (e.g., Füreder et al., 2002).

Although the specificity of the central Alps are in favor of an ecoregional approach, such typology suffers from drawbacks implying additional costs in environmental management. Main critics and advantages of regionalization have been outlined by scientists when the ecoregions concept has been applied in the USA (e.g., Hawkins et al., 2000) and comparable observations were made in Europe (e.g., Heino et al., 2008). According to these studies, landscape classifications on an ecoregion-like basis could serve as an efficient frame to spatially organize sampling strategies (e.g., Omernik and Bailey, 1997; Hawkins et al., 2000). Notably ecoregions facilitate the identification of reference sites or help to define typologies (as the ecoregion/Strahler rank typology in France) but always staying in a geographical context. As explained by Omernik and Bailey (1997) and also underlined by Hawkins et al. (2000), the usefulness of an ecoregional partition depends on the study scale.

Many studies have concluded on the weak relationship between landscape classifications and biological components (Hawkins and Vinson, 2000; Sandin and Johnson, 2000; Li et al., 2001; Heino et al., 2002; 2008; Moog et al., 2004; Johnson et al., 2007). Conversely, other studies concluded to the utility of ecoregions for biological assessment (Feminella, 2000; Tison et al., 2007; Beauger and Lair, 2008) or applied it as an ecological statement (Butcher et al., 2003; Ferréol et al., 2008). But even if ecoregions could explain a significant part of biotic variation, rather spatial autocorrelation was responsible for these biotic variation since a proximity model has been proved to be at least as efficient as ecoregions to explain biotic variability (Van Sickle and Hughes, 2000). Additionally, some authors have found preferable to validate environmental classifications by biological variables (Reynoldson et al., 1997; Sanchez-Montoya et al., 2007) to ensure ecoregion reliability before including them in ecological assessment.

A general comment suggested by studies examining biological variability through different spatial scales, especially those implying ecoregions, is that local environmental variables have a greater effect on biological structure than landscape ones (Hawkins and Vinson, 2000; Sandin and Johnson, 2000; Li et al., 2001; Heino et al., 2002; 2008; Moog et al., 2004; Johnson et al., 2007). In addition, Pyne et al., 2007) advocated that the number of levels in the river hierarchy could blur the link between landscape attributes and biological characteristics. To complete, Hawkins et al. (2000) underlined that variability is not equally distributed among ecoregions leading to some differences between ecoregions in the prediction accuracy of biomonitoring tools. In addition, a given classification has been constructed at a given scale and for particular objectives and is only relevant in this context (Omernik and Bailey, 1997) as a statistical model is relevant only for the range of data from which it has been constructed. Then, this could partly explain the differences we observed between presence/absence-based and abundance-based diversity measures. Indeed, the presence of a species is controlled by large scale environmental characteristics (climate, geology, vegetation, elevation) more than the abundance of the species which is rather a matter of local productivity. As a result, our ecoregion model was able to describe taxonomic richness distribution but neither Simpson's diversity or Rao's QE. Consequently, to improve the predictive power of landscape classification, Wasson et al. (2002a) proposed to define finer level of ecoregion while others proposed to add local environmental features to ecoregional ones in assessment tools (e.g., Moog et al., 2004). Nevertheless, the former implies a greater number of reference and test sites and associated increasing assessment costs. For the the latter option using both ecoregions and local environmental characteristics may be seen as redundant as most of the ecoregional contour is generally derived from local information.

Other shortcomings concern sites at the edge of two or more ecoregions. In our study model residuals having a significant response to ecoregional partition demonstrated confounding patterns. For example, sites of the Jura and northern Alps close to the central Alps have a richness overestimated by their HER mean. It seems more likely that these sites have a richness closer to the mean richness of the central Alps than of the Jura and northern Alps. We did not find similar patterns in other ecoregions probably because of a lower number of sites. Nonetheless, our results implies that predictions for a given ecoregion would more accurate in the central part than at its edge because the mid part is more isolated from other regions. Finally, apart from considerations on the spatial scale, Hawkins et al. (2000), argue that it's essential for landscape classifications who aim at describing large-scale spatial structure of aquatic biota to incorporate historical effects of biogeographic processes. This lack in landscape classification such as the ecoregions of France could reduce predictive power of large-scale models using this classification.

Currently, statistics and GIS technology provide powerful methods to take into account spatially-organised environmental variability (e.g., Ollier, 2004; Walz, 2008). These techniques have been used to partition space into ecoregion while aquatic communities may rather change according to a continuum. It might be desirable to use GIS databases output directly without the additional step of landscape classification. This would avoid costly classification selection, which can generate information loss and increase biological assessment errors (e.g., Hawkins et al., 2000). Classification, however, helps to simplify the complexity of nature. Particularly in biological assessment, managers need simpler interpretations to give to the public and explain environmental policies whereas scientists gain in using all the available data and produce the most efficient and finally do the simplifications of the outcomes for managers.

Conclusions

Environmental classifications and biodiversity are often mixed in ecological assessment. In fact, types of classifications have strong implications on the measurable biodiversity and, inversely, the selection of a given biodiversity measurement conditions the connection with environmental structure. In this study, we pointed out that the way we measure biodiversity is a key step in the construction of a biomonitoring tool notably for an application at large spatial scale. Richness or composition measures have produced some efficient predictive tools (e.g. RIVPACS, AUSRIVAS) but they only enable a report on the absence of taxa without enabling to recognize which types of impact is responsible for this absence. Conversely, multiple biological traits can be efficient to detect overall anthropogenic impacts and to discriminate between different pollution sources (e.g., Charvet et al., 1998; Dolédec et al., 2006, Gayraud et al., 2003, Dolédec and Statzner, 2008). In addition, the biological traits method involves abundance data what constitute an important evolution in comparison to current biomonitoring tools and also for conservation biology. Especially, recent works have shown that biological traits can also be relevant to assess the question of the species (genera) abundance prediction (Shipley et al., 2006; Statzner et al., 2008), what could provide a biomonitoring tool with a consistent higher level of precision and sensitiveness. Moreover, the association of traits with generalized entropies constitute a powerful base who involves ecological concept (River Habitat Templet, Townsend and Hildrew, 1994) and a well developed statistic context thanks to the slight link with information theory (Burnham and Anderson, 2001, Shannon, 1948; Shipley et al., 2006).

Current developments on functional diversity and generalized entropies have a great interest to reduce ecological assessment cost. Notably, in the context of the WFD and the use of regionalization as environmental simplification, the ecological functioning approach has the practical advantage to limit the number of reference conditions needed if the hypothesis of an equivalent

ecosystem functioning whatever environmental conditions is assumed. Moreover, the stability in time of functional metrics suppress the seasonal constraint for sampling.

Regionalization even with its practical part in the organization of sampling programs is of a poor interest in the prediction part of biomonitoring at large spatial scale. With a precise measure of biodiversity, information given by ecoregions would be more useful in their basic form. Hence, future developments on biomonitoring tools should focus on biodiversity measures crossing abundance data and functional aspect integrating environmental variability without regionalization that is to say a direct use of GIS data base extraction.

REFERENCES

- AFNOR, 1992. Essai des eaux. Détermination de l'Indice Biologique Global Normalisé (IBGN). - norme homologuée T 90-350. Association Française de Normalisation,
- AFNOR, 2004. Détermination de l'Indice Biologique Global Normalisé (IBGN). - norme homologuée T 90-350. Association Française de Normalisation,
- Agresti, A. (Editors), 2002. Categorical data analysis. John Wiley and Sons, 710 pp.
- Bady, P., S. Dolédec, C. Fesl, S. Gayraud, M. Bacchi and F. Schöll, 2005. Use of invertebrate traits for the biomonitoring of European large rivers : the effects of sampling effort on genus richness and functional diversity. *Freshwater Biology* 50, 159-173
- Beauger, A. and N. Lair, 2008. Keeping it simple : Benefits of targeting riffle-pool macroinvertebrate communities over multi-substratum sampling protocols in the preparation of a new European biotic index. *Ecological Indicators* 8, 555-563
- Bonada, N., N. Prat, V. H. Resh and B. Statzner, 2006. Developments in aquatic insect biomonitoring : a comparative analysis of recent approach. *Annual Reviews of Entomology* 51, 495-523
- Botta-Dukat, Z., 2005. Rao's quadratic entropy as a measure of functional diversity based on multiple traits. *Journal of Vegetation Science* 16, 533-540
- Burnham, K. P. and D. R. Anderson, 2001. Kullback-Leibler information as a basis for strong inference in ecological studies. *Wildlife Research* 28, 111-119
- Butcher, J. T., P. M. Stewart and T. P. Simon, 2003. A Benthic Community Index for streams in the Northern Lakes and Forests Ecoregion. *Ecological Indicators* 3, 181-193
- Cao, Y. and D. P. Larsen, 2001. Rare species in multivariate analysis for bioassessment : some considerations. *J. N. Am. Benthol. Soc.* 20, 144-153
- Castella, E., H. Adalsteinsson, J. E. Brittain, G. M. Gislason, A. Lehmann, V. Lencioni, B. Lods-Crozet, B. Maiolini, A. M. Milner, J. S. Olafsson, S. J. Saltveit and D. L. Snook, 2001. Macrobenthic invertebrate richness and composition along a latitudinal gradient of European glacier-fed streams. *Freshwater Biology* 46, 1811-1831
- Charvet, S., B. Statzner, P. Usseglio-Polatera and B. Dumont, 2000. Traits of benthic macroinvertebrates in semi-natural French streams : an initial application to biomonitoring in Europe.

Freshwater Biology 43, 277-296

Clarke, K. R. and R. M. Warwick, 1998. A taxonomic distinctness index and its statistical properties. *Journal of Applied Ecology* 35, 523-531

Compin, A. and R. Céréghino, 2003. Sensitivity of aquatic insect species richness to disturbance in the Adour-Garonne stream system (France). *Ecological Indicators* 3, 135-142

Devin, S., J. N. Beisel, P. Usseglio-Polatera and J. C. Moreteau, 2005. Changes in functional biodiversity in an invaded freshwater ecosystem : the Moselle River. *Hydrobiologia* 542, 113-120

Dolédéc, S., N. Phillips, M. Scarsbrook, R. H. Riley and C. R. Townsend, 2006. Comparison of structural and functional approaches to determining landuse effects on grassland stream invertebrate communities. *J. N. Am. Benthol. Soc.* 25, 44-60

Dolédéc, S. and B. Statzner, 2008. Invertebrate traits for the biomonitoring of large European rivers : an assessment of specific types of human impact. *Freshwater Biology* 53, 617-634

Feminella, J. W., 2000. Correspondence between stream macroinvertebrate assemblages and 4 ecoregions of the southeastern USA. *Journal of the North American Benthological Society* 19, 442-461

Ferréol, M., A. Dohet, H. M. Cauchie and L. Hoffmann, 2008. An environmental typology of freshwater sites in Luxembourg as a tool for predicting macroinvertebrate fauna under non-polluted conditions. *Ecological Modelling* 212, 99-108

Füreder, L., 2007. Life at the edge : Habitat condition and bottom fauna of Alpine running waters. *International Review of Hydrobiology* 92, 491-513

Füreder, L., C. Vacha, K. Amprosi, S. Bühler, C. M. E. Hansen and C. Moritz, 2002. Reference Conditions of Alpine Streams : Physical Habitat and Ecology. *Water, Air, & Soil Pollution* 2, 275-294

Furse, M. T., D. Hering, K. Brabec, A. Buffagni, L. Sandin and P. F. M. Verdonschot, 2006. The ecological status of European rivers : evaluation and intercalibration of assessment methods. *Hydrobiologia* 566, 1-2

Gayraud, S., B. Statzner, P. Bady, A. Haybachp, F. Schöll, P. Usseglio-Polatera and M. Bacchi, 2003. Invertebrates traits for the biomonitoring of large European rivers : an initial assessment of alternative metrics. *Freshwater Biology* 48, 2045-2064

Hardy, O. J. and L. Jost, 2008. Interpreting and estimating measures of community phylogenetic structuring. *Journal of Ecology* 96, 849-852

Hawkins, C. P., R. H. Norris, J. Gerritsen, R. M. Hughes, S. K. Jackson, R. K. Johnson and R. J. Stevenson, 2000. Evaluation of the use of landscape classifications for the prediction of freshwater biota : synthesis and recommendations. *Journal of the North American Benthological Society* 19, 541-556

Hawkins, C. P. and M. R. Vinson, 2000. Weak correspondence between landscape classifications and stream invertebrate assemblages : implications for bioassessment. *Journal of the North*

American Benthological Society 19, 501-517

Heino, J., T. Muotka, R. Paavola, H. Hamalainen and E. Koskenniemi, 2002. Correspondence between regional delineations and spatial patterns in macroinvertebrate assemblages of boreal head-water streams. *Journal of the North American Benthological Society* 21, 397-413

Heino, J., H. Mykka and J. Kotanen, 2008. Weak relationships between landscape characteristics and multiple facets of stream macroinvertebrate biodiversity in a boreal drainage basin. *Landscape Ecology* 23, 417-426

Hieber, M., C. T. Robinson, U. Uehlinger and J. V. Ward, 2005. A comparison of benthic macroinvertebrate assemblages among different types of alpine streams. *Freshwater Biology* 50, 2087-2100

Hooper, D. U., F. S. Chapin, J. J. Ewel, A. Hector, P. Inchausti, S. Lavorel, J. H. Lawton, D. M. Lodge, M. Loreau, S. Naeem, B. Schmid, H. Setälä, A. J. Symstad, J. Vandermeer and D. A. Wardle, 2005. Effects of biodiversity on ecosystem functioning : A consensus of current knowledge. *Ecological Monographs* 75, 3-35

Hortal, J., P. A. V. Borges and C. Gaspar, 2006. Evaluating the performance of species richness estimators : sensitivity to sample grain size. *Journal of Animal Ecology* 75, 274-287

Izsak, J. and L. Szeidl, 2002. Quadratic diversity : Its maximization can reduce the richness of species. *Environmental and Ecological Statistics* 9, 423-430

Johnson, R. K., M. T. Furse, D. Hering and L. Sandin, 2007. Ecological relationships between stream communities and spatial scale : implications for designing catchment-level monitoring programmes. *Freshwater Biology* 52, 939-958

Jost, L., 2006. Entropy and diversity. *Oikos* 113, 363-375

Leps, J., F. de Bello, S. Lavorel and S. Berman, 2006. Quantifying and interpreting functional diversity of natural communities : practical considerations matter. *Preslia* 78, 481-501

Li, J., A. Herlihy, W. Gerth, P. Kaufmann, S. Gregory, S. Urquhart and D. P. Larsen, 2001. Variability in stream macroinvertebrates at multiple spatial scales. *Freshwater Biology* 46, 87-97

Loreau, M., S. Naeem, P. Inchausti, J. Bengtsson, J. P. Grime, A. Hector, D. U. Hooper, M. A. Huston, D. Raffaelli, B. Schmid, D. Tilman and D. A. Wardle, 2001. Ecology - Biodiversity and ecosystem functioning : Current knowledge and future challenges. *Science* 294, 804-808

Marchant, R., 2002. Do rare species have any place in multivariate analysis for bioassessment ? *Journal of the North American Benthological Society* 21, 311-313

McCann, K. S., 2000. The diversity-stability debate. *Nature* 405, 228-233

McCullagh, P. and J. A. Nelder (Editors), 1989. *Generalized Linear Models*. CRC Press, London : Chapman and Hall, 511 pp.

Merritt, R. W., K. W. Cummins and M. B. Berg (Editors), 2008. *An Introduction to the Aquatic Insects of North America*, Fourth Edition. 1158 pp.

Milner, A. M., S. C. Conn and L. E. Brown, 2006. Persistence and stability of macroinvertebrate communities in streams of Denali National Park, Alaska : implications for biological monitoring. *Freshwater Biology* 51, 373-387

Moog, O., A. Schmidt-Kloiber, T. Ofenbock and J. Gerritsen, 2004. Does the ecoregion approach support the typological demands of the EU 'Water Framework Directive' ? *Hydrobiologia* 516, 21-33

Ollier, S., 2004. Des outils pour l'intégration des contraintes spatiales, temporelles et évolutives en analyse des données écologiques. Lyon 1, Lyon,

Omernik, J. M., 1987. Ecoregions of the Conterminous United-States. *Annals of the Association of American Geographers* 77, 118-125

Omernik, J. M. and R. G. Bailey, 1997. Distinguishing between watersheds and ecoregions. *Journal of the American Water Resources Association* 33, 935-949

Pavoine, S. and S. Dolédec, 2005. The apportionment of quadratic entropy : a useful alternative for partitioning diversity in ecological data. *Environmental and Ecological Statistics* 12, 125-138

Pavoine, S., S. Ollier and D. Pontier, 2005. measuring diversity from dissimilarities with Rao's quadratic entropy : Are any dissimilarities suitable ? *Theoretical Population Biology* 67, 231-239

Petchey, O. L. and K. J. Gaston, 2002. Functional diversity (FD), species richness and community composition. *Ecology Letters* 5, 402-411

Petchey, O. L., A. Hector and K. J. Gaston, 2004. How do different measures of functional diversity perform ? *Ecology* 85, 847-857

Pyne, M. I., R. B. Rader and W. F. Christensen, 2007. Predicting local biological characteristics in streams : a comparison of landscape classifications. *Freshwater Biology* 52, 1302-1321

Rao, C. R., 1982. Diversity and Dissimilarity Coefficients - a Unified Approach. *Theoretical Population Biology* 21, 24-43

Rawer-Jost, C., J. Bohmer, J. Blank and H. Rahmann, 2000. Macroinvertebrate functional feeding group methods in ecological assessment. *Hydrobiologia* 422, 225-232

Reynoldson, T. B., R. H. Norris, V. H. Resh, K. E. Day and D. M. Rosenberg, 1997. The reference condition : a comparison of multimetric and multivariate approaches to assess water-quality impairment using benthic macroinvertebrates. *Journal of the North American Benthological Society* 16, 833-852

Ricotta, C. and M. Anand, 2006. Spatial complexity of ecological communities : Bridging the gap between probabilistic and non-probabilistic uncertainty measures. *Ecological Modelling* 197, 59-66

Ricotta, C. and G. Avena, 2003. On the relationship between Pielou's evenness and landscape dominance within the context of Hill's diversity profiles. *Ecological Indicators* 2, 361-365

Ricotta, C. and L. Szeidl, 2006. Towards a unifying approach to diversity measures : Bridging the gap between the Shannon entropy and Rao's quadratic index. *Theoretical Population Biology*

70, 237-243

Sanchez-Montoya, M. D., T. Puntí, M. L. Suarez, M. D. Vidal-Abarca, M. Rieradevall, J. M. Poquet, C. Zamora-Munoz, S. Robles, M. Alvarez, J. Alba-Tercedor, M. Toro, A. M. Pujante, A. Munne and N. Prat, 2007. Concordance between ecotypes and macroinvertebrate assemblages in Mediterranean streams. *Freshwater Biology* 52, 2240-2255

Sandin, L. and R. K. Johnson, 2000. Ecoregions and benthic macroinvertebrate assemblages of Swedish streams. *Journal of the North American Benthological Society* 19, 462-474

Shannon, C. E., 1948. A mathematical theory of communication. *Bell System Technical Journal* 27, 379-423 and 623-656

Shipley, B., D. Vile and E. Garnier, 2006. From plant traits to plant communities : A statistical mechanistic approach to biodiversity. *Science* 314, 812-814

Statzner, B., P. Bady, S. Dolédec and F. Schöll, 2005. Invertebrate traits for the biomonitoring of large European rivers : an initial assessment of trait patterns in least impacted river reaches. *Freshwater Biology* 50, 2136-2161

Statzner, B., N. Bonada and S. Dolédec, 2008. Predicting the abundance of European stream macroinvertebrates using biological attributes. *Oecologia* 156, 65-73

Statzner, B., S. Dolédec and B. Hugueny, 2004. Biological trait composition of European stream invertebrate communities : assessing the effects of various trait filter types. *Ecography* 27, 470-488

Tison, J., Y. S. Park, M. Coste, J. G. Wasson, F. Rimet, L. Ector and F. Delmas, 2007. Predicting diatom reference communities at the French hydrosystem scale : A first step towards the definition of the good ecological status. *Ecological Modelling* 203, 99-108

Townsend, C. R. and A. G. Hildrew, 1994. Species traits in relation to a habitat templet for river systems. *Freshwater Biology* 31, 265-275

Usseglio-Polatera, P. and J. G. Wasson, 2004. Appui scientifique à la Mise en œuvre de la Directive Cadre Européenne sur l'Eau - Protocole de prélèvement des Invertébrés sur les sites de référence. Université de Metz & Cemagref Lyon BEA/LHQ, Lyon, 5+ annexes

Van Sickle, J. and R. M. Hughes, 2000. Classification strengths of ecoregions, catchments, and geographic clusters for aquatic vertebrates in Oregon. *Journal of the North American Benthological Society* 19, 370-384

Walz, U., 2008. Monitoring of landscape change and functions in Saxony (Eastern Germany)–Methods and indicators. *Ecological Indicators* 8, 807-817

Wasson, J. G., A. Chandesris, H. Pella and L. Blanc, 2002. Les hydro-écorégions de France métropolitaine. Approche régionale de la typologie des eaux courantes et éléments pour la définition des peuplements de référence d'invertébrés. Ministère de l'Ecologie et du Développement Durable, Cemagref BEA/LHQ., Lyon, 190

Wright, J. F., D. W. Sutcliffe and M. T. Furse (Editors), 2000. Assessing the biological quality of fresh waters : RIVPACS and other techniques. Freshwater Biological Association, Ambleside,

373 pp

List of Figures :

Fig. 1 - Map of the study sites (black dots) among the six ecoregions. The insert map situates the study area (grey) at the country scale and provides the complete partition into Hydro-Ecoregions (modified from Wasson et al., 2002a ; 2002b).

Fig. 2 - illustration of the null (white triangles) and ecoregional (grey triangles) models. For both model, four possibilities of residual values are given in accordance to the value of the mean represented by a dashed line for the null model and a black square for the ecoregional model. Triangle size is proportional to the absolute value of the residual, and the orientation give the sign of the residual : upward triangle indicates positive residuals and downward triangle indicate negative ones. The third series of symbols is a coupling of the former two to give an example of what can be obtain when residuals are mapped onto study area map. Under the hypothesis of a good ecoregional model, symbols should appear like the two topright case. The example shows the case where both residuals from null and ecoregional ecoregional models have the same sign but inversions are possible giving symbols that could look like a star.

Fig. 3 - Standardized deviance residuals plotted on the ecoregional map for the four metrics studied : A) Taxonomic richness, B) EPT taxa richness, C) Simpson's D and D) rao's QE. Size of triangles is proportional to absolute value of the corresponding residual and their orientations illustrate residuals sign. See fig. 2 and methods for further explanations on map symbols.

Fig. 4 - Representation of GLM performed on scaled biodiversity metrics : observed values are plotted (x) according to their corresponding ecoregion. The continuous black line represents the catchment mean (null model predicted value) and the black circles represent the ecoregional means for A) Taxonomic richness, B) EPT taxa richness, C) Simpson's D, and D) Rao's QE.

List of Tables :

Table 1 - Major characteristics of the six Hydro-Ecoregions (HER ; Wasson et al., 2002a ; 2002b) selected over the study area according. The number of sites within each HER is also indicated. The category "heterogenous" for the Mediterranean HER geology means that all types of geology present in the basin are present in the HER.

Table 2 - Analyses of deviance between the null model (no season) and a model including a seasonal effect. All models followed a common frame as metric season ($n = 392$), season is a categorical variable with three modalities (i.e., the three season represented in the sampling protocole) (ALL taxa = total number of taxa ; EPT taxa = number of taxa belonging to Ephemeroptera, Plecoptera and Trichoptera orders ; Simpson's D = Simpson's index of diversity QE = Rao's Quadratic Entropy).

Table 3 - Means (\pm standard deviation) of studied biodiversity measures scaled according to equation (3)(ALL taxa = total number of taxa ; EPT taxa = number of taxa belonging to Ephemeroptera, Plecoptera and Trichoptera orders ; FFG taxa = Functional Feeding Groups diversity ; Simpson D = Simpson's index of diversity QE = Rao's Quadratic Entropy) for the overall catchment and each ecoregion (see table 2 for acronyms signification).

Table 4 - Spearman rank correlation coefficient among diversity measures (see Table 3 for acronyms). All correlation were significant at $P < 0.05$.

Table 5 - Analyses of deviance between the null model (no ecoregion) and an ecoregional model. All models followed a common frame as : scaled metric HER (n = 99), HER (Hydro-EcoRegion) is a categorical variable with six modalities (i.e., the name of the ecoregion). (see Table 3 for acronyms).

Annexe D - Article à paraître dans la Houille blanche suite à une conférence au colloque “Mesures Hydrologiques et Incertitudes en Hydrométrie et Qualité de l’eau”, Paris, 1 et 2 avril 2008

DEVELOPPEMENT DES METHODES DE BIOEVALUATION EN EAUX COURANTES : DES INDICES BIOTIQUES AUX TRAITS BIOLOGIQUES

Running water bioassessment : from biotic indices toward trait-based approaches

Sylvain Dolédec

UMR CNRS 5023, Ecologie des Hydrosystèmes Fluviaux

Université de Lyon, Université Lyon 1, 43 Bd du 11 novembre 1918, F-69622 Villeurbanne, France

Tél : +33 (0)4 72 43 13 63, Fax : +33 (0)4 72 43 28 92, e-mail : sylvainbiomserv.univ-lyon1.fr

La Directive Cadre sur l'Eau (DCE) a suscité un regain d'intérêt scientifique envers les outils de bioévaluation permettant d'apprécier l'intégrité écologique des eaux de surface. L'application de la DCE impose, d'une part, d'élargir le champ géographique de pertinence des outils de bioévaluation existants pour la convergence des diagnostics entre états membres de l'Union Européenne (UE), et d'autre part, de centrer ces diagnostics sur le maintien ou l'amélioration du fonctionnement des écosystèmes aquatiques. Parmi les nombreux indicateurs biologiques disponibles, ceux construits à partir des communautés de macroinvertébrés benthiques sont communément utilisées pour la surveillance de l'intégrité écologique des eaux de surface des états membres de l'UE. Sur la base d'éléments bibliographiques récents, les performances de quatre approches différentes (indicielles, multimétriques, multivariées, et basées sur les caractéristiques biologiques des taxons) sont présentées. La divergence d'objectifs entre créativité et développement scientifique, d'une part, et la nécessité de résumé simple pour décrire l'intégrité écologique des écosystèmes aquatiques pour les gestionnaires décideurs, d'autre part, implique qu'aucun des protocoles proposés n'est idéal. Cependant, les tendances de certaines approches permettent d'identifier les éléments nécessaires à l'élaboration d'un outil fiable de bioévaluation. Les outils de diagnostic devraient ainsi (i) être opérationnels aux échelles locales et régionales, (ii) reposer sur des prédictions et l'existence de conditions de référence, et (iii) intégrer à la fois l'occurrence des taxons et des indicateurs de fonctionnement (ex. traits biologiques) des écosystèmes aquatiques.

Running water bioassessment : from biotic indices towards trait-based approaches Water Framework Directive (WFD) fostered research interest on bioassessment tools to evaluate the ecological integrity of surface waters. The application of WFD implies the reliability enhancement of existing bioassessment tools to larger geographic areas for a better convergence across European Union (UE) state members as well as the maintenance or enhancement of ecological functions of water bodies. Among the several available biological indicators, those elaborated using stream invertebrate communities are common for monitoring river ecological integrity in EU member states. The performance of four different approaches (biotic indices, multimetrics, multivariate, and based on biological traits of taxa) are represented. Apparent contradictions between scientific development and associated creativity and complexity, on one hand, and the necessity for summarising ecological integrity by a single score as required by most decision-makers, on another hand, have implied that none of the currently developed methodology is ideal. However, trends in some approaches help the identification of elements needed to the elaboration of a reliable biomonitoring tool. Such tool should (i) be operational on both local and regional scales, (ii) rely on prediction and reference conditions, and (iii) address both the occurrence of taxa and measures of ecological functions (e.g., biological traits).

**MOTS CLEFS : BIOEVALUATION, INTEGRITE ECOLOGIQUES, MACROIN-
VERTEBRES BENTHIQUES, INDICATEURS DE FONCTIONNEMENT, TRAITS
BIOLOGIQUES****INTRODUCTION**

La nécessité d'une infrastructure législative commune et d'une réflexion sur les conditions de sa mise en oeuvre dans les pays de l'Union Européenne (UE) a conduit le Parlement Européen à établir le cadre d'une politique communautaire de la gestion de l'eau avec la Directive Cadre sur l'Eau (DCE) [1]. La DCE repose sur la définition de conditions de référence ([2]) et sur l'harmonisation des informations en provenance des différents états membres de l'UE utilisant leurs propres techniques de bioévaluation. Ce concept suggère de mesurer l'écart entre les conditions écologiques des stations étudiées et celles de stations les moins perturbées possibles du point de vue des caractéristiques physiques, chimiques et biologiques ([2]).

L'utilisation de signatures biologiques pour détecter les impacts des activités humaines dans les milieux aquatiques est une pratique ancienne ([3], [4]). Les indicateurs biologiques sont aujourd'hui appliqués à tous les types d'écosystèmes et reposent sur les réponses écologiques depuis le niveau moléculaire jusqu'au niveau écosystémique ([5]) recouvrant ainsi : (i) les biomarqueurs au niveau moléculaire, cellulaire ou tissulaire (ex. [6]); (ii) les bioessais ou tests de toxicité sur l'activité (survie, croissance, etc.) des organismes (ex. [7]), (iii) la structure et la diversité des assemblages d'espèces (ex. [8]), et (iv) le métabolisme des écosystèmes ([9]). L'intérêt des assemblages d'organismes est depuis longtemps reconnu où chaque espèce est considérée comme une sonde écologique qui intègre les changements écosystémiques sur le long terme. La faune et la flore aquatiques ont ainsi la capacité de révéler une source de pollution même si la source de pollution a cessé d'émettre (ex. [10]). À l'heure actuelle, la plupart des réseaux de mesure de la qualité des eaux superficielles en Europe repose surtout sur des indices de structure et de diversité des peuplements aquatiques [11]. À côté de différents groupes d'organismes comme les diatomées, les macrophytes ou les poissons, les macroinvertébrés benthiques sont de loin les plus utilisés pour la bioévaluation des impacts anthropiques [12]. Depuis une trentaine d'années les outils de bioévaluation utilisant la structure et le fonctionnement des assemblages d'organismes aquatiques se sont développées dans quatre directions principales : (i) l'adaptation des méthodes indicielles et leur normalisation, (ii) les outils prédictifs sur la base de méthodes d'analyses multivariées intégrant l'ensemble de la composition faunistique, (iii) les méthodes multimétriques dépassant l'aspect taxonomique et combinant des critères de tolérance ou de préférence des organismes (métriques), et enfin (iv) les méthodes basées sur les traits biologiques s.s. On se propose de passer en revue ces approches et d'en donner les avantages et les limites du point de vue de leurs justifications écologiques et de leurs performances (cf. [13]).

METHODES INDICIELLES

La communauté des hydrobiologistes s'accorde à attribuer la naissance du concept d'indicateurs biologiques en milieu aquatique à [14] avec la mise en place de l'indice des saprobies (SAP). Il permet d'identifier l'impact d'un déficit en oxygène sur les espèces aquatiques (depuis les microorganismes jusqu'aux poissons). Il utilise les valeurs de sensibilité à la pollution organique des espèces (notée 1.0 pour les plus sensibles ou oligosaprobies, 2.0 pour les ?-mésosaprobies, 3.0 pour les ?-mésosaprobies et 4.0 pour les plus tolérantes ou polysaprobies). Ces valeurs sont pondérées par la valeur indicatrice de chaque espèce sur une échelle de 1 (espèce euryèce) à 16 (espèce sténoèce). La combinaison de ces valeurs et la prise en compte de l'abondance des espèces fournit un SAP pour le site étudié dont la valeur peut être comparée à une grille de qualité (bonne = 6 à mauvaise = 0 ; Cf. Deutsches Institut für Normung).

À partir de ce premier protocole, de nombreuses autres procédures indiciaires ont été initiées en Europe et à travers le monde avec [4] : (i) les indices basés sur une grille de qualité combinant des classes de variétés (richesse taxonomique) et des groupes de taxons indicateurs (polluo-sensibilité) dont l'origine remonte aux travaux de [15] et qui ont donné naissance en France aux indices biotiques [16] et à l'IBGN [17], et (ii) les indices basés sur l'assignation des taxons à des niveaux de polluosensibilité comme le Biological Working Monitoring Party (BMWP [18]) et l'indice associé, Average Score Per Taxon (ASPT [20]). Ces derniers indices utilisent une résolution taxonomique différentes de l'IS (famille voire niveaux plus élevés) mais reprennent l'idée de tolérance aux dégradations pour un ensemble de taxons dits indicateurs en utilisant des notes de "1" (Oligochètes, peu exigeants) à "10" (familles exigeantes de Plécoptères, Ephéméroptères et Trichoptères). La DCE suggère de considérer cinq classes de "statut écologique" et il est indispensable que la classe de "bon état écologique" soit quantifiée de la même manière dans tous les pays d'Europe. Or, les approches indiciaires empiriques sont basées sur l'abondance et la richesse de groupes taxonomiques présentant des fluctuations naturelles en fonction des conditions de l'habitat physique local (contraintes, hydraulique, substratum, température) et des conditions géomorphologiques et climatiques régionales qui produisent des différences biogéographiques de composition faunistique à un échelon européen. La précision du diagnostic peut donc être entachée d'erreur suivant l'échelle spatiale considérée et le type d'indice utilisé. Par exemple, une étude inter-agences [20] menée à l'échelon français sur près de 600 stations à la fin des années 1980, montre que l'amplitude des variations de la réponse de l'IBGN dans les différentes classes de qualité physico-chimique de l'eau est relativement importante (Figure 1A) et en partie liée à la situation longitudinale des stations (Figure 1B). De plus, le domaine de définition des indices pose des problèmes de compatibilité. Par exemple, [4] soulignent la discordance de 13 indices biologiques pour identifier les stations de bonne qualité de cours d'eaux (Q1, Figure 2). A l'échelon européen, [21] montrent que l'ASPT sépare bien les stations de bonne qualité (< 20% d'erreur) pour tous types de cours d'eau alors que le SAP présente des erreurs de classement (10 à 36,4%). Les auteurs concluent que la définition de classes de qualité au niveau européen est un processus difficile à mettre en oeuvre car il doit considérer les différences naturelles entre cours d'eau et corriger les différences de perceptions intra-communautaires de la qualité écologique.

METHODES MULTIVARIEES

L'accroissement des capacités calculatoires des ordinateurs, ainsi que l'existence de techniques statistiques appropriées permettant de synthétiser la composition des communautés (ex. [22]), ont permis l'émergence d'outils prédictifs de bioévaluation au début des années 1980. Le River Invertebrate Prediction And Classification System (RIVPACS) constitue le fleuron de ces techniques [23]. RIVPACS produit un diagnostic des impacts anthropiques par comparaison des peuplements observés dans un ou plusieurs site d'étude avec les conditions attendues dans ces sites en l'absence de pression humaine. La base de référence repose sur la classification biologique de sites non perturbés (614 dans la version RIVPACS III [23]). L'approche statistique utilise une procédure de Non Metric Multidimensional Scaling et fournit la liste des taxons attendus sur la base de prédictions faites à partir de 11 variables environnementales décrivant l'univers physique et chimique du site d'étude ([24]). La liste des taxons prédits est comparée à la liste des taxons obtenus par des échantillonnages de terrain. À partir de la liste des taxons prédits, le calcul d'un indice biologique (ex. BMWP, ASPT) attendu en l'absence de perturbations humaines est comparé à l'indice biologique observé. Le diagnostic est basé sur l'examen du rapport entre valeur observée et prédite (O/E ratio) qui fournit un indice de qualité écologique. Six classes de qualité écologique constituent la grille de diagnostic, depuis les conditions les plus impactées (O/E < 0.50) à celles indemnes d'impact anthropique (O/E = 1.00). Initialement développée au Royaume-Uni pour les cours d'eau, l'approche RIVPACS a été reprise sur d'autres continents (AUstralian RIVER Assessment Scheme, Simpson & Norris dans [23], [27]; Assessment by Nearest Neighbor Analysis, [25]) ou pour les lacs

(Benthic Assessment Sediment, Reynoldson et al. dans [23]). De telles approches sont définies pour des groupes homogènes de stations de référence et le transfert de ces méthodes à d'autres situations régionales (autres pays de l'UE) nécessite une redéfinition complète des listes de références (ex. Alba-Tercedor & Pujante dans [23]) et/ou une extension significative des bases de données de référence ([26]). D'après Clarke (dans [23]) ou Simpson & Norris (dans [23]), l'incertitude sur les prévisions d'un impact global (pourcentage de classements erronés d'une station dans une classe de qualité donnée) varie entre 0 et 66%. Cette variation est liée à des variables environnementales explicatives manquantes dans le modèle de référence, à une réplication insuffisante des conditions écologiques des sites testés empêchant de faire la part entre des modifications biologiques liées à des variations naturelles et à des variations anthropiques ([27]) ou à l'insuffisance du nombre de sites dans la base de données de référence (Clarke dans [23]). Enfin, à ce jour, la spécificité de réponse des modèles n'a pas été testée et le diagnostic obtenu ne permet pas d'attribuer les déviations de la référence observée en un site d'étude à un impact anthropique particulier (ex. acidification, déboisement).

METHODES MULTIMETRIQUES

L'usage des métriques biologiques constitue une autre voie de développement visant à de nouvelles expressions synthétiques des réponses biologiques aux perturbations anthropiques. Les indices multimétriques sont des combinaisons d'attributs biologiques recouvrant des types de réponses biologiques susceptibles de varier sur un gradient de perturbation humaine. Les premiers essais remontent aux années 80 sur les communautés de poissons ([28]), transposés rapidement aux invertébrés ([29]). Très largement utilisée aux Etats-Unis, la méthode a été importée en Europe ([30]).

Les auteurs reconnaissent quatre grandes catégories de métriques : (i) les métriques de composition et d'abondance (ex. proportion relative de taxons spécifiques), (ii) les métriques de richesse et de diversité (ex. nombre d'espèces, indices de diversité), (iii) les métriques de sensibilité et/ou tolérance (ex. polluo-sensibilité des taxons), et (iv) les métriques "fonctionnelles" (ex. mode de nutrition, préférences écologiques). Le processus de développement d'un indice multimétrique commence par la sélection des métriques (ex. 165 métriques sélectionnées par [31]). Le calcul des métriques se poursuit pour (i) exclure les métriques numériquement instables, (ii) corrélérer les métriques avec le gradient anthropique sélectionné, (iii) sélectionner les métriques candidates en considérant un équilibre entre les quatre types ci-dessus et (iv) en tirant les métriques les plus robustes (meilleure réponse au gradient). L'indice multimétrique proprement dit est généré par combinaison des métriques, ce qui permet de simplifier le processus décisionnel en se basant sur une unique valeur (comme pour les méthodes indicielles) et de déterminer la classe de qualité biologique du site d'étude. Cette ultime étape peut être réalisée pour décrire un impact global ou peut utiliser des métriques spécifiques pour rendre compte d'impact de gradient anthropique particulier. Par rapport aux méthodes indicielles, les méthodes multimétriques fournissent des leviers (métriques) interprétable biologiquement sur lesquels les gestionnaires peuvent agir plus facilement.

D'après [32], les indices multimétriques constituent des indices fiables de l'impact global des activités humaines. Cependant la variabilité naturelle inhérente à de nombreuses métriques ou les variations régionales dans la fiabilité de l'évaluation de la qualité écologique de ces indices peuvent limiter l'étendue spatiale de leur application. Par exemple, les mêmes métriques basées sur les macroinvertébrés benthiques répondent de la même manière au déboisement en Oregon et aux impacts agricoles et aux barrages dans le Tennessee ([33]). De plus, le pouvoir discriminant des métriques et le taux d'erreur de classement de stations perturbées en sites indemnes peut varier suivant le groupe d'organismes aquatiques utilisés ([34]). En effet, le gradient d'intensité d'utilisation des terres agricoles est bien détecté par les métriques associées aux communautés de diatomées et d'invertébrés benthiques avec une erreur de classement <15%. Par contre les métriques associées aux communa-

tés piscicoles ou aux macrophytes aquatiques présentent de meilleures performances pour identifier les gradients d'altérations physiques de l'habitat ([34]). Enfin, la validité de l'addition de métriques hétérogènes en un seul indicateur de condition écologique reste posée ([35]).

METHODES BASEES SUR LES TRAITS BIOLOGIQUES

Une approche alternative aux précédentes combine les modes et le type de nourriture des organismes avec une grande variété d'autres traits biologiques comme la taille corporelle, la fécondité, le voltinisme, et les capacités de dispersion afin d'avoir une approche fonctionnelle de la structure des communautés reposant la théorie du River Habitat Templet ([36]). Contrastant avec les espèces qui apparaissent ou disparaissent suivant les gradients écologiques naturels (géographiques ou longitudinaux), les traits biologiques sont des caractéristiques biologiques universelles susceptibles de varier avec différents impacts humains de manière prévisible sur de larges échelles géographiques (Tableau 1). L'intérêt d'un diagnostic utilisant les traits biologiques des macroinvertébrés benthiques est exploré depuis une quinzaine d'années (ex. [37], [38], [39], [40]). Les étapes du développement d'un tel outil repose sur (i) la quantification des traits biologiques, (ii) la description du comportement des traits biologiques en situations de référence et (iii) en situations diversement perturbées. Les premières bases de données ([41], [42], [43]) ont permis de quantifier les traits biologiques de nombreux taxons d'invertébrés à partir d'une procédure de codage flu attribuant un score d'affinité à chaque taxon pour une modalité de trait biologique allant de "0" (pas d'affinité) à "3" (forte affinité). Cette technique présente l'avantage de permettre de combiner des sources diverses d'informations biologiques et de prendre en compte les variations des traits biologiques au cours du développement des taxons ([44]). La quantification des traits biologiques et écologiques de près de 500 genres ou familles de macroinvertébrés benthiques européens ([45]) a été complétée pour des genres spécifiques de cours d'eau méditerranéens par [46]. Ces derniers auteurs soulignent la nécessité d'une base collective regroupant toutes les informations biologiques et écologiques des macroinvertébrés à l'échelon européen afin d'explorer de nouvelles voies de bioévaluation.

L'exploitation de situations de référence a permis de montrer : (i) la stabilité de la composition en traits biologiques sur des sites non altérés à l'échelon régional [47], national [48] et européen [49], (ii) la stabilité des structures en traits biologiques pour différentes résolutions taxonomiques ([50], [51]) avec le choix du genre comme niveau nécessaire et suffisant, et (iii) que l'effort d'échantillonnage à consentir n'est pas supérieur à celui des diagnostics habituels, en particulier en grands cours d'eau ([52]). L'exploitation de situations perturbées pour examiner la fiabilité des diagnostics souligne la capacité des traits biologiques pour (i) discriminer significativement l'amont et l'aval d'un effluent polluant ([53]), (ii) décrire une discontinuité environnementale associée à des impacts anthropiques multiples en grand fleuve et montrer la meilleure stabilité de la réponse au niveau géographique pour des sites peu impactés par rapport à un diagnostic traditionnel basé sur l'écologie des taxons ([54]), et (iii) séparer les effets des variations naturelles de celles des variations anthropiques sur le longitudinal d'un grand cours d'eau ([55]).

Enfin une approche récente comparant des situations de référence et des situations perturbées en grands cours d'eau fournit les performances de quelques combinaisons de traits biologiques ([56]). Les combinaisons de traits biologiques, pour lesquelles des prédictions sont faites sur l'effet d'un impact anthropique global ou du trafic fluvial, permettent le bon classement dans des situations de référence de l'ordre de 80% et plus des tronçons. Par contre, les combinaisons de traits biologiques, pour lesquelles des prédictions sont faites sur l'effet d'une pollution métallique, présentent de moindres performances. Cette variabilité des performances se retrouve dans l'identification des situations perturbées (Figure 3). La comparaison des performances (% de bon classement) entre calibration et validation (sur un jeu de données indépendant) indique une bonne corrélation ($R^2 = 0.94$, $P < 10^{-15}$, $n = 75$), mais une baisse de sensibilité car les pourcentages de bon classement

obtenus avec le jeu de validation sont généralement inférieurs à ceux du jeu de calibration.

TABLEAUX ET FIGURES

Table 1. Exemples de prédictions des réponses des modalités de traits biologiques à différents impacts. Les impacts sont susceptibles de diminuer (\Downarrow) ou d'augmenter (\Uparrow) l'abondance relative d'une modalité par rapport à une référence (d'après [56]).

Type d'impact	Modalité	Justification écologique
Pollution métallique	Petite taille (≤ 10 mm) \Downarrow Proies animales \Downarrow Respiration branchiale \Downarrow	Un plus grand rapport surface/volume favorise la contamination à travers les téguments. La contamination est bioamplifiée pour les prédateurs.
Trafic fluvial	<u>Semivoltins</u> \Uparrow Plusieurs cycles de reproduction \Uparrow Reproduction asexuée \Uparrow Hermaphrodisme \Uparrow <u>Ovoviviparity</u> \Uparrow Attachement temporaire ou permanent \Uparrow	Installation facilitée de nouvelles populations à travers la dispersion par le trafic fluvial et meilleure capacité de résilience. Facilitation de la dispersion des formes asexuées. Les formes fixées, résistants mieux aux vagues provoquées par le trafic fluvial sont également favorisées.

Table 2. Comparaison des propriétés de quatre méthodes de diagnostic (NC = Niche Concept [57], IDH = Intermediate Disturbance Hypothesis [58], RCC = River Continuum Concept [59], RHT = River Habitat Templet [36]) (d'après [13]).

	Indices	<u>Multivarié</u>	<u>Multimétrique</u>	Traits biologiques
Support théorique	NC ¹	NC ¹ , IDH ²	RCC ³ , IDH ²	RHT ⁴
Prévisions <i>a priori</i>	NON	NON - OUI	OUI - NON	OUI
Indicateurs fonctionnels	NON	NON ?	OUI - NON	OUI
Approche "conditions de référence"	NON	OUI	OUI	OUI
Application à large échelle	NON	NON	NON	OUI
Spécificité des types d'impacts humains	NON	NON ?	OUI	OUI
Fiabilité de détection des impacts humains	Faible	Variable	Variable	Variable
Coûts d'échantillonnage	Variable à élevé	Faible	Variable	Faible
Niveau d'identification	<u>Espèce-Famille</u>	<u>Espèce-Famille</u>	<u>Espèce-Famille</u>	<u>Espèce-Genre</u>

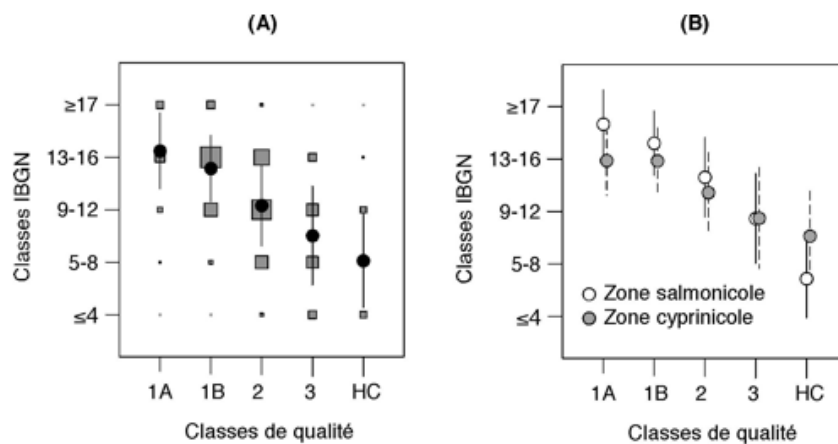


FIGURE 22 – (A) Relation entre la classe de l'IBGN (≤ 4 : mauvaise qualité biologique, ≥ 17 : bonne qualité biologique) et la classe de qualité physico-chimique de l'eau de 591 sites diversement impactés. Les carrés sont proportionnels à l'effectif de chaque couple, le cercle noir identifie la valeur moyenne de l'IBGN pour une classe donnée assortie d'un écart-type (trait vertical); (B) idem avec séparation des données en zone salmonicole (ou zone amont, $n = 241$) et zone cyprinicole (ou zone aval, $n = 250$).

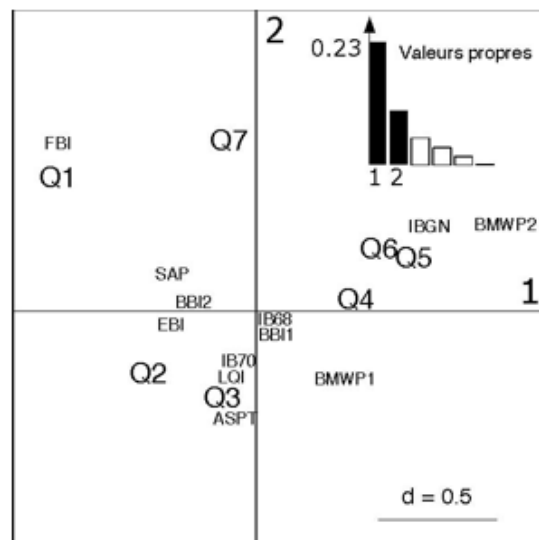


FIGURE 23 – Résultat d'une AFC réalisée sur les données de [4]. Q1-Q7 représente les classes de qualité depuis la bonne qualité (Q1) à la plus mauvaise (Q7). Chaque indice est repéré par un acronyme avec SAP : Indice des saprobie, LQI : Lincoln Quality Index, TBI : Trent Biotic Index, EBI Extended Trent Biotic Index, IB68 : Indice Biotique, IB70 : IB68 : Indice Biotique, IBGN : Indice Biologique Global Normalisé, BBI1 : Indice Biotique Belge, BBI2 : Indice Biotique Belge (incluant les singletons), FBI : Family Biotic Index, BMWP1 : Biological Working Monitoring Party 1, BMWP2 : Biological Working Monitoring Party 2. Le graphe des valeurs propres (insert) matérialise la quantité de variabilité extraite par les deux premiers axes (notés 1 et 2).

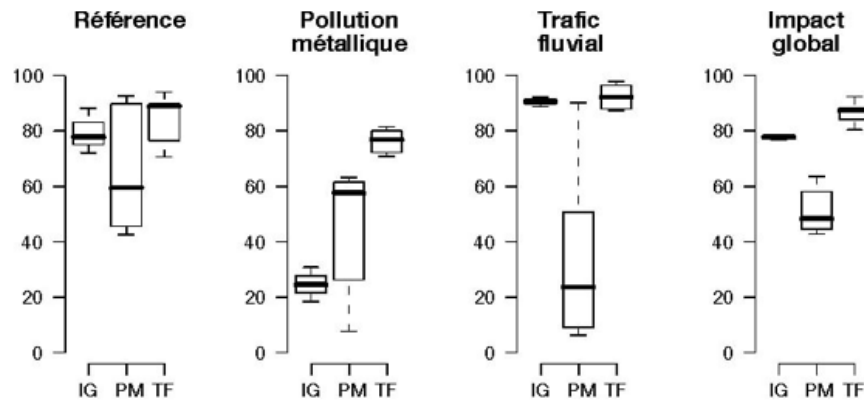


FIGURE 24 – Exemples de distribution de tronçons de grands cours d'eau bien classés pour cinq types de conditions environnementales ($n = 68, 65, 142, 66$ et 341 respectivement) sur la base de combinaisons de traits biologiques pour lesquelles des prédictions sont faites sur l'effet d'un impact global (IG), l'effet d'une pollution métallique (PM) ou l'effet du trafic fluvial (TF) (d'après [56]).

CONCLUSIONS

L'utilisation par [13] d'un jeu de 12 critères sur la justification écologique, la mise en oeuvre et les performances des méthodes de bioévaluation actuelles montrent que les méthodes indicielles remplissent 1/12 critères, les méthodes multivariées 9/12, les méthodes multimétriques et les méthodes basées sur les traits biologiques obtiennent 10/12. En s'inspirant de ces travaux, on peut proposer une comparaison des méthodes de bioévaluation évoquées ci-dessus (Tableau 2). Avec des performances quantitativement comparables, aucune des méthodes ne remplit donc les critères proposés par [13] pour un outil idéal de bioévaluation. Cependant la méthode des traits biologiques présente des atouts considérables si l'on se réfère aux exigences de la DCE, à savoir, une applicabilité à large échelle et la prise en compte implicite du fonctionnement des communautés par les traits biologiques. Si l'on ajoute la robustesse du support théorique et la possibilité de faire des prévisions a priori, la méthode des traits biologiques pourraient avoir de quoi séduire les gestionnaires, chaque trait biologique ou leur combinaisons pouvant constituer un levier permettant d'identifier l'efficacité d'une mesure de restauration. Par exemple, un modèle basé sur des traits biologiques montre que la restauration de la connectivité hydraulique dans un grand cours d'eau est susceptible de modifier la composition en traits biologiques des communautés [60]. Malgré tout, trois éléments sont à examiner plus en détail. Le premier concerne la réelle signification fonctionnelle des traits biologiques (ex. [61]). Le second a trait à la spécificité de réponse des traits biologiques encore insuffisamment explorée ([56]). Le troisième touche au type de réponse des traits biologiques aux impacts anthropiques et leur généralisation à l'échelon européen, pour les petits et grands cours d'eau ([40]). Des développements supplémentaires sont donc nécessaires pour savoir si une méthode basée sur les traits biologiques peuvent représenter un réel outil de bioévaluation performant et fiable.

REFERENCES ET CITATIONS

- [1] European Commission. (2000). — Directive of the European Parliament and of the Council 2000/60/EC establishing a framework for Community action in the field of water policy. European Commission PE-CONS 3639/1/00 REV 1, Luxembourg.
- [2] Nijboer, R.C., Johnson, R.K., Verdonshot, P.F.M., Sommerhäuser, M., & Buffagni, A.

- (2004). — Establishing reference conditions for European streams. *Hydrobiologia*, 516, 91–105.
- [3] Thienemann, A. (1914). — Zur Geschichte der biologischen Wasseranalyse. *Archiv für Hydrobiologie und Planktonkunde*, 9, 147–149.
- [4] Sharma, S., & Moog, O. (1996). — The applicability of biotic indices and scores in water quality assessment of Nepalese rivers. *Proceedings of the Ecohydrology Conference in High Mountain Area, Katmandu*, 641–657.
- [5] Niemi, G.J. & McDonald, M.E. (2004). — Application of Ecological Indicators. *Annual Review of Evolutionary Systematics*, 35, 89–111.
- [6] Hyne, R.V. & Maher, W.A. (2003). — Invertebrate biomarkers : links to toxicosis that predict population decline. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 54, 366–374.
- [7] Maltby, L., Clayton, S.A., Yu, H., McLoughlin, N., Wood, R.M., & Yin, D. (2000). — Using single-species toxicity tests, community-level responses, and toxicity identification evaluations to investigate effluent impacts. *Environmental Toxicology and Chemistry*, 19, 151–157.
- [8] Cairns, J. Jr, & Pratt, J.R. (1993). — A history of biological monitoring using benthic macroinvertebrates. pp. 10–27 in Rosenberg D.M., & Resh, V.H. (eds). *Freshwater Biomonitoring and Benthic Macroinvertebrates*. New York, Chapman & Hall.
- [9] Gessner, M.O., & Chauvet, E. (2002). — A case for using litter breakdown to assess functional stream integrity. *Ecological Applications*, 12, 498–510.
- [10] Hynes, H.B.N. (1960). — *The biology of polluted waters*. Liverpool, University Press.
- [11] Boon, P.J., Davies, B.R., & Petts G.E. (2000). — *Global perspectives on river conservation*. John Wiley and Sons Ltd, Chichester, England.
- [12] Hering, D., Johnson, R.K., & Buffagni, A. (2006). — Linking organism groups- major results and conclusions from the STAR project. *Hydrobiologia*, 566, 109–113.
- [13] Bonada, N., Prat, N., Resh, V.H., & Statzner, B. (2006). — Developments in aquatic insect biomonitoring : a comparative analysis of recent approaches. *Annual Review of Entomology*, 51, 495–523.
- [14] Kolkwitz, R., & Marsson, M. (1902). — Grundsätze für die biologische Beurtheilung des Wassers nach seiner Flora und Fauna. *Mitteilungen aus der Königlichen Prüfungsanstalt für Wasserversorgung und Abwasserbeseitigung*, 1, 3–72.
- [15] Woodiwiss, F.S. (1964). — The biological system of stream classification used by the Trent River Board. *Chemistry and Industry*, 11, 443–447.
- [16] Tuffery, G., & Verneaux, J. (1968). — Méthode de détermination de la qualité biologique des eaux courantes. Exploitation codifiée des inventaires de la faune du fond. Ministère de l'Agriculture (France), Centre National d'Etudes Techniques et de Recherches Technologiques pour l'Agriculture, les Forêts et l'Équipement Rural, Section Pêche et Pisciculture.
- [17] AFNOR (2004). — Détermination de l'indice biologique global normalisé (IBGN).
- [18] Hellawell, J.M. (1978). — *Biological surveillance of rivers*. Water Research Center, Stevenage, England.
- [19] Armitage, P.D., Moss, D., Wright, J.F., & Furse, M.T. (1983). — The performance of a new biological water quality score system based on macroinvertebrates over a wide range of unpolluted running-water sites. *Water Research*, 17, 333–347.
- [20] GREBE (1991). — L'Indice Biologique Global. Bilan d'application au Réseau National de Bassin de la norme expérimentale AFNOR. Rapport de Contrat Inter-Agences de l'eau.
- [21] Sandin, L., & Hering, D. (2004). — Comparing macroinvertebrate indices to detect organic pollution across Europe : a contribution to the EC Water Framework Directive intercalibration. *Hydrobiologia*, 516, 55–68.
- [22] Ter Braak, C.J.F., & Verdonschot, P.F.M. (1995). — Canonical correspondence analysis and related multivariate methods in aquatic ecology. *Aquatic Sciences*, 57, 255–289.
- [23] Wright, J.F., Sutcliffe, D.W., & Furse, M.T. (eds) (2000). — *Assessing the biological quality of fresh waters : RIVPACS and other techniques*. Freshwater Biological Association, Ambleside.
- [24] Moss, D., Wright, J.F., Furse, M.T., & Clarke, R.T. (1999). — A comparison of alternative techniques for prediction of the fauna of running-water sites in Great Britain. *Freshwater Biology*,

41, 167–181.

[25] Linke, S., Norris, R.H., Faith, D.P., & Stockwell, D. (2005). — ANNA : a new prediction method for bioassessment programs. *Freshwater Biology*, 50, 147–158.

[26] Verdonschot, P.F.M., & Nijboer, R.C. (2004). — Testing the European stream typology of the Water Framework Directive for macroinvertebrates. *Hydrobiologia*, 516, 35–54.

[27] Hose, G., Turak, E., & Waddell, N. (2004). — Reproducibility of AUSRIVAS rapid bioassessments using macroinvertebrates. *Journal of the North American Benthological Society*, 23, 126–139.

[28] Karr, J.R. (1981). — Assessment of biotic integrity using fish communities. *Fisheries*, 6, 21–27.

[29] Kerans, B.L., & Karr, J.R. (1994). — A benthic index of biotic integrity (B-IBI) for rivers of the Tennessee Valley. *Ecological Applications*, 4, 768–785.

[30] Hering, D., Feld, C.K., Moog, O., & Ofenböck, T. (2006). — Cook book for the development of a Multimetric Index for biological condition of aquatic ecosystems : experiences from the European AQEM and STAR projects and related initiatives. *Hydrobiologia*, 566, 311–324.

[31] Böhmer, J., Rawer-Jost, C., & Zenker, A. (2004). — Multimetric assessment of data provided by water managers from Germany : assessment of several different types of stressors with macrozoobenthos communities. *Hydrobiologia*, 516, 215–218.

[32] Barbour, M.T., Gerritsen, J., Snyder, B.D., & Stribling, J.B. (1999). — Rapid bioassessment protocols for use in streams and wadable rivers : periphyton, benthic macroinvertebrates and fish. Washington, US EPA.

[33] Fore, L.S., Karr, J.R., & Wisseman, R.W. (1996). — Assessing invertebrate responses to human activities : evaluating alternative approaches. *Journal of the North American Benthological Society*, 15, 212–231.

[34] Johnson, R.K., Hering, D., Furse, M.F., & Clarke, K.E. (2006). — Detection of ecological change using multiple organism groups : metrics and uncertainty. *Hydrobiologia*, 566, 115–137.

[35] Suter, G.W. (1993). — A critique of ecosystem health concepts and indices. *Environmental Toxicology and Chemistry*, 12, 1533–1539.

[36] Townsend, C.R., & Hildrew, A.G. (1994). — Species traits in relation to a habitat templet for river systems. *Freshwater Biology*, 31, 265–276.

[37] Richards, C., Haro, R.J., Johnson, L.B., & Host, G.E. (1997). — Catchment and reach-scale properties as indicators of macroinvertebrate species traits. *Freshwater Biology*, 37, 219–230.

[38] Statzner, B., Bis, B., Dolédec, S., & Usseglio-Polatera, P. (2001). — Perspectives for bio-monitoring at large spatial scales : a unified measure for the functional composition of invertebrate communities in European running waters. *Basic and Applied Ecology*, 2, 73–85.

[39] Paillex, A., Castella, E., & Carron, G. (2007). — Aquatic macroinvertebrate response along a gradient of lateral connectivity in river floodplain channels. *Journal of the North American Benthological Society*, 26, 779–796.

[40] Dziock, F., Henle, K., Foeckler, F., Follner, K., & Scholz, M. (2006). — Biological indicator systems in floodplain - a review. *International Review of Hydrobiology*, 91, 271–291.

[41] Bournaud, M., Richoux, P., & Usseglio-Polatera, P. (1992). — An approach to the synthesis of qualitative ecological information from aquatic coleoptera communities. *Regulated Rivers : Research and Management*, 7, 165–180.

[42] Statzner, B., Resh, V.H., & Dolédec, S. (eds) (1994). — Ecology of the Upper Rhône River : a test of habitat templet theories. *Freshwater Biology*, 31, 253–556.

[43] Usseglio-Polatera, P., Bournaud, M., Richoux, P., & Tachet, H. (2000). — Biomonitoring through biological traits of benthic macroinvertebrates : how to use species trait databases? *Hydrobiologia*, 422/423, 173–181.

[44] Chevenet, F., Dolédec, S., & Chessel, D. (1994). — A fuzzy coding approach for the analysis of long-term ecological data. *Freshwater Biology*, 31, 295–309.

[45] Usseglio-Polatera, P., Bournaud, M., Richoux, P. & Tachet, H. (2000). — Biological and ecological traits of benthic freshwater macroinvertebrates : relationships and definition of groups

with similar traits. *Freshwater Biology*, 43, 175–205.

[46] Statzner, B., Bonada, N., & Dolédec, S. (2007). — Conservation of taxonomic and biological trait diversity of European stream macroinvertebrate communities : towards a collective public database. *Biodiversity and Conservation*, 16, 3609–3632.

[47] Archaimbault, V., Usseglio-Polatera, P., & Vanden Bossche, J.P. (2005). — Functional differences among benthic macroinvertebrate communities in reference streams of same order in a given biogeographic area. *Hydrobiologia*, 551, 171–182.

[48] Charvet, S., Statzner, B., Usseglio-Polatera, P., & Dumont, B. (2000). — Traits of benthic macroinvertebrates in semi-natural French streams : an initial application to biomonitoring in Europe. *Freshwater Biology*, 43, 277–296.

[49] Statzner, B., Dolédec, S., & Huguény, B. (2004). — Biological trait composition of European stream invertebrate communities : assessing the effects of various trait filter types. *Ecography*, 27, 470–488.

[50] Dolédec, S., Olivier, J.M., & Statzner, B. (2000). — Accurate description of the abundance of taxa and their biological traits in stream invertebrate communities : effects of taxonomic and spatial resolution. *Archiv für Hydrobiologie*, 148, 25–43.

[51] Gayraud, S., Statzner, B., Bady, P., Haybach, A., Schöll, F., Usseglio-Polatera, P., & Bacchi, M. (2003). — Invertebrate traits for the biomonitoring of large European rivers : an initial assessment of alternative metrics. *Freshwater Biology*, 48, 2045–2064.

[52] Bady, P., Dolédec, S., Fesl, C., Gayraud, S., Bacchi, M., & Schöll, F. (2005). — Use of invertebrate traits for the biomonitoring of European large rivers : the effects of sampling effort on genus richness and functional diversity. *Freshwater Biology*, 50, 159–173.

[53] Charvet, S., Kosmala, A., & Statzner, B. (1998). — Biomonitoring through biological traits of benthic macroinvertebrates : perspectives for a general tool in stream management. *Archiv für Hydrobiologie*, 142, 415–432.

[54] Dolédec, S., Statzner, B., & Bournaud, M. (1999). — Species traits for future biomonitoring across ecoregions : patterns along a human-impacted river. *Freshwater Biology*, 42, 737–758.

[55] Usseglio-Polatera, P., & Beisel, J.N. (2002). — Longitudinal changes in macroinvertebrate assemblages in the Meuse River : anthropogenic effects versus natural change. *River Research and Applications*, 18, 197–211.

[56] Dolédec, S., & Statzner, B. (2008). — Invertebrate traits for the biomonitoring of large European rivers : an assessment of specific types of human impact. *Freshwater Biology*, 53, 617–634.

[57] Hutchinson, G.E. (1957). — Concluding remarks. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology*, 415–427.

[58] Connell, J.H. (1978). — Diversity in tropical rain forests and coral reefs. *Science*, 199, 1302–1310.

[59] Vannote, R.L., Minshall, G.W., Cummins, K.W., Sedell, J.A., & Cushing, C.E. (1980). — The river continuum concept. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 37, 130–137.

[60] Paillex, A., Dolédec, S., Castella, E., & Mériçoux, S. (2009). — Large river floodplain restoration : predicting species richness and trait responses to the restoration of hydrological connectivity. *Journal of Applied Ecology*, 46, 250–258.

[61] Lecerf, A., Usseglio-Polatera, P., Charcosset, J.Y., Lambrigot, D., Bracht, B., & Chauvet, E. (2006). — Assessment of functional integrity of eutrophic streams using litter breakdown and benthic macroinvertebrates. *Archiv für Hydrobiologie*, 165, 105–126.