

Programme 2019/2021 – Fonctionnement des écosystèmes - Action n° 3

## **Biodiversité des têtes de bassins versants**

### **Dynamique et vulnérabilité en contexte de fragmentation**

**Rapport Final**

**Auteurs :**

**Mailys Gauthier, Christophe Douady, Tristan  
Lefebure et Thibault Datry**

**Décembre 2019**



- **AUTEURS**

**Maïlys Gauthier**, Doctorante, IRSTEA, [mailys.gauthier@irstea.fr](mailto:mailys.gauthier@irstea.fr)

**Christophe Douady**, Professeur, LEHNA, [christophe.douady@univ-lyon1.fr](mailto:christophe.douady@univ-lyon1.fr)

**Tristan Lefébure**, Maître de conférence, LEHNA, [tristan.lefebure@univ-lyon1.fr](mailto:tristan.lefebure@univ-lyon1.fr)

**Thibault Datry**, Directeur de Recherche, IRSTEA, [thibault.datry@irstea.fr](mailto:thibault.datry@irstea.fr)

- **CORRESPONDANTS**

**AFB** : Claire Magand, [claire.magand@afbiodiversite.fr](mailto:claire.magand@afbiodiversite.fr)

**Droits d'usage** : Accès réservé à AFB Irstea

**Niveau géographique** : National

**Couverture géographique** : Quercy, Jura, Poitou-Charentes

**Niveau de lecture** : experts



Biodiversité des têtes de bassins  
versants -  
Dynamique et vulnérabilité en  
contexte de fragmentation

Rapport Final

Maïlys Gauthier, Christophe Douady,  
Tristan Lefebure et Thibault Datry

**AGENCE FRANÇAISE  
POUR LA BIODIVERSITÉ**

*Établissement public du ministère de l'Environnement*

- **RESUME**

Les têtes de bassins versants correspondent à l'ensemble des petits cours d'eau en amont des réseaux de rivières et représentent une part substantielle de ces réseaux. Malgré cette importance, leur sensibilité aux assèchements naturels, aux perturbations anthropiques et leur rôle majeur dans le bon fonctionnement des réseaux, les têtes de bassins versants sont négligées dans les politiques de gestion et sont même parfois non reconnues comme étant des masses d'eaux de surface. Il est donc important de comprendre comment se structurent les métacommunautés des têtes de bassins versants dans le temps et dans l'espace et comment les altérations hydrologiques influencent cette structuration. Ceci tant d'un point de vue fondamental, pour la compréhension de la dynamique des métacommunautés, qu'appliqué, pour guider les pratiques de restauration et de conservation de ces milieux remarquables. L'objectif de ce projet est d'améliorer la compréhension de la structure des métacommunautés d'invertébrés dans les têtes de bassins versants (1) en étudiant les facteurs influençant leur structure spatiale sur une dizaine de têtes de bassins versants subissant des degrés différents d'altérations hydrologiques et dans des contextes biogéographiques différents, (2) en étudiant la dynamique temporelle d'une métacommunauté de tête de bassin versant sur une année hydrologique et (3) en développant un outil d'identification moléculaire adapté à l'étude des métacommunautés. Nos premiers résultats ont mis en évidence que la dispersion a un rôle majeur dans la structuration des communautés dans les têtes de bassins versants et que la fragmentation par les assèchements et les obstacles à l'écoulement limitent cette dispersion, avec des empreintes sur les différentes composantes de la biodiversité. L'analyse temporelle et la comparaison entre les approches morphologiques et moléculaires permettent également d'améliorer la compréhension de la structure des communautés dans les têtes de bassins versants.

- **MOTS CLES (THEMATIQUE ET GEOGRAPHIQUE)**

têtes de bassins versants, intermittence, métacommunauté, invertébrés benthiques, metabarcoding, dynamique spatiale et temporelle, Jura, Quercy, Deux-Sèvres



Biodiversité des têtes de bassins  
versants -  
Dynamique et vulnérabilité en  
contexte de fragmentation

Rapport Final

Maïlys Gauthier, Christophe Douady,  
Tristan Lefebure et Thibault Datry

**AGENCE FRANÇAISE  
POUR LA BIODIVERSITÉ**

*Établissement public du ministère de l'Environnement*

- **BIODIVERSITY DYNAMICS IN HEADWATER STREAMS: A MOLECULAR PERSPECTIVE**
- **ABSTRACT**

Headwaters are the small streams located upstream in the river networks and represent a substantial part of these networks. Despite their representativeness, their sensitivity to anthropogenic disturbances and their major role in the good functioning of the networks, headwaters are neglected in management policies and are sometimes not recognized as surface water bodies. It is therefore important to understand how headwater metacommunities are structured in space and time and how hydrological disturbances influence their structure, both from a fundamental point of view for the understanding of the dynamics of metacommunities and an applied point of view to guide the restoration or conservation practices of these environments. The objective of this project is to improve the understanding of community structure in headwaters (1) by studying the factors influencing the spatial structure of communities of different headwaters experiencing different degrees of hydrological alteration in different biogeographic contexts ; (2) by studying the spatio-temporal structure in headwater communities and (3) by developing in the laboratory a molecular identification tool adapted to the study of metacommunities that will be compared to morphological identification in a metacommunity study. Our first results showed that dispersal plays a major role in the structuring of communities in headwaters and that fragmentation by drying and weirs limit the dispersal of organisms. Spatio-temporal analysis and comparison between morphological and molecular approaches can improve our understanding of metacommunity dynamics in headwaters.

- **KEY WORDS (THEMATIC AND GEOGRAPHICAL AREA)**

headwaters, intermittence, metacommunity, benthic invertebrates, metabarcoding, spatiotemporal dynamics, Jura, Quercy, Deux-Sèvres



Biodiversité des têtes de bassins  
versants -  
Dynamique et vulnérabilité en  
contexte de fragmentation

Rapport Final

Maïlys Gauthier, Christophe Douady,  
Tristan Lefebure et Thibault Datry

**AGENCE FRANÇAISE  
POUR LA BIODIVERSITÉ**

*Établissement public du ministère de l'Environnement*

- **SYNTHESE POUR L'ACTION OPERATIONNELLE**

- Les têtes de bassins versants sont des éléments clés des réseaux hydrographiques : ils représentent une proportion substantielle en terme de linéaire, jouent un rôle majeur dans les cycles des nutriments et pour le maintien de la biodiversité. Ils doivent être considérés comme tels dans les pratiques de gestion, et évidemment dans la réglementation qui tend pourtant à les ignorer. Comment s'organise la biodiversité dans ces milieux soumis à de plus en plus d'altérations hydrologiques reste inconnu, ce qui limite nos capacités à les protéger et restaurer.
- Durant la dernière décennie, l'étude de la structuration des communautés est passée d'une vision centrée sur les processus locaux (i.e. sur l'environnement local et les interactions entre espèces) à une vision globale où le déplacement des individus, c'est à dire la dispersion, est aussi prise en compte. Le concept de métacommunautés vise à étudier les processus agissant à l'échelle locale et régionale pour décrire la structuration des communautés dans le temps et dans l'espace. Nous avons étudié la dynamique des métacommunautés en invertébrés aquatiques de 11 têtes de bassins versants dans 3 régions Françaises. La sélection des bassins versants a été un long processus faisant intervenir des échanges des DiRs AFB participantes, des critères de préselection (e.g. superficie des bassins, ordre de Sthraler maximum) suivi de prospections pour estimer le degré d'anthropisation in situ et enfin d'un réaffinement selon de nouveaux critères (nombre d'obstacles à l'écoulement, le nombre et le volume de prélèvements en eau et le mode d'occupation des sols). Ensuite, une cartographie des assecs et autres barrières à la dispersion a été réalisée et des prélèvements dans le temps et l'espace ont été effectué pour quantifier la biodiversité et déterminer les processus d'assemblages à l'œuvre. Au total, l'échantillonnage représente environ 6 mois de terrain, 1830 échantillons et plusieurs centaines de milliers d'organismes collectés. Enfin, nous avons comparé ces résultats en utilisant 2 approches pour mesurer la biodiversité : morphologique et moléculaire via du métabarcoding par capture, techniquenovatrice encore peu utilisée.
- Du fait de leur isolation en amont des réseaux, des alternances de phases en assec/en eau, les métacommunautés de ces écosystèmes sont régies par la dispersion plus que par la sélection locale d'habitats. Ceci a de fortes implications : le maintien de la connectivité dans ces écosystèmes est au moins aussi important que la qualité d'habitats locaux, ce qui doit guider les pratiques de restauration et de préservation.
- Les outils moléculaires offrent une réelle alternative à la quantification de la biodiversité via une approche morphologique, en permettant à moindre coût de rendre compte de la biodiversité locale, et des processus régissant les métacommunautés.
- Dans un contexte de changement global, l'accroissement de la fragmentation des réseaux hydrographiques par les assèchements, et notamment des têtes de bassins versants, pourrait mener à un point de bascule qu'il faudra éviter de franchir. Les métacommunautés organisées via une sélection d'habitat dans les réseaux de rivières pérennes deviennent graduellement organisées par la dispersion, ce qui altèrent leur dynamique temporelle, ainsi que leur résilience.

- Ce projet a permis de mettre en évidence certains points intéressants concernant l'échantillonnage et le suivi des têtes de bassins versants. Concernant le protocole d'échantillonnage, le fait que les tronçons intermittents dépendent en partie des tronçons pérennes proches, il est essentiel pour un suivi de prendre en compte les tronçons intermittents ainsi que les tronçons pérennes proches en amont et en aval, refuges et sources potentiels de colonisateurs pendant et après la période d'étiage. Du fait de la dispersion limitée par la fragmentation, il serait optimal pour un bon suivi de prendre en compte l'intégralité de la tête de bassin versant ainsi que tous les tronçons intermittents. Cela demande une bonne connaissance des régimes hydrologiques des tronçons, ce qui n'est pas toujours le cas dans ces milieux. Ainsi, il semble important d'encourager la description et le référencement des rivières de têtes de bassins versants. Il est aussi important avant suivi d'avoir une concertation avec tous les acteurs et actrices travaillant sur les bassins cibles afin d'avoir une vision la meilleure possible pour choisir les points d'échantillonnage. Concernant la date d'échantillonnage, l'axe 2 permettra de montrer si des périodes clés pour le suivi de la biodiversité existent. Cependant l'axe 1 montre déjà qu'un échantillonnage avant la période d'étiage permet de maximiser la biodiversité présente dans les tronçons intermittents et pérennes. D'autres paramètres jouent sur les communautés dans les milieux dynamiques que sont les têtes de bassins versants et la prise en compte de la durée d'assèchements, d'autres habitats (notamment les mouilles), des traits fonctionnels sont des exemples de paramètres qui permettraient d'améliorer le suivi et de donner de meilleures recommandations d'échantillonnage de ce milieu. La thèse de Julie Crabot (Irstea, Centre de Lyon-Villeurbanne, Département RiverLy) a étudié certains de ces paramètres et recouper les différentes recommandations de sa thèse avec celles-ci permettra d'optimiser le suivi des têtes de bassins versants.

*Pour en savoir plus :*

**Datry T.**, Pella H., Leigh C., Bonada N., Hugueny B., 2015. A landscape approach to advance intermittent river ecology. *Freshwater Biology* 61, 1065-1076

Leigh C., **Datry T.** 2016. Drying as a primary hydrological determinant of biodiversity in river systems: a broad scale analysis. *Ecography* 40(4), 487-499

**Datry T.**, Melo A.S., Moya N.B., Zubieta J., De la Barra E., Oberdorff T. Metacommunity patterns across three Neotropical catchments with varying environmental harshness. *Freshwater Biology* 61, 277-292.

**Datry T.**, Moya N.B., Zubieta J., Oberdorff T. Determinants of local and regional communities in intermittent and perennial headwaters of the Bolivian Amazon. *Freshwater Biology* 61, 1335-1349.

Crabot J, Heino J, **Datry T.** 2019. Drying determines the temporal dynamics of stream invertebrate structural and functional beta diversity. *Ecography*, in press

Gauthier M., Konecny-Dupré L., Nguyen A., Elbrecht V., **Datry T.**, Douady C.J., & Lefébure T. (2019). Enhancing DNA metabarcoding performance and applicability with bait capture enrichment and DNA from conservative ethanol. *bioRxiv*, 580464.

- **SOMMAIRE**

<b>1. Introduction</b> .....	8
<b>2. Axe 1 : Structure spatiale des métacommunautés dans les têtes de bassins versants</b> .....	9
2.1. Méthodes .....	9
2.1.1. Têtes de bassins versants potentielles : prospections et sélections ..	9
2.1.2. Échantillonnage .....	11
2.2. Résultats .....	13
2.2.1. Données générales .....	13
2.2.2. Diversité alpha .....	13
2.2.3. Diversité beta.....	13
2.3. Discussion et perspectives.....	17
<b>3. Axe 2 : Dynamique temporelle des métacommunautés dans les têtes de bassins versants</b> .....	18
<b>4. Axe 3 : Approche moléculaire : développement et test d'une méthode d'identification pour les communautés d'invertébrés</b> .....	19
4.1. Développement d'un outil moléculaire pour l'identification des invertébrés benthiques .....	19
<b>5. Conclusion</b> .....	21
<b>6. Sigles &amp; Abréviations</b> .....	22
<b>7. Bibliographie</b> .....	22
<b>8. Table des illustrations</b> .....	24
<b>9. Annexes</b> .....	25
<b>10. Remerciements</b> .....	41

## 1. Introduction

Les têtes de bassins versants (TBVs) correspondent à l'ensemble des petits cours d'eau en amont des réseaux de rivières (Clarke et al, 2008) et représentent une part substantielle de ces réseaux (Beanstead & Leigh, 2012). En Europe, elles représentent 80-90 % du linéaire de l'ensemble du réseau hydrographique (Globevnik, 2009). Elles ont un rôle fondamental dans le fonctionnement des réseaux hydrographiques allant de l'apport de sédiments et de matière organique aux sections en aval à des zones de refuges ou de ponte pour certaines espèces (Meyer et al, 2007) et abritent une biodiversité unique (Clarke et al, 2008). Malgré leur représentativité et leur importance primordiale dans les réseaux, les têtes de bassins versants sont négligées dans les politiques de gestion (e.g. arrêté ministériel du 04 mai 2017 AGRG1632554A) et sont même parfois non reconnues comme étant des masses d'eaux de surface (taille du bassin < 10 km<sup>2</sup> dans la Directive cadre européennes sur les eaux ; EC, 2003). A cela s'ajoute leur sensibilité forte aux perturbations anthropiques en comparaison aux rivières plus larges qui perturbent leur cycle hydrologique et leur fonctionnement naturels (Lowe & Likens, 2005). En effet, les cours d'eau des TBVs sont généralement intermittents dû à leur petite taille et à leur dépendance aux précipitations et au niveau d'eau dans les nappes phréatiques ou les sols pour leur approvisionnement en eau (Datry, Bonada & Boulton, 2017) et leur régime hydrologique est de plus en plus altéré par les actions humaines (prélèvements, retenues collinaires, soutien d'étiage).

Durant la dernière décennie, l'étude de la structuration des communautés est passée d'une vision niche-centrée axée sur les processus locaux à une vision globale où le déplacement des individus, c'est à dire la dispersion, est aussi prise en compte (Leibold et al, 2004). En effet, les études en écologie des communautés étaient à leurs débuts focalisées sur l'échelle locale (diversité alpha) via le concept de niche écologique pour expliquer la distribution des communautés (Hutchinson 1957). D'après ce concept, une espèce occupe dans une communauté un espace spécifique déterminé par les conditions environnementales qu'elle tolère (niche spatiale) et son rôle dans l'écosystème (niche fonctionnelle) : sa niche écologique. Le processus impliqué, la sélection de l'habitat, agit à l'échelle local (filtre environnemental et interactions entre espèces). Cette vision niche-centrée a évolué vers une vision prenant en compte des processus opérant à des échelles spatiales plus large. En 2004, Leibold et al présentent le concept de métacommunautés qui, pour la première fois, propose d'étudier la structuration des communautés à deux échelles spatiales : locale (processus de sélection de l'habitat) et régionale (processus de dispersion). La dispersion correspond aux mouvements d'individus dans le temps et dans l'espace entre localités (Bilton et al, 2001). Ainsi, les métacommunautés sont structurées par des processus locaux mais aussi régionaux. La prise en compte de la dispersion dans l'étude des communautés a permis d'améliorer notre compréhension de leur structuration, notamment dans des systèmes contraints spatialement tels que les habitats fragmentés (Gonzales, 2015), les réseaux de lacs (Cottenie & De Meester, 2005) et aussi les réseaux dendritiques dont font partie les réseaux hydrographiques (Brown & Swan, 2010). En effet, le dendritisme du réseau (Campbell et al, 2007) associé au flux unidirectionnel du courant de l'amont vers l'aval (Benda et al, 2004 ; Brown et al, 2011) et au dynamisme du régime hydrologique comme les assèchements (Datry et al, 2016) ou les crues (Poff, 1997) contraignent la dispersion des organismes au sein du réseau. De nombreuses études montrent la pertinence de prendre en compte la dispersion dans l'étude de la structure des communautés dans les réseaux hydrographiques sous le prisme des métacommunautés (e.g. Brown & Swan, 2010 ; Brown et al, 2011 ; Canedo-Arguelles et al, 2015 ; Heino et al, 2015), ce qui est d'autant plus vrai concernant les métacommunautés des TBVs qui sont isolées du reste du bassin de par leur position. Il est donc important de comprendre comment se structurent les métacommunautés des TBVs dans le temps et dans l'espace et comment les altérations hydrologiques influencent leur structuration, tant d'un point de vue fondamental, pour la compréhension de la dynamique des métacommunautés, qu'appliqué, pour guider les pratiques de restauration ou de conservation des TBVs.

Les macroinvertébrés sont des organismes clés dans les TBVs où ils fournissent des services

écosystémiques essentiels ((e.g. décomposition des matériaux, source de nourriture, Wallace & Webster, 1996 ; Clarke et al, 2008). Ils sont aussi utilisés comme bio-indicateurs de l'état des rivières du fait de leurs exigences particulières et spécifiques différentes vis-à-vis des conditions environnementales (Cairns & Pratt, 1993). De plus, leur diversité de traits fonctionnels et biologiques en fait de bons modèles dans l'étude des métacommunautés (e.g. diversité des traits de dispersion). Cependant, une limite à l'utilisation de ce modèle biologique est l'identification morphologique (ou morpho-anatomique) des spécimens qui présente plusieurs inconvénients (Hebert et al, 2003). Entre autres, elle ne permet pas toujours une identification à l'espèce des spécimens amenant à une vision biaisée des métacommunautés en masquant certains patrons de structuration (Martin et al, 2016 ; Sweeney et al, 2011). Identifier par leur ADN les spécimens (barcoding ou metabarcoding) permet de discriminer les espèces et, dans le cadre de l'étude des métacommunautés, d'aller vers une meilleure compréhension des processus structurant les communautés. L'objectif de la thèse est d'améliorer la compréhension de la structure des têtes de bassins versants (1) en étudiant les facteurs influençant la structure spatiale des communautés de différentes têtes de bassins versants subissant des degrés différents d'altérations hydrologiques dans des contextes climatiques et biogéographiques différents, (2) en étudiant la structure spatio-temporelle des communautés d'une tête de bassin versant et (3) en développant un outil d'identification moléculaire adapté à l'étude des métacommunautés en laboratoire qui sera comparé à l'outil d'identification morphologique dans le cadre d'une étude de métacommunauté.

Dans un premier temps (Axe 1), les communautés de macroinvertébrés benthiques de 10 TBVs situés dans les massifs du Quercy et du Jura et subissant des degrés variables d'altérations hydrologiques ont été échantillonnées avant et après étiage. Dans un deuxième temps (Axe 2), un suivi temporel de la structure des communautés de TBVs a été entrepris avec l'échantillonnage des communautés d'une TBV dans les Deux-Sèvres tous les mois pendant 10 mois. La proportion des processus structurant les milieux dynamiques tels que les TBVs sont susceptibles de varier au cours du temps et pouvoir quantifier ces variations permettra de mieux comprendre comment se structure les communautés de TBVs dans le temps et dans l'espace. Enfin, dans un troisième temps (Axe 3), l'apport d'une identification pour la compréhension des processus structurant les métacommunautés va être évalué en (1) développant un outil moléculaire permettant une identification au niveau spécifique des spécimens et de répondre à certaines limites du metabarcoding classique et en (2) comparant les approches d'identification morphologique et moléculaire afin de mettre en évidence les apports et complémentarités de ces deux approches pour l'étude des métacommunautés. Le but in fine est de proposer des outils de gestion et de conservation adaptés aux TBVs, milieux dynamiques et sensibles à l'anthropisation.

## 2. Axe 1 : Structure spatiale des métacommunautés dans les têtes de bassins versants

Cet axe fait l'objet d'un article scientifique en finalisation de rédaction qui devra être soumis en Décembre 2019 au journal *Ecography*. L'hypothèse testée est que la dispersion est le processus dominant dans la structuration des communautés de TBVs du fait de leur position particulière dans les réseaux hydrographiques. Pour cela, les patrons de diversité alpha (locale) et beta (i.e. niveau de changement dans la composition des communautés, Whittaker, 1972) ont été étudiés pour comprendre quels facteurs étaient importants dans la structure des communautés dans les TBVs soumis à différents degrés d'anthropisation.

### 2.1. Méthodes

#### 2.1.1. Têtes de bassins versants potentielles : prospections et sélections

L'objectif du projet est d'étudier la structure des communautés (i) en fonction des niveaux d'altérations hydrologiques différents et ce (ii) dans des régions différentes. Les régions sélectionnées sont dans les bassins des DiRs AFB participantes (bassins d'Adour-Garonne, Rhône-Méditerranée & Corse et Loire-Bretagne). Dans cette partie, nous ne parlerons que des bassins d'Adour-Garonne, Rhône-Méditerranée & Corse, car la partie 3 s'intéresse au bassin de Loire-Bretagne dans le cadre de la dynamique temporelle des métacommunautés en têtes de bassins versants. En 2016, 62 bassins versants ont été proposés par

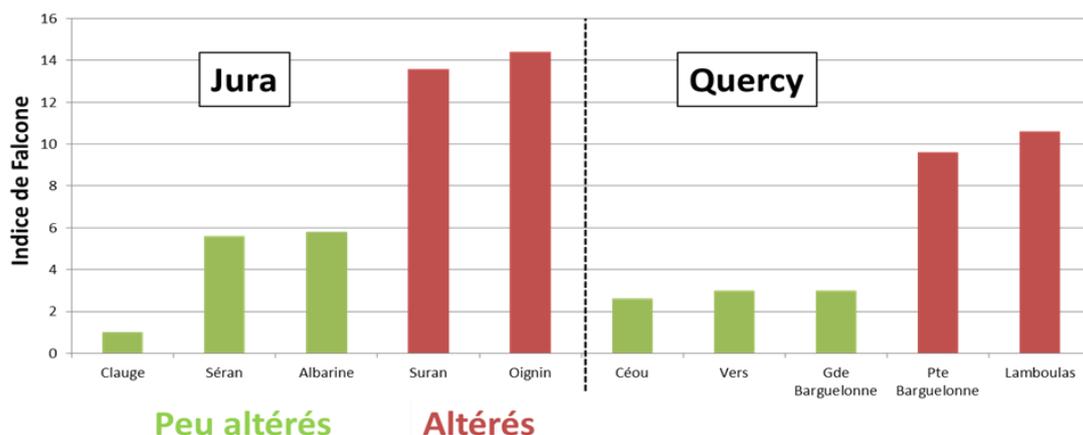


Figure 1 : Indice de Falcone pour les bassins versants sélectionnés pour l'étude de la structure spatiale des métacommunautés. L'indice a été calculé à partir du nombre et du volume des prélèvements en eau et du nombre d'obstacles à l'écoulement, permettant de classer les bassins en bassins peu altérés et altérés hydrologiquement

l'AFB, en lien avec les différentes DiRs concernées et après consultation de leurs services départementaux (Annexe 1). Plusieurs critères de présélections ont été établis afin de réduire le nombre de bassins versants à prospector, à savoir la taille des bassins (inférieure à 200 km<sup>2</sup>), l'ordre maximum des rangs de Strahler des cours d'eau (inférieur à 3), la présence souhaitée de stations ONDE ainsi que la présence faible d'anthropisation hors altérations hydrologiques (i.e. physico-chimiquement et morphologiquement). Les 46 bassins versants restants après cette sélection (Annexe 1) ont été prospectés en Janvier 2017 afin d'estimer in situ les degrés de dégradation morphologique, chimique et hydrologique et le nombre de cours d'eau potentiellement intermittents. Sur SIG, d'autres critères ont été ajoutés à ces données: le nombre d'obstacles à l'écoulement (Référentiel d'Obstacle à l'Écoulement, ROE, <https://geo.data.gouv.fr/fr/datasets/81d068adab297e6e4e0cd5a06e755ebeb1f885ca>), le nombre et le volume de prélèvements en eau (Banque nationale des prélèvements en eau, BNPE, <http://www.bnpe.eaufrance.fr/>), le mode d'occupation des sols (CORINE Land Cover, <https://www.statistiques.developpement-durable.gouv.fr/corine-land-cover-0>) ainsi que la possibilité de placer 20 à 30 sites au sein d'un bassin versant.

Au final, 10 bassins versants ont été retenus dans le massif du Quercy et le massif du Jura (Annexe 2). Ces deux secteurs ont été choisis pour différentes raisons. Tout d'abord, ils présentent un contexte hydrogéologique et un contexte climatique similaires (cours d'eau issus de massifs calcaires karstifiés et situés en moyenne altitude en milieu tempéré) permettant de comparer les résultats de structure de communautés dans des bassins biogéographiquement différents (i.e. pools régionaux d'espèces différents). Ensuite, il a été possible de sélectionner, pour chacune des régions, des bassins hydrologiquement peu altérés et d'autres plus altérés par les actions humaines. L'indice de Falcone (Falcone et al, 2010) a été utilisé pour classer les bassins versants dans ces deux catégories en se basant sur le nombre et le volume des prélèvements en eau de la base de données BNPE et du nombre d'obstacles à l'écoulement de la base de données ROE (Figure 1). Cet indice a servi de base pour la sélection des bassins versants au sein des régions.

La définition des sites a été faite dans un premier temps sur SIG mais des modifications a posteriori ont pu être apportées au regard des conditions observées (e.g. absence de radiers, hauteur d'eau trop élevé, accès au site impossible). Pour placer les sites, plusieurs règles ont été suivies: (1) les sites doivent être définis de manière la plus régulière possible sur tout le linéaire afin de représenter au mieux le bassin versant, par exemple en plaçant un site sur chaque tronçon hydrologique, (2) un site ne peut être localisé à moins de 200 mètres d'une confluence (Altermatt, 2013) ou d'une construction comme les seuils (Fuller et al, 2015) afin de limiter les biais sur la composition des communautés liés à ces facteurs, (3) au regard des connaissances du bassin versant, toutes les sections intermittentes doivent comporter un site. Entre 20 et 30 sites de prélèvements ont été placés par bassin versant. Les cartes présentant la position des sites de

prélèvement pour chaque bassin sont consultables en annexe 3.

### 2.1.2. Échantillonnage

Afin de caractériser au mieux la structure spatiale des communautés dans les têtes de bassins versants, deux périodes d'échantillonnage ont été prises en compte : avant étiage au printemps 2017 (Juin 2017) et après étiage (i.e. après la remise en eau) à l'hiver 2017-2018 (Décembre 2017-Février 2018).

Sur chaque station, 3 prélèvements ont été effectués : deux échantillons en tête de radier et un échantillon en mouille. Le double échantillonnage en tête de radier tient au fait qu'un échantillon a été destiné à l'identification morphologique, l'autre à l'identification moléculaire (cf partie 4.2). Les prélèvements ont été réalisés à l'aide d'un filet surber (1/20ième de m<sup>2</sup>) à maille de 500µm. Ils ont ensuite été nettoyés et tamisés puis le refus du tamis a été conditionné dans des sacs Whirl-pak® pour les échantillons destinés à l'identification morphologique et dans des flacons hermétiques pour ceux destinés à l'identification moléculaire. Ils ont enfin été fixés avec de l'alcool à 96°.

Concernant l'identification morphologique, en laboratoire, le contenu de chaque échantillon a été tamisé sur 2 mailles différentes, 2mm et 500µm, par une mise en suspension dans l'eau afin de ne pas endommager les individus. Les deux fractions ont été comptabilisées séparément. Les invertébrés ont ensuite été identifiés au niveau taxonomique le plus fin, dans les limites des connaissances taxonomiques et des possibilités techniques. Suivant les groupes, les niveaux sont donc variables (Tableau 1). Le tri et l'identification ont été réalisés par plusieurs opérateurs, dont deux permanents d'Irstea qui ont contrôlé systématiquement tous les individus (Bertrand LAUNAY et Guillaume LE GOFF).

Tableau 1 : Liste des ordres d'invertébrés benthiques échantillonnés et leur niveau d'identification maximal, listé alphabétiquement par ordre au sein de groupes plus élevé (Ph, Phylum; Cl, Classe; sCl, Sous-classe). Le niveau défini ici ne concerne que les individus identifiables, c'est-à-dire ceux proches des derniers stades de développement et correctement conservés dans l'échantillon. Les individus immatures sont souvent identifiés au niveau taxonomique inférieur.

Groupe	Ordre	Niveau d'identification
Acari (sCl)	Hydrachnidia	Ordre
Bivalvia (sCl)		Espèce
Copepoda (sCl)		Ordre
Gastropoda (Cl)		Espèce
Hirudinea (sCl)		Genre
Hydrozoa (Cl)		Ordre
Insecta (Cl)	Coleoptera	Genre
	Diptera	Famille/ Genre
	Ephemeroptera	Espèce
	Hemiptera	Genre
	Hymenoptera	Espèce
	Megaloptera	Espèce
	Odonata	Espèce
	Plecoptera	Espèce
	Trichoptera	Espèce
Malacostraca (Cl)	Amphipoda	Genre
	Decapoda	Espèce
	Isopoda	Espèce
Nematoda (Ph)		Ordre
Oligochaeta (sCl)		Sous-classe
Ostracoda (Cl)		Ordre
Platyhelminthes (Ph)	Tricladida	Genre/ Espèce

A chaque point de prélèvement, 12 variables environnementales ont été mesurées. Au point de prélèvement des invertébrés, la hauteur d'eau (cm), la largeur mouillée (cm), la vitesse du courant (cm.s<sup>-1</sup> mesurée à 40% de la hauteur d'eau avec un anémomètre Miniwater20 (Schiltknecht, Gossau, Switzerland)) et le type de substrat primaire et secondaire ont été mesurés. Le type de substrat était

classé en 14 classes (surface uniforme dure, algues, sable, limon, vase, spermaphyte émergent, graviers, blocs, galets, substrat ligneux, chevelu racinaire, litière, spermaphyte immergé, bryophyte). L'altitude (m), la latitude et la longitude de chaque site ont été obtenus avec un GPS Garmin. La conductivité ( $\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$ ) et la température ont été mesurées avec un conductimètre HQ14d, le pH et le pourcentage d'oxygène dissous ont été mesurés avec une sonde multi-paramètres HQ40d (HACH, Loveland, Colorado, USA) en amont des points de prélèvements pour éviter un biais dans les mesures. Sur un tronçon de 20 fois la largeur mouillée, le pourcentage d'ombrage a été estimé visuellement et la pente (%) a été mesurée avec un clinomètre.

### 2.1.3. Caractérisation des états d'écoulement

Des enregistrements ont été obtenus grâce à la pose, sur quelques sites, de capteurs d'état constitués d'un boîtier étanche, d'un enregistreur Hobo « Data logger state », d'un câble électrique et d'une sonde. Le boîtier est placé en berge, le câble enterré et caché, et la sonde fixée dans le lit du cours d'eau. Des iButton®, sondes température avec un enregistrement toutes les 2 heures, ont également été placés dans le lit du cours d'eau sur la moitié des sites de prélèvements. L'objectif était de coupler l'information de ces deux sources afin d'établir des chroniques d'état d'écoulement sur les sites pour extrapoler ces états d'écoulement à l'ensemble du bassin versant. Malheureusement, les données des iButton® étaient très bruitées et elles n'ont pas pu être exploitées pour ce projet. Il est tout de même envisageable d'extraire les états d'écoulement à partir de ces données si un temps suffisant était apporté à leur analyse. Une campagne d'observation a été effectuée en Août 2017, période où les assèchements étaient supposés les plus forts, afin de caractériser les régimes hydrologiques des sites de prélèvements. Les états d'écoulements ont été attribués selon une des catégories suivantes : *en écoulement* lorsque le tronçon était en eau avec un écoulement de surface ; *en rupture* lorsque le tronçon comprenait des mouilles déconnectées sans écoulement d'eau en surface ; et *sec* lorsqu'il n'y avait pas d'eau visible au niveau du tronçon. Ensuite, un régime hydrologique a été assigné à chaque tronçon de chaque TBV en couplant ses informations aux données des capteurs d'état d'écoulement : pérenne (état d'écoulement *en écoulement*) ou intermittent (états d'écoulement *en rupture* et *sec*).

### 2.1.4. Analyse

Les analyses et résultats présentés dans cet axe portent sur les échantillons de radiers identifiés morphologiquement uniquement. Pour des raisons de manque de temps et de problèmes rencontrés lors de la mise en place de protocole pour l'identification moléculaire, seul un bassin versant a été traité en identification moléculaire et fait partie d'un autre axe de la thèse (Albarine, cf Partie 4.2).

Bien que la sélection des TBVs altérées et non altérées se soit faite au regard de plusieurs types de données et base de données sur les perturbations anthropiques (i.e. ROE, BNPE et mode d'occupation des sols), les analyses n'ont intégrées que les obstacles à l'écoulement (base de données ROE). En effet, intégrer les prélèvements en eau et le mode d'occupation des sols s'est avéré extrêmement compliqué dans le cadre des analyses portant sur la diversité bêta.

#### 2.1.4.1. Analyse de la diversité à l'échelle locale (diversité alpha)

La richesse taxonomique totale a été calculée pour chaque site de prélèvement et la présence d'une différence de richesse a été testée entre régimes hydrologiques (pérenne versus intermittent) et entre période d'échantillonnage avec des modèles à effets mixtes (test du rapport de vraisemblance, Bolker et al, 2009).

#### 2.1.4.2. Analyse de la diversité à l'échelle régionale (diversité bêta)

La diversité régionale a été analysée par des tests de Mantel permettant de comparer la diversité bêta (i.e. les dissimilarités de composition et d'abondance des communautés entre sites ; l'indice utilisé a été l'indice de Chao (Chao et al, 2005)) à des distances environnementales (i.e. les dissimilarités par rapport aux paramètres environnementaux mesurés entre sites) et spatiales. Les distances spatiales testées dans notre étude sont les distances euclidiennes (i.e. à vol d'oiseau, EUC), réseau (i.e. le long du réseau, NET pour network en anglais), d'assèchements comptabilisant la longueur des sections asséchées entre sites (DRY) et de fragmentation comptabilisant le nombre de sections asséchées et d'obstacles à l'écoulement entre

sites (DRY+FRA). Ces distances ont été calculées à partir de la base de données Carthage (<http://www.sandre.eaufrance.fr/atlas/srv/fre/catalog.search;jsessionid=j7hggzjk61l61ru6loglyweeg?mode=ModeMeta&uuid=3409c9c3-9836-43be-bac3-b110c82b3a25#/meta1>) modifiée si besoin (i.e. ajout des cours d'eau non référencés dans la base de données) sur QGIS v3.10. Les tests ont été effectués sur la communauté totale, la part de la communauté possédant un stade aérien et pouvant donc disperser par voie terrestre et les taxa strictement aquatiques (Tachet et al, 2002).

Tableau 2 : Caractéristiques des bassins pour chaque TBV.

Nom des TBVs	Code	Aire (km <sup>2</sup> )	Gamme d'altitude (m)	Nombre de sites	Massif	Nombre d'obstacles à l'écoulement	Linéaire pérenne total (m) (% de linéaire)	Linéaire asséché total (m) (% de linéaire)
Clauge	CLAU	112	212-266	30	Jura	0	137818.1 (53.2)	121397.3 (46.8)
Suran	SURA	132	326-437	22	Jura	15	70792.2 (81.9)	15681.7 (18.1)
Oignin	OIGN	93	521-874	25	Jura	45	112239.8 (83.7)	21879 (16.3)
Albarine	ALBA	99	747-985	21	Jura	3	51260 (67.3)	24900.6 (32.7)
Séran	SERA	156	341-941	21	Jura	6	81682.2 (71.2)	33027.7 (28.8)
Céou	CEOUE	134	227-288	20	Massif central (Ouest)	9	37047.5 (64.3)	20526.8 (35.7)
Vers	VERS	91	177-337	22	Massif central (Ouest)	21	51940.4 (70.4)	21810 (29.6)
Petite Barguelonne	PBAR	120	111-232	23	Massif central (Ouest)	19	114801.1 (92.9)	8719.1 (7.1)
Grande Barguelonne	GBAR	110	116-215	20	Massif central (Ouest)	10	166442.8 (85.5)	28253.6 (14.5)
Lemboulas	LEMB	126	131-238	22	Massif central (Ouest)	18	103777.5 (69.8)	44987 (30.2)

## 2.2. Résultats

### 2.2.1. Données générales

Dans les TBVs étudiées, les durées d'assèchement étaient généralement de 4 mois mais certains tronçons ont été asséchés pour seulement un mois tandis que d'autres l'étaient pendant 6 mois. Les informations relatives aux TBVs sont disponibles dans le tableau 2. Au total, 165 et 220 sites ont été échantillonnés avant et après étiage, respectivement, avec une liste de 210 taxa au total. En moyenne, un échantillon contenait  $18 \pm 7$  (moyenne  $\pm$  écart type) taxa et  $353 \pm 1421$  individus. Les abondances variaient largement entre les deux campagnes d'échantillonnage avec des sites à  $625 \pm 786$  individus avant étiage et  $35 \pm 14$  individus après.

### 2.2.2. Diversité alpha

La diversité alpha (i.e. la richesse taxonomique) était significativement plus faible dans les sites intermittents par rapport aux sites pérennes (moyenne  $\pm$  écart type :  $\alpha_{INT} = 16.34 \pm 6.44$ ;  $\alpha_{PER} = 21.97 \pm 6.33$ , Figure 2). Elle était aussi plus faible après la période d'étiage qu'avant ( $\alpha_{BEFORE} = 21.54 \pm 6.65$ ;  $\alpha_{AFTER} = 18.42 \pm 6.85$ , Figure 2). Les proportions des taxa uniques et partagés entre communautés de sites intermittents et pérennes pour chaque TBV a aussi été testé par un test de Wilcoxon et était significative ( $W=44$ ,  $p$ -value=0.01, figure 3).

### 2.2.3. Diversité beta

Bien qu'une forte variabilité a été observé entre TBVs, la diversité beta n'était jamais corrélé avec l'environnement tandis qu'elle l'était avec les matrices de distances (Figure 4). Les corrélations étaient plus fortes pour les matrices relatives à la fragmentation (DRY et DRY+FRA). Des corrélations significatives ont

été observées plus fréquemment avant la période d'été et pour les taxa ayant un stade aérien.

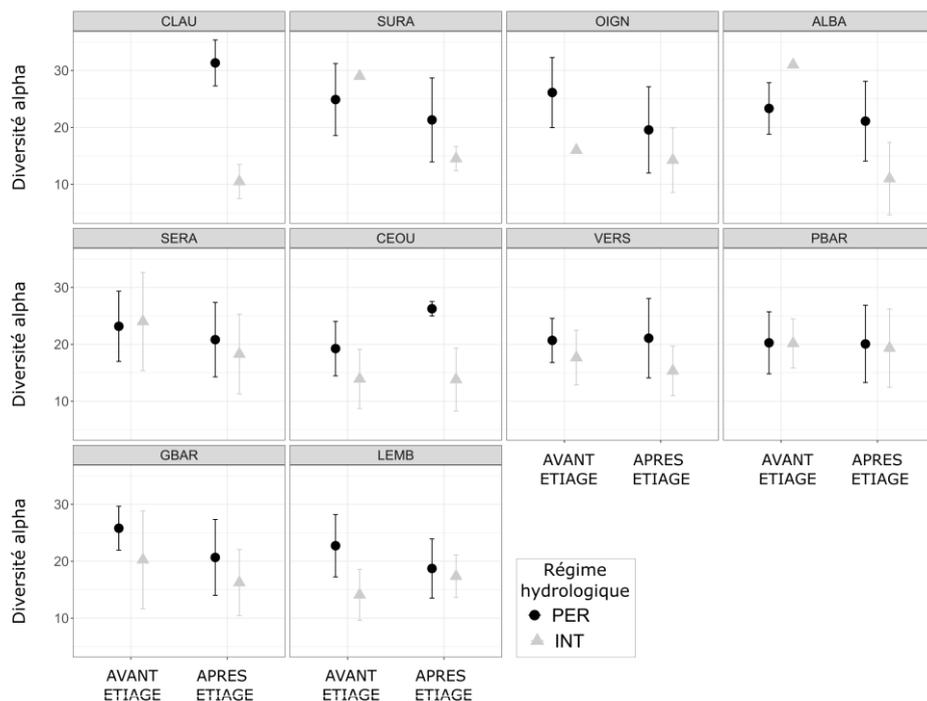


Figure 2 : Distribution de la diversité alpha pour les sites pérennes (ronds noirs) et intermittents (triangle gris) pour chaque TBV et chaque campagne de prélèvements (avant et après étiage). PER, sites pérennes ; INT, sites intermittents

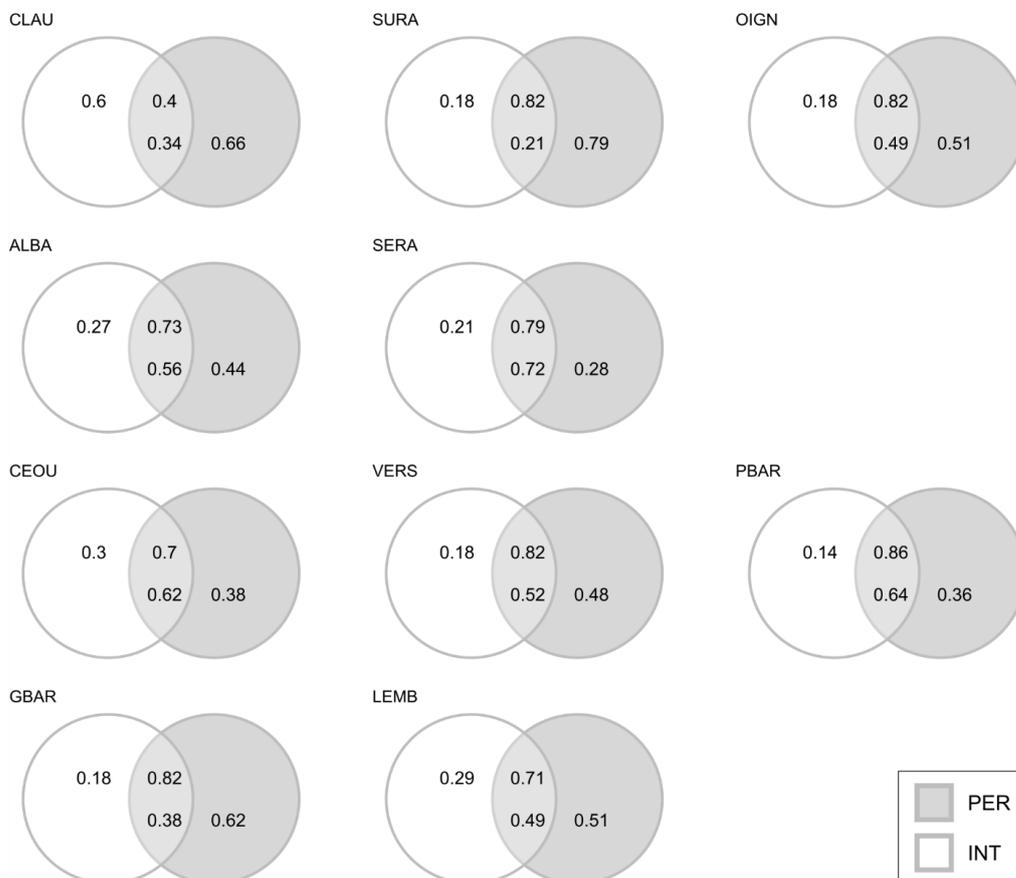
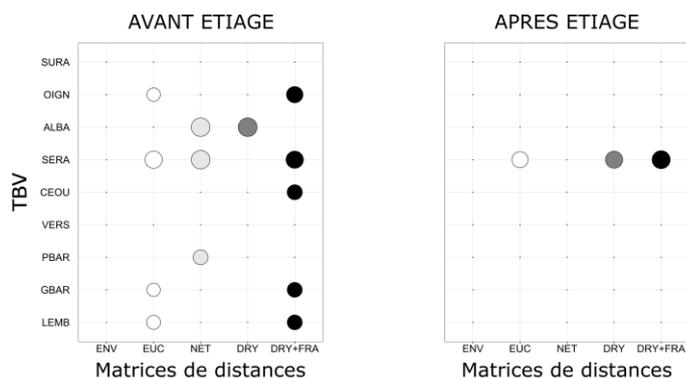
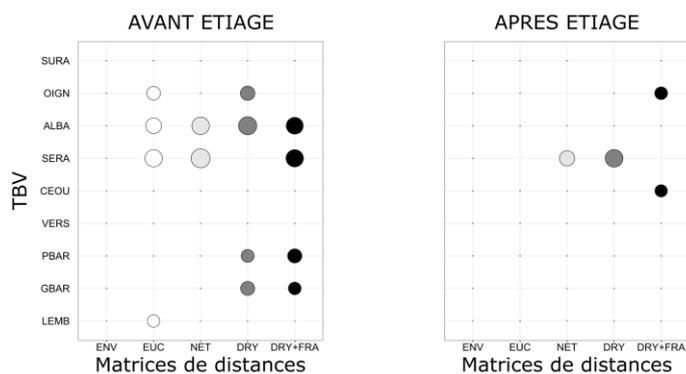


Figure 3 : Diagramme de Venn montrant les proportions de taxa unique et partagé entre communautés de sites intermittents (INT) et pérennes (PER) pour chaque TBV. La différence entre les proportions de taxa partagées entre les proportions de taxa partagées par les communautés des deux types de sites était significative.

### a) Total



### b) Stade aérien



### c) Strictement aquatique

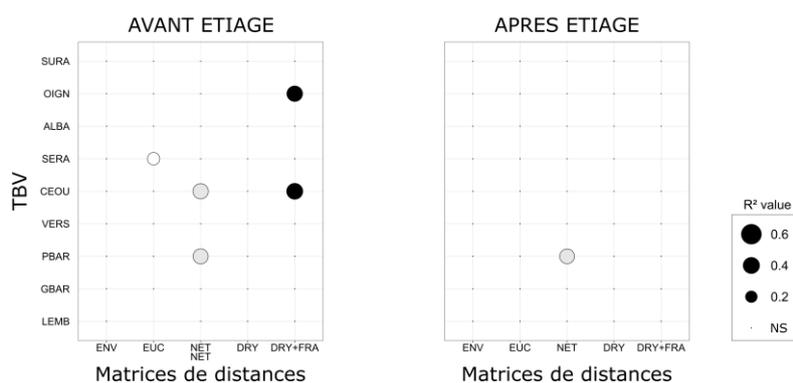


Figure 4: Valeur explicatif ( $R^2$ , intensité de la corrélation relative à la taille du point) des tests de mantel pour chaque combinaison de type de communauté (indice de Chao, communauté totale, taxa possédant un stade aérien et taxa strictement aquatique), de matrices de distances dans chaque TBV et pour chaque période d'échantillonnage (avant et après étiage). Seuls les  $R^2$  pour lesquels une significativité du test a été observé sont présentés. ENV, distance environnementale; EUC, distance euclidienne; NET, distance réseau; DRY, distance basé sur la longueur des sections asséchées; DRY + FRA, distance basée sur le nombre de sections asséchées et d'obstacles à l'écoulement.

### 2.3. Discussion et perspectives

Les résultats obtenus ont permis de mettre en évidence que les TBVs qui sont sujettes aux assèchements présentes des cours d'eau intermittents avec une diversité plus faible que les cours d'eau pérennes et que la composition de leurs communautés était en majorité des sous-ensembles des communautés de cours d'eau pérennes. De plus, l'étude de la diversité beta a montré que les distances spatiales sont importantes dans la structure des communautés à l'échelle régionale (i.e. plus les distances spatiales sont élevées, plus les dissimilarités entre communautés sont fortes) et que cette limitation à la dispersion était liée aux assèchements et aux obstacles à l'écoulement. Ainsi, nos résultats suggèrent, en accord avec notre hypothèse de départ, que la dispersion est un processus important dans la structuration des communautés à l'échelle locale et régionale en permettant la recolonisation des sites intermittents à partir des sites pérennes sources d'une part et en limitant les échanges entre communautés d'autre part.

A l'échelle locale, les cours d'eau intermittents semblent dépendants de la recolonisation à partir des sources pérennes après remise en eau et montrent une diversité en taxa plus faible. Il est aussi possible qu'une recolonisation par les zones hyporhéiques (Vander Voste et al, 2015) ou des formes de résistance aux assèchements aient lieu dans les TBVs étudiées. Une étude intégrant des traits fonctionnels associés à la fuite vers les zones hyporhéiques lors des assèchements et/ou aux capacités de résistance aux assèchements serait utile afin de mieux comprendre les sources de recolonisation des sites intermittents après remise en eau mais une telle analyse n'était pas dans les objectifs initiaux de ce projet et n'a pas pu être entreprise par manque de temps. La thèse de Julie Crabot (Centre Irstea de Lyon Villeurbanne, Département RiverLy, équipe DYNAM) a montré l'intérêt de prendre en compte la richesse fonctionnelle dans les études de communautés afin de mieux comprendre leur composition et les mécanismes sous-jacents en milieu dynamique. Il serait donc intéressant d'appliquer sa méthode à notre jeu de données.

A l'échelle régionale, il a été montré que la fragmentation jouait un rôle important dans la structuration des communautés contrairement à l'environnement locale. La dispersion y est limitée et ce pour tous les types de communautés (totale, taxa à stade aérien et taxa strictement aquatique). La séparation des communautés en taxa à stade aérien et taxa strictement aquatique amène à des patrons différents et intégrer d'autres traits pouvant influencer la colonisation des milieux spatialement ou temporellement permettrait de comprendre plus finement comment les cours d'eau intermittents sont recolonisés. Une variabilité temporelle a également été observée avec une structure plus stochastique après remise en eau qui s'explique par des processus associés aux crues qui induit des séquences d'extinction et de colonisation locales courtes et rapides.

Finalement, malgré le fait que l'environnement ne semble jamais impacter la structure des communautés dans les TBVs étudiées, il a été observé une variabilité de patrons de distribution entre TBVs soulignant d'une part l'intérêt d'étudier plusieurs bassins et d'autre part la difficulté à l'échelle d'un bassin versant d'observer des tendances identiques. Tout d'abord, les TBVs étudiées variaient entre elles par rapport au nombre d'obstacles à l'écoulement et aux pourcentages de linéaires asséchés (Tableau 2). De plus, la configuration dans l'espace des assèchements (Crabot et al, 2019) et des obstacles à l'écoulement a un impact sur la structure des communautés et dans notre étude, cette configuration variait entre les TBVs étudiés. Concernant le référentiel ROE, la fiabilité de l'information est à remettre en question étant donné qu'elle ne prend pas en compte les barrières naturelles à la dispersion et que des données sont manquantes ou non mises à jour (e.g. obstacle détruit observé in situ et figurant dans les données ROE). La méthode de recueil sur les Informations Continuité Ecologiques ICE qui est en cours de mise à jour prend en compte les obstacles à l'écoulement d'origine anthropique et naturelle et permettra d'acquérir une information plus fiable quand elle sera actualisée. D'autres composantes liées aux activités humaines influencent également les dynamiques de dispersion dans les bassins versants, telles que l'occupation du sol ou la linéarisation des lits de rivières, que nous avons pris en compte ou non pour la sélection de nos TBVs (McCluney et al, 2014). Comme dit précédemment, prendre en compte ces différentes composantes et leur variabilité est aujourd'hui un challenge dû au fait des lacunes existantes pour leur estimation et de la manière de les considérer dans les analyses.

En résumé, la dispersion joue un rôle majeur dans la structuration des communautés dans les TBVs avec des colonisations des cours d'eau pérennes au cours d'eau intermittents après remise en eau et une limitation à la dispersion liée à la structure du réseau mais surtout à la fragmentation par les assèchements et les obstacles à l'écoulement. Cependant, cette conclusion est à nuancer étant donné qu'une variabilité de patrons a été observée entre les TBVs étudiées. Ainsi, il semble que de nombreux facteurs influencent les dynamiques de dispersion et de structuration dans les métacommunautés de TBVs et que cette variabilité doit être prise en compte dans les études afin d'englober la diversité des patrons de distribution observée.

### **3. Axe 2 : Dynamique temporelle des métacommunautés dans les têtes de bassins versants**

L'axe 1 ayant porté sur la dynamique spatiale à seulement deux périodes de l'année mais sur de nombreux TBVs, l'axe 2 se concentre sur le suivi d'une TBV sur 10 mois afin de pouvoir étudier les variations des processus structurant les TBV au cours du temps. En effet, l'axe 1 a montré que des variations temporelles étaient observées dans ces milieux dynamiques (avant et après étiage) et l'axe 2 cherche à étudier plus finement ces variations temporelles en se concentrant sur la part des différents processus dans la structuration des communautés dans le temps et dans l'espace. Il est attendu à ce que la part respective des processus structurant les milieux dynamiques tels que les TBVs varient au cours du temps et pouvoir quantifier ces variations permettra de mieux comprendre comment se structurent les communautés de TBVs dans le temps et dans l'espace.

Concernant cet axe, actuellement seulement la partie d'échantillonnage et de tri a été effectuée. Les analyses commenceront en décembre 2019 et feront l'objet d'un article scientifique, visant le journal *Oikos*.

#### **3.1. Méthodes**

##### *3.1.1. Têtes de bassins versants potentielles : prospections et sélection*

Pour cette partie, l'objectif du projet était d'étudier la dynamique de la structure des communautés dans le temps en région Poitou-Charentes. En 2016, 7 bassins versants ont été proposés par l'AFB en lien avec la DiR Nouvelle-Aquitaine après consultation de leurs services départementaux (Annexe 1). Ces bassins versants ont été prospectés et des échanges avec la DiR Nouvelle-Aquitaine (Claire BRAMARD) et les différents services départementaux ont permis d'obtenir des informations supplémentaires sur les perturbations et les assèchements que subissait chaque bassin versant.

Au final, le bassin versant du Thouaret a été sélectionné (Annexe 4). La sélection des sites a été faite dans un premier temps sur SIG, mais des modifications a posteriori ont pu être apportées aux regards des conditions observées (e.g. absence de radiers, hauteur d'eau trop élevée, accès au site impossible). Les critères de placement des sites ont été les mêmes que pour la partie 2.1.1. avec un critère supplémentaire ajouté. En effet, en Poitou-Charentes, lors de la période d'étiage (généralement de Juin à Octobre) un suivi bimensuel des états d'écoulement des linéaires de cours d'eau est effectué par les Fédérations de pêche, sur les bassins sensibles, dont fait partie le Thouaret, (<http://www.eau-poitou-charentes.org/Suivi-assecs-Federations-de-Peche.html>). Grâce aux cartes d'observations, il est possible d'identifier les sections pérennes et intermittentes du cours d'eau et les sites ont été placés afin d'avoir (i) un site par section intermittente du bassin, (ii) un site par section pérenne en amont des sections intermittentes (source de colonisateurs, refuges, etc...), en se basant sur les cartes de 2017. Trente sites de prélèvements ont été placés (Annexe 4) et les campagnes d'échantillonnage ont eu lieu tous les mois de Mars 2018 à Décembre 2018 (sauf Novembre 2018 dû aux crues importantes) pour un total de 9 campagnes d'échantillonnage.

##### *3.1.2. Echantillonnage*

L'échantillonnage a été identique que pour l'axe 1 (Cf partie 2.1.1. pour les détails d'échantillonnage).

##### *3.1.3. Caractérisation des états d'écoulement*

Pour cet axe, un capteur d'état a été placé à chaque site de prélèvement, permettant de mesurer les

durées d'assèchement durant la période d'échantillonnage ainsi que le régime hydrologique de chaque site. De plus, grâce au suivi hydrologique des Fédérations de pêche (<http://www.eau-poitou-charentes.org/Suivi-assecs-Federations-de-Peche.html>), la dynamique des patrons des états d'écoulements a été envoyée pour l'année 2018 et permettra de mesurer de nouvelles variables à intégrer dans les analyses telles que la proportion de cours d'eau asséchés ou la distance des sites de prélèvements à une source pérenne.

#### 3.1.4. Analyse

Les analyses envisagées pour cette partie seront similaires à celle de l'axe 1. L'objectif est d'analyser si une variation des pouvoirs explicatifs des tests et des différents indices est observée au cours du temps. De plus des analyses à l'échelle locale pourront être effectuées en prenant en compte les durées d'assèchements et les distances aux sources pérennes pour affiner la description des mécanismes de recolonisation des sites intermittents.

### 4. Axe 3 : Approche moléculaire : développement et test d'une méthode d'identification pour les communautés d'invertébrés

L'axe 3 se focalise sur l'apport de l'identification moléculaire pour la compréhension des processus structurant les métacommunautés. Cet axe en deux parties porte (1) sur le développement d'un outil moléculaire permettant une identification au niveau spécifique des spécimens et de répondre à certaines limites du métabarcoding classique et (2) sur la comparaison des approches d'identification morphologique et moléculaire afin de mettre en évidence les apports et complémentarités de ces deux approches pour l'étude des métacommunautés.

#### 4.1. Développement d'un outil moléculaire pour l'identification des invertébrés benthiques

Cette partie a fait l'objet d'un article scientifique publié dans le journal *Molecular Ecology Resources* (Gauthier et al, 2019; <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13088>). Les objectifs, résultats et conclusions principaux seront présentés dans ce rapport. La méthode est décrite dans l'article scientifique et ne sera pas développée dans le présent rapport.

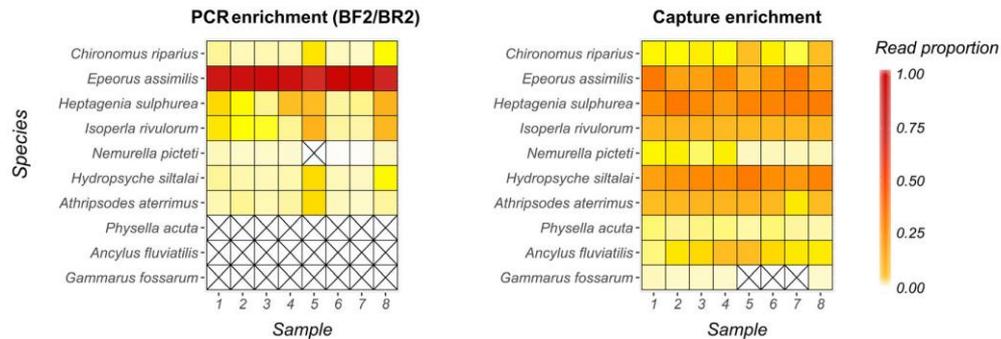
Les méthodes de métabarcoding utilisées actuellement nécessitent de sortir un à un les spécimens des échantillons, étape chronophage, et induisent des biais qualitatif et quantitatif dans la caractérisation des communautés. La méthode que nous avons développée a tenté de résoudre ces différentes limites et nous avons testé son efficacité en la comparant au métabarcoding classique sur des communautés d'invertébrés composées en laboratoire. Les objectifs de cette étude étaient (i) d'étudier la capacité de l'enrichissement par capture par sonde ARN du gène cytochrome oxydase I (COI) à détecter les taxa et à estimer leur biomasse initiale dans des communautés artificielles composées en laboratoire en comparaison au métabarcoding classique par PCR et (ii) d'évaluer si l'ADN extrait à partir de l'éthanol de conservation (etDNA) pouvait être utilisé à la place de l'ADN extrait d'un broyat d'organismes préalablement triés (bulk DNA) en comparant les résultats (détection des espèces et estimation de la biomasse initiale) des deux matrices ADN en métabarcoding classique et en capture.

La capture a permis de détecter plus d'espèces comparée à la PCR quelle que soit la matrice ADN et la complexité des échantillons (échantillons à 10 espèces, exemple avec le bulk DNA, Figure 6, et échantillons à 52 taxa). De plus, la capture a présenté des meilleures estimations de la biomasse que la PCR (Figure 7). Concernant l'etDNA, nos résultats ont montré le potentiel de cette matrice pour remplacer le bulk DNA, seulement si des données d'occurrence sont nécessaires. En effet, l'etDNA a permis de détecter de manière équivalente au bulk DNA les espèces mais n'a pas permis d'estimer fidèlement les biomasses initiales des espèces.

Ainsi, la capture est une alternative prometteuse à la PCR en métabarcoding. Son principal avantage est d'obtenir une meilleure détection des espèces grâce à sa robustesse. Malgré une meilleure estimation des biomasses initiales, la capture ne peut pas encore être utilisée à cette fin sans correction spécifique à

chaque espèce et ne peut être utilisée dans des études où des centaines d'espèces peuvent être rencontrées. L'utilisation de l'etDNA couplée à la capture représente une bonne alternative au bulk DNA si des données qualitatives sont suffisantes pour la question écologique posée (e.g. étude de présence/absence de taxons sensibles dans des milieux pollués). Enfin, de futurs tests sont nécessaires pour optimiser la méthode.

### 10 species mock communities



### 52 taxa mock communities

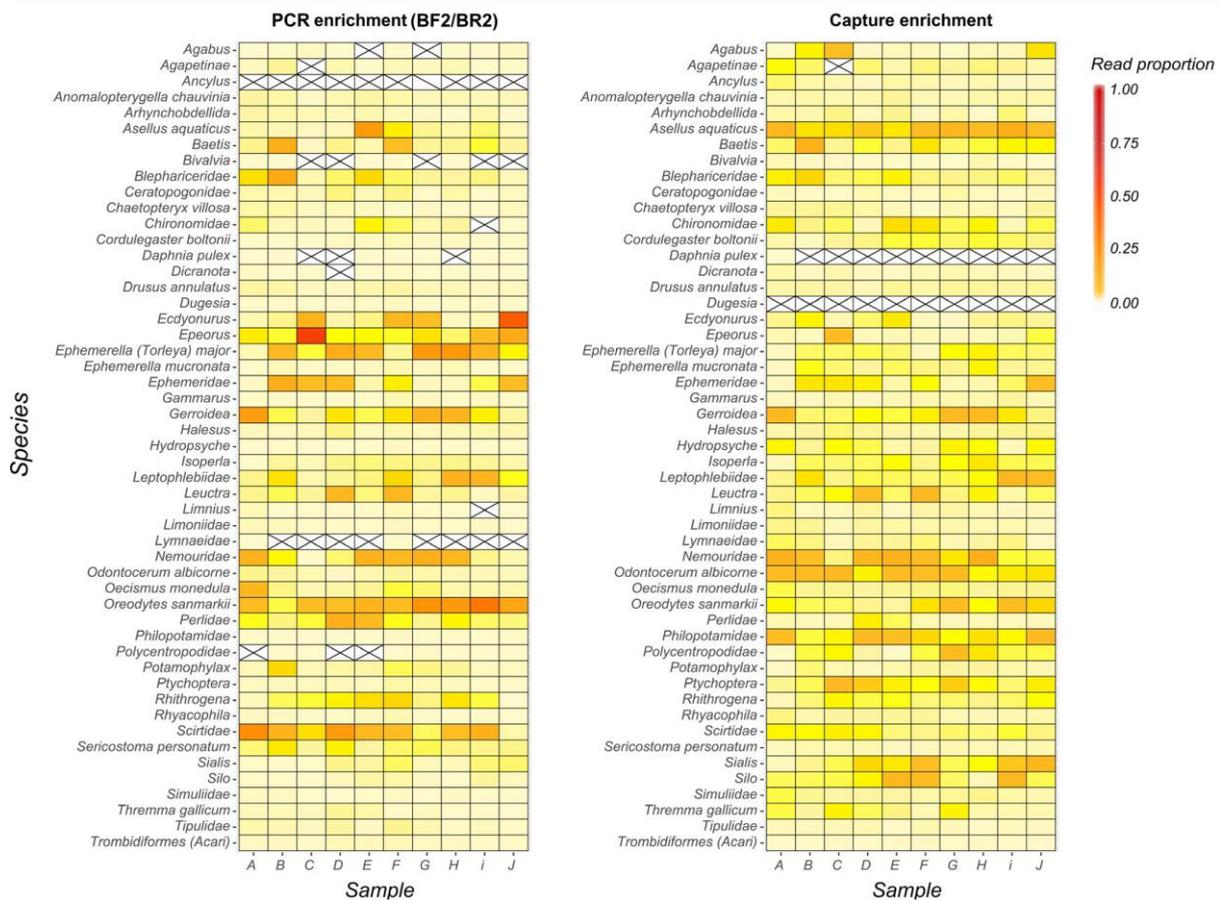


Figure 6 : Performance de la détection des espèces en utilisant la proportion de lectures pour le bulk DNA entre la PCR (gauche) et la capture (droite). Deux types de communautés artificielles ont été étudiées : la première avec 10 espèces et des abondances relatives différents (10 species mock communities, haut), la deuxième avec 52 taxa et des abondances équivalentes (52 taxa mock communities, bas). La proportion de lecture est présentée pour chaque taxon

(lignes) et communauté artificielle (colonne). Une cellule avec une croix signifie 0 lecture. Species, espèce ou taxon ; Sample, échantillon ; read proportion, proportion des lectures.

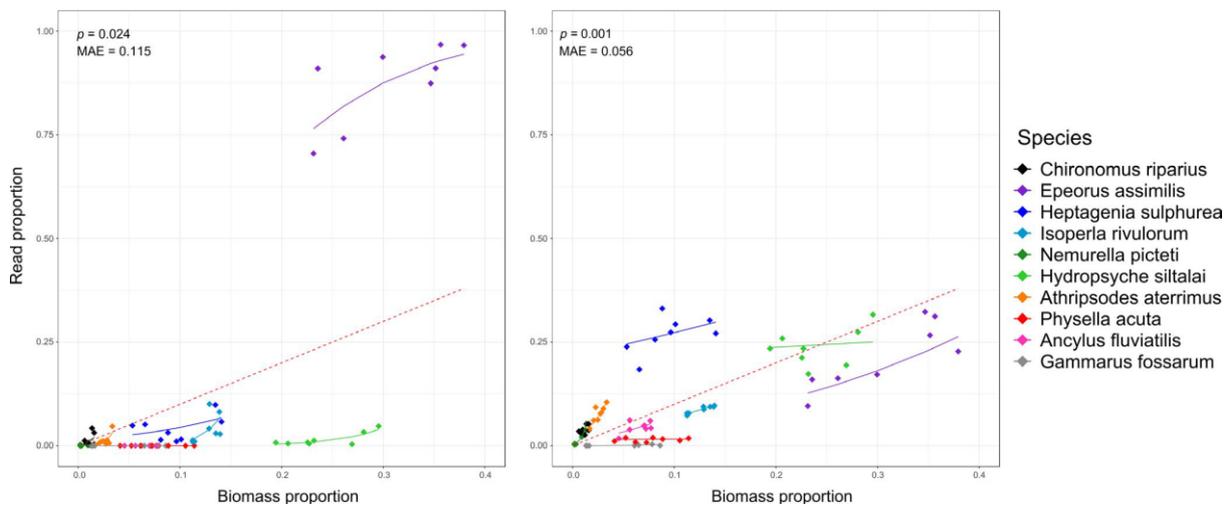


Figure 7 : Relation entre la proportion de biomasse initiale et la proportion de lecture pour la PCCR (gauche) et la capture (droite). Les courbes correspondent aux prédictions des modèles à effets mixtes utilisées lors des analyses. La ligne rouge correspond à une relation où une unité de proportion de lecture serait égale à une unité de proportion de biomasse. Species, espèce ; Biomass proportion, proportion de biomasse initiale ; Read proportion, proportion de lectures.

## 4.2. Comparaison de l'approche moléculaire et morphologique dans l'étude des métacommunautés

Après la méthode développée et testée, il semble pertinent de tester la méthode sur des échantillons prélevés sur le terrain et non composée en laboratoire comme cela a été le cas pour la partie précédente (4.2). Cette partie s'intéresse donc à utiliser la méthode développée en 4.1 pour identifier moléculairement les communautés d'une TBV de l'axe 1 (l'Albarine) et les résultats seront comparés avec les résultats de l'axe 1 où les communautés ont été identifiées morphologiquement. On s'attend à ce que l'approche moléculaire améliore la résolution taxonomique et permette ainsi de mettre en évidence des patrons plus précis de la structuration de la biodiversité dans les TBVs.

Concernant cette partie, actuellement seulement les phases d'échantillonnage et traitement en laboratoire ont été effectuées. Les analyses commenceront en février 2020 et feront l'objet d'un article scientifique.

La méthode sélectionnée pour les échantillons suite à la première partie (4.1) a été l'etDNA couplée à la capture étant donné que les données d'occurrence sont suffisantes dans le cadre de l'étude des métacommunautés.

Avant de pouvoir traiter les échantillons, des tests ont été effectués afin de valider le protocole établi sur des échantillons récoltés sur le terrain. Malheureusement, ces tests ont conduit à des échecs en laboratoire qui n'ont pas pu être surmontés après plus d'un mois d'essais pour identifier les problèmes de protocole. Le protocole d'etDNA couplé à la PCR a donc été choisi pour pouvoir traiter les échantillons. De futures recherches permettront peut-être d'identifier et de régler les problèmes rencontrés avec la capture. Les échantillons ont été traités et les données acquises sans difficultés et sont en attente de traitement bio-informatique et d'analyse.

## 5. Conclusion

Ce projet avait pour objectif de mieux comprendre comment s'organise les communautés dans les têtes de bassins versants. Nos premiers résultats montrent la pertinence d'aborder cette structuration par l'étude des métacommunautés étant donné le rôle de la dispersion qui semble majeur (Axe 1). La fragmentation

par les assèchements et les obstacles à l'écoulement limitent la dispersion des espèces dans ces réseaux et sont des facteurs importants à prendre en compte dans l'étude des communautés de TBVs. D'autres éléments influençant les dynamiques de dispersion doivent être pris en compte (e.g. prélèvement en eau, occupation des sols). Les analyses de l'axe 2 permettront d'affiner notre compréhension de ces milieux dynamiques avec la prise en compte de la dimension temporelle dans nos analyses. Enfin, la méthode développée dans l'axe 3 sur des communautés composées en laboratoire permet d'améliorer la caractérisation qualitative, voire quantitative, des communautés d'invertébrés benthiques et, associé à l'ADN issu de l'éthanol, de conserver les organismes prélevés et d'économiser du temps de tri. L'utilisation de cette méthode appliquée à des vrais échantillons du projet permettra, nous l'espérons, d'améliorer notre compréhension de la structure des communautés dans les TBVs en permettant de mettre en évidence des patrons cachés par une résolution taxonomique grossière rencontrée en identification morphologique.

## 6. Sigles & Abréviations

**TBV** : Tête de bassin versant

**PCR** : Polymerase Chain Reaction (Réaction en chaîne par polymérase)

## 7. Bibliographie

- Altermatt, F., Seymour, M., Martinez, N., (2013). River network properties shape  $\alpha$ -diversity and community similarity of aquatic insect communities across major drainage basins. *J. Biogeogr.* 12, 2249–2260.
- Benda, L., Poff, N. L., Miller, D., Dunne, T., Reeves, G., Pess, G., & Pollock, M. (2004). The Network Dynamics Hypothesis: How Channel Networks Structure Riverine Habitats. *BioScience*, 54(5), 413.
- Bolker B.M., Brooks M.E., Clark, C.J., Geange, S.W., Poulsen, J.R., Stevens, M.H.H. & White JS.S, 2008. Generalized linear mixed models: a practical guide for ecology and evolution. *Trends in Ecology & Evolution*. 24(3): 127-135.
- Brown, B. L., & Swan, C. M. (2010). Dendritic network structure constrains metacommunity properties in riverine ecosystems. *Journal of Animal Ecology*, 79(3), 571–580.
- Brown, B. L., Swan, C. M., Auerbach, D. A., Campbell Grant, E. H., Hitt, N. P., Maloney, K. O., & Patrick, C. (2011). Metacommunity theory as a multispecies, multiscale framework for studying the influence of river network structure on riverine communities and ecosystems. *Journal of the North American Benthological Society*, 30(1), 310–327.
- Carew, M. E., Pettigrove, V. J., Metzeling, L., & Hoffmann, A. A. (2013). Environmental monitoring using next generation sequencing: rapid identification of macroinvertebrate bioindicator species. *Frontiers in Zoology*, 10(1), 45.
- Campbell Grant, E. H., Lowe, W. H., & Fagan, W. F. (2007). Living in the branches: Population dynamics and ecological processes in dendritic networks. *Ecology Letters*, 10(2), 165–175.
- Clarke, A., Mac Nally, R., Bond, N., & Lake, P. S. (2008). Macroinvertebrate diversity in headwater streams: A review. *Freshwater Biology*, 53(9), 1707–1721.
- Cottenie K. & De Meester L. (2005). Chapter 8: Local Interactions and Local Dispersal in a Zooplankton Metacommunity In M. Holyoak, M.A. Leibold and R.D. Holt (Eds), *Metacommunities: Spatial Dynamics and Ecological Communities* (pp189-211). *The University of Chicago Press*.
- Crabot, J., Heino, J., Launay, B. and Datry, T. 2019. Drying determines the temporal dynamics of stream invertebrate structural and functional beta diversity. *Ecography*.

- Datry, T., Bonada, N., & Heino, J. (2016). Towards understanding the organisation of metacommunities in highly dynamic ecological systems. *Oikos*, 125(2), 149–159.
- Datry T., Bonada N. & Boulton A.J. (2017). [Chapter 1 : General Introduction]. In T. Datry, N. Bonada & A. J. Boulton (Eds), *Intermittent Rivers and Ephemeral Streams, 1st Edition* (pp. 1-20). Academic Press.
- EC, 2003. Common Implementation Strategy for the Water Framework Directive. Guidance Document No. 2, Identification of Water Bodies. Produced by Working Group on Water Bodies Directorate General Environment of the European Commission, Brussels.
- Fuller, M.R., Doyle, M.W., Strayer, D.L., 2015. Causes and consequences of habitat fragmentation in river networks. *Ann. N. Y. Acad. Sci.* 1355, 31–51.
- Gauthier M., Konecny-Dupre, L., Nguyen, A., Elbrecht, V., Datry, T., Douady, C., Lefébure, T. (2019). Enhancing DNA metabarcoding performance and applicability with bait capture enrichment and DNA from conservative ethanol. *Molecular Ecology Resources*. 00 (1-18)
- Globevnik, L., 2007. Briefing small water bodies. Report of the European Environment Agency (No. EEA/ADS/06/001/Water).
- Hebert, P. D. N., Hollingsworth, P. M., & Hajibabaei, M. (2016). From writing to reading the encyclopedia of life. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 371(1702), 1–9.
- Heino, J., Melo, A. S., Siqueira, T., Soininen, J., Valanko, S., & Bini, L. M. (2015). Metacommunity organisation, spatial extent and dispersal in aquatic systems: Patterns, processes and prospects. *Freshwater Biology*, 60(5), 845–869.
- Leibold, M. A., Holyoak, M., Mouquet, N., Amarasekare, P., Chase, J. M., Hoopes, M. F., ... Gonzalez, A. (2004). The metacommunity concept: A framework for multi-scale community ecology. *Ecology Letters*, 7(7), 601–613.
- Lowe, W. H., & Likens, G. E. (2005). Moving headwater streams to the head of the class. *BioScience*, 55(3), 196–197.
- McCluney K.E., LeRoy Poff N., Palmer M.A., Thorp J.H., Poole, G.C, Williams B.S, Williams M.R. & Barin J.S., (2014). Riverine macrosystems ecology: sensitivity, resistance, and resilience of whole river basins with humal alterations. *Front. Ecol. Environ.*, 12(1):48-58
- Meyer, J. L., Strayer, D. L., Wallace, J. B., Eggert, S. L., Helfman, G. S., & Leonard, N. E. (2007). The contribution of headwater streams to biodiversity in river networks. *Journal of the American Water Resources Association*, 43(1), 86–103.
- Poff, N. L., Allan, J. D., Bain, M. B., Karr, J. R., Prestegard, K. L., Richter, B. D., ... Stromberg, J. C. (1997). A paradigm for river conservation and restoration. *BioScience*, 47(11), 769–784.
- Tachet, H., Richoux, P., Bournaud, M., Usseglio-Polatera, P., 2002. *Invertébrés d'eau Douce: Systématique, Biologie, Écologie*. CNRS Éditions, Paris.
- Vander Vorste, R., Corti, R., Sagouis, A., Datry, T., 2015. Invertebrate communities in gravel-bed, braided rivers are highly resilient to flow intermittence. *Freshwater Sci.* 35, 164–177.
- Wallace, J. B., & Webster, J. R. (1996). The Role of Macroinvertebrates in Stream Ecosystem Function. *Annual Review of Entomology*, 41(1), 115–139.
- Whittaker, R. H. (1972) Evolution and measurement of species diversity. *Taxon*, 21, 213-251

## 8. Table des illustrations

Figure 1 : Indice de Falcone pour les bassins versants sélectionnés pour l'étude de la structure spatiale des métacommunautés. L'indice a été calculé à partir du nombre et du volume des prélèvements en eau et du nombre d'obstacles à l'écoulement, permettant de classer les bassins en bassins peu altérés et altérés hydrologiquement ..... 10

Figure 2 : Distribution de la diversité alpha pour les sites pérennes (ronds noirs) et intermittents (triangle gris) pour chaque TBV et chaque campagne de prélèvements (avant et après étiage). PER, sites pérennes ; INT, sites intermittents ..... 15

Figure 3 : Diagramme de Venn montrant les proportions de taxa unique et partagé entre communautés de sites intermittents (INT) et pérennes (PER) pour chaque TBV. La différence entre les proportions de taxa partagées entre les proportions de taxa partagées par les communautés des deux types de sites était significative. .... 15

Figure 4: Valeur explicatif ( $R^2$ , intensité de la corrélation relative à la taille du point) des tests de mantel pour chaque combinaison de type de communauté (indice de Chao, communauté totale, taxa possédant un stade aérien et taxa strictement aquatique), de matrices de distances dans chaque TBV et pour chaque période d'échantillonnage (avant et après étiage). Seuls les  $R^2$  pour lesquels une significativité du test a été observé sont présentés. ENV, distance environnementale; EUC, distance euclidienne; NET, distance réseau; DRY, distance basé sur la longueur des sections asséchées; DRY + FRA, distance basée sur le nombre de sections asséchées et d'obstacles à l'écoulement. .... 16

Figure 5 : Valeur explicatif ( $R^2$ , intensité de la corrélation relative à la taille du point) des tests de mantel pour chaque combinaison de type de communauté (indice de Chao, communauté totale, taxa possédant un stade aérien et taxa strictement aquatique), de matrices de distances dans chaque TBV et pour chaque période d'échantillonnage (avant et après étiage). Seuls les  $R^2$  pour lesquels une significativité du test a été observé sont présentés. ENV, distance environnementale; EUC, distance euclidienne; NET, distance réseau; DRY, distance basé sur la longueur des sections asséchées; DRY + FRA, distance basée sur le nombre de sections asséchées et d'obstacles à l'écoulement. .... 16

Figure 6 : Performance de la détection des espèces en utilisant la proportion de lectures pour le bulk DNA entre la PCR (gauche) et la capture (droite). Deux types de communautés artificielles ont été étudiées : la première avec 10 espèces et des abondances relatives différents (10 species mock communities, haut), la deuxième avec 52 taxa et des abondances équivalentes (52 taxa mock communities, bas). La proportion de lecture est présentée pour chaque taxon (lignes) et communauté artificielle (colonne). Une cellule avec une croix signifie 0 lecture. Species, espèce ou taxon ; Sample, échantillon ; read proportion, proportion des lectures. .... 20

Figure 7 : Relation entre la proportion de biomasse initiale et la proportion de lecture pour la PCCR (gauche) et la capture (droite). Les courbes correspondent aux prédictions des modèles à effets mixtes utilisées lors des analyses. La ligne rouge correspond à une relation où une unité de proportion de lecture serait égale à une unité de proportion de biomasse. Species, espèce ; Biomass proportion, proportion de biomasse initiale ; Read proportion, proportion de lectures. .... 21

Tableau 1 : Liste des ordres d'invertébrés benthiques échantillonnés et leur niveau d'identification maximal, listé alphabétiquement par ordre au sein de groupes plus élevé (Ph, Phylum; Cl, Classe; sCl, Sous-classe). Le niveau défini ici ne concerne que les individus identifiables, c'est-à-dire ceux proches des derniers stades de développement et correctement conservés dans l'échantillon. Les individus immatures sont souvent identifiés au niveau taxonomique inférieur. .... 11

Tableau 2 : Caractéristiques des bassins pour chaque TBV. .... 13

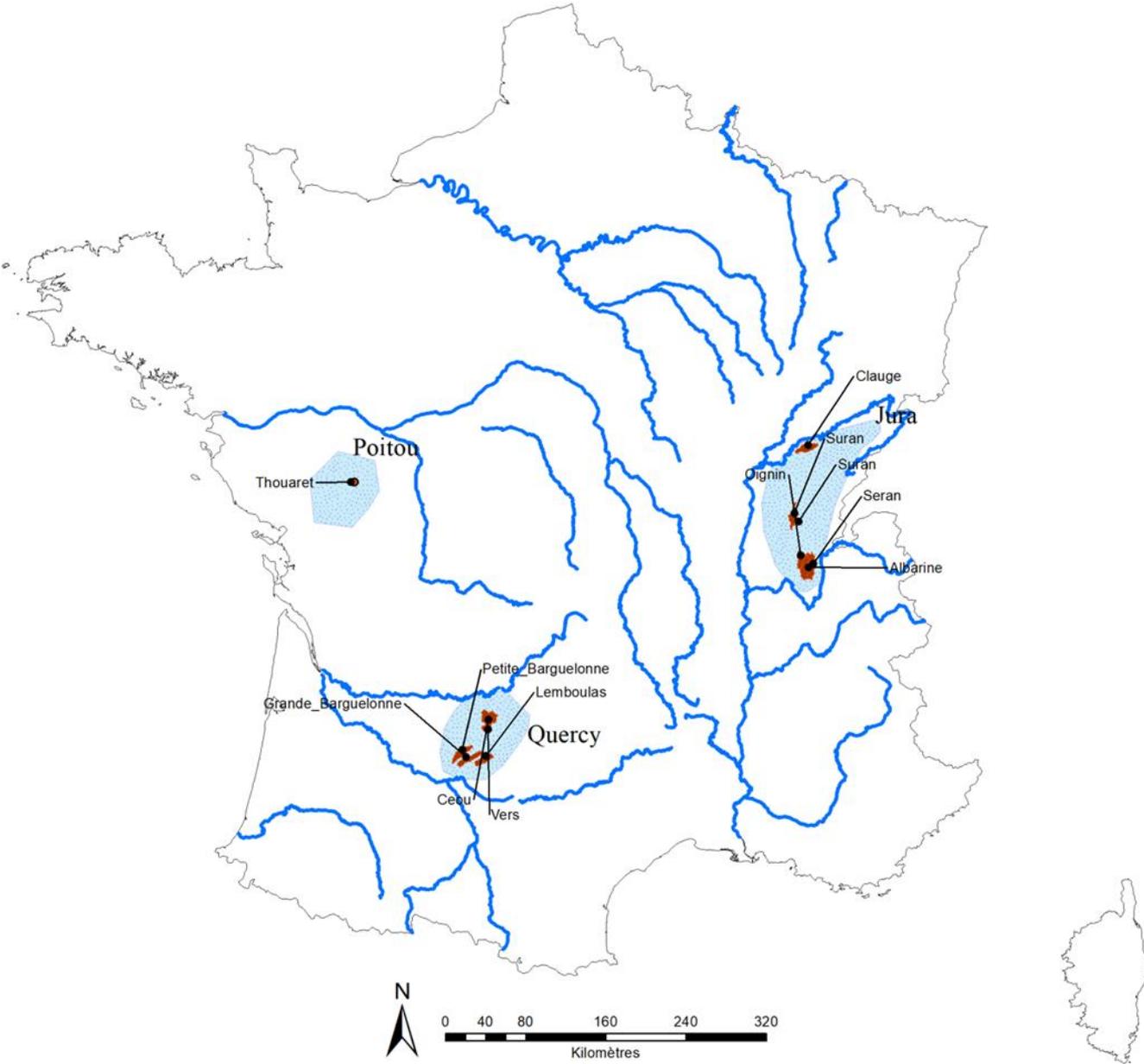
## 9. Annexes

**Annexe 1** - Liste des bassins versants proposés par l'AFB. Les bassins versants en gras ont été prospectés après présélection. Les bassins versants avec une \* sont connus et ont déjà suivis antérieurement par Irstea

<b>Bassins versants</b>	<b>Dpt</b>	<b>Région</b>	<b>Massif</b>
<b>Albarine</b>	01	Auvergne-Rhône-Alpes	Jura
<b>Séran</b>	01	Auvergne-Rhône-Alpes	Jura
<b>Oignin</b>	01	Auvergne-Rhône-Alpes	Jura
<b>Suran</b>	01/39	Auvergne-Rhône-Alpes	Jura
<b>Clauge</b>	39	Bourgogne-Franche-Comté	Jura
<b>Doüe</b>	24	Nouvelle-Aquitaine	Massif-Central
<b>Bournave</b>	30	Occitanie	Massif-Central
<b>Ribeyrette*</b>	30	Occitanie	Massif-Central
<b>Cèze*</b>	30	Occitanie	Massif-Central
<b>Boyne</b>	34	Occitanie	Massif-Central
<b>Dourbie*</b>	34	Occitanie	Massif-Central
<b>Chassezac*</b>	48	Occitanie	Massif-Central
<b>Nize*</b>	48	Occitanie	Massif-Central
<b>Gupie</b>	47	Nouvelle-Aquitaine	NA
<b>Thoré</b>	81	Occitanie	NA
<b>Angle</b>	81	Occitanie	NA
<b>Pangaline</b>	81	Occitanie	NA
<b>Ro oriental</b>	81	Occitanie	NA
<b>Agros</b>	81	Occitanie	NA
<b>Ruisseau d'en Guibaud</b>	81	Occitanie	NA
<b>Chalaronne</b>	01	Auvergne-Rhône-Alpes	Plaine
<b>Moignans</b>	01	Auvergne-Rhône-Alpes	Plaine
<b>Glenne</b>	01	Auvergne-Rhône-Alpes	Plaine
<b>Salençon</b>	01	Auvergne-Rhône-Alpes	Plaine
<b>Nouère</b>	16	Nouvelle-Aquitaine	Plaine
<b>Ecly</b>	16	Nouvelle-Aquitaine	Plaine
<b>Maury</b>	16	Nouvelle-Aquitaine	Plaine
<b>Bramerit</b>	17	Nouvelle-Aquitaine	Plaine
<b>Thouaret</b>	79	Nouvelle-Aquitaine	Plaine
<b>Sevre Niortaise</b>	79	Nouvelle-Aquitaine	Plaine
<b>Boutonne</b>	79	Nouvelle-Aquitaine	Plaine
<b>Herbasse</b>	26	Auvergne-Rhône-Alpes	Pré-Alpes
<b>Chalon</b>	26	Auvergne-Rhône-Alpes	Pré-Alpes
<b>Savasse</b>	26	Auvergne-Rhône-Alpes	Pré-Alpes
<b>Véore</b>	26	Auvergne-Rhône-Alpes	Pré-Alpes
<b>Ecoutay</b>	26	Auvergne-Rhône-Alpes	Pré-Alpes
<b>Gère</b>	38	Auvergne-Rhône-Alpes	Pré-Alpes
<b>Varèze</b>	38	Auvergne-Rhône-Alpes	Pré-Alpes
<b>Galaure</b>	38	Auvergne-Rhône-Alpes	Pré-Alpes
<b>Ourtau</b>	64	Nouvelle-Aquitaine	Pyrénées

<b>Espalunge</b>	64	Nouvelle-Aquitaine	Pyrénées
<b>Uhaitza</b>	64	Nouvelle-Aquitaine	Pyrénées
<b>Lez</b>	09	Occitanie	Pyrénées
<b>Rx de Plo</b>	09	Occitanie	Pyrénées
<b>Senesse</b>	09	Occitanie	Pyrénées
<b>Latou</b>	09	Occitanie	Pyrénées
<b>Rx de Monesple</b>	09	Occitanie	Pyrénées
<b>Estrique</b>	09	Occitanie	Pyrénées
<b>Rx de Roziès</b>	09	Occitanie	Pyrénées
<b>Rx de la Borie</b>	09	Occitanie	Pyrénées
<b>Rx St Nicolas</b>	09	Occitanie	Pyrénées
<b>Oule</b>	09	Occitanie	Pyrénées
<b>Clamoux</b>	11	Occitanie	Pyrénées
<b>Vallera</b>	66	Occitanie	Pyrénées
<b>Ample</b>	66	Occitanie	Pyrénées
<b>Maureillas</b>	66	Occitanie	Pyrénées
<b>Céou</b>	46	Occitanie	Quercy
<b>Bléou</b>	46	Occitanie	Quercy
<b>Vers</b>	46	Occitanie	Quercy
<b>Grande Barguelonne</b>	46	Occitanie	Quercy
<b>Petite Barguelonne</b>	46	Occitanie	Quercy
<b>Séoune</b>	46	Occitanie	Quercy
<b>Lautheronne</b>	46	Occitanie	Quercy
<b>Bartac</b>	46	Occitanie	Quercy
<b>Lemboulas</b>	46	Occitanie	Quercy

**ANNEXE 2 - Localisation de toutes les têtes de bassins versants du projet de thèse.**

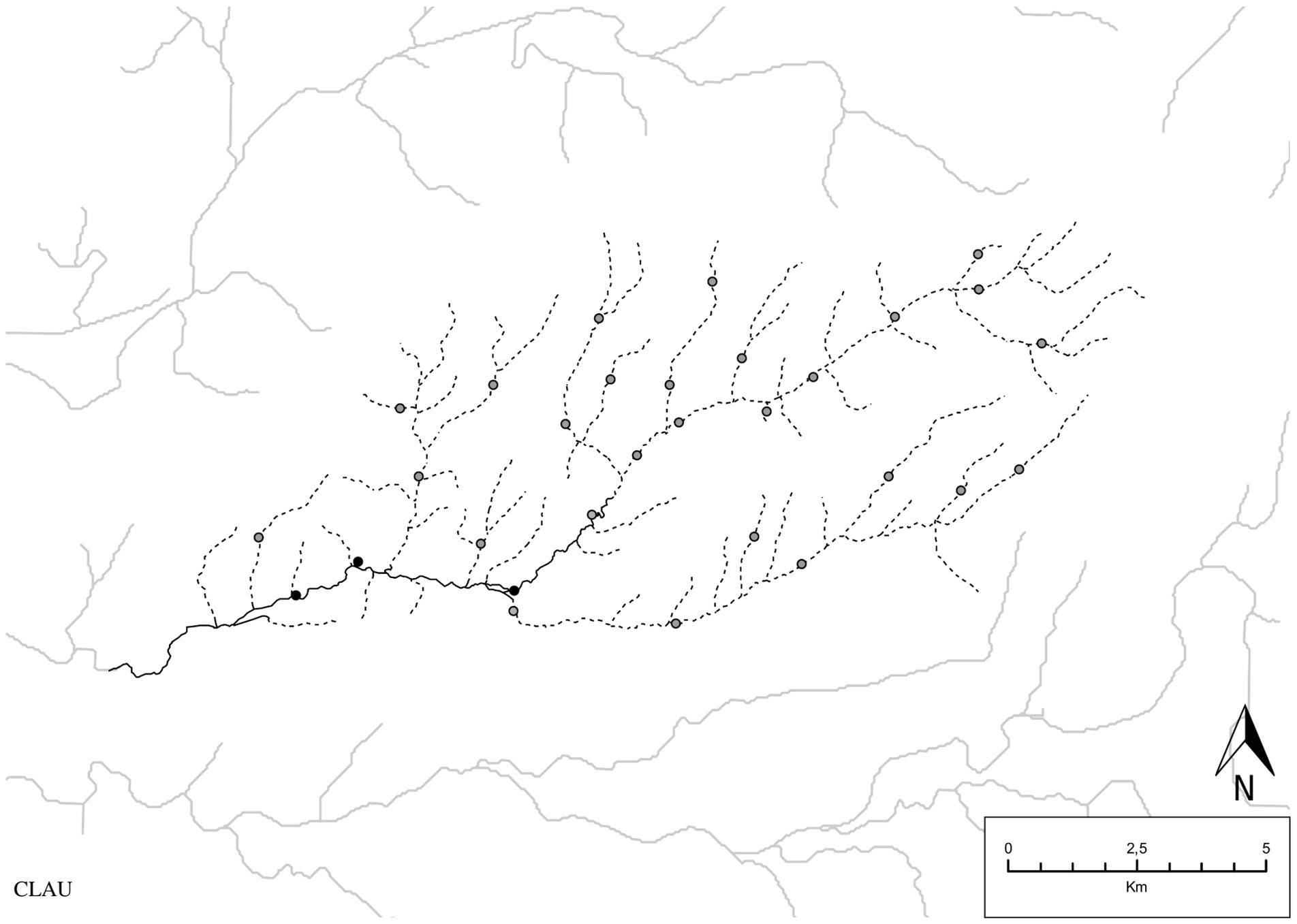


@Bertrand Launay

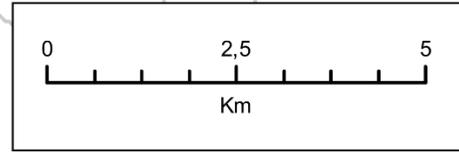
**ANNEXE 3** – Cartes détaillées des TBVs montrant la localisation des sites de prélèvements, des obstacles à l'écoulement (BD ROE) et des sections asséchées. Les cercles noirs et gris correspondent aux sites de prélèvements pérennes et intermittents, respectivement. Les lignes pleines et en pointillé correspondent aux sections pérennes et intermittentes, respectivement. Les obstacles à l'écoulement sont représentés par des rectangles blancs sur le réseau.

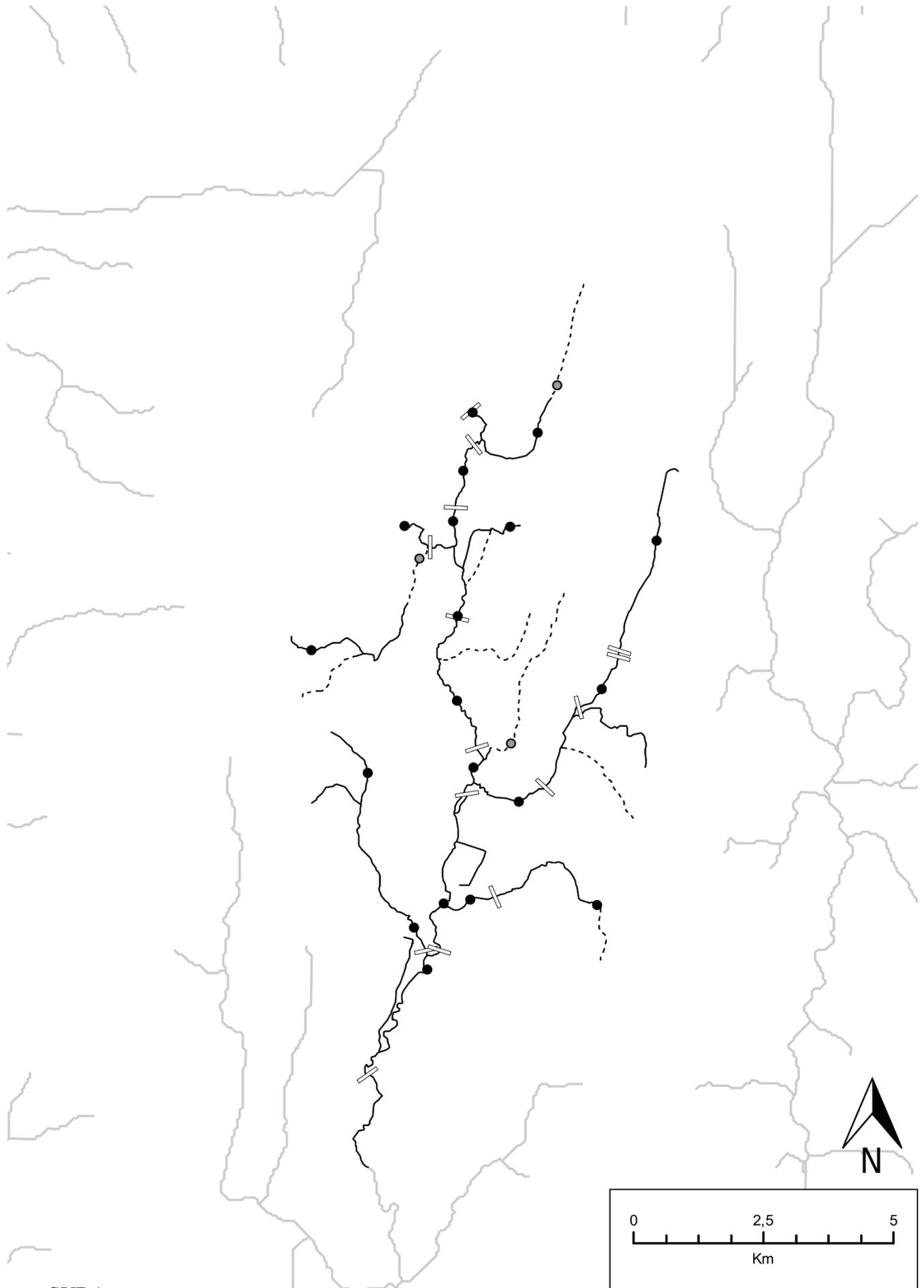
Source : BD ROE, BD Carthage

@Bertrand Launay & Maïlys Gauthier

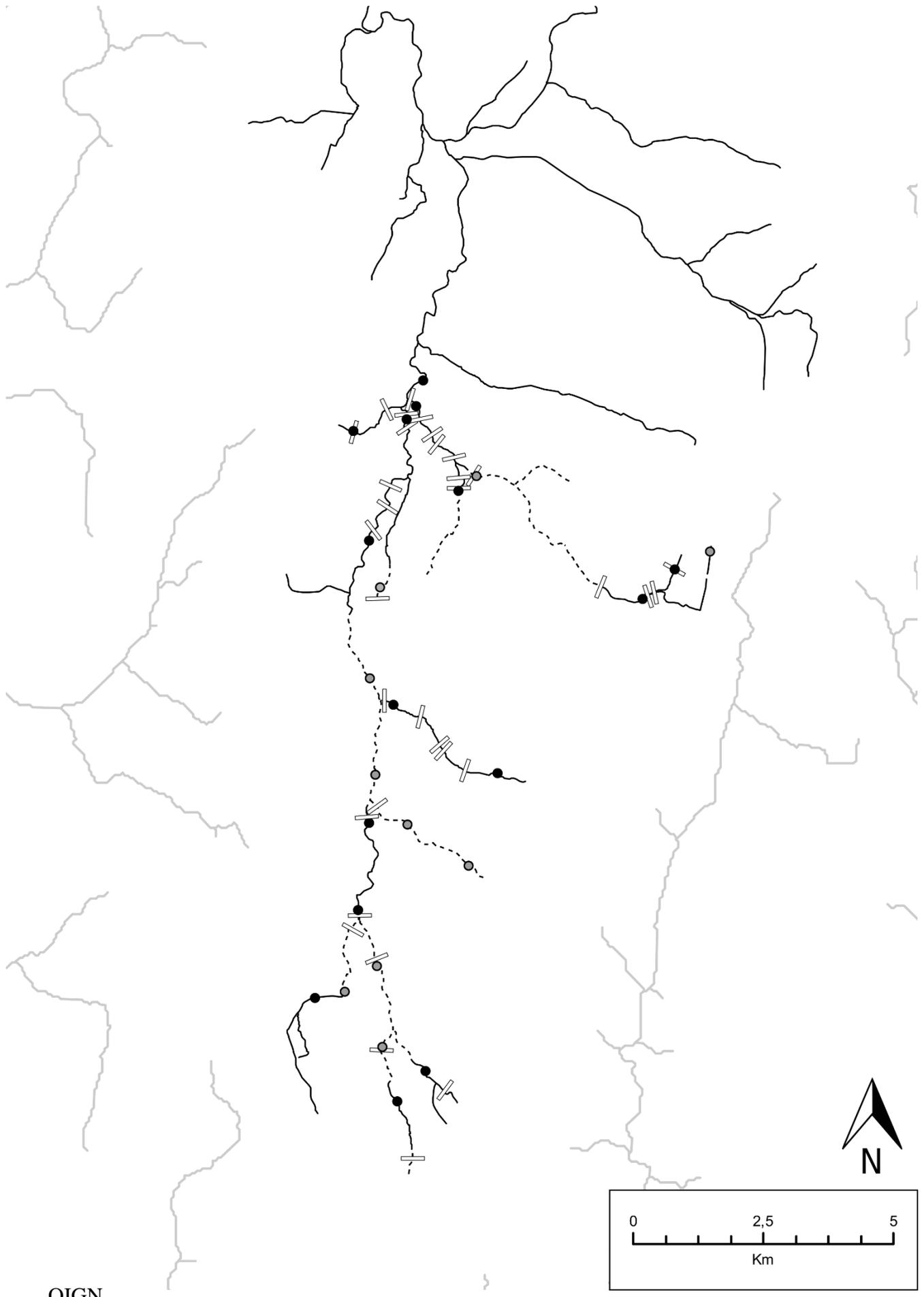


CLAU

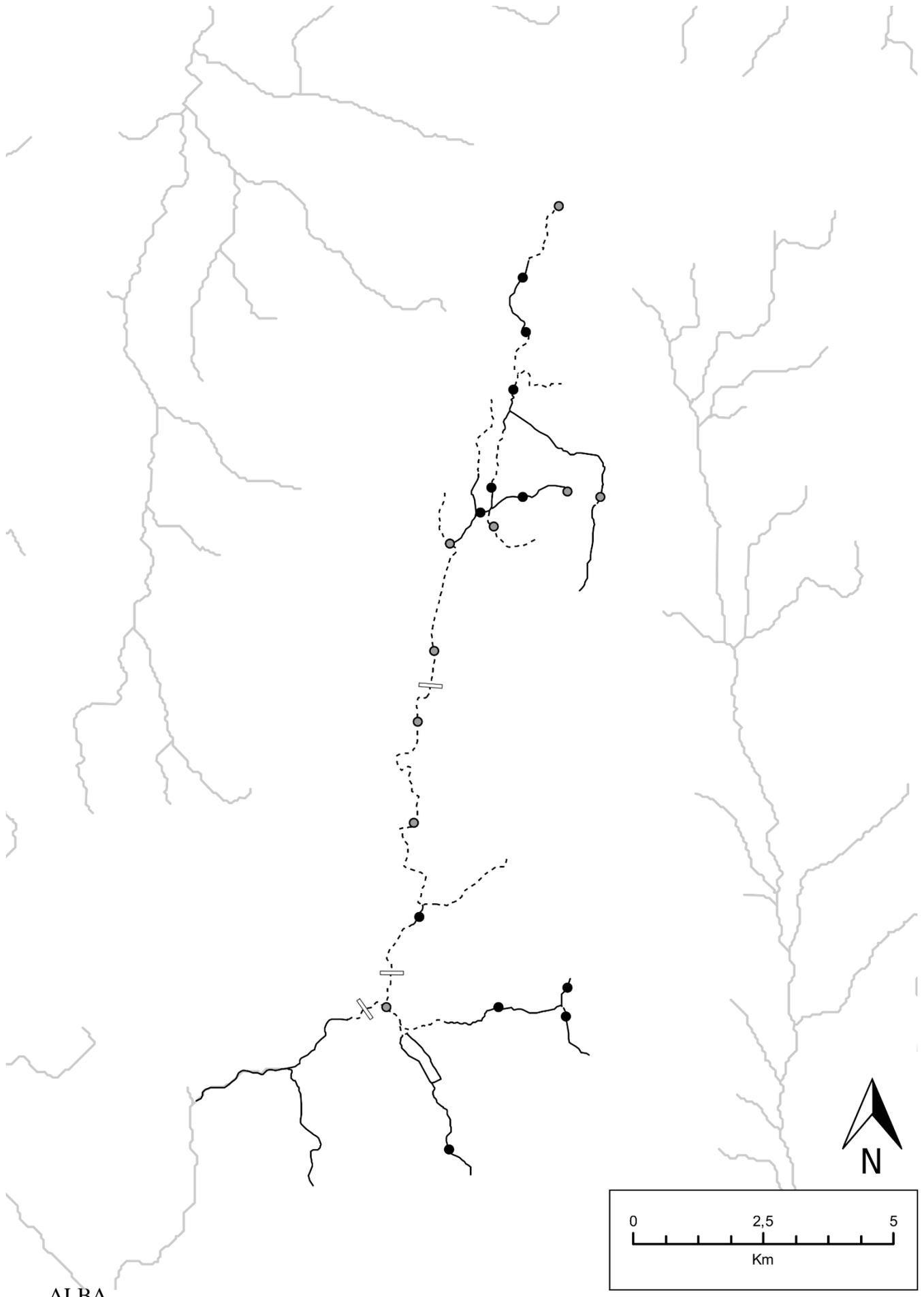




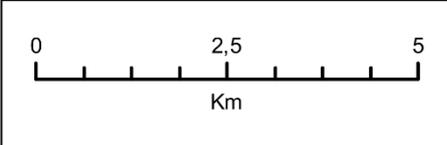
SURA



OIGN

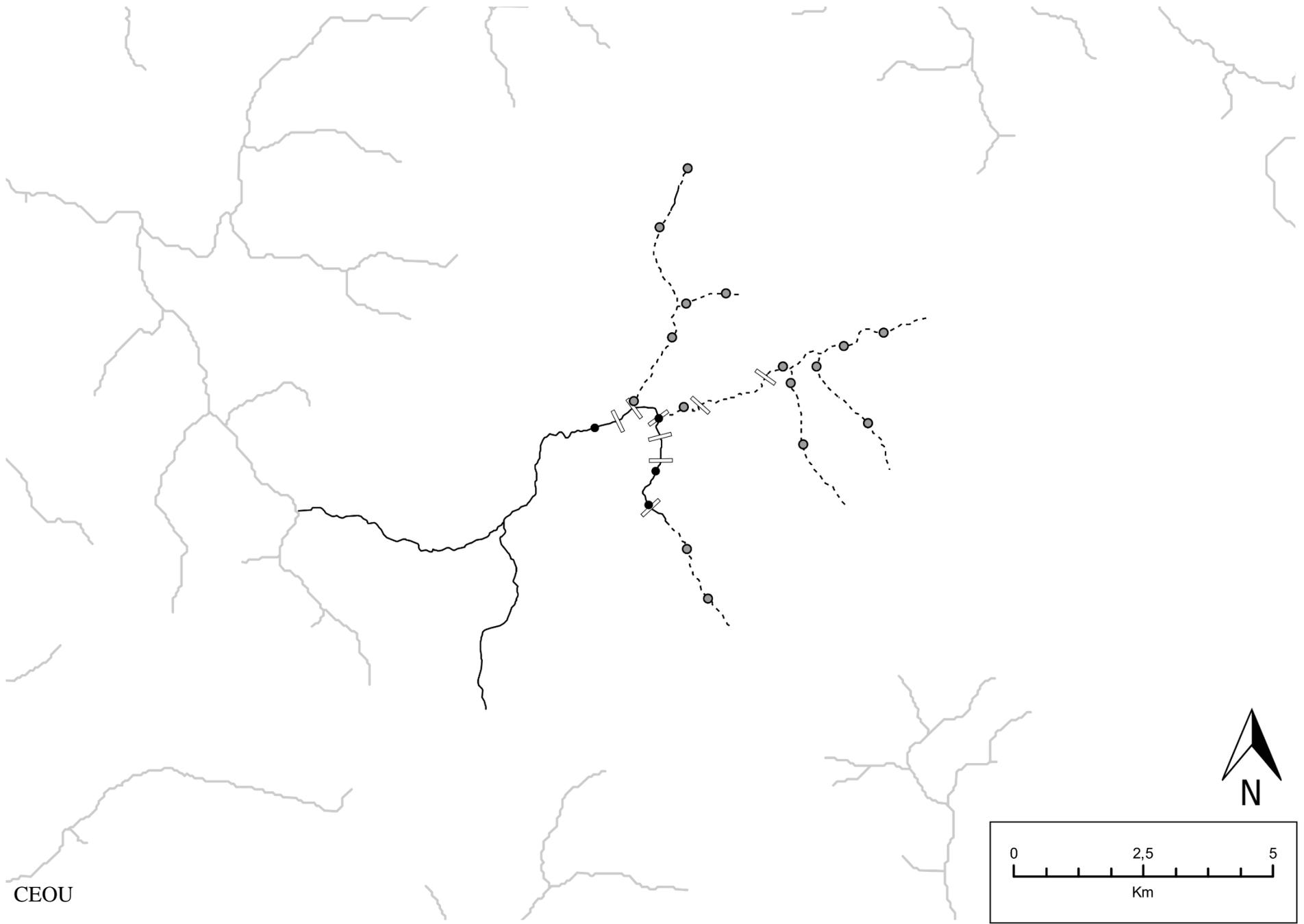


ALBA

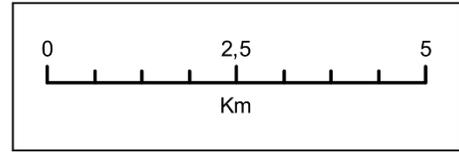




SERA

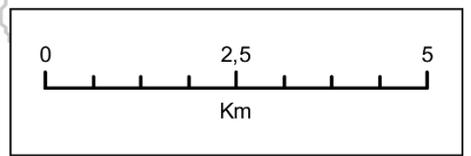


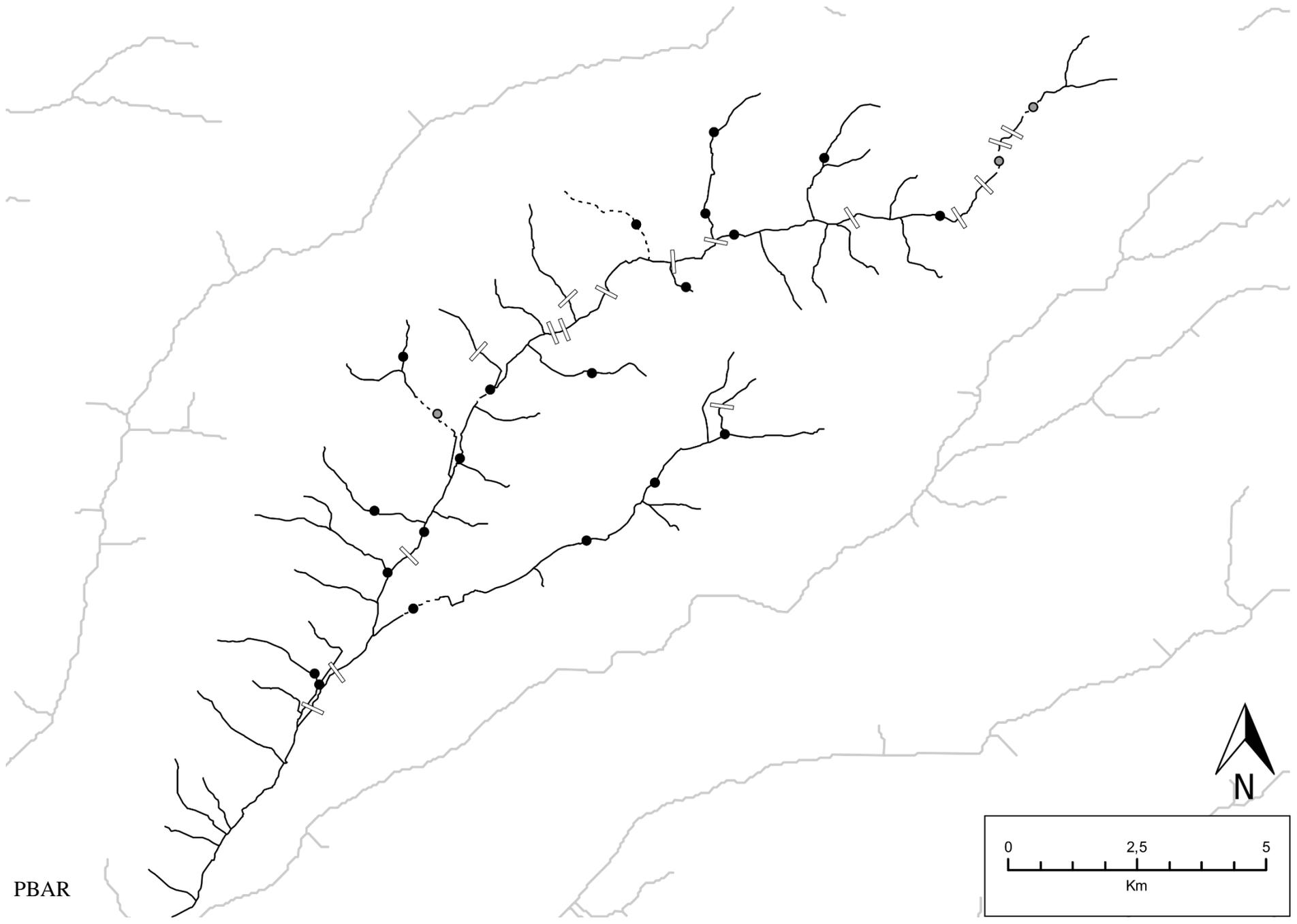
CEOU



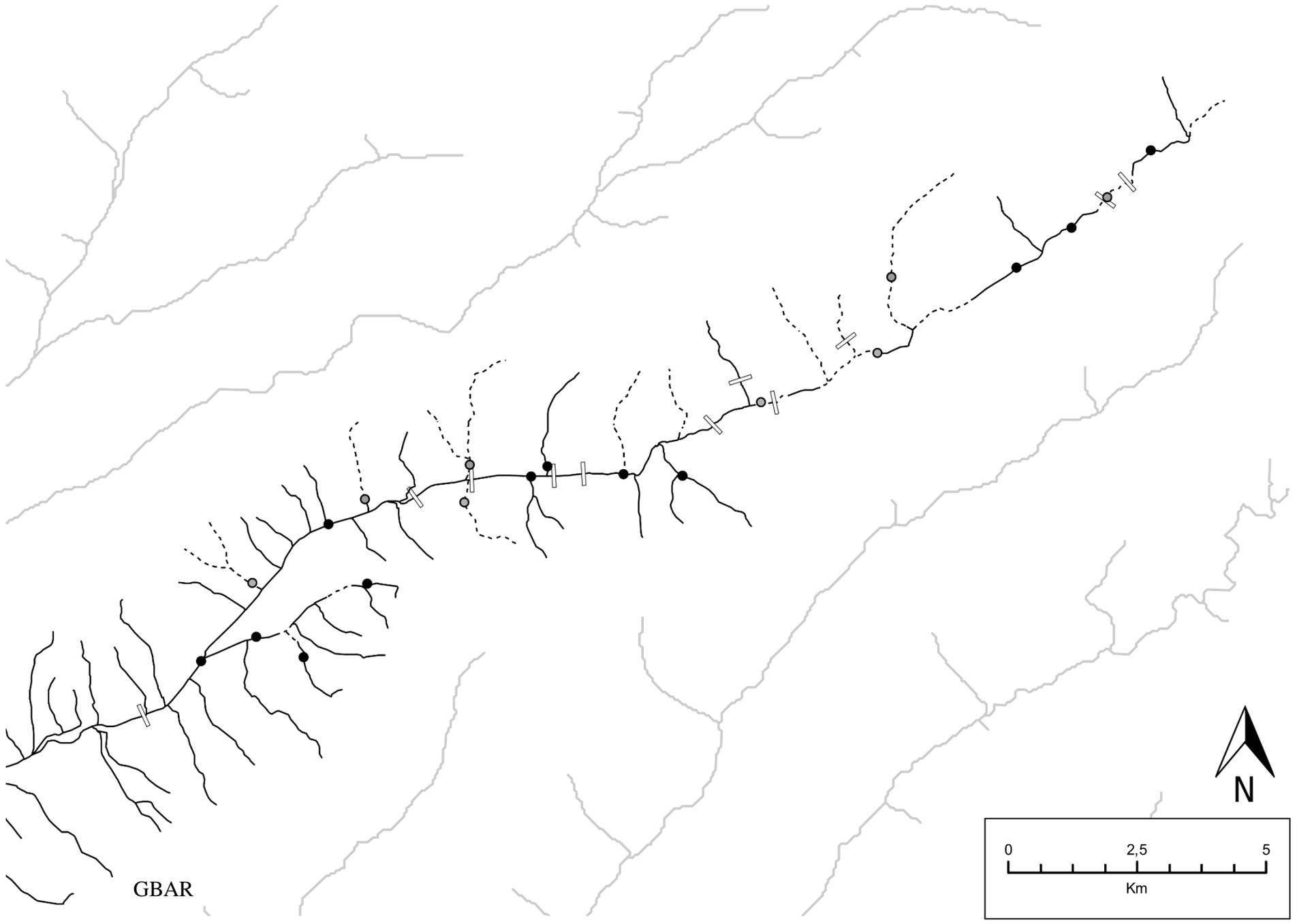


VERS

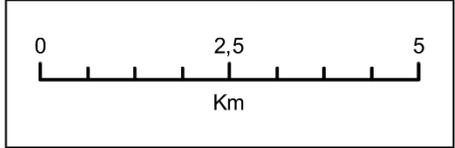


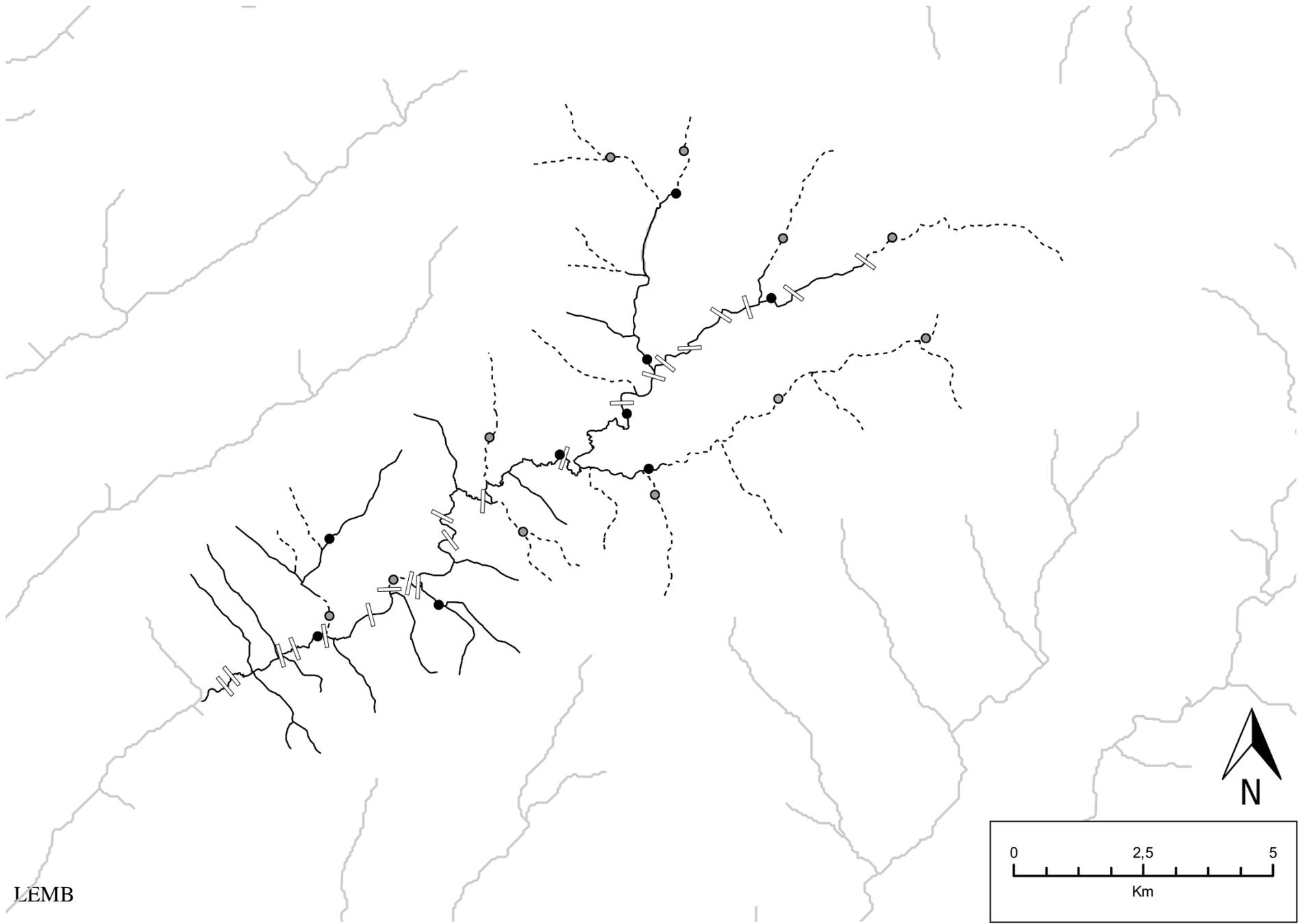


PBAR

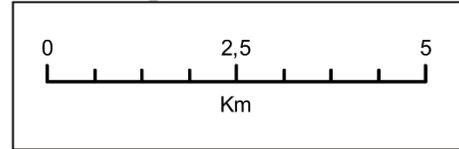


GBAR

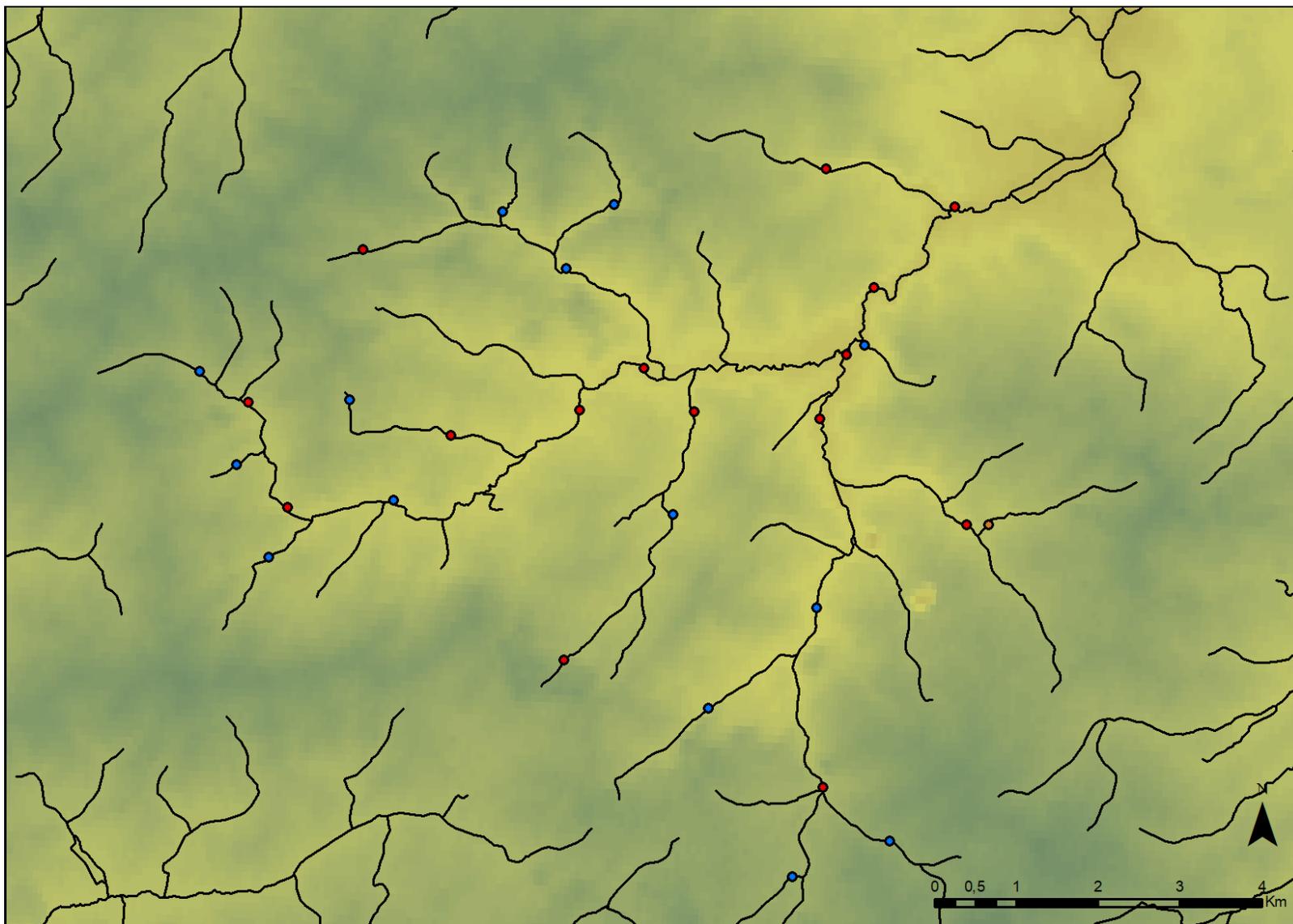




LEMB



**Annexe 4** – Carte du Thouaret (79) montrant la localisation des sites de prélèvements. Les sites pérennes sont en bleu, les sites intermittents sont en rouge.  
Source : BD Carthage



@Bertrand Launay

**Annexe 5 – Valorisation du projet en termes de conférences, réunions ainsi que les articles acceptés et prévus lors du projet**

Conférences		
Juillet 2017	Congrès SEFS10 Symposium for european freshwater sciences	Metacommunity organization in spatially constrained, dynamic systems: a molecular perspective. Présentation orale.
Juin 2018	Congrès Limnologia2018	Development of bait capture for DNA enrichment for metabarcoding purposes: a robust alternative to PCR-based methods. Présentation orale.
Juillet 2019	Congrès SEFS11 Symposium for european freshwater sciences	Structure of benthic macroinvertebrate metacommunities in IRES: comparison of DNA metabarcoding and morphological approaches. Présentation orale faite par Thibault Datry.
Réunions principales		
Avril 2018	Intervention dans la journée "EN QUETE D'EAU" organisée par l'AFB	
Septembre 2019	Avancement de l'action "Têtes de BV, altérations hydrologiques et dynamique de la biodiversité" AFB	
Octobre 2018	Présentation lors du Joint meeting des cost action DNAqua*Net et SMIRES	Metacommunity in headwater streams : a molecular approche
Novembre 2018	Intervention lors de la " Rencontre AFB chercheurs-gestionnaires sur les ressources en eau" organisée par l'AFB	
Articles scientifiques		
Acceptée en Septembre 2019	Gauthier M., Konecny-Dupre, L., Nguyen, A., Elbrecht, V., Datry, T., Douady, C., Lefébure, T,	Enhancing DNA metabarcoding performance and applicability with bait capture enrichment and DNA from conservative ethanol. Molecular Ecology Resources
Soumission prévue en Décembre 2019	Gauthier M., Launay B., Pella, H., Datry T	Drivers of macroinvertebrate metacommunity organization in headwater streams. <i>Ecography</i>
Soumission prévue au printemps 2020	Gauthier M., Datry T	Spatio-temporal patterns of metacommunities in headwater streams
Soumission prévue en 2020	Gauthier M., Konecny L., Lefébure T., Douady C.J., Datry T	Does DNA metabarcoding refine our view of metacommunity structure?

## 10. Remerciements

Nous souhaitons tout d'abord remercier l'Agence Française pour la Biodiversité qui a financé le projet et a permis à Mailys Gauthier de faire ce projet de thèse.

Nous remercions toutes les personnes avec qui nous avons pu interagir par mail ou par téléphone des DIRs Onema, des agences de l'eau et de l'AFB qui nous ont donné des informations précieuses et des avis lors de la sélection de nos bassins versants. Nous remercions aussi les fédérations de pêche de Poitou-Charentes qui nous ont fourni les informations sur les assèchements et leurs suivis. Nous remercions particulièrement Claire Magand pour son énergie et son intérêt dans son projet.

Dans nos deux laboratoires, nous avons eu la chance de pouvoir interagir avec de nombreuses personnes pour nous aider à avancer sur ce projet. Nous souhaiterions particulièrement remercier Eric Sauquet, Nicolas Lamouroux et Aurélien Beaufort pour leur aide sur les questions d'hydrologie et d'hydraulique malgré que nos efforts n'aient pas abouti. Nous remercions également les personnes de nos deux équipes de recherche (DYNAM à Irstea et e3s au LEHNA) pour leur aide pour les discussions scientifiques au quotidien qui nous ont aidé à améliorer nos réflexions pour ce projet. Un remerciement particulier à Bertand Launay, Guillaume Le Goff et Lara Konecny pour leur aide et leur investissement dans le projet et sur le terrain et en laboratoire ainsi qu'aux nombreux stagiaires qui ont participé aux campagnes d'échantillonnage.

**Irstea**

1, rue Pierre-Gilles de Gennes  
CS 10030  
92761 Antony Cedex

**01 40 96 61 21**

[www.irstea.fr](http://www.irstea.fr)

**Agence Française pour la Biodiversité**

Hall C – Le Nadar  
5, square Félix Nadar  
94300 Vincennes

**01 45 14 36 00**

[www.afbiodiversite.fr](http://www.afbiodiversite.fr)