

Ifremer

01 mai – 9 juin 2006

Ismaël BERNARD

Application d'un modèle DEB de croissance et de reproduction de l'huître creuse, *Crassostrea gigas*, dans le bassin d'Arcachon : identification des sources de nourriture potentielles



Maître de stage : Stéphane POUVREAU

Station Ifremer d'Argenton

Master 1 Espaces et Environnements Littoraux, Université de La Rochelle

SOMMAIRE

Ce travail a été réalisé en collaboration avec D. Maurer (Ifremer, LER d’Arcachon) et rendu possible par toute l’acquisition de données de terrain réalisée par ce laboratoire.

I - Présentation de la structure d’accueil et place du stagiaire	2
II - Sujet du stage	2
III - Matériels et méthodes.....	3
1) Bases de données	3
2) Traitement de la flore.....	4
3) Le modèle DEB	5
IV - Résultats et discussion	6
1) Traitement par classes de taille.....	6
2) Traitement par groupes	8
3) Traitement par biovolumes principaux.....	9
4) Le cas <i>Asterionella glacialis</i>	11
V - Conclusions et perspectives	12
VI - Bilan du stage	14
VII - Bibliographie	15

I - Présentation de la structure d'accueil et place du stagiaire

La station Ifremer d'Argenton qui m'a accueilli pendant ce stage fait partie de l'unité mixte de recherche 100 "Physiologie & Ecophysiologie des Mollusques Marins". Il s'agit d'un site expérimental possédant une capacité de production de phytoplancton et disposant de laboratoire pour réaliser des expériences en milieu contrôlé (<http://www.ifremer.fr/argenton/>). Ce site comporte 4 chercheurs et 6 techniciens et travaille principalement sur les huîtres creuses. Les recherches sont orientées vers l'optimisation des productions d'écloserie à travers l'étude des gamètes, des larves et du phytoplancton en environnement contrôlé. Un autre volet de recherche porte sur la physiologie respiratoire et l'écophysiologie des bivalves dans lequel s'insère plus particulièrement ce stage.

Mon stage entre en effet dans le cadre des recherches menées par S. Pouvreau et M. Alunno-Bruscia (CRELA, La Rochelle) et de la thèse de Y. Bourles sur le projet Ifremer, nommé Generic, qui consiste à mettre en place un modèle générique (multi-sites) de croissance et de reproduction pour l'huître creuse (*Crassostrea gigas*).

Mon travail s'est organisé en trois grandes parties. Tout d'abord une phase de réorganisation et d'appropriation des données, puis les simulations successives du modèle et la prise en main du logiciel Stella et enfin la synthèse des résultats. J'ai travaillé par étapes successives autonomes de deux jours environ séparées par des phases de discussions des résultats préliminaires avec mon maître de stage afin de réévaluer les objectifs. Cette méthode de recadrages successifs a permis d'approfondir l'analyse de mes résultats et de ne creuser que les idées qui semblaient prometteuses.

II - Sujet du stage

La modélisation des réseaux trophiques des zones estuariennes sert des enjeux économiques majeurs puisqu'elle doit permettre à terme, d'expliquer la variabilité de production des diverses activités aquacoles et conchylicoles présentes sur ces côtes. La modélisation globale de ces différents bassins passe par la compréhension de la dynamique de croissance et de reproduction des huîtres (*C. gigas*) qui sont dominantes en biomasse dans ces milieux. Si les modèles peuvent fournir des valeurs quantitatives de croissance, ils permettent aussi d'expliquer ou au moins de mettre en évidence les perturbations de l'écosystème. Ils doivent donc, une fois finalisés, rentrer dans l'arsenal de surveillance de l'équilibre écologique de ces zones.

Dans le cas de l'huître, l'Ifremer a initié le développement, depuis 2004, d'un modèle DEB (Dynamic Energy Budget) basé sur la théorie de bioénergétique développée par

Kooijman (2000). Ce modèle entre maintenant dans la phase de validation puisque des valeurs ont été estimées pour l'ensemble des 11 paramètres qu'il comporte soit par des expériences de l'Ifremer, soit grâce à des données publiées (Van der Veer et al, 2006). Il permet de simuler la croissance et la reproduction de l'huître à partir des données de phytoplancton et de température (Pouvreau et al, 2006). Le modèle parvient bien à modéliser des croissances et des reproductions dans des environnements simples, c'est à dire où les variables forcantes sont connues avec finesse : milieu d'expérimentation, claires ostréicoles et lagune de Thau. Dans ces 3 environnements testés, le modèle fonctionne très bien à condition de le calibrer sur un paramètre d'ingestion, le coefficient de demi-saturation X_K (Pouvreau et al., 2006). Dans le cas de l'application du modèle au bassin d'Arcachon, le Dantec (2006) préconise l'utilisation des biovolumes de phytoplancton à la place des concentrations en chlorophylle *a* et un traitement préalable de ces données pour améliorer les performances du modèle. L'auteur arrive ainsi à valider, sur 10 ans de données, le modèle dans ce 4^{ème} environnement. Mais, là aussi, il est contraint de re-calibrer chaque année le paramètre X_K .

Ainsi et afin de rendre ce modèle complètement générique, il convient désormais de mieux comprendre les sources de variabilité de X_K . Pour cela, il est nécessaire d'affiner le choix de la variable forcante 'nourriture' et d'établir une étude poussée de la flore, qui par sa qualité variable d'une année sur l'autre pourrait expliquer les variations du X_K . L'étude plus poussée de la flore consiste notamment à établir des regroupements taxonomiques, des conversions en biovolumes, des regroupements en classes de taille mais aussi à étudier l'impact des espèces toxiques ou nuisibles pour l'huître.

Les différentes variables forcantes ainsi obtenues sont ensuite injectées dans le modèle et les résultats des simulations comparés aux observations de terrains. Le but est de pouvoir définir par reconstruction (Kooijman, 2000, chapitre 7.1), le régime alimentaire probable de l'huître creuse dans ce milieu. Le site atelier choisi est le bassin d'Arcachon qui cumule un jeu de données unique de flore et de suivi de croissance et reproduction, idéal pour la validation d'un tel modèle.

III - Matériels et méthodes

1) Bases de données

Les données utilisées comme variables forcantes dans le modèle sont issues de la base de données REPHY (© Ifremer). Il s'agit des concentrations bihebdomadaires dans le bassin d'Arcachon de 143 espèces de phytoplancton sur 19 ans (1987-20005) ainsi que de la

température et de plusieurs autres variables physiques. Elles ont été extraites de la base QUADRIGE (© Ifremer), mises en forme et validées par le LER d'Arcachon.

Les données de validation des simulations du modèle sont des mesures de poids de chair sèche en g. Elles proviennent de deux sources différentes : le laboratoire LER d'Arcachon, environ 15 observations par an de 1987 à 1996 et le réseau REMORA (© Ifremer), environ quatre observations par an de 1995 à 2005. Les premières données, plus fines, ont été utilisées pour les tests des différents traitements de la flore (phase de calibration) et les secondes pour confirmer et affiner les hypothèses émises grâce aux premières années d'études (phase de validation).

2) Traitement de la flore

Les données de flore, initialement en nombre de cellule.L⁻¹, ont été converties en biovolume.L⁻¹ grâce à Guillocheau (1988) et aux informations communiquées par D. Maurer. Sur la base de ces mêmes informations, quatre classes de tailles ont été fabriquées : cellules supérieures à 50 000 μm³, cellules comprises entre 50 000 et 25 000 μm³, comprises entre 25 000 μm³ et 10 000 μm³ et inférieures à 10 000 μm³.

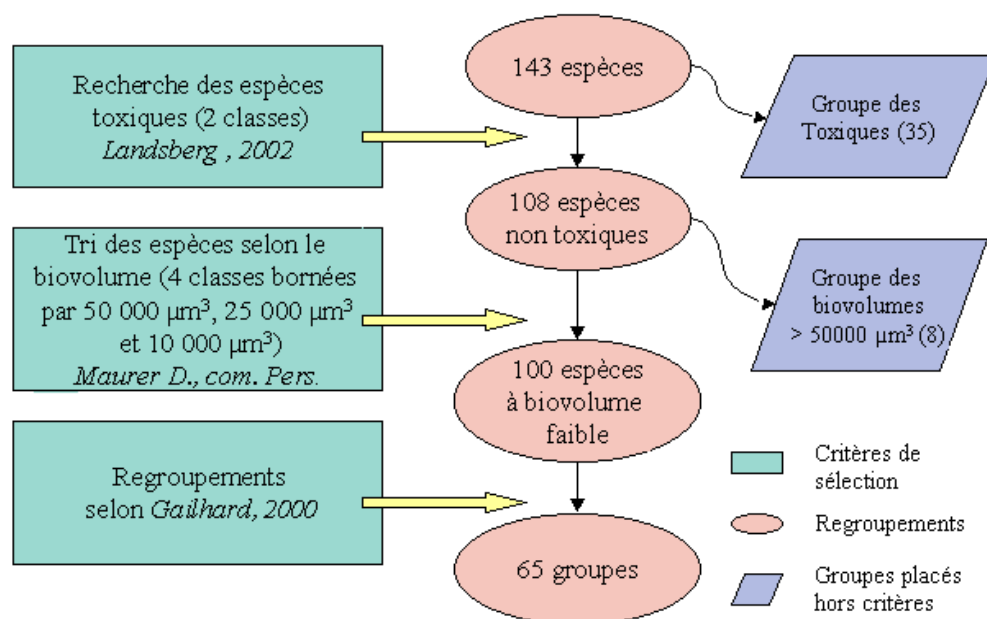


Figure 1 : présentation synthétique des traitements effectués sur la base de données phytoplanctoniques REPHY (© Ifremer)

Ce critère a été croisé à un critère de regroupement taxonomique sur la base du travail de Gailhard (2000). Un groupe spécial a été créé pour regrouper les espèces toxiques ou suspectées nuisibles. Ce regroupement a été effectué en considérant à la fois le guide des

espèces phytoplanctoniques toxiques de l’Ifremer (Nezan et Piclet, 1996) et la synthèse de tous les évènements ‘toxiques’ ayant eut lieu à travers le monde (Landsberg, 2002). Ce traitement des données a permis de réduire considérablement le nombre de variables (figure 1).

3) Le modèle DEB

Le modèle DEB est un modèle générique qui décrit de façon mécaniste l’allocation de l’énergie au sein d’un organisme (Kooijman, 2000). L’énergie est la variable d’état principale qui décrit l’ensemble des activités physiologiques de l’organisme. Ce modèle synthétise l’ensemble des processus énergétiques fondamentaux suivants : acquisition (ingestion et assimilation), stockage (dynamique des réserves), utilisation (maintenance, développement, croissance et reproduction). La différence de gestion énergétique entre juvéniles et adultes se fait par la réallocation de l’énergie utilisée pour le développement vers la reproduction. Les variables forçantes sont la nourriture disponible dans le milieu et la température de l’eau puisque la vitesse de tout processus physiologique est soumise à son effet (*figure 2*).

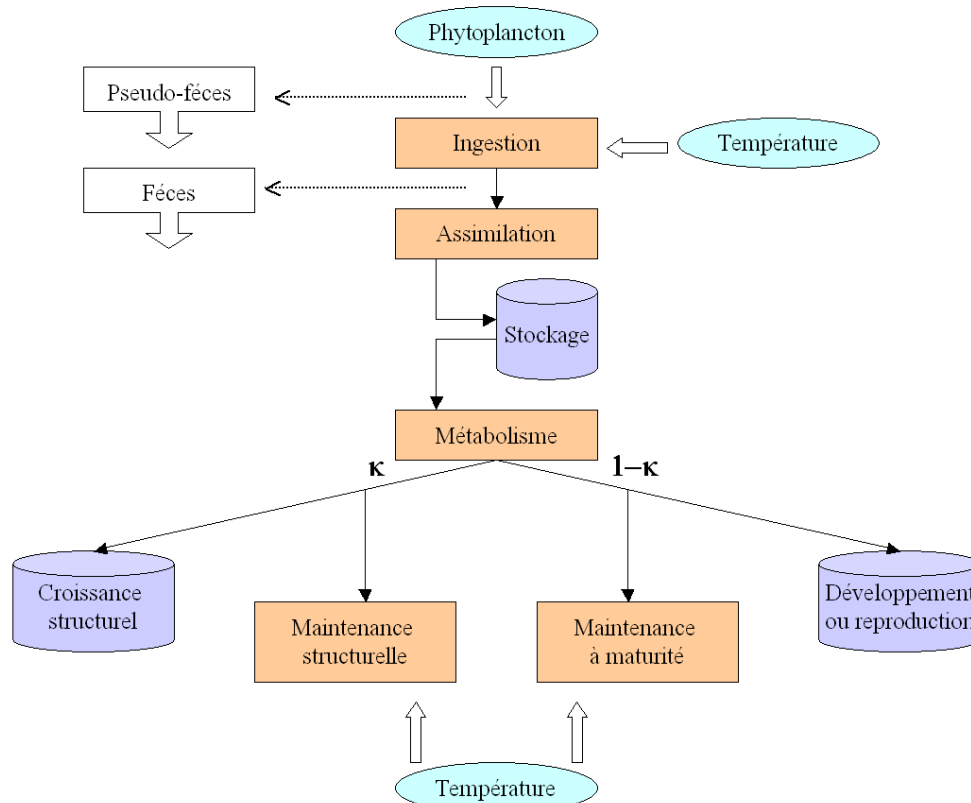


Figure 2 : Représentation schématique et simplifiée du modèle Dynamic and Energy Budget (DEB)

Le modèle DEB s'insère dans une démarche axiomatique, rompant ainsi avec l'approche empirique des relations d'allométries (Modèle de type Scope For Growth, par exemple). Tous les processus physiologiques y sont en effet décrits par des équations différentielles qui reposent sur la mise en évidence de constantes du vivant telle, par exemple, le coût de maintenance cellulaire (volume spécifique). La puissance de cette méthode de modélisation réside dans son indépendance de l'espèce considérée (caractère générique de la théorie) et dans la cohésion de l'ensemble des processus et variables utilisées face à l'analyse dimensionnelle.

La partie du modèle plus précisément étudiée ici concerne l'ensemble des processus d'acquisition de nourriture. Le flux entrant d'énergie est modulé par trois facteurs : la taille de l'organisme, l'abondance de nourriture et la température. La capture de nourriture (taux d'ingestion J_x en mg.L^{-1}) est donc fonction de la surface d'échange de l'organisme avec le milieu (surface correspondante au volume structural $V^{2/3}$ en cm^2) et d'une vitesse d'ingestion suivant une loi de Michaelis-Menten ($\{J_{Xm}\}.f$ en $\text{mg.J}^{-1}.\text{cm}^{-2}$). Cette dernière se compose de la réponse fonctionnelle f , sans dimension où X est la concentration en nourriture (en $\mu\text{m}^3.\text{L}^{-1}$) et X_k la constante de demi-saturation (en $\mu\text{m}^3.\text{L}^{-1}$) et du taux d'ingestion surface spécifique maximal ($\{J_{Xm}\}$ en $\text{mg.J}^{-1}.\text{cm}^{-2}$) (équation 1).

$$\dot{J}_x = \{J_{Xm}\} f \cdot V^{2/3} \quad \text{with } f = \left(\frac{X}{X + X_k} \right) \quad (1)$$

Le tout est soumis à l'effet de la température selon la loi d'Arrhenius. Les simulations présentées ici ont été obtenues en jouant à la fois sur la variable forçante du phytoplancton et sur la constante de demi-saturation.

IV - Résultats et discussion

1) Traitement par classes de taille

Les biovolumes des espèces suivies dans la base REPHY pour le bassin d'Arcachon, varient de quatre ordres de grandeur : de $10 \mu\text{m}^3$ à $100\,000 \mu\text{m}^3$. Cette grande diversité des biovolumes laisse supposer une utilisation inégale des différentes classes de tailles phytoplanctoniques. De ce point de vu, l'année 1995 est le meilleur exemple de l'amélioration des simulations du simple fait de la sélection des tailles inférieures (*figure 3*).

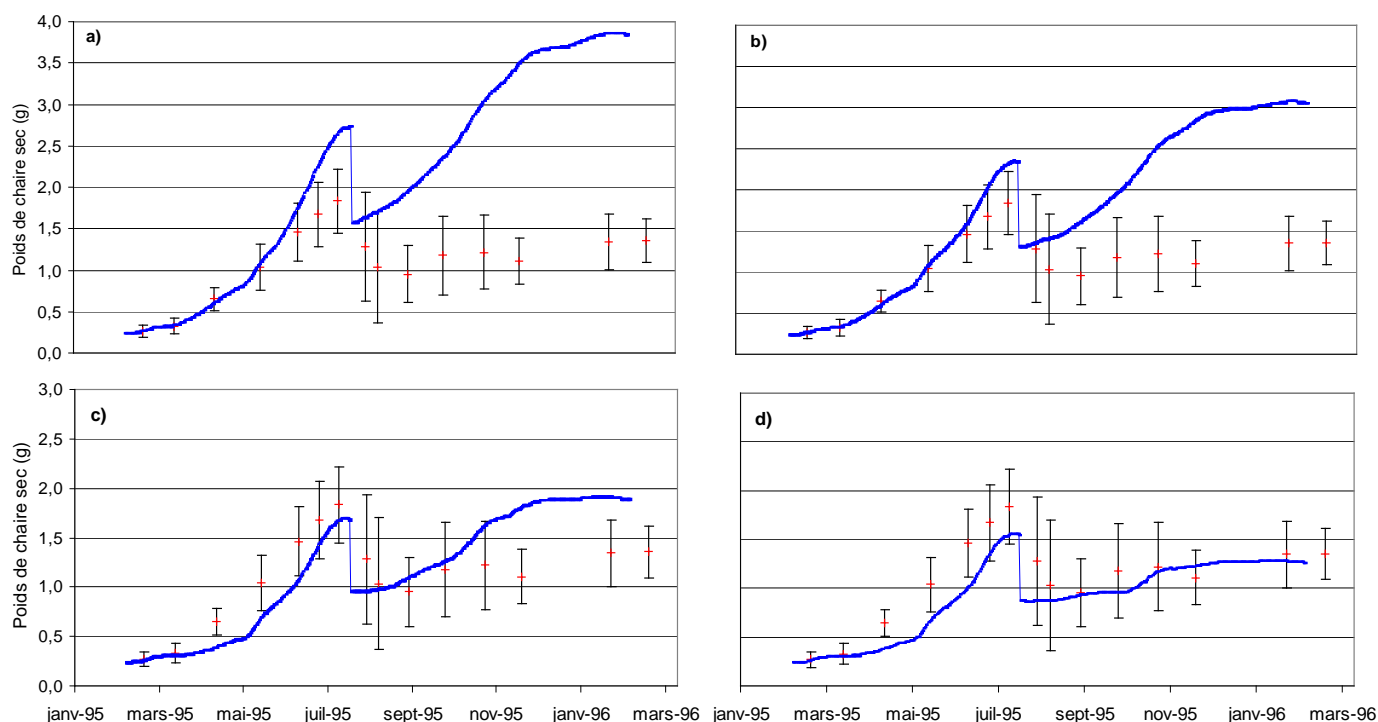


Figure 3 : Simulations (en bleu) et valeurs de terrain avec écart-type de l'année 1995 pour différentes classes de taille a) flore totale, b) $< 50\ 000\ \mu\text{m}^3$, c) $< 25\ 000\ \mu\text{m}^3$ et d) $< 10\ 000\ \mu\text{m}^3$ et avec $X_k = 10^3\ \mu\text{m}^3 \cdot \mu\text{L}^{-1}$.

Les meilleurs simulations sont obtenue selon les années par l'utilisation de 10 000 ou 25 000 μm^3 comme biovolume maximum. Le volume maximum des espèces phytoplanctoniques à inclure dans la variable d'alimentation du modèle semble donc se situer entre ces deux valeurs. D'une manière générale, une espèce qui n'est pas prise en compte dans les croissances de terrain peut être rejetée selon quatre niveaux différents : lors de la filtration branchiale, lors de la sélection par les palpes labiaux, lors de digestion (faible digestibilité) et enfin lors de l'assimilation (valeur énergétique faible). Il n'est donc jamais possible de conclure définitivement sur les causes qui amène à mettre de côté certaines espèces.

Cependant, seuls deux facteurs mécaniques peuvent expliquer correctement les meilleurs simulations avec les classes de tailles inférieures. Une première sélection peut jouer du fait des caractéristiques anatomiques intrinsèques de *C. gigas* : structure des branchies et taille de la bouche de 60 μm de diamètre. D'autre part, et même si le mécanisme précis n'est pas encore connu, les bivalves ont la capacité de rejeter préférentiellement les particules de plus grosses tailles en tant que pseudo-fèces, ceci à densité, formes et valeur nutritive identiques (Defossez et Hawkins, 1997). Ce même auteur montre pour *Mytilus edulis* qu'une part significative des particules supérieure à 22,5 μm de diamètre soit un volume d'environ 6000 μm^3 est rejetée en tant que pseudo-fèces. Il est important toutefois de signaler que

l'intensité de ce processus peut varier selon la quantité de matière en suspension de la région étudiée.

2) Traitement par groupes

La suppression totale de certains groupes de phytoplancton améliore nettement les simulations comme dans le cas des *Rhizosolenia* pour l'année 1991 (figure 4). Cependant l'hétérogénéité très forte de tous les groupes et des *Rhizosolenia* en particulier tant en volume qu'en abondance incite à la prudence (tableau 1). Il existe en effet un seuil d'abondance en biovolume en deçà duquel il devient impossible de déterminer par l'intermédiaire du modèle si une algue a un effet sur la croissance de *C. gigas*.

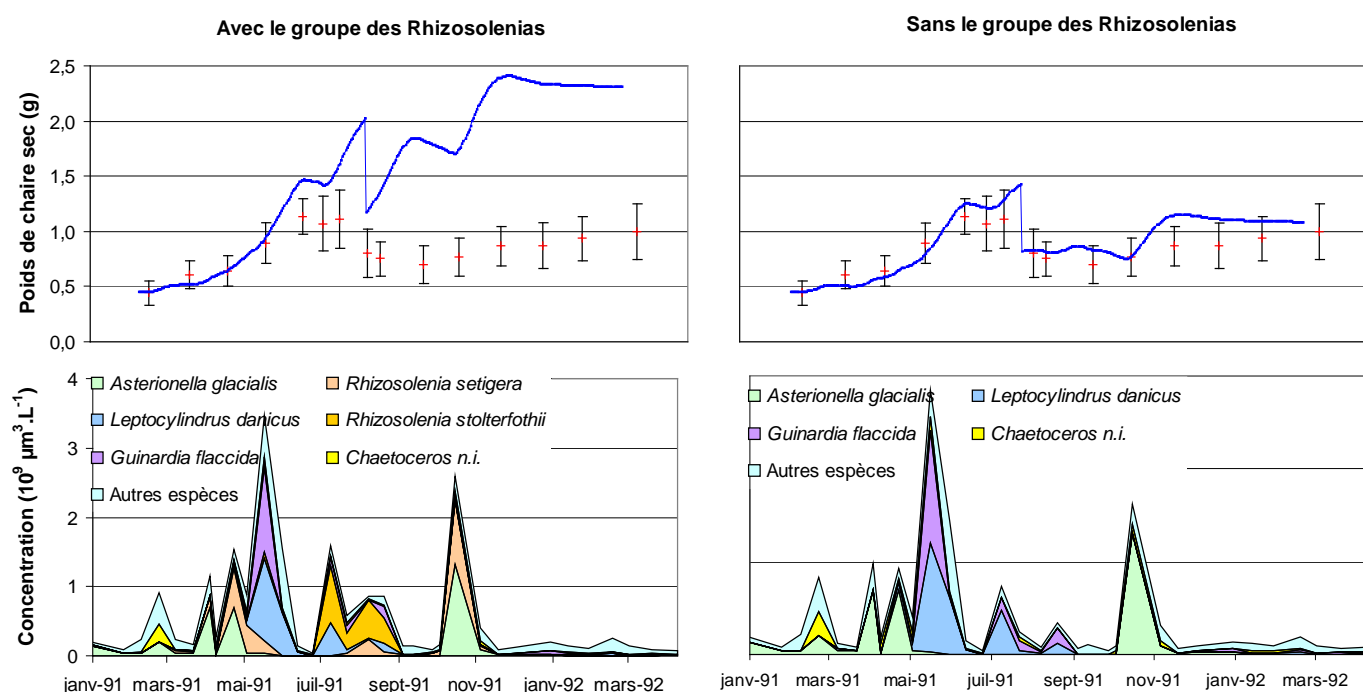


Figure 4 : simulation (en bleu), données de terrain avec écart-type et espèces phytoplanctoniques principales pour l'année 1991 avec ou sans prise en compte du groupe des Rhizosolenias.

Un traitement complet de la flore uniquement basé sur les groupes n'est donc pas possible, sous peine d'éliminer des espèces potentiellement source de nourriture pour *C. gigas*.

Tableau 1: caractéristiques de biovolume et d'abondance (concentration en $\mu\text{m}^3\cdot\text{L}^{-1}$) pour les espèces formant le groupe des Rhizosolenias.

Nom de l'espèce	Biovolume	Abondance (%)	Rang
<i>Rhizosolenia delicatula</i>	2400	1.53	14
<i>Rhizosolenia fragilissima</i>	850	0.27	26
<i>Rhizosolenia imbricata</i>	20000	2.80	8
<i>Proboscia indica</i>	100000	2.35	10
<i>Rhizosolenia robusta</i>	100000	0.10	35
<i>Rhizosolenia setigera</i>	34000	14.48	2
<i>Rhizosolenia stolterfothii</i>	22500	11.46	4

3) Traitement par biovolumes principaux

Devant l'impossibilité de traiter les espèces phytoplanctoniques par groupes et au vu de la prépondérance momentanée très forte de certaines espèces, un traitement supplémentaire par biovolumes principaux a été effectué dans le but d'identifier les espèces dont la prise en compte perturbe de façon visible les simulations. Le pic d'abondance de ces espèces précède de quelques jours le point d'inflexion de la courbe simulée, qui correspond lui-même au maximum du taux d'accroissement de la simulation (*figure 5*).

Cette méthode d'identification des espèces 'gênantes' a permis d'établir la liste des efflorescences les plus importantes qui ne semblent pas être répercutées dans la croissance de *C. gigas* (*tableau 2*). Parmi les espèces incriminées, la plupart sont de tailles importantes et trois font parti du groupe des *Rhizosolenia* (*P. indica*, *G. flaccida*, *R. setigera*, *R. stolterfothii* et *Lithodesmium sp.*). Ceci accrédite les bons résultats obtenus par le traitement selon les classes de taille et les hypothèses avancées plus haut.

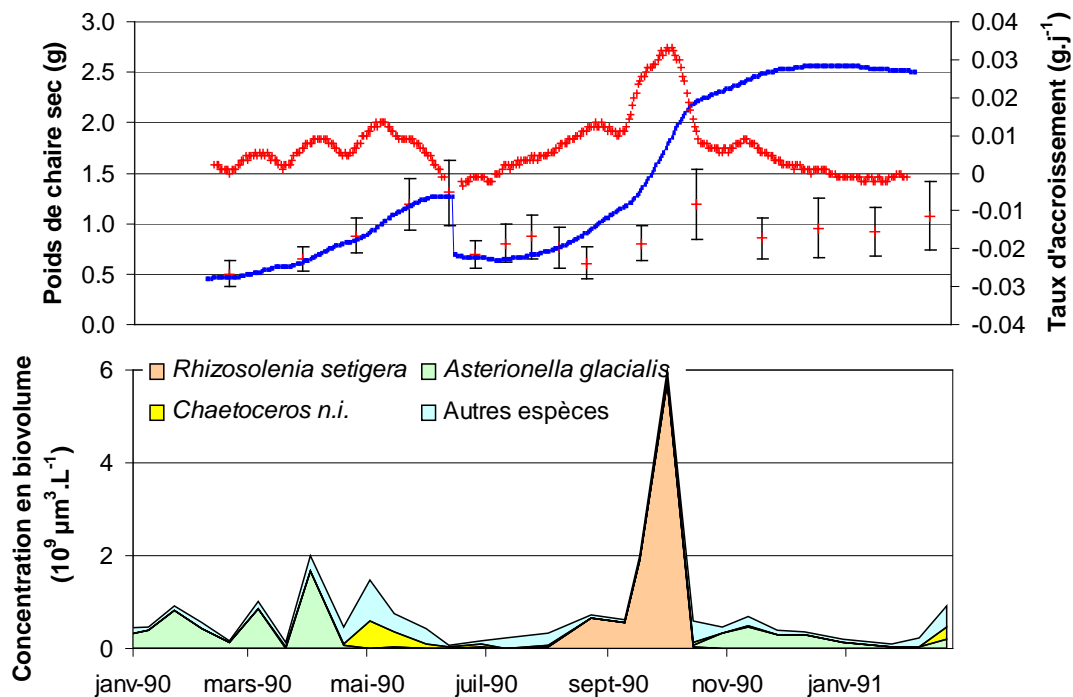


Figure 5 : détermination des espèces non prises en compte dans l'alimentation de *C. gigas* pour l'année 1990 par comparaison entre les données de terrains, les données simulées (en bleu), le taux d'accroissement des simulations (en rouge) et l'abondance des espèces

D'autres espèces s'avèrent plus problématiques et ne supportent pas les explications mécaniques avancées précédemment : *C. pelagica*, *R. delicatula*, *Bacteriastrum sp.* et *A. glacialis*. Cette liste ne contient que des espèces qui ont la capacité de former des chaînes. Il

est envisageable que lors de blooms importants, les concentrations élevées de cellules permettent à ces espèces de s'amalgamer et de se comporter comme des espèces de tailles plus grande. Elles sont alors soumises au même processus de contre sélection.

Les espèces *Cerataulina pelagica* et *Rhizosolenia delicatula* sont déjà suspectées comme nuisibles pour la croissance des bivalves lors d'efflorescences importantes. Des arrêts de croissance sur les populations de coquille Saint-Jacques (*Pecten maximus*) de la rade de Brest ont été observé lors de blooms de ces deux espèces (Lorrain et al, 2000). Pour *C. pelagica*, la concentration de l'efflorescence était alors de 730 000 cellules.L⁻¹, ce qui correspond à la concentration de 900 000 cellules.L⁻¹ observée lors de l'épisode de 2001, identifié ici. Les espèces restantes ne semblent pas présenter de telles caractéristiques et d'autres causes sont à rechercher.

Tableau 2 : Espèces qui ne semblent pas incluses dans le régime alimentaire de *C. gigas*, valeur maximale du bloom et biovolume des espèces.

Année	Espèce en cause	Bloom (µm ³ /L)	Biovolume de l'espèce	Source
1988	<i>Guinardia flaccida</i>	0.238E+09	54200	LER
1989	<i>Rhizosolenia setigera</i>	0.612E+09	34000	LER
1989	<i>Rhizosolenia stolterfothii</i>	0.315E+09	22500	LER
1990	<i>Rhizosolenia setigera</i>	0.652E+09	34000	LER
1990	<i>Rhizosolenia setigera</i>	5.739E+09	34000	LER
1991	<i>Guinardia flaccida</i>	1.214E+09	54200	LER
1991	<i>Rhizosolenia stolterfothii</i>	0.819E+09	22500	LER
1991	<i>Proboscia indica</i>	0.24E+09	100000	LER
1995	<i>Guinardia flaccida</i>	3.279E+09	54200	LER
1996	<i>Rhizosolenia stolterfothii</i>	1.269E+09	22500	LER
1996	<i>Asterionella glacialis</i>	1.367E+09	1000	LER
1996	<i>Asterionella glacialis</i>	4.063E+09	1000	LER
1997	<i>Rhizosolenia stolterfothii</i>	1.140E+09	22500	REMORA
1997	<i>Rhizosolenia setigera</i>	1.140E+09	34000	REMORA
1998	<i>Rhizosolenia setigera</i>	4.379E+09	34000	REMORA
1999	<i>Rhizosolenia setigera</i>	0.829E+09	34000	REMORA
2000	<i>Rhizosolenia stolterfothii</i>	1.316E+09	22500	REMORA
2001	<i>Cerataulina pelagica</i>	3.037E+09	4300	REMORA
2002	<i>Rhizosolenia delicatula</i>	0.997E+09	2400	REMORA
2003	<i>Bacteriastrum sp.</i>	3.758E+09	8800	REMORA
1997	<i>Guinardia flaccida</i>	3.848E+09	54200	REMORA
1998	<i>Asterionella glacialis</i>	0.938E+09	1000	REMORA
1999	<i>Asterionella glacialis</i>	5.373E+09	1000	REMORA
2002	<i>Bacteriastrum sp.</i>	0.549E+09	8800	REMORA
2003	<i>Asterionella glacialis</i>	1.899E+09	1000	REMORA
2003	<i>Lithodesmium sp.</i>	1.326E+09	17000	REMORA
2004	<i>Lithodesmium sp.</i>	0.918E+09	17000	REMORA

4) Le cas *Asterionella glacialis*

Parmi les espèces dont les efflorescences perturbent le modèle, *A. glacialis* occupe une place de premier plan. Cette espèce de petite taille se multiplie à la fois au printemps et en automne. Les blooms sont en général massifs (4.10^6 cellules.L⁻¹ en 1996) et la dominance de cette espèce est alors très importante pendant ces périodes (*tableau 3*). Même avec des différences importantes de concentration des blooms, le bloom automnal provoque un écart plus important des simulations que le bloom printanier (*figure 6*). Cette différence peut être mise sur le compte de la température de l'eau et de son effet sur l'amplitude du processus de croissance. Elle n'est en effet que de 12°C au plus fort de la première efflorescence alors qu'elle atteint 17°C lors du début de la seconde en octobre.

Parmi les quatre simulations présentées dans la *figure 6*, seule la simulation sans *A. glacialis* et avec un X_k faible donne de bons résultats. La dominance importante de cette espèce ne laisse que de faibles quantités pour la nourriture des huîtres et impose donc un X_k faible pour ces années. Ceci signifierait alors que la nourriture restante était d'excellente qualité. Une autre possibilité est qu'il y ait eut adaptation de l'huître à la faible abondance de nourriture par le biais du phénomène de plasticité phénotypique. Cette hypothèse est étayée par l'année 1993, à abondance phytoplanctonique extrêmement faible ($2,87.10^8$ μm^3 .L⁻¹ en moyenne pour 1993 contre $8,36.10^8$ μm^3 .L⁻¹ sur les 19 ans étudiés) mais sans efflorescences d'*A. glacialis* imposant un X_k faible.

Tableau 3 : Efflorescences d'*A. glacialis* ayant engendré une dominance de plus de 80%

Date d'observation	Concentration (109 μm^3 .L-1)	Dominance (%)
22-janv-1990	0,82	90
6-mars-1990	0,85	82
2-avr-1990	1,67	84
11-déc-1990	0,30	80
9-avr-1996	4,06	97
10-oct-1996	1,37	83
15-nov-1996	1,43	89
17-mars-1997	0,81	93
1-avr-1997	2,38	98
25-nov-1997	1,24	87
8-déc-1997	0,16	81
18-oct-1999	5,37	86
5-nov-2004	1,48	91
16-nov-2004	0,42	99

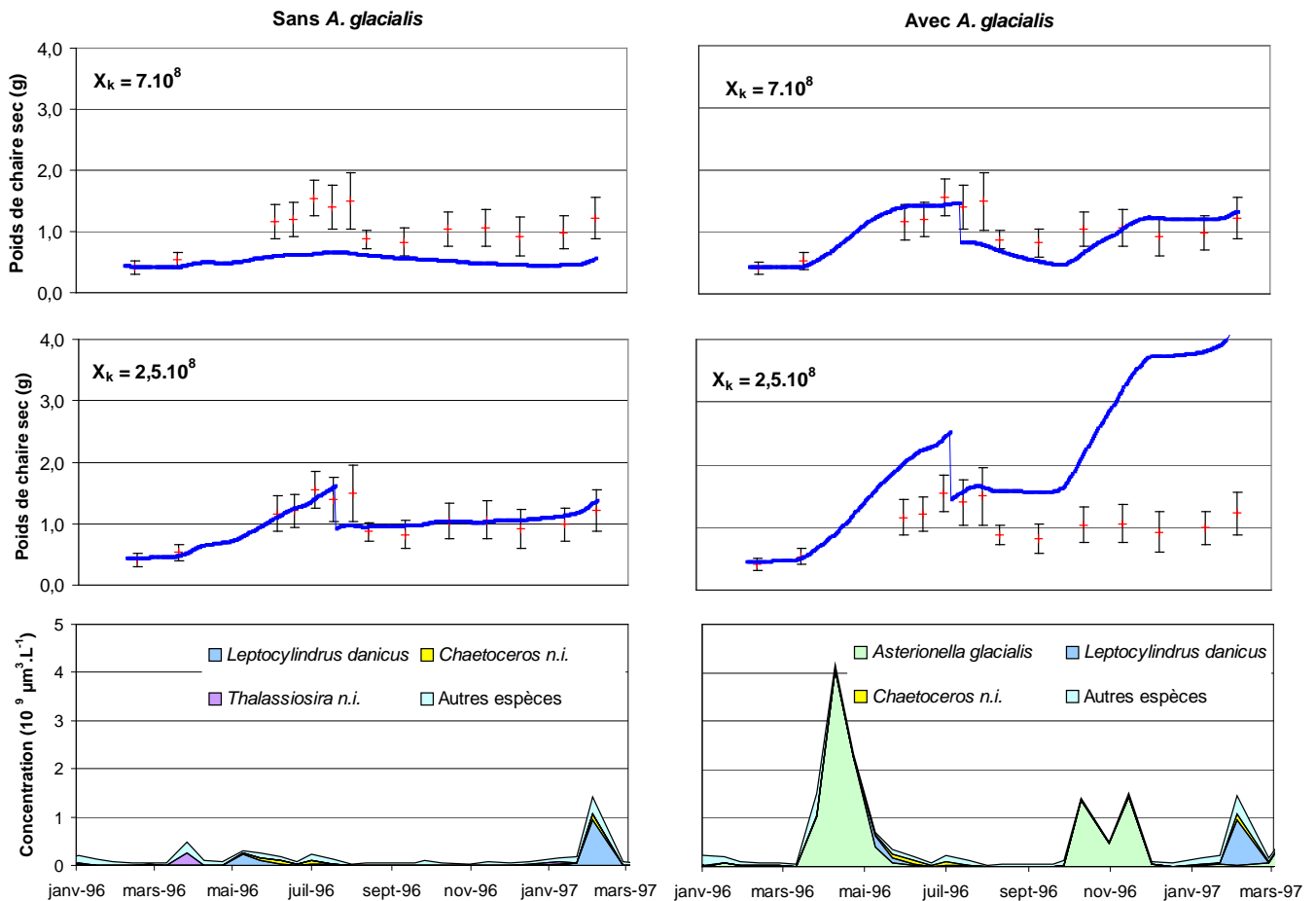


Figure 6 : Simulations (en bleu) et données de terrains comparées pour l'année 1996 suivant la présence ou non d'*A. glacialis* et la constante de demi-saturation X_k

Contrairement aux autres espèces identifiées comme problématiques, *A. glacialis* ne peut être mise de côté ni par sa taille ni par une quelconque toxicité. Toutefois, les dominances observées (tableau 3) laisse supposer l'existence de mécanismes d'éviction des autres espèces. D'autre part, les fortes concentrations atteintes lors des efflorescences permettent d'envisager la formation d'amas de cellules subissant une contre-sélection mécanique. Une autre explication est possible en faisant l'hypothèse d'une faible comestibilité d'*A. glacialis* qui ne serait pas assimilée.

V - Conclusions et perspectives

Les nombreuses simulations effectuées ont permis de mettre en évidence une sélection nécessaire sur la taille des espèces afin que les simulations reflètent la réalité de croissance des huîtres du bassin d'Arcachon. Le seuil du volume des algues acceptables dans la variable forçante nourriture semble se situer entre 25 000 et 10 000 μm^3 , la faible abondance des algues de cette classe ne permet pas de trancher plus finement. La détermination plus précise

du volume maximal des espèces ingérées ainsi que de la variabilité de ce volume nécessite des expériences complémentaires.

Le traitement par groupes taxonomiques selon Gailhard n'est pas concluant puisqu'il présente des améliorations contrastées des simulations suivant les années. D'autre part les nombreuses différences entre les espèces qui composent ces groupes ne permettent pas une démarche claire pour justifier du rejet de la totalité d'un regroupement.

L'approche par biovolumes principaux montre qu'il existe d'autres filtres à appliquer sur la variable forçante nourriture, notamment les espèces dont le développement excessif nuit à la croissance des bivalves (*C. pelagica* et *R. delicatula*). La mise en évidence de ces espèces toxiques par la différence entre les simulations et les données de terrains est une source d'optimisme quant à la valeur explicative du modèle une fois validé sur plusieurs sites. Il est cependant difficile de décider si ces espèces doivent être systématiquement supprimées du forçage même lorsqu'elles sont présentes en faibles quantités ou si seuls les épisodes de développement intenses doivent être supprimés. Cette question revient à étudier le profit énergétique de l'huître en fonction de la concentration de ces espèces de phytoplancton.

A. glacialis est à ce titre emblématique de la difficulté de cette question car, sa suppression ne laisse que de très faibles abondances phytoplanctoniques pour certaines années (1996, 1994). La dominance de cette espèce en automne peut être un facteur limitant important pour le développement d'autre phytoplancton et donc à la croissance des huîtres pendant cette période. Ainsi, le développement ou non de cette espèce semble un des facteurs structurant de l'écosystème phytoplanctonique automnal. Cette constatation a abouti à un début de recherche sur l'impact automnal d'*A. glacialis* dont les résultats prometteurs ne peuvent être présentés ici.

La suite logique de ces premiers développements consiste à attribuer des X_k différents à chaque espèce importante au lieu de les attribuer selon les années. Il est en effet plus satisfaisant que la réponse fonctionnelle varie selon l'espèce considérée plutôt que selon l'année. Les premières simulations dans cette voie sont encourageantes et il semble possible de fixer définitivement le dernier paramètre du modèle de cette manière. Là encore de nombreuses expérimentations sont nécessaires pour obtenir les différentes valeurs des X_k suivant les espèces avec le moins de biais possible.

Concernant le modèle en lui-même et d'une manière plus globale, les simulations basées sur les biovolumes phytoplanctoniques aboutissent, après filtration suivant le biovolume et mise à l'écart de certaines espèces ne contribuant pas à la croissance des huîtres, à des résultats proches des données de terrains. Les années les moins bien simulées restent des

années extrêmes soit par la faible abondance de phytoplancton (1993), soit par des évènements de bloom d'algues toxiques comme en 1995 pour le bassin d'Arcachon (Belin et Raffin, 1998). Toutes les efflorescences intenses posent problème au modèle, ce qui permet d'envisager une transformation de la variable forçante phytoplanctonique selon un indice de diversité pour échapper à la multiplication des cas particuliers. L'exportation du modèle vers d'autres bassins ostréicoles est en ce sens une étape clef pour confirmer et développer dans une approche plus globale les hypothèses émises ici.

Malgré ces bons résultats grâce aux données de flore totale, les essais d'utilisation de la concentration en chlorophylle comme variable forçante ne doivent pas être abandonnés car ils assureraient une exportation plus facile du modèle dans d'autres sites et un traitement en temps réel grâce à l'utilisation des outils satellitaires de mesure de la chlorophylle *a*. D'autres approches de validation du modèle doivent aussi être envisagées par l'intermédiaire de la variable forçante idéale obtenue en entrant les données obtenues sur le terrain comme résultats des simulations. Il s'agit ensuite de reconstruire cette variable idéale par combinaison linéaire des différentes espèces présentes.

VI - Bilan du stage

Ce stage m'a permis de travailler sur beaucoup de logiciels différents. **Excel** a été utilisé pour le gros du traitement des données : tris élaborés, tableaux croisés dynamiques, graphiques dynamiques, macros ... L'important volume des données et leur traitement sur la base de multiples paramètres (biovolume des espèces, abondance des espèces, caractéristiques taxonomiques, ...) a impliqué l'utilisation intensive de toutes ces fonctions. **Matlab** a servi à réaliser les interpolations linéaire des variables forçantes avant de les inclure dans le modèle. Le modèle a proprement parlé fonctionne sous **Stella** qui a été utilisé pour certains traitements simples des variables forçantes. L'acquisition des résultats des simulations et leur comparaison aux observations a été effectuée dans Excel. J'ai pu me familiariser un peu plus avec **Excel Stat** et plus particulièrement avec le module d'analyse multivariée à travers quelques ACP.

Ce stage constitue aussi une immersion et une familiarisation avec le monde phytoplanctonique. Ces premières connaissances sont précieuses pour aiguiller la réflexion dans les nombreux processus de l'environnement marin auquel le phytoplancton prend une part active. En outre, la complexité des interactions écologiques qui y sont à l'œuvre laisse ouvert un pan entier de la recherche.

VII - Bibliographie

Belin C. et Raffin B. 1998. Les espèces phytoplanctoniques toxiques et nuisibles sur le littoral français de 1984 à 1995, résultats du REPHY (réseau de surveillance du phytoplancton et des phycotoxines). Edition Ifremer, non pag.

Defossez J.-M. et Hawkins. A. J. S. 1997. Selective feeding in shellfish: size-dependent rejection of large particles within pseudofaeces from *Mytilus edulis*, *Ruditapes philippinarum* and *Tapes decussates*. *Marine Biology*, 129, 139-147

Gailhard I. 2003. Analyse de la variabilité spatio-temporelle des populations microalgales cotières observées par le 'Réseau de surveillance du PHYtoplancton et des phycotoxines' (REPHY), Thèse Université Aix-Marseille II, 187 p.

Guillocheau N. 1988 Répartition spatio-temporelle du phytoplancton du Bassin d'Arcachon. Thèse Université Aix-Marseille II, 156 p.

Kooijman. S.A.L.M. 2000. Dynamic energy and mass budgets in biological systems. Cambridge University Press, Cambridge, 424 p.

Le Dantec W. 2006. rapport de stage M1

Lorrain A., Paulet Y.-M., Chauvaud L., Savoye N., Nézan E. et Guérin L. 2000. Growth anomalies in *Pecten maximus* from coastal waters (Bay of Brest, France) : relationship with diatoms blooms. *Journal of the Marine Biological Association of the United-Kingdom*, 80, 667-673.

Nezan E. et Piclet G. 1996. Guide pratique à l'usage des analyste du phytoplancton. Edition Ifremer, non pag.

Pouvreau S., Bourles Y., Lefebvre S., Gangnery A., Alunno-Bruscia M. 2006. Application of dynamic energy budget model to the Pacific oyster, *Crassostrea gigas*, reared under various environmental conditions. *Journal of Sea Research*, *in press*.

Van der Veer H.W., Cardoso J.F., Van der Meer J. 2006. Estimation of DEB parameters for various North Atlantic bivalve species. *Journal of Sea Research*. *in press*.